

УСОВЕРШЕНСТВОВАНИЕ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО МОНИТОРИНГА ЗА ЦИРКУЛЯЦИЕЙ ВОЗБУДИТЕЛЯ БРУЦЕЛЛЁЗА В КАЗАХСТАНЕ НА ОСНОВЕ ВНЕДРЕНИЯ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО ТИПИРОВАНИЯ ШТАММОВ *BRUCELLA SPP.*

Жидкеева Р.Е.¹, Скиба Ю.А.¹, Исмагулова Г.А.¹, Мальцева Э.Р.¹, Березовский Д.В.², Кузнецов А.Н.², Сыздыков М.С.², Айтхожина Н.А.¹

¹*Институт молекулярной биологии и биохимии им. М.А. Айтхожина (Алматы, Казахстан)*

²*Казахский научный центр карантинных и зоонозных инфекций имени М. Айкимбаева (Алматы, Казахстан)*
ramilya26e@gmail.com

Введение: В Республике Казахстан в 1999-2014 г.г. было зарегистрировано 36174 случая впервые диагностированного бруцеллёза человека, при этом высокий удельный вес случаев с неустановленным источником заражения (до 50% в некоторых областях страны) говорит о недостаточно качественном обследовании очагов. Очевидно, что для реализации цели мониторинга эпидемической и эпизоотической ситуации по бруцеллёзу и расследования вспышек данной инфекции необходима комплексная программа слежения за штаммами, циркулирующими среди людей и сельскохозяйственных животных, основанная на современных методах молекулярно-генетической паспортизации возбудителей.

Методы: Выделение ДНК *Brucella spp.* проводилось с помощью коммерческих наборов Genomic DNA Purification Kit (Promega) на базе КНЦКЗИ им. М. Айкимбаева. Генотипирование выборки ДНК проводилось методом ручного мультислокусного анализа вариабельного числа tandemных повторов по 16 локусам (MLVA-16) (Le Flèche et al., 2006). Филогенетический анализ и визуализацию полученных данных, а также идентификацию штаммов и генетических семейств проводили при помощи собственной информационной базы данных и онлайн ресурса *BrucellaMLVAdatabase*. Оценку дискриминирующей способности локусов устанавливали на основании индекса Хантера-Гастона (HGI).

Результаты: Коллекция изолятов бруцелл пополнена штаммами, выделенными в 2015 году от людей и сельскохозяйственных животных из Алматинской, Жамбылской и Южно-Казахстанской областей (n=124). Проведено генотипирование выборки 94-х казахстанских изолятов и двух референтных штаммов. Наибольший индекс HGI был отмечен для локусов *Bruce16* (0,752), *Bruce04* (0,571) и *Bruce30* (0,459). Филогенетический анализ показал, что все 94 изолята принадлежат виду *Brucella melitensis* и относятся к генетическому семейству East-Mediterranean (Восточно-Средиземноморский тип), доминирующему по нашим данным и литературным источникам (Shevtsov et al., 2015) на территории Казахстана. Всего выявлен 31 генотип и 17 кластеров. Уровень кластеризации для выборки составил 0.677. Установлено, что 5 кластеров, включая наиболее крупный из 19 профилей (153132232441854345), образованы образцами, выделенными как от животных, так и от людей. Анализ территориального распределения для этих кластеризованных изолятов показал как наличие близкорасположенных, так и удаленных друг от друга географических точек, что может свидетельствовать о наличии эпидемических связей между выявленными случаями заболевания людей и животных.

Выводы: Таким образом, полученные на данном этапе исследования результаты продемонстрировали возможность применения метода MLVA-16 для решения ряда эпидемиологических задач. Выявленные генетические профили дополнили базу данных казахстанских генотипов *Brucella spp.*, которая была задумана как важное звено в постоянном контроле эпидемиологической обстановки по бруцеллёзу на территории страны и послужит в дальнейшем инструментом для своевременной оценки эффективности проводимых противозэпидемических мероприятий.