

MIRU-VNTR генотипирование *M. tuberculosis* изолятов среди повторных случаев туберкулеза в Казахстане

Научный руководитель – Акильжанова Айнура Рахметуловна

Ахметова Айнура Жармухамбетовна

Выпускник (бакалавр)

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

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

Ахметова Айнура Жармухамбетовна

PhD студент

Кафедра общей биологии и геномики, Евразийский Национальный университет имени Л.Н. Гумилева, г. Нур-Султан, Казахстан

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

Введение. Туберкулез (ТБ) все еще остается одной из актуальных проблем здравоохранения в Казахстане. Согласно данным Всемирной Организации Здравоохранения (2019), Казахстан входит в список 30 стран с высокими показателями туберкулеза с множественной лекарственной устойчивостью (МЛУ-ТБ) в мире. Показатель МЛУ-ТБ, ассоциированного с устойчивостью к двум основным противотуберкулезным препаратам первого ряда - рифампицину и изониазиду в Казахстане в 2018 г. составил 26 случаев на 100 000 населения [1]. В связи с широким распространением во всем мире штаммов *M. tuberculosis* с лекарственной устойчивостью, особенно с МЛУ-ТБ и ТБ с широкой лекарственной устойчивостью (ШЛУ-ТБ), более сложной формы МЛУ-ТБ, очень важно проводить мониторинг и контролировать распространения заболевания [2]. В настоящее время MIRU-VNTR анализ является одним из широко используемых методов генотипирования *M. tuberculosis*.

Целью данной работы является оценка биологического разнообразия клинических изолятов *M. tuberculosis* среди повторных случаев туберкулеза в Казахстане.

Материалы и методы. Было собрано 90 клинических изолятов *M. tuberculosis* среди повторных случаев туберкулеза из разных областей Казахстана. Генотипирование собранных образцов проводилось методом MIRU-VNTR по 15 локусам. ПЦР продукты были визуализированы с помощью бромистого этидия на 2% агарозном геле. Была использована программа Quantity 1 (BioRad) для определения длины ПЦР продуктов и подсчета количества тандемных повторов в каждом локусе. 15-ти значный аллельный профиль всех изолятов был загружен в базу данных MIRU-VNTRplus.org для идентификации семейств *M. tuberculosis*. Филогенетическое древо было построено с помощью UPGMA алгоритма.

Результаты. На основе результатов 15 MIRU-VNTR анализа было обнаружено 40 генотипов. 31 (34,4%) генотипов были уникальными, то есть были определены только у одного изолята в выборке. Остальные 59 (65,6%) изолятов *M. tuberculosis* были объединены в 9 кластеров, которые включали в себя от 2 до 29 изолятов в одном кластере. 86,7% всех клинических изолятов *M. tuberculosis* были отнесены к семейству Beijing. В 11,1% случаев

было выявлено семейство LAM. И в остальных 2,2% случаев были идентифицированы семейства URAL и CAS.

Выводы. MIRU-VNTR типирование 90 клинических изолятов *M. tuberculosis* показало, что штаммы семейства Beijing, которые ассоциированы с лекарственной устойчивостью преобладают среди рецидивов в Казахстане (86,7%).

Источники и литература

- 1) Global tuberculosis report 2019. Geneva: World Health Organization. Licence: CCBY-NC-SA3.0 IGO. 2019; 58-268.
- 2) Akkerman O et.al. Surveillance of adverse events in the treatment of drug-resistant tuberculosis: A global feasibility study. International Journal of Infectious Diseases. 2019. 83: 72-76.