Университеттің 55 жылдығына арналған «**Сәкен тағылымы -8»** атты Республикалық ғылыми – теориялық конференция **Материалдары // Материалы** Республиканской конференции «**Сейфуллинские чтения – 8 »,** посвященной 55-летию университета. – 2012. – Т.1 (преподаватели и магистранты). – Б. 24-25

ИНФЕКЦИЯЛЫҚ АУРУ ҚОЗДЫРҒЫШТАРЫН АНЫҚТАУ ҮШІН ГЕНЕТИКАЛЫҚ ӘДІСТІ ҚОЛДАНУ

Жумалин А.Қ.

Жануарлар мен құстардың бактериялық инфекция қоздырғыштарын анықтау жұмыстары жалпы қолданыстағы бактериялогиялық әдістермен жүргізіледі, яғни бұл әдіс бойынша қоздырғыштардың таза өсіндісі бөлініп алынады, кейін оны идентификациялайды. Барлық процесс өте ұзақ, сондықтан көп уақытты алады.

Осыған байланысты секвенациялау негізінде жүргізілетін генетикалық әдіс көмегімен микроб генінің нуклеотидтік тізбегін анықтай отыра идентификациялау жұмыстарын жеделдетуге болады. *16S rRNA* генінің нуклеотидтік тізбегін анықтауға негізінделген генетикалық әдістер бактериялық инфекцияларды анықтау жұмыстарында жиі қолданыс табуда. *16S rRNA* генінің нуклеотидтік тізбегі басқа да *rRNA* гендеріне ұқсас болғандықтан оларды түрлі микроорганизмдердің идентификациясы мен таксономиялық классификациясына арналған стандартты генетикалық маркер ретінде қолдануға мүмкін береді.

Идентификациялау принципінің негізі ПТР әдісімен *16S rRNA* генінің фрагментін амплификациялап, оның нуклеотидтік тізбегін анықтау және оны *MicroSeq (Applied Biosystems)* немесе *SmartGene IDNS* сияқты халықаралық деректер базасында депонирленген немесе комерциялық бағдарламалар қамтамасыз ететін ақпараттар базасында басқа да нуклеотидтік тізбектермен салыстыру болып табылады. Жалпы қолданыстағы бактериялогиялық әдістермен салыстырғанда аталмыш әдістің артықшылығы күмәнсіз.

Қазақстан Республикасында сулы – батпақты құстардың бактериялық инфекция қоздырғыштарын генетикалық идентификациялау және систематизациялау бойынша жалпы зерттеулер аз жүргәзәледі немесе тіпті жүргізілмейді.

Жұмыстың мақсаты полимеразалы тізбекті реакция көмегімен *16S rRNA* генінің нуклеотидтік тізбегін анықтау арқылы сулы – батпақты құстардың бактериалық инфекция қоздырғыштарын генетикалық әдіспен идентификациялау жүйесін әзірлеу болып табылады.

Қазіргі уақытта зерттеуге қажетті сынамалар жинап алынды және *16S rRNA* генінің нуклеотидтік тізбегін анықтаудың параметрлері оңтайландырылып, сулы – батпақты құстардың бактериалық инфекция қоздырғыштарының ДНҚ-ның коллекциясы жасалып, *16S rRNA* ген фрагментінің нуклеотидтік тізбегі анықталады. .