

УДК 579.873.2(476.2)

ВИДОВОЕ РАЗНООБРАЗИЕ НЕТУБЕРКУЛЕЗНЫХ МИКОБАКТЕРИЙ В ГОМЕЛЬСКОЙ ОБЛАСТИ

Сорокина А. А.

Научный руководитель: к.м.н., доцент И. В. Буйневич

Учреждение образования
«Гомельский государственный медицинский университет»
г. Гомель, Республика Беларусь

Введение

Актуальность исследования сильно возрастает так как в современном мире растет число выявленных нетуберкулезных микобактерий (НТМ). Исследователи связывают это с развитием диагностических возможностей, особенно молекулярно-генетических методов, и уменьшением случаев туберкулеза и, соответственно, освобождением ниши для НТМ. НТМ являются повсеместно распространенными компонентами почвы и водной микробиоты. НТМ интересуют клиницистов в связи с тем, что могут вызывать заболевания — микобактериозы, клинически схожие с туберкулезом. По данным литературы существуют географические различия в изоляции видов НТМ

Цель

Оценка видового разнообразия нетуберкулезных микобактерий на территории Гомельской области.

Материал и методы исследования

Исследование проведено на базе бактериологической лаборатории учреждения «Гомельская областная туберкулезная клиническая больница». Проанализированы 1057 культур НТМ, выделенных из биологических образцов пациентов противотуберкулезных организаций Гомельской области, обследованных при подозрении на туберкулез, в период с 2015 по 2019 гг. Из мокроты получено 992 изолята НТМ, ткани легкого (послеоперационный материал) — 27, промывных вод бронхов — 18, плевральной жидкости — 6, мочи и кала — по 5, гноя — 3, крови — 1.

Для детекции микобактерий проводили микроскопическое исследование мазка осадка диагностического материала с окраской по Цилю — Нельсену; посев образца на плотные питательные среды (Левенштейна — Йенсена) и в жидкую питательную среду Middlebrook 7H9 в автоматизированной системе ВАСТЕС MGIT 960. После выделения культуры микобактерий проводили первичную идентификацию (дифференциация МТС и НТМ) на основе фенотипических тестов (культуральные и биохимические тесты, микроскопическое исследование выделенной культуры по Цилю — Нельсену для оценки морфологии клеток и наличия кордфактора) и иммунохроматографического экспресс-теста SD Bioline TB Ag MPT64 Rapid test Standard Diagnostics, Корея. На втором этапе идентификации устанавливали видовую принадлежность НТМ с использованием ДНК-стрипов Hain Lifescience (Германия) GenoType® Mycobacterium CM и GenoType® Mycobacterium AS.

Результаты исследования и их обсуждение

За время проведения исследования был выявлен следующий видовой состав: большинство из выделенных нетуберкулезных микобактерий были представлены медленнорастущими микобактериями. Чаще всего встречались комплекс *M. avium* + *M. intracellulare* (63,77 %). Вторыми по частоте встречаемости были *M. goodnae* (7,66 %), которые иногда ассоциированы с заболеванием человека. На третьем месте *M. xenopi* (4,28 %), которые иногда становятся причиной заболеваний различных локализаций (1). *M. kansasii* (3,78 %), *M. malmoense* (0,57 %), которые всегда вызывают заболевания.

M. scrofulaceum (1,42 %) иногда становятся причиной развития патологий. Из быстро растущих микобактерий было выделено 5 видов: *M. fortuitum* (7,57 %), *M. abscessus* (2,08 %), *M. chelonae* (1,23 %) — иногда есть ассоциация с заболеванием; *M. phlei* (1,14 %), *M. smegmatis* (0,09 %) — редкая ассоциация с заболеваниями (2)

Диагностику микобактериозов проводили только среди пациентов с многократным обнаружением НТМ из разных образцов биологического материала. Исключение составили пациенты, у которых однократно НТМ получены из операционного материала и плевральной жидкости. У 33 пациентов из операционного материала и плевральной жидкости были выделены 18 изолятов *M. avium*, 7 — *M. kansasii*, 8 — *M. xenopi*.

Многократное выделение НТМ одного вида (из 2 и более образцов) наблюдалось у 190 пациентов, что составило 37,4 % от всех пациентов, у которых выделены НТМ. В 75,3 % случаях получены МАС. Эти изоляты встречались достоверно чаще, чем совокупность других видов НТМ ($\chi^2 = 97,01$; $p < 0,001$). Второе место по этиологической значимости заняли *M. xenopi* (6,3 %). На третьем месте оказались *M. gordonae* (5,3 %). Природным резервуаром этого вида НТМ являются водопроводная вода, вода бассейнов, ассоциация с заболеванием микобактериозом наблюдается редко. По литературным данным выделение *M. kansasii*, *M. malmoense*, *M. abscessus* всегда ассоциируется с развитием заболевания человека. По нашим данным эти НТМ многократно были выявлены в единичных случаях: 3,2 % (0,81–8,03), 0,5 % (0,05–3,84) и 1,6 % (0,17–5,65) соответственно.

Выводы

Из 13 идентифицированных видов НТМ 11 могут быть причиной развития микобактериоза с той или иной частотой.

Наиболее распространенными были НТМ, принадлежащие комплексу МАС (*M. avium* и *M. intracellulare*) — 674 изолята (более 63,7 %). На втором и третьем месте *M. gordonae* — 81 (7,6 %) культура и быстрорастущие *M. fortuitum* — 80 (7,6 %) изолятов.

Многократное выделение НТМ одного вида (из 2 и более образцов) наблюдалось у 190 пациентов, что составило 37,4 % от всех пациентов, у которых выделены НТМ. В 75,3 % случаях получены МАС. Второе место по этиологической значимости заняли *M. xenopi* (6,3 %). На третьем месте оказались *M. gordonae* (5,3 %).

ЛИТЕРАТУРА

1. Mycobacterium xenopi Clinical Relevance and Determinants, the Netherlands / Jakko Van Ingen [et al.] // Emerging Infectious Diseases. — 2008. — Vol. 14, № 3. — P. 385–389.
2. Microbiological Features and Clinical Relevance of New Species of the Genus Mycobacterium / E. Tortoli // Clinical Microbiology Reviews. — 2014. — Vol. 27, № 4. — P. 727–752.

УДК 616.917-07-08(476.2)

ОСОБЕННОСТИ КЛИНИЧЕСКОГО ТЕЧЕНИЯ, ДИАГНОСТИКИ СКАРЛАТИНЫ В ГОМЕЛЬСКОЙ ОБЛАСТИ (В СОВРЕМЕННЫХ УСЛОВИЯХ)

Фандеева Е. А., Добыш Э. О.

Научный руководитель: к.м.н., доцент Л. П. Мамчиц

Учреждение образования

«Гомельский государственный медицинский университет»

г. Гомель, Республика Беларусь

Введение

Несмотря на эволюцию скарлатины в современных условиях, она не утратила своей актуальности и не только потому, что заболеваемость остается достаточно высокой. Эта инфекция, как и другие заболевания стрептококковой этиологии, изменяет иммунный статус детей, создавая предпосылки для формирования иммунокомплексной пато-