

ВЗАИМОСВЯЗЬ МЕЖДУ ТУБЕРКУЛЕЗОМ С МНОЖЕСТВЕННОЙ ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТЬЮ И СЕМЕЙСТВОМ BEIJING *M.TUBERCULOSIS* ЦИРКУЛИРУЮЩИХ НА ТЕРРИТОРИИ КАЗАХСТАНА

Абилова Ж.¹, Ахметова А.², Каденова Т.¹, Сатвалдина Н.¹, Данияров А.³, Каиров У.³, Акильжанова А.¹, Алмазан Дж.⁴, Кожамкулов У.¹

¹National Laboratory Astana, Назарбаев Университет, Лаборатория геномной и персонализированной медицины, Астана, Казахстан

²Евразийский национальный университет им. Л.Н. Гумилева, Кафедра общей биологии и геномики, Астана, Казахстан

³National Laboratory Astana, Назарбаев Университет, Лаборатория биоинформатики и системной биологии, Астана, Казахстан

⁴Школа медицины Назарбаев Университет, Астана, Казахстан
e-mail: Zhannur.nurkina@nu.edu.kz

ТБ по данным ВОЗ на 2021–2025 годы. Цель исследования – определение связи МЛУ с семейством Beijing *M.tuberculosis*, а также дальнейший геномный анализ данных полногеномного секвенирования клинических изолятов МЛУ *M.tuberculosis*, распространенных в Казахстане.

В разных регионах Казахстана собрано 271 лекарственно-устойчивый *M.tuberculosis* от больных туберкулезом, в том числе 143 (52,77%) - МЛУ, 79 (29,15%) - пре-ШЛУ, 21 (7,75%) - монорезистентные, 19 (7,01%) - полирезистентными, а 9 (3,32) – ШЛУ к противотуберкулезным препаратам. Семьдесят шесть хорошо охарактеризованных штаммов MDR были отобраны для дальнейшего геномного анализа. Споллиготипирование проводили с использованием коммерчески доступного набора MeltPro® McSpoligotyping Test Kit, Zeesan. Устойчивость к противотуберкулезным препаратам первого ряда определяли с помощью системы VASTEC MGIT-960. Секвенирование проводили на NovoSeq 6000 (Illumina, США).

Результаты генотипирования 76 изолятов МЛУ показали преобладание семейства Beijing *M.tuberculosis*, которое выявлено в 85,5% случаев (65 клинических изолятов). Остальные изо-

ляты принадлежали к следующим семействам: LAM9 – 3 (3,9%), LAM-RUS – 3 (3,9%), T1 – 2 (2,6%), H3 – 1 (1,3%), MANU2 – 1 (1,3%), C – 1 (1,3%). Сочетание лекарственной устойчивости к трем основным противотуберкулезным препаратам - изониазиду, рифампицину и этамбутолу было наиболее частым и выявлено в 23 случаях (30,2%). Устойчивость к изониазиду, рифампицину, пипразинамиду и этамбутолу выявлена у 21 изолята (27,6%). Устойчивость к изониазиду, рифампицину и пипразинамиду выявлена в 17 случаях (22,4%), а устойчивость к изониазиду и рифампицину выявлена в 15 случаях (19,7%).

Генотип Beijing *M.tuberculosis* оказался наиболее распространенным среди изолятов МЛУ, циркулирующих в Казахстане. Дальнейший геномный анализ с использованием TB-Profiler, MTBseq, mykrobe, PATRIC и других баз данных позволит проанализировать данные секвенирования генома клинических изолятов *M.tuberculosis* и определить генетический профиль общей лекарственной устойчивости.

Ссылки на гранты: данное исследование было профинансировано за счет гранта Назарбаев Университета в рамках Программы совместных исследований №11022021CRP1511.