**Полногеномное секвенирование Mycobacterium tuberculosis в Казахстане: первичные результаты для двух клинических изолятов.**

Молкенов А.1, Каиров У.1, Кожамкулов У.1, Рахимова С.1, Жабагин М.1, Аскапулы А.1, Бісмілда В.2, Чингисова Л.2, Абилова Ж.1, Ережепов Д.1, Абильмажинова А.1, Ахметова А.1, Жумадилов Ж.1 и Акильжанова А.1

1Департамент геномной и персонализированной медицины, Центр Наук о Жизни, Назарбаев Университет, Астана, Казахстан

2Национальный Центр Проблем Туберкулеза Республики Казахстан, Алматы, Казахстан

Проект направлен на создание предпосылок для персонализированного подхода к диагностике и лечению туберкулеза путем определения и сравнения полных геномов последовательностей штаммов *M.tuberculosis*, выделенных в Казахстане. Анализ полных геномов последовательностей, полученных с использованием NGS технологии, прояснит факторы формирования высоковирулентных штаммов *M.tuberculosis*, эволюции местных штаммов, и генетических маркеров лекарственной устойчивости.

Сбор материала был произведен у 50 пациентов, отбор проб мокроты и определение лекарственной чувствительности было произведено на базе референс-лаборатории «Национального Центра Проблем Туберкулеза», Алматы, Казахстан. Библиотеки для полногеномного секвенирования были получены из ДНК, извлеченной из изолятов. Секвенирование проводилось на NGS платформе Roche 454 GS FLX+ в «Центре Наук о Жизни» Назарбаев Университета, Астана, Казахстан. Сборка ридов в контиги для обоих изолятов проводилась с помощью GS De Novo Assembler. Выравниване проводилось на референсный штамм *M.tuberculosis* H37Rv с помощью GS Reference Mapper. Для поиска кодирующих последовательностей, тРНК и рРНК применялись XBase, tRNAscan и RNAmmer.

Полногеномное секвенирование было выполнено для двух изолятов *M.tuberculosis:* MTB-476 и MTB-489. Были получены 96 миллионов п.о. со средней длиной ридов 520 п.о. и с 21.8 кратным покрытием и 104.2 миллионов п.о. со средней длиной ридов 589 п.о. и с 23.7 кратным покрытием, соответственно. Геном MTB-476 состоит из 257 контигов, 4204 кодирующих последовательностей, 46 тРНК и 3 рРНК. Геном МТБ-489 состоит из 187 контигов, 4183 кодирующих последовательностей, 45 тРНК и 3 рРНК. Результаты сборки геномов были загружены в NCBI GenBank и доступны для публичного доступа под номерами AZBA00000000, AZAZ00000000.