

## **Genotipiziranje sojeva serovara Typhi *Salmonelle enterice* izoliranih od 1959. do 2006. u Kini i analiza genetske raznolikosti genomskim mikropostrojem**

*Haifang Zhang, Xiaolei Zhang, Meiyang Yan, Bo Pang, Biao Kan, Huaxi Xu, Xinxiang Huang*

**Cilj** Utvrditi genotip sojeva serovara Typhi *Salmonelle enterice* (*S. Typhi*) u Kini i njihovu genetičku raznolikost.

**Postupci** Prikupili smo sojeve *S. Typhi* od 1959. to 2006. u 5 visoko endemskih kineskih provincija i izabrali 40 reprezentativnih sojeva. Koristili smo multilokusno tipiziranje sekvenci kako bismo odredili genotipove ili sekvencne tipove (ST) i komparativnu genomsku hibridizaciju baziranu na mikropostroju (engl. M-CGH) kako bismo istražili razlike u genskom sadržaju među sojevima.

**Rezultati** Četrdeset reprezentativnih sojeva *S. Typhi* pripadalo je 4 sekvencnim tipovima (ST1, ST2, ST890, i ST892). Najzastupljeniji *S. Typhi* genotip (31/40) bio je ST2 koji je imao raznoliku geografsku distribuciju. Otkrili smo dva nova sekvencna tipa – ST890 i ST892. M-CGH pokazala je da je 69 gena u ova dva nova sekvencna tipa bilo divergentno u odnosu na *S. Typhi* Ty2, koji pripada tipu ST1. Uz to, 5 reprezentativnih Typhi sojeva ST2 izoliranih u Guizhou provinciji pokazivalo je razlike u divergentnim genima.

**Zaključak** Utvrdili smo dva nova sekvencna tipa, ST890 i ST892, i otkrili da je ST2 najzastupljeniji genotip *S. Typhi* u Kini. Genetska raznolikost bila je prisutna čak i u iznimno klonalnim bakterijskim populacijama.