

35%, вирусная нагрузка – 16-25 тыс./копий в мл. У детей с генерализованным туберкулезом количество CD4-лимфоцитов составляло от 8 до 15%. Вирусная нагрузка – до 1 млн копий в мл. Клиническое обследование больных установило более выраженные симптомы интоксикации в 1-й группе больных – полиаденопатия и субфебрилитет выявлены в 100% случаев, тогда как во 2-й группе в 60 и 10% случаев соответственно ($p < 0,05$). Гепатоспленомегалию выявляли также более часто у детей в 1-й, чем во 2-й группе: у 45,0 и 33,3% соответственно ($\chi^2 = 1,8; p > 0,05$). Гипохромную анемию регистрировали у 40% пациентов 1-й группы и у 6,7% детей 2-й ($\chi^2 = 23,9; p < 0,05$). Бактериологическое подтверждение диагноза (посев и ПЦР) имело место у 1 больного 1-й группы и 2 больных 2-й группы. Ос-

новным подтверждением туберкулеза у детей ТБ/ВИЧ остается рентгеномографический метод с регистрацией характерной динамики процесса на фоне противотуберкулезной терапии. Результат лечения туберкулеза у больных как 1-й, так и 2-й групп был благоприятным, летальных исходов не было.

Выводы. 1. При выявлении туберкулеза у детей с ВИЧ-инфекцией следует использовать клинический и рентгенологический методы.

2. Массовая туберкулинодиагностика и пробы с диаскинстестом демонстрируют снижение эффективности по сравнению с детьми без ВИЧ. Отрицательная реакция на туберкулиновую пробу и пробу с диаскинстестом у детей с ВИЧ-инфекцией не может являться критерием отсутствия туберкулеза.

РОЛЬ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ МЕТОДОВ В ПОВЫШЕНИИ ЭФФЕКТИВНОСТИ ДИАГНОСТИКИ ТУБЕРКУЛЕЗА С ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТЬЮ МИКОБАКТЕРИЙ

П. И. ЕЛИСЕЕВ^{1,2}, И. В. ТАРАСОВА¹, А. О. МАРЬЯНДЫШЕВ²

¹ТБУ АО «Архангельский областной клинический противотуберкулезный диспансер»,

²ГБОУ ВПО «Северный государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации, г. Архангельск

Цель исследования: оценка эффективности диагностики туберкулеза (ТБ) с лекарственной устойчивостью *M. tuberculosis* (МБТ) на основе применения молекулярно-генетических методов Genotype; определение сроков начала лечения и результатов химиотерапии у больных туберкулезом с множественной лекарственной устойчивостью (МЛУ ТБ) с использованием различных диагностических методик.

Материалы и методы. В исследование включено 295 пациентов с впервые выявленным МЛУ ТБ в Архангельской области. Данные пациенты составили две группы. В 1-ю группу ($n = 163$) включены пациенты, у которых МЛУ ТБ был выявлен до 2009 г. включительно методом абсолютных концентраций на среде Левенштейна – Йенсена и жидкой питательной среде BacTAlert (bioMérieux), во 2-ю группу ($n = 132$) – больные ТБ, зарегистрированные в 2010 г. и позже, у которых МЛУ ТБ был определен методами Genotype (Hain Lifescience) и Bactec MGIT 960 (Becton Dickinson). Для всех пациентов было рассчитано время от первого обращения за медицинской помощью до начала лечения МЛУ ТБ и определены исходы лечения. Данные показатели сопоставлены в двух группах. Подготовка баз данных и математические вычисления проводили в табличном редакторе MS Excel. Расчет 95%-ных доверительных интервалов, средних величин, медиан, критерия χ^2 Пирсона осуществлен на персональном компьютере с использованием статистических программ EpiInfo, EpiTable, Mathworks MatLAB, 2009.

Результаты. Применение новых методов привело к сокращению времени выявления МЛУ ТБ. Пациенты с положительным результатом микроскопии, у которых МЛУ ТБ выявлен молекулярно-генетическим методом, начинали курс лечения на 50 и 66 дней раньше (медиана) по сравнению с пациентами, у которых МЛУ ТБ был обнаружен с помощью методов BacTAlert (bioMérieux) и абсолютных концентраций на среде Левенштейна – Йенсена соответственно. Для пациентов с отрицательным результатом микроскопии мокроты данный показатель составил 78 дней (медиана). Эффективный курс химиотерапии во 2-й группе, где использовали молекулярно-генетические методы диагностики МЛУ ТБ, отмечался в 65% случаев. В 1-й группе, где применяли культуральные методы, данный показатель был ниже ($p < 0,05$) и составил 44,8%. Смертность от всех причин и прерывание лечения реже регистрировали во 2-й группе, чем в 1-й: 7,6 и 15,9% ($p < 0,05$) соответственно, прерывание лечения – 18,2 и 32,5% ($p < 0,05$) соответственно. Различия показателей безуспешного лечения, формирования ШЛУ ТБ, а также конверсия результатов бактериоскопии и посева мокроты были статистически незначимы.

Выводы. Применение молекулярно-генетических методов позволило сократить сроки выявления пациентов с МЛУ ТБ. Ранее начало лечения достоверно улучшило результаты химиотерапии у этих больных.