

**П. І. Потейко, О. С. Константиновська, А. В. Рогожин, І. І. Грек,
О. С. Солодянкін, Ю. В. Кучеренко**

АНАЛІЗ ПЕРВИННО РЕЗИСТЕНТНИХ ШТАМІВ *M.TUBERCULOSIS* У ХВОРИХ НА ЛЕГЕНЕВИЙ ТУБЕРКУЛЬОЗ В ЗАЛЕЖНОСТІ ВІД НАЯВНОСТІ ЕПІЗОДІВ ПОЗБАВЛЕННЯ ВОЛІ ПРОТЯГОМ ЖИТТЯ

Харківська медична академія післядипломної освіти

ННЦ «Інститут експериментальної та клінічної ветеринарної медицини»

Жовтневська виправна колонія управління Державної пенітенціарної служби України в Харківській області № 17

В Україні на сучасному етапі набуває швидкого розповсюдження хіміорезистентний туберкульоз (ХРТБ). За даними Всесвітньої Організації Охорони Здоров'я (ВООЗ), наша країна входить у п'ятірку країн із найвищим тягарем мультирезистентного туберкульозу (МРТБ).

В цілому ряді спостережень виявлено, що випадки важкого перебігу і неефективного лікування часто пов'язані із зараженням штамми мікобактерій туберкульозу (МБТ) сімейства Beijing. У теперішній час МРТБ штамми сімейства Beijing широко циркулюють в установах позбавлення волі країн, географічно близьких до України (І. Мокроусов, 2010; М. Димова, 2012).

VNTR-метод (метод варіабельного числа тандемних повторів) є базовою формою генетичного картування та ідентифікації геному і на сьогодні широко викори-

стовується у всьому світі для рішення епідеміологічних задач.

Метою дослідження було визначити приналежність первинно резистентних штамів МБТ до конкретного сімейства за методом VNTR по ETR A-E локусах та дослідити превалювання сімейств МБТ в залежності від того, чи перебував хворий в установах пенітенціарної системи протягом життя.

Матеріали і методи

Досліджено 153 випадки розповсюдженого (із ураженням 5 і більше сегментів легень) первинно резистентного туберкульозу легень (ТБ) у хворих, які знаходились на стаціонарному лікуванні в Харківській області, Україна. Пацієнти відбиралися сліпим методом та були розподілені на 2 групи: група 1 — хоча б однократний

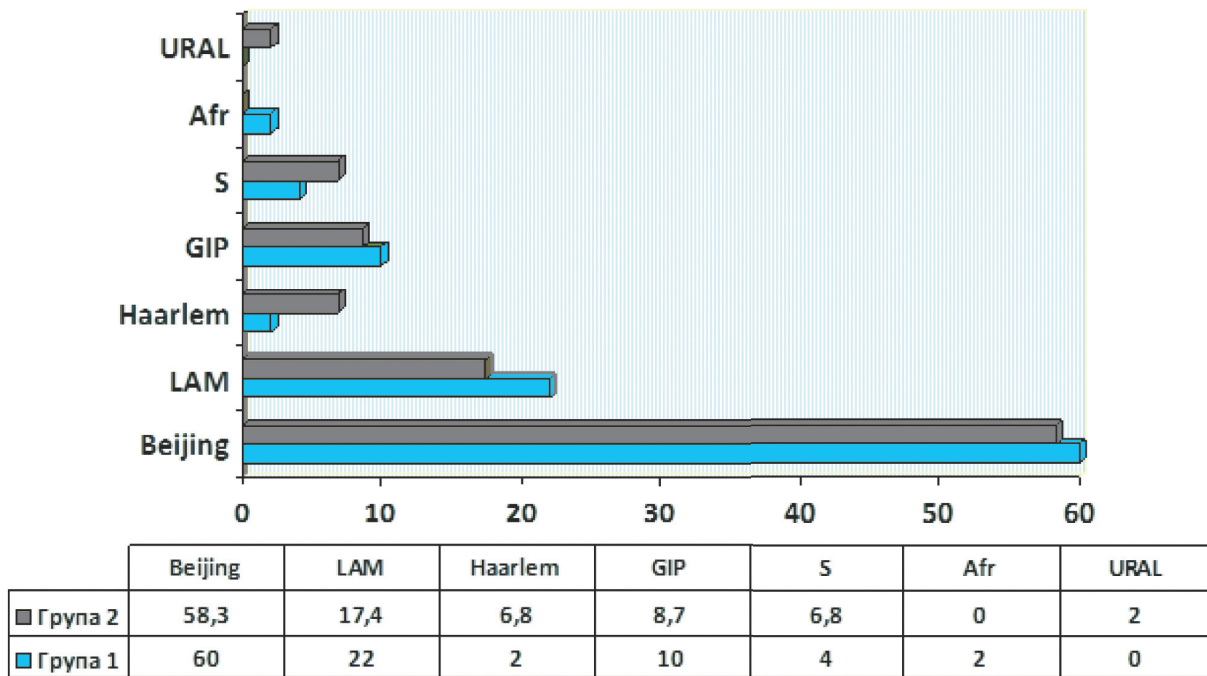


Рис. 1. Превалювання сімейств первинно резистентних штамів МБТ серед колишніх ув'язнених (група 1, n = 50) та в осіб без кримінального минулого (група 2, n = 103).

епізод перебування у місцях позбавлення волі, n = 50, група 2 — без кримінального минулого, n = 103.

Зразки мокротиння культивувалися на твердому поживному середовищі Левенштейна-Йєнсена. Визначення штамів МБТ проводилося за VNTR-методикою за допомогою наборів праймерів для ампліфікації п'яти точних тандемних повторів по ETR локусах (A, B, C, D, E).

Результати та обговорення

Було ідентифіковано 6 сімейств МБТ: 1) Beijing — 59,4 %, 2) Latin American and Mediterranean (LAM) — 25,5 %, 3) Haarlem — 5,2 %, 4) Ural / Uganda1 — 1,3 %, 5) S — 5,9 %, 6) Africanum — 0,7 %, та генотипи індивідуального профілю (GIP) — 2,0 %. Розподілення виявлених сімейств у групах наведено у діаграмі (рис.1).

Статистично значуща різниця виявлена щодо МБТ сімейства Haarlem — достовірно частіше ці штами визначалися у хворих 2 групи (без кримінального минулого) — у 6,8 % випадків у порівнянні із групою 1 — 2,0 %, $p < 0,05$.

Висновки

Переважає більшість первинно резистентних штамів МБТ Харківської області належить до сімейства Beijing (59,4 %). МБТ сімейства Haarlem достовірно частіше визначалися у хворих без кримінального минулого. Інші сімейства МБТ зустрічаються однаково часто.

У перспективі для генотипування ізолятів МБТ доцільне впровадження комплексу стандартизованих молекулярно-генетичних методів, що володіють найбільшою дискримінуючою здатністю.