

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ОСОБО ОПАСНЫХ ИНФЕКЦИЙ В КАЗАХСТАНЕ

А.Б. Шевцов^{1*}, У.А. Избанова¹, Т.Б. Каримаев¹, G. Vergnaud¹

¹Национальный центр биотехнологии, г. Астана, Казакстан

e-mail: shevtsov@biocenter.kz

С 2016 по 2024 годы сотрудниками ТОО «Национального центра биотехнологии», РГП на ПХВ Национальный научный центр особо опасных инфекций имени Масгута Айкимбаева МЗ РК и РГП «Национальный референтный центр по ветеринарии» были проведены совместные исследования по генотипированию бактериальных штаммов возбудителей особо опасных инфекций. Генотипирование было проведено с применением высокодискриминационных методов MLVA (мультилокусный анализ переменных тандемных повторов) и полногеномного секвенирования.

MLVA генотипирование и полногеномное секвенирование *Bacillus anthracis* выделенных в Казахстане позволило идентифицировать группы: А1/TEA, А3/Sterne-Ames, А4/Vollum и кладу В. Группа ТЕА (Трансевразийская) в Казахстане представлена 3 линиями: «Цянковского», «СТИ» и «Героин». Самая многочисленная линия СТИ включает 67% всех секвенированных штаммов. Из 7 идентифицированных подлиний «СТИ» в Казахстане идентифицировано 6, что демонстрирует высокую географическую связь между «СТИ» и Казахстаном, Центральной Азией. Это наблюдение является убедительным свидетельством того, что политомия ТЕА возникла после последнего политического объединения азиатских степей в четырнадцатом веке нашей эры. Всего 11% штаммов относятся к линии «Цянковский», большинство из которых изолированы в западном Казахстане. Линия «Героина» присутствует в Туркестане (Южный Казахстан), вдоль бывшего Шелкового пути. 2 штамма принадлежат к кладе Vollum, которые собраны в Туркестане (Южный Казахстан) и Атырау, раз-

делены одним SNP. Штамма В-клады впервые были выделены в 2016 году в Павлодарской области. Филогенетический анализ данных Казахстана и доступных в настоящее время данных WGS мирового происхождения укрепляет наше понимание географической экспансии *B. anthracis* за последние семь столетий.

Секвенирование 49 штаммов *B. abortus*, выделенных в Казахстане позволило отнести 46 к субкладам С1 и 3 к С2. Штаммы субклады С1 кластеризовались со штаммами из соседних стран, в основном Северного Кавказа, Западной России, а также Сибири, Китая и Монголии. Один из трех казахстанских штаммов, отнесенных к субкладу С2, соответствовал вакцинному штамму *B. abortus* S19, используемому для крупного рогатого скота, два других были генетически близки к вакцинному штамму 104 М. Филодинамический анализ датировал интродукцию субклада С1 *B. abortus* в Казахстан XIX - началом XX веков.

Секвенирование 39 штаммов *Francisella tularensis* subsp. *holarctica* циркулирующих в Казахстане идентифицировало две линии, а именно В.4 и В.12. Исследование демонстрирует более широкое распространение генотипа В.4 в Азии и выявило более базальную точку ветвления в этой субкладе. Полученные данные подтверждают гипотезу азиатского происхождения *F. tularensis*. Обнаружение идентичных генотипов у штаммов, разделенных во времени десятилетиями и тысячекилометровыми географическими расстояниями, подтверждает способность бактерий к длительному сохранению и быстрому распространению на большие расстояния.