

Характеризуя туберкулезный процесс у животноводов, следует отметить, что если ранее у многих пациентов туберкулез выявляли несвоевременно (табл.) с наличием деструкции в зоне поражения и бактериовыделением, в последнее время – намного реже. Большое число бактериовыделителей в 2014 г. можно объяснить широким использованием современных бактериологических методов, в частности аппарата для ПЦР-диагностики туберкулеза GeneXpert. В последние годы туберкулез у животноводов выявляли в основном по результа-

там плановых осмотров, в то время как до 2009 г. активно обнаруживали лишь немногим более 50% случаев.

Заключение. Наблюдается положительная динамика в структуре заболеваемости туберкулезом животноводов Рязанской области. Заболеваемость значительно снизилась, среди форм туберкулеза преобладают очаговый туберкулез и туберкулемы. Туберкулез в большинстве случаев выявляется по результатам плановых осмотров своевременно.

Таблица

Характеристика туберкулезного процесса у животноводов и метод их выявления

Показатели \ Годы	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	итого
Число выявленных больных туберкулезом	11	12	4	8	7	4	4	3	5	58
Выявлено при плановых осмотрах	7	7	1	4	6	4	4	2	3	38
CV+	6	4	2	6	4	3	1	2	1	29
MBT+	2	5	3	5	3	2	1	1	4	26

ГЕНОТИПИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ВИРУСНОГО ГЕПАТИТА С У ПАЦИЕНТОВ С ТУБЕРКУЛЕЗОМ

ОСЬКИН Д. Н., ДОБИН В. Л.

GENOTYPIC DESCRIPTION OF VIRAL HEPATITIS IN TUBERCULOSIS PATIENTS

OS'KIN D. N., DOBIN V. L.

ГБОУ ВПО «РязГМУ» МЗ РФ, г. Рязань

Ryazan State Medical University, Ryazan, RF

Цель: изучение распространенности различных генотипических вариантов вируса гепатита С (ВГС) среди пациентов с сопутствующим туберкулезом различных локализаций.

Материалы и методы. В исследовании принимали участие 34 пациента с туберкулезом различных локализаций, имеющих положительные результаты исследования суммарных антител к антигенам ВГС. Все пациенты находились на стационарном лечении в ГБУ РО «ОКПТД» с верифицированным диагнозом туберкулеза в период с марта по ноябрь 2014 г. Демографическая характеристика пациентов была следующей: преобладали мужчины – 31 (91,2%) человек, средний возраст составлял 26,3 года, преобладали безработные – 27 (79,4%), многие употребляли наркотики – 9 (26,5%) – или злоупотребляли алкоголем – 11 (32,3%), 7 (20,5%) пациентов в качес-

тве сопутствующего заболевания имели ВИЧ-инфекцию. Среди пациентов преобладал туберкулез органов дыхания – 32 (92,1%), при этом у 16 (47%) было бактериовыделение, а у 11 (32,4%) – распад легочной ткани.

Результаты. Среди обследованных пациентов у 23 (67,6%) были положительные результаты качественного определения РНК ВГС, что свидетельствует о виремии и репликативной (активной) фазе хронического вирусного гепатита. При этом ВГС у данных пациентов протекал латентно без явных клинических и с умеренными биохимическими признаками активности. Проведено определение 1А, 1В, 2 и 3 генотипических вариантов ВГС. Положительные результаты генотипирования ВГС были получены у 17 (73,9%) пациентов этой группы (результаты представлены в таблице).

Результаты генотипирования ВГС

Генотип ВГС	НСV РНК 1А	НСV РНК 1В	НСV РНК 2	НСV РНК 3	НСV РНК 1А+1В
Число пациентов	2 (11,8%)	4 (23,6%)	1 (5,9%)	9 (52,8%)	1 (5,9%)

По данным литературы, широкое распространение среди пациентов 1-го генотипа ВГС может служить препятствием для эффективного лечения ВГС и предпосылкой для длительного сохранения источников инфекции. Первый А вариант ВГС часто связан с внутривенным употреблением наркотиков, 1В – с заражением во время медицинских процедур, 2 – с половым путем передачи инфекции. Третий генетический вариант ВГС является независимым фактором риска развития липидоза печени.

Выводы.

1. Необходимо как можно более раннее генотипическое обследование пациентов с предполагаемым вирусным гепатитом С в противотуберкулезном стационаре, поскольку среди них высока доля ($2/3$) больных с активным вирусным гепатитом.

2. Среди пациентов с туберкулезом и вирусным гепатитом С одинаково часто определяются 3-й и 1-й генетические варианты ВГС, случаи выявления 2-го – редки.

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ ИЗОЛЯТОВ *MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS*, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ РАНЕЕ НЕ ЛЕЧЕННЫХ БОЛЬНЫХ ТУБЕРКУЛЕЗОМ ЛЕГКИХ В СОЧЕТАНИИ С ВИЧ-ИНФЕКЦИЕЙ

ПАНОВ Г. В.,¹ ЦВЕТКОВ А. И.,¹ ЛАРИОНОВА Е. Е.², СМЕРНОВА Т. Г.², ЧЕРНОУСОВА Л. Н.²

GENETIC POLYMORPHISM OF *MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS* ISOLATES FROM NOT PREVIOUSLY TREATED PULMONARY TUBERCULOSIS PATIENTS WITH CONCURRENT HIV INFECTION

PANOV G. V.,¹ TSVETKOV A. I.,¹ LARIONOVA E. E.,² SMIRNOVA T. G.,² CHERNOUSOVA L. N.²

¹ГБУЗ СО «Противотуберкулезный диспансер», г. Екатеринбург

²ФГБНУ «Центральный НИИ туберкулеза», г. Москва

¹TB Dispensary, Yekaterinburg, RF

²Central Tuberculosis Research Institute, Moscow, RF

Впервые молекулярно-генетические методы для описательной эпидемиологии *M. tuberculosis* были применены в начале 1990-х годов, а полная расшифровка генома была проведена в 1998 г. группой авторов под руководством S. T. Cole.

В России неуклонно растет число больных туберкулезом в сочетании с ВИЧ-инфекцией (ВИЧи) (10,7% в 2012 г. – 5,9 на 100 тыс. населения и 12,5% в 2013 г. – 6,5 на 100 тыс. населения). При этом увеличивается и число случаев первичного заболевания туберкулезом, вызванным штаммами *M. tuberculosis* с множественной лекарственной устойчивостью (МЛУ). По данным Всемирной организации здравоохранения, МЛУ выявляется примерно в 4% новых случаев заболевания. В России в 2013 г. по сравнению с 2012 г. отмечается постепенный рост МЛУ микобактерий туберкулеза (МБТ) среди контингентов больных туберкулезом

органов дыхания, выделяющих *M. tuberculosis* (с 37,5 до 40,0%). Считается, что основной вклад в развитие эпидемии туберкулеза и распространение штаммов МБТ с МЛУ в России в значительной степени связан с активным распространением в популяции мультирезистентных штаммов генотипа *Beijing*.

Впервые этот генотип был выявлен у штаммов, выделенных в Пекинском регионе Китая в 1992-1994 гг. По данным большого числа авторов, штаммы генотипа *Beijing* обладают особыми биологическими свойствами.

Первые работы по исследованию сполитотипов изолятов *M. tuberculosis*, циркулирующих в Уральском регионе, были проведены 2001-2002 гг., где были получены следующие результаты: *W-Beijing* (54,3%), впервые идентифицированный генотип *URAL* (15,2%) (С. Ю. Ковалев и др.). Примерно те же данные были получены в более поздней работе: *Beijing* (55,1%), *LAM*