Динамика структуры популяции *Mycobacterium tuberculosis* на севере России

Вязовая А.А. [1], Гаврилова Н.Ю. [2], Терентьева Д.Р. [1], Герасимова А.А. [1], Соловьева Н.С. [3], Нарвская О.В. [1,3], Журавлев В.Ю. [3], Мокроусов И.В. [1]
1 ФБУН «НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Пастера», Санкт-Петербург, Россия
2 ГОБУЗ «Мурманский областной противотуберкулезный диспансер», Мурманск, Россия
3 ФГБУ «НИИ фтизиопульмонологии» Минздрава России, Санкт-Петербург, Россия

Dynamics in population structure of *Mycobacterium tuberculosis* in northern Russia

Vyazovaya A.A. [1], Gavrilova N.Y. [2], Terentieva D.R. [1], Gerasimova A.A. [1], Solovieva N.S. [3], Narvskaya O.V. [1,3], Zhuravlev V.Y. [3], Mokrousov I.V. [1]
1 St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia
2 Murmansk Regional TB Dispensary, Murmansk region, Russia
3 Research Institute of Phthisiopulmonology, St. Petersburg, Russia

Введение

В Мурманской области (численность населения - 757,6 тыс. человек., площадь - 144,9 тыс км2) первые молекулярно-генетические исследования циркулирующих штаммов *M. tuberculosis* для характеристики структуры популяции возбудителя и, в частности, для оценки роли штаммов различных генотипов в распространении лекарственно-устойчивого туберкулеза легких были проведены в годы подъема заболеваемости ТБ (2003-2006 гг.). Далее в 2007-2017 гг. заболеваемость ТБ в Мурманской области значительно снизилась: с 58,2 до 23,9 на 100 тыс. населения. Вместе с тем, удельный вес первичной множественной лекарственной устойчивости (МЛУ) возбудителя туберкулеза оставался на высоком уровне – 25,0% в 2017 г.

Материалы и методы

Изучено 67 изолята *M. tuberculosis*, выделенных в 2017 г. от ранее не леченных больных туберкулезом, проживающих в Мурманской области.

41 (61,2%) из 67 штаммов были чувствительны (ЛЧ) к ПТП, 6 – моно-/полирезистентными (М/П), у 18 (26,9%) штаммов выявлена МЛУ.

Принадлежность к генотипу и кластерам B0/W148 и Central Asian/Russian Beijing определяли методом ПЦР по наличию инсерции IS6110 в локусе dnaA-dnaN генома, межгенном участке Rv2664-Rv2665 и SNP в sigE98.

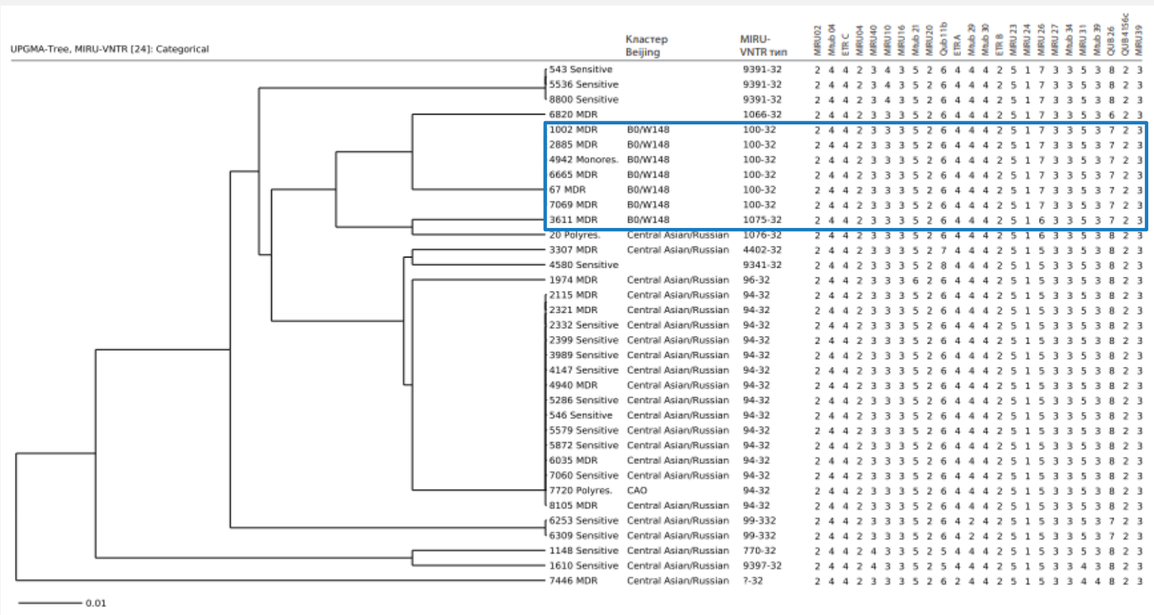
Штаммы Beijing далее генотипировали методом MIRU-VNTR, штаммы других групп (non-Beijing) сполиготипировали и сравнивали с SITVIT2.

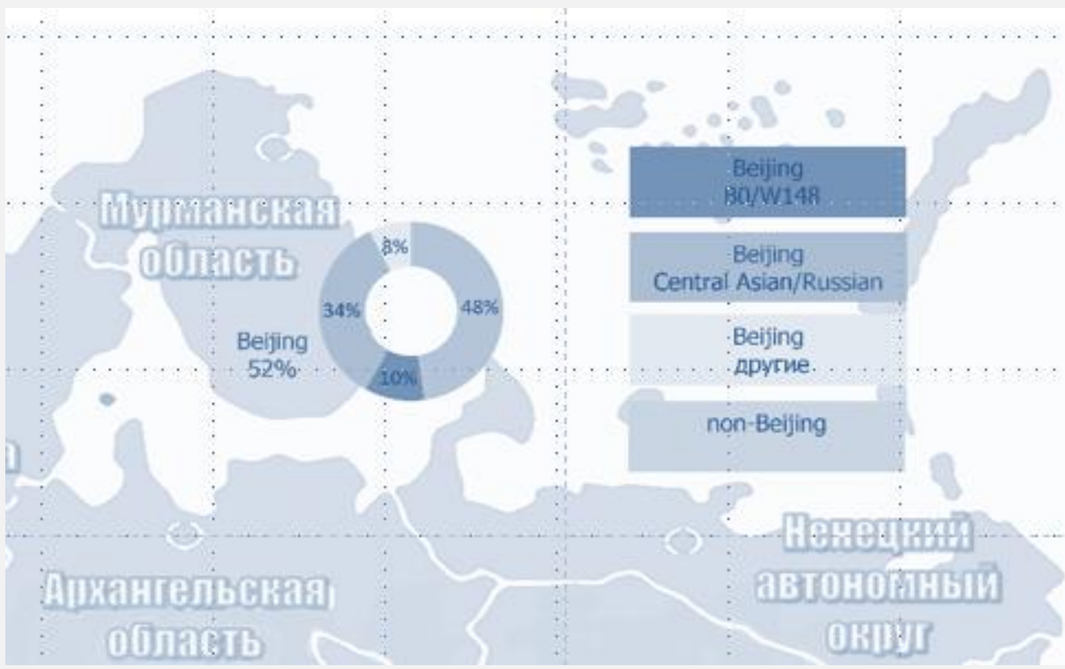
Цель исследования была генотипическая характеристика популяции *M. tuberculosis* в Мурманской области и изменение ее структуры в сравнении с данными 2003-2004 гг.

Результаты

Установлена принадлежность 52% (35/67) штаммов *M. tuberculosis* к генотипу Beijing; 34% (22/67) и 10% (7/67) отнесены к кластерам Central Asian/Russian и B0/W148.

Наибольшая доля МЛУ-штаммов *M. tuberculosis* определена в кластере Beijing B0/W148 (85,7%), представленном, преимущественно 100-32 (6/7) согласно номенклатуре MLVA MtbC 15-9.





SIT	Профиль сполиготипирования	Генотип	ЛЧ	М/П	МЛУ	Всего
40		T	1			1
52		T	1			1
122		T	2			2
1105		T	1			1
1255		T	1			1
42		LAM	3			3
60		LAM	1			1
254		LAM	1			1
35		Ural	4	2		6
262		Ural	4	2		6
1447		Ural	1			1
2		Haarlem	1	1		2
708		X	1			1
4		Unknown			2	2
237		Unknown			1	1
1177		Unknown	1			1
Orphan		Unknown	1			1

Сполиготипирование 32 штаммов non-Beijing *M. tuberculosis* выявило 17 типов (SIT), представляющих генетические семейства Ural (19,4%), T (9,0%), LAM (7,5%), Haarlem (3,0%) и X (1,5%).

Выводы

За период 2003-2017 гг. доля штаммов Beijing *M. tuberculosis* возросла с 44,0% до 52,2%, причем количество МЛУ-штаммов B0/W148 увеличилось в 3,5 раза, что свидетельствует об отборе и накоплении данного эпидемиологически неблагоприятного варианта в исследуемой популяции возбудителя туберкулеза в Мурманской области.

Всероссийский конгресс по медицинской микробиологии, клинической микологии и иммунологии (XXV Кашкинские чтения)
8-10 июня 2022 г., Санкт-Петербург, Россия