

Генотипирование и лекарственная устойчивость клинических изолятов *M. tuberculosis* из Казахстана

Научный руководитель – Кожамкулов Улан Анетович

Ахметова Айну́р Жармухамбетовна

Выпускник (бакалавр)

Евразийский национальный университет имени Л. Н. Гумилёва, Факультет естественных наук, Астана, Казахстан

E-mail: a.akhmetova.zh@gmail.com

Туберкулез (ТБ) остается одной из основных проблем человеческого здоровья в мире. По данным ВОЗ в 2016 г. было зарегистрировано 10.4 миллиона случаев ТБ в мире и 1.3 миллиона смертей от ТБ [1]. Казахстан входит в число 30 стран с высокими показателями ТБ с множественной лекарственной устойчивостью (МЛУ-ТБ) [1]. Целью исследования является оценка лекарственной устойчивости и генетического разнообразия клинических изолятов *M. tuberculosis* среди новых случаев туберкулеза выделенных в Казахстане.

В данном исследовании было собрано 107 *M. tuberculosis* изолятов среди новых случаев ТБ из различных регионов Казахстана. Лекарственная устойчивость к основным противотуберкулезным препаратам (ПТП) была определена методом абсолютных концентраций. Секвенирование генов *rpoB* и *katG*, отвечающих за лекарственную устойчивость к рифампицину и изониазиду соответственно было проведено на генетическом анализаторе ABI 3730 (Applied Biosystems). Сполиготипы были определены с помощью коммерчески доступного набора «Oscium Biosolutions Inc».

Среди 107 изолятов *M. tuberculosis*, выделенных от больных с новыми случаями ТБ, 19 (17.76%) были МЛУ-ТБ, 17 (15.89%) - полирезистентными, 16 (14.95%) - монорезистентными и 55 (51.4%) были чувствительными к ПТП. Результаты генотипирования показали, что 62 (57.9%) изолята *M. tuberculosis* были отнесены к китайскому генотипу Beijing. Другие семейства как U, LAM, T и Haarlem были найдены в 1.8-18.6% случаях и в одном случае был обнаружен генотип CAS (0.9%). Большинство МЛУ изолятов были отнесены к семейству Beijing (94.74%), в остальных 5.26% случаях к генотипу LAM. Среди полирезистентных изолятов генотип Beijing был определен в 70.59%, каждый из генотипов LAM и T были найдены в 11.76% случаях и генотип Haarlem в 5.89% случаях. Монорезистентные изоляты включали в себя изоляты семейства Beijing - 50%, семейства Haarlem, U, T и LAM - по 12.5%. Чувствительные изоляты имели 43.64% Beijing, 30.91% Haarlem, 18.18% T, 5.45% LAM и 1.82% CAS. Таким образом, генотипы Beijing и LAM преобладали среди резистентных изолятов, в то время как генотипы Haarlem и T преобладали среди чувствительных изолятов. Как и ожидалось, миссенс мутация в кодоне 531 Ser→Leu (TCG→TTG) была самой распространенной среди мутаций отвечающих за устойчивость к рифампицину (88.24%), среди мутаций отвечающих за изониазид-устойчивость преобладала мутация в 315 Ser→Thr (AGC→ACC).

В заключении, МЛУ изоляты преобладали среди устойчивых изолятов и в основном принадлежали к семейству Beijing. В общем, генотип Beijing является наиболее распространенным генотипом во всех категориях. Среди рифампицин и изониазид устойчивых изолятов мутации преобладали в кодоне 531 *rpoB* и 315 *katG*, соответственно.

Источники и литература

- 1) Global Tuberculosis Report 2017// World Health Organization. Geneva. 2017. 147 p.