

## СТРУКТУРА ГЕНОТИПОВ МИКОБАКТЕРИЙ ТУБЕРКУЛЕЗА В ОМСКОЙ ОБЛАСТИ - РЕГИОНЕ ПРИГРАНИЧНЫМ С КАЗАХСТАНОМ

А.А. Вязовая<sup>1</sup>, И.В. Костюкова<sup>2</sup>, Д.Р. Терентьева<sup>1</sup>, Д.А. Найзабаева<sup>3,4</sup>, Э.Р. Мальцева<sup>3</sup>, О.А. Пасечник<sup>5</sup>, Ю.А.Скиба<sup>3</sup>, И.В. Мокроусов<sup>1</sup>

<sup>1</sup>ФБУН НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Российская Федерация, 197101, Санкт-Петербург, ул. Мира д.14

<sup>2</sup> Клинический противотуберкулезный диспансер, Российская Федерация, Омск

<sup>3</sup> Филиал ТОО «Национальный центр биотехнологии», Республика Казахстан, Алматы

<sup>4</sup> Казахский Национальный Университет имени Аль-Фараби, Республика Казахстан, Алматы

<sup>5</sup> Омский государственный медицинский университет, Российская Федерация, Омск  
e-mail: annavyazovaya@gmail.com

На территории Омской области с 2009 по 2021 г. отмечено существенное снижение заболеваемости туберкулезом (ТБ) – с 130,7 до 48,4 случая на 100 тыс. населения. Однако возросла с 15,5% до 30,6% доля впервые выявленных бактериовыделителей штаммов *Mycobacterium tuberculosis* с множественной лекарственной устойчивостью (МЛУ). Омская область на юге граничит с Казахстаном, где доля первичной МЛУ-ТБ в 2021 году составила 34%, а в популяции возбудителя ТБ превалирует генотип Beijing (89,7%), в частности штаммы кластера Central Asian/Russian. Целью работы являлся молекулярно-генетический мониторинг популяции возбудителя ТБ в Омской области.

Материалы и методы. Изучено 219 штаммов *M. tuberculosis* от впервые выявленных больных туберкулезом легких в Омской области (2021-2022 гг.). Принадлежность к генотипу Beijing и его основным субтипам определяли разработанными нами методами на основе ПЦР. Штаммы других генотипов были сполиготипированы, с последующим сравнением с международной базой данных SITVIT2. Также генотипировали 39 образцов ДНК *M. tuberculosis* из Акмолинской области Казахстана (2008 г.).

Установлена принадлежность 65,8% (144/219) российских штаммов *M. tuberculosis* к генетическому семейству Beijing, при этом 50,7% (73/144) из них обладали МЛУ. Штаммы Beijing были представлены двумя основными субтипами: B0/W148 - 27,8% (40) и Central Asian/Russian – 61,8% (89). Доли МЛУ-штам-

мов Beijing кластеров B0/W148 и Central Asian/Russian существенно различались: 80,0% (32/40) и 32,9% (29/89) соответственно ( $p < 0,0001$ ). В структуре Central Asian/Russian выявлено 9 (4,1% во всей коллекции) штаммов субтипа Central Asian Outbreak (CAO). Восемь из 9 штаммов CAO были МЛУ, что было значимо выше, чем доля МЛУ среди остальных штаммов Central Asian/Russian (26,3%, 21/80;  $p = 0,0043$ ). В российской коллекции штаммы других генетических семейств - LAM, Ural, T, Haarlem составили 34,2% (75/219), из них 26,7% (20) обладали МЛУ. Сравнение с данными по Омской области за 2015-2017 гг. не выявило значимых различий. Анализ ДНК *M. tuberculosis* из Казахстана, показал доминирование генотипа Beijing Central Asian Outbreak (79,5%, 31/39), в частности субтипа CAO (64,1%, 25/39). Все штаммы CAO были лекарственно-устойчивыми, а 60,0% (15/25) характеризовались МЛУ.

В современной популяции *M. tuberculosis* в Омской области преобладают штаммы генотипа Beijing субтипов Central Asian/Russian и B0/W148. Несмотря на доминирование штаммов субтипа CAO в Северном Казахстане (64%), его доля в приграничной Омской области остается незначительной (4%). Штаммы генотипа Beijing B0/W148 продолжают играть ключевую роль в распространении МЛУ-ТБ в Омской области, как и в России в целом.

Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта РФФ 24-44-00004.