КОМПЬЮТЕРИЗАЦИЯ ПРОЦЕССА ВИДОВОЙ ИДЕНТИФИКАЦИИ МИКРООРГАНИЗМОВ

Дерябин Д.Г., Фот Н.П., Бравичева О.С.
Оренбургский государственный университет, г.Оренбург

Дерябин Д.Г.
Фот Н.П.
Бравичева О.С.
Оренбургский государственный университет

Идентификация микроорганизма до вида является стандартным требованием при его лабораторном исследовании [1]. Однако, происходящее в последние десятилетия лавинообразное увеличение количества описанных видов микроорганизмов с резким увеличением числа дифференцирующих тестов, сделало невозможным использование традиционных дихотомических подходов к их идентификации. Реальностью стала необходимость проведения многоальтернативной дифференциации в условиях, когда принадлежность к каждому из потенциально возможных видов определяется сочетанием положительных и отрицательных результатов значительной по численности совокупности равноправных идентификационных тестов.

Указанные обстоятельства определили актуальность задачи компьютеризации процесса видовой идентификации микроорганизмов с акцентом на разработку вероятностно-статистических подходов к обработке и анализу результатов комплекса дифференцирующих тестов, что является основой для принятия обоснованного решения об отнесении микроорганизма к тому или иному определенному виду. При этом в качестве наиболее адекватного метода для решения данной задачи было обосновано применение процедуры кластерного анализа [2].

На этой основе разработана оригинальная компьютерная программа [3], реализующая многомерный статистический подход к решению задачи видовой идентификации микроорганизмов на основе учета комплекса их таксономически значимых биологических характеристик. В процессе работы программы производится вычисление близости анализируемого объекта (штамма) с каждым из известных видов микроорганизмов как неких «точек» в n-мерном пространстве, сформированном на основе данных об описанных в «Международном определителе Берджи» [4] значениях n-количества дифференцирующих признаков. В результате делается заключение о вероятности отнесения идентифицируемого микроорганизма к каждому из возможных видов в порядке ее убывания, приводятся результаты тестов «за» и «против» отнесения исследуемого штамма микроорганизма к определенному виду, а также рекомендуемые дополнительные тесты для более точной дифференциации между тремя наиболее вероятными видами.

Основными преимуществами разработанной программы перед существующими аналогами являются не только ее высокая диагностическая точность (не менее 95%), но и возможность получения требуемого результата при любой комбинации дифференцирующих тестов (в том числе в случае отсутствия одного или нескольких из них), а также совместимость со всеми выпускаемыми для этой цели диагностическими тест-системами.

Последняя особенность определила возможность использования разработанной программы для проведения «виртуального эксперимента», сущностью которого стала оценка пределов диагностической эффективности пяти наиболее распространенных коммерческих тест-систем, используемых для идентификации представителей рода Staphylococcus [5]. При этом было установлено, что диагностическая эффективность большинства современных тест-систем еще далека от достаточного уровня и составляет у тест-системы ПБДС (Пластина биохимическая дифференцирующая стафилококки, Россия) 57,14±1,06%; у «STAPHYtest-8» и «STAPHYtest-16» (Чехия) 44,83±5,33% и 73,83±3,6%; а у API-Staph и ID32 (Франция) 58,33±5,03 % и 85,0±6,87% соответственно.

Анализ причин, определяющих пределы диагностической эффективности этих и подобных тест-систем, позволил свести их к двум основным моментам. Во-первых, диагностические возможности тест-системы зависят не столько от общего количества входящих в нее идентификационных тестов, сколько от их суммарной информативности (ΣI), отражающей способность к дифференциации микробных видов. Во-вторых, играют роль отклонения (отк.) в интерпретации значений

идентификационных тестов, от таковых, приведенных в «Определителе бактерий Берджи». Найденное на этой основе уравнение множественной регрессии имело вид: ДЭ=0,8536*(ΣI%)+0,17*(%отк.)+2,9863, и при расчете через коэффициент детерминации свидетельствовало о том, что диагностическая эффективность тест-систем для видовой идентификации микроорганизмов на 75% определяется суммарной информативностью входящих в них дифференцирующих тестов, а на 20% – отклонениями в их интерпретации от конвенциональных значений.

Таким образом, решение задачи компьютеризации видовой идентификации микроорганизмов позволило не только автоматизировать процедуру обработки и анализа результатов тестирования, но и обосновать подходы к оптимизации перечня дифференцирующих тестов, используемых в составе коммерческих тест-систем для идентификации микроорганизмов, а также определить иные направления их совершенствования.

Литература

1. *Скала Л.З., Сидоренко С.В., Нехорошева А.Г., Резван С.П., Карп В.П.* Практические аспекты современной клинической микробиологии. М.: Лабинформ, 1997.
2. *Фот Н.П., Бравичева О.С. Видовая идентификация микроорганизмов рода стафилококков с применением методов кластер-анализа // Вестник ОГУ. 2002. №3. С.132-135.*
3. Свидетельство №2004610330 об официальной регистрации программы для ЭВМ «Универсальная программа для идентификации микроорганизмов» (Авторы: *Дерябин Д.Г., Бравичева О.С., Фот Н.П.*).
4. Определитель бактерий Берджи. В 2-х т. Пер с англ. / Под ред. *Дж.Хоума, Н.Крига, П.Снита* и др. М.: Мир, 1997.
5. *Дерябин Д.Г., Фот Н.П.* Использование универсальной компьютерной программы видовой идентификации стафилококков для сравнения эффективности тест-систем «STAPHYtest-8» и «STAPHYtest-16» (Lachema,Чехия) // Вестник ОГУ. 2003. №1. С.41-45.