



Научно-исследовательский журнал «International Journal of Medicine and Psychology / Международный журнал медицины и психологии»

<https://ijmp.ru>

2025, Том 8, № 5 / 2025, Vol. 8, Iss. 5 <https://ijmp.ru/archives/category/publications>

Научная статья / Original article

Шифр научной специальности: 3.3.8. Клиническая лабораторная диагностика (медицинские науки)

УДК 616-002.5

<sup>1</sup> Бадлеева М.В.,

<sup>2</sup> Кожевников В.В.,

<sup>2</sup> Мархаев А.Г.,

<sup>1</sup> Юндунова О.В.,

<sup>3</sup> Гунтупова А.Б.,

<sup>1</sup> Бурятский государственный университет имени Доржи Банзарова,

<sup>2</sup> Республиканский клинический противотуберкулёзный диспансер имени Г.Д. Дугаровой,

<sup>3</sup> Иркутский государственный университет

### Влияние генотипа кластера Beijing 14717-15 на исходы заболевания туберкулезом

**Аннотация:** в данной статье рассматривается заболеваемость и смертность от туберкулеза в Республике Бурятия. До сих пор не изучены особенности лечения туберкулеза у впервые выявленных больных туберкулезом лёгких в зависимости от генотипа возбудителя. Исследовано влияние генотипа кластера Beijing 14717-15 на исход заболевания туберкулезом.

**Ключевые слова:** туберкулез, заболеваемость, смертность, кластер Beijing 14717-15

**Для цитирования:** Бадлеева М.В., Кожевников В.В., Мархаев А.Г., Юндунова О.В., Гунтупова А.Б. Влияние генотипа кластера Beijing 14717-15 на исходы заболевания туберкулезом // International Journal of Medicine and Psychology. 2025. Том 8. № 5. С. 37 – 46.

Поступила в редакцию: 7 марта 2025 г.; Одобрена после рецензирования: 10 мая 2025 г.; Принята к публикации: 4 июля 2025 г.

<sup>1</sup> Badleeva M.V.,

<sup>2</sup> Kozhevnikov V.V.,

<sup>2</sup> Markhaev A.G.,

<sup>1</sup> Yundunova O.V.,

<sup>3</sup> Guntupova A.B.,

<sup>1</sup> Dorji Banzarov Buryat State University,

<sup>2</sup> Clinical Anti-Tuberculosis Dispensary,

<sup>3</sup> Irkutsk State Medical University

### Influence of the Beijing 14717-15 cluster genotype on tuberculosis outcomes

**Abstract:** this article examines tuberculosis morbidity and mortality in the Republic of Buryatia. The specifics of tuberculosis treatment in newly diagnosed patients with pulmonary tuberculosis depending on the pathogen genotype have not yet been studied. The influence of the Beijing 14717-15 cluster genotype on the outcome of tuberculosis was studied.

**Keywords:** tuberculosis, morbidity, mortality, cluster Beijing 14717-15

**For citation:** Badleeva M.V., Kozhevnikov V.V., Markhaev A.G., Yundunova O.V., Guntupova A.B. Influence of the Beijing 14717-15 cluster genotype on tuberculosis outcomes. International Journal of Medicine and Psychology. 2025. 8 (5). P. 37 – 46.

The article was submitted: March 7, 2025; Approved after reviewing: May 10, 2025; Accepted for publication: July 4, 2025.

### Введение

Согласно оценкам Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ), глобальные инициативы по борьбе с туберкулезом с 2000 года позволили спасти около 79 миллионов жизней. В 2023 году во всем мире было зарегистрировано 8,2 миллиона новых случаев туберкулеза, что представляет собой увеличение по сравнению с 7,5 миллиона случаев в 2022 году и значительно превышает показатели 5,8 миллиона в 2020 году и 6,4 миллиона в 2021 году. Среди вновь диагностированных пациентов в 2022 и 2023 годах, вероятно, имеется значительное количество людей, у которых заболевание развивалось в предшествующие годы, однако диагностика и лечение были отсрочены в связи с перебоями, вызванными пандемией COVID-19 [1, 3].

В 2023 году от туберкулеза (ТБ) зарегистрировано 1,25 миллиона случаев летального исхода, среди которых 161 000 случаев связано с ВИЧ-инфекцией. По мировым оценкам, в этом же году туберкулезом заболели 10,8 миллиона человек, включая 6,0 миллиона мужчин, 3,6 миллиона женщин и 1,3 миллиона детей. Эта инфекция затрагивает все страны и возрастные категории. Важно отметить, что туберкулез поддается лечению и может быть предотвращен.

Туберкулез, обладающий множественной лекарственной устойчивостью (МЛУ-ТБ), представляет собой серьезную проблему общественного здравоохранения и представляет собой значительную угрозу для здоровья населения. Формирование устойчивости к противотуберкулезным препаратам обусловлено неправильным использованием медикаментов, ошибками в назначении терапии,

применением неэффективных препаратов, а также преждевременным прекращением лечения со стороны пациентов.

Штаммы *Mycobacterium tuberculosis* с МЛУ-ТБ не поддаются терапии с использованием двух основных противотуберкулезных препаратов первой линии – изониазида и рифампицина. Однако, существуют альтернативные препараты, которые способны обеспечить излечение, хотя они, как правило, характеризуются более высокой стоимостью и токсичностью. Туберкулез, вызванный бактериями, не реагирующими на наиболее эффективные средства, применяемые в схемах лечения, создает у пациентов крайне ограниченные возможности для терапии.

МЛУ-ТБ продолжает представлять собой серьезную проблему для общественного здравоохранения и представляет собой угрозу для безопасности в сфере медицины. По данным на 2023 год, лишь около 40% пациентов с множественной устойчивостью к противотуберкулезным препаратам смогли получить необходимое лечение.

Согласно рекомендациям Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ), для диагностики МЛУ-ТБ требуется бактериологическое подтверждение наличия туберкулеза, а также оценка лекарственной устойчивости с применением быстродействующих молекулярных методов или культуральных методик.

В течение последних пяти лет в Российской Федерации, а также в Дальневосточном федеральном округе и Республике Бурятия отмечается устойчивое снижение как заболеваемости, так и смертности от туберкулеза.

Таблица 1

Заболеваемость туберкулезом в Республике Бурятия, ДФО, РФ.

Table 1

Tuberculosis incidence in the Republic of Buryatia, Far Eastern Federal District, Russian Federation.

Территории Года	Заболеваемость		
	РБ	ДФО	РФ
2020	37,3	53,6	32,4
2021	38,6	51,1	31,1
2022	36,9	53,8	31,1
2023	33,6	53,4	29,6
2024	31,9	49,5	26,8

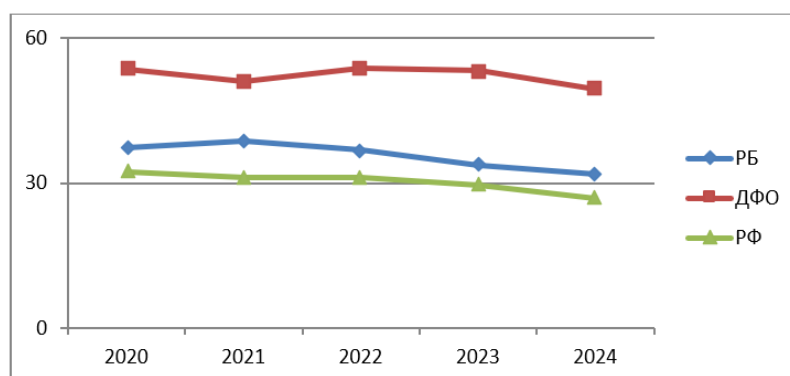


Рис. 1. Заболеваемость туберкулезом в Республике Бурятия, ДФО, РФ.

Fig. 1. Tuberculosis incidence in the Republic of Buryatia, Far Eastern Federal District, Russian Federation.

Таблица 2

Динамический ряд заболеваемости.

Table 2

Dynamic series of morbidity.

Территория	М среднее значение	Ранг М	Стандартное отклонение	Ранг стандартного отклонения	Кн Интегральный коэффициент	Ранг Интегрального коэффициента	Разница рангов М и Кн
РБ	35	2	2,92	3	33,3	3	1
ДФО	51,8	3	1,79	1	16,7	2	1
РФ	29,8	1	2,39	2	0	1	0

Так, в 2024 г. по сравнению с 2020 г. показатель общей заболеваемости от туберкулеза в Республи-

ке Бурятия уменьшилась на 5,4% (с 37,3 до 31,9 %) (табл. 1, 2, рис. 1).

Таблица 3

Смертность от туберкулеза в Республике Бурятия, ДФО, РФ.

Table 3

Mortality from tuberculosis in the Republic of Buryatia, Far Eastern Federal District, Russian Federation.

Года	Территории	Смертность		
		РБ	ДФО	РФ
2020		4	10,2	5,1
2021		3,6	9,8	4,3
2022		3,5	8,3	3,8
2023		3,1	7,9	3,5
2024		3,0	6,4	2,7

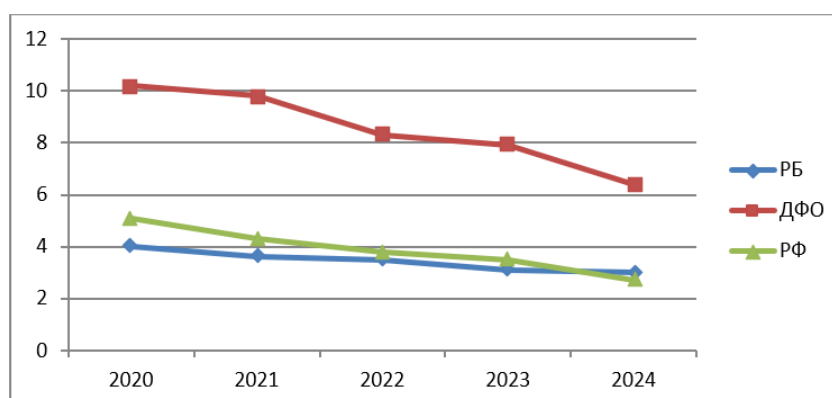


Рис. 2. Смертность от туберкулеза в Республике Бурятия, ДФО, РФ.

Fig. 2. Mortality from tuberculosis in the Republic of Buryatia, Far Eastern Federal District, Russian Federation.

Таблица 4

Динамический ряд смертности.

Table 4

Dynamic series of mortality.

Терри- тория	М сред- нее зна- чение	Ранг М	Стандартное отклонение	Ранг стан- дартного от- клонения	Кн Интеграль- ный коэффици- ент	Ранг Инте- грального ко- эффициента	Разница рангов М и Кн
РБ	3,2	1	0,45	1	-16,6	1	0
ДФО	8,0	3	1,58	3	50,0	3	0
РФ	3,4	2	1,14	2	16,6	2	0

В 2024 году в Республике Бурятия наблюдается снижение уровня смертности на 1,0 % по сравнению с 2020 годом (с 4,0 до 3,0 %), что также отражает тенденцию в Дальневосточном федеральном округе (с 10,2 до 7,9 %) и в Российской Федерации в целом (с 5,1 до 3,5 %) (табл. 3, 4, рис. 2). Тем не менее, согласно данным Всемирной организации здравоохранения, Россия по-прежнему занимает одно из первых мест среди 22 государств, характеризующихся высоким уровнем заболеваемости туберкулезом [1]. Одним из основных факторов, способствующих эпидемиологическому неблагополучию, связанного с туберкулезом, является распространение штаммов *M. tuberculosis*, демонстрирующих множественную (МЛУ) и широкую (ШЛУ) резистентность к антибактериальным препаратам. Туберкулез с широкой лекарственной устойчивостью (ШЛУ-ТБ) вызывается штаммами *M. tuberculosis*, которые демонстрируют резистентность как к изониазиду и рифампицину – основным препаратам первой линии, так и к фторхинолонам. Эти штаммы также проявляют устойчивость к инъекционным противотуберкулезным средствам второго ряда, таким как амикацин, канамицин и капреомицин. Процесс формирования штаммов, обладающих резистентностью к лекарственным препаратам, происходит на фоне неэффективного или прерванного лечения у пациентов с туберкулезом, вызванным микобактериями, имеющими множественную лекарственную устойчивость (МЛУ-ТБ) [4, 5, 6, 7]. Одним из факторов, способствующих распространению МЛУ-ТБ и ШЛУ-ТБ, является активная циркуляция в Российской Федерации штаммов *M. tuberculosis*, относящихся к генетическому семейству Beijing [7, 10]. Для лечения туберкулеза с МЛУ/ШЛУ необходимо подбирать новые эффективные противотуберкулезные препараты, чтобы обеспечить положительные клинические исходы [2].

Вопрос о взаимосвязи между эпидемиологически значимыми субтипами генотипа *M. tuberculosis*, особенно кластером 14717-15, и исходами туберкулезной инфекции продолжает оставаться предметом научного обсуждения. Клинические характеристики и эффективность терапевти-

ческих подходов к этому генотипу до сих пор недостаточно исследованы, что объясняется сложностями в сборе объективных данных о популяционных молекулярно-генетических анализах. В республике Бурятия обнаружен кластер Beijing 14717-15, обладающий высокой летальностью, гипervирулентностью и мультирезистентностью к лекарственным препаратам.

**Цель исследования.** Цель исследования – изучение особенностей исхода лечения туберкулеза у впервые выявленных больных туберкулезом лёгких в зависимости от генотипа Beijing 14717-15.

#### Материалы и методы исследований

В период с 2021 по 2024 годы было проведено исследование 200 изолятов микобактерий, полученных от пациентов, у которых впервые был диагностирован туберкулез легких. По половозрастному составу когорты больных была представлена из 145 мужчин и 55 женщин от 18 до 72 лет. Больные проходили лечение в Государственном бюджетном учреждении здравоохранения «Республиканский клинический противотуберкулезный диспансер имени Г. Д. Дугаровой». По географическому признаку, все пациенты являлись жителями города Улан-Удэ и Республики Бурятия

Клинические, микробиологические и лучевые методы диагностики и лечения туберкулеза легких применялись в соответствии с установленными стандартами фтизиатрической помощи, регламентируемыми приказом Министерства здравоохранения Российской Федерации № 951 от 29 декабря 2014 года. Данный приказ утверждает методические рекомендации, направленные на оптимизацию диагностики и терапевтических подходов к лечению туберкулеза легких.

В рамках комплексного микробиологического исследования был применен интегрированный подход, включающий молекулярно-генетическую диагностику на платформе GeneXpert в сочетании с традиционными культуральными методиками. Бактериологическая диагностика возбудителя туберкулеза осуществлялась посредством культивирования на жидких и плотных питательных средах. Определение профиля лекарственной резистентности изолятов МБТ к противотуберкуле-

ным препаратам основного и резервного ряда проводилось с использованием метода абсолютных концентраций на среде Левенштейна-Йенсена, а также в автоматизированной системе Bactec MGIT 960.

Для культивирования *M. tuberculosis* и последующей оценки чувствительности выделенных штаммов к основным противотуберкулезным препаратам (ПТП) был применен стандартизированный непрямой метод абсолютных концентраций. Экстракция ДНК из чистых культур микобактерий осуществлялась согласно протоколу, детально описанному в предшествующих исследованиях [9]. Генетическая идентификация и типирование изолятов проводились методом сполиготипирования. Для определения международного кода сполиготипа и классификации выделенных штаммов по генетическим семействам, линиям и генотипам использовалась компьютерная база данных SITVITWEB и MIRU-VNTRplus.

Участники исследования были стратифицированы на три категории: первая категория объединила пациентов, инфицированных штаммами генотипа Beijing, относящимися к кластеру 14717-15 (n=128), вторая категория формировалась из случаев инфицирования штаммами non-Beijing

(n=67), а третья группа охватывала другие генотипы, не относящиеся к Beijing (n=5). Анализ распределения генотипов в данной исследуемой когорте выявил значительные отклонения от установленной пропорции, наблюдаемой в Республике Бурятия.

Анализ данных осуществлялся с применением программного обеспечения MS Excel версии 14.0 и GraphPad Prism 7. Для оценки значимости различий между исследуемыми параметрами использовался критерий  $\chi^2$ , при этом отклонения рассматривались как достоверные при значении критерия статистической значимости  $p \leq 0,05$ .

### Результаты и обсуждения

Проведен анализ социальных характеристик пациентов, стратифицированных согласно идентифицированным генотипам *Mycobacterium tuberculosis* (табл. 5). При статистической обработке данных не было выявлено достоверных различий в социальной структуре между исследуемыми группами. Необходимо акцентировать внимание на том, что недостаточный объем выборки в категории «другие субтипы Пекин» не позволяет на текущей стадии исследования сформулировать какие-либо обоснованные выводы относительно её характеристик.

Социальный статус больных туберкулезом, вызванным генотипами микобактерий.

Table 5

Social status of patients with tuberculosis caused by mycobacteria genotypes.

Социальный статус		Beijing 14717-15, всего 128 пациентов		nonBeijing, всего 67 пациентов		Другие кластеры, всего 5 пациентов	
		муж	жен	муж	жен	муж	жен
пол, абс. число/%		102/51	26/13	50/25	17/8,5	5/2,5	-
Место проживания, абс.число/%	город	51/25,5	15/7,5	24/12	8/4	3/1,5	-
	село	51/25,5	11/5,5	26/13	9/4,5	2/1	-
Возраст Me [IQR]		35,0 [27,5-41,5]		37,1 [30,0-42,0]		43,8 [38,0-53,0]	
Всего		102	26	50	17	5	-

В ходе сравнительного анализа генотипов *M. tuberculosis* было установлено, что nonBeijing генотип наблюдается реже среди впервые диагностированных пациентов: 67 случаев (33,5 %) из 200, в отличие от Beijing 14717-15, который был зарегистрирован в 128 случаях (64,0 %) ( $p=0,06$  по критерию Фишера). Детальное исследование генотипов Beijing 14717-15 выявляет уникальные маркеры, ассоциированные с резистентностью к медикаментозным средствам, повышенной вирулентностью и способностью к передаче – гипервирулентностью или трансмиссивностью [8]. В ходе анализа клинической структуры впервые зарегистрированных пациентов с туберкулезом, вызван-

ным штаммом *M. tuberculosis* кластера Beijing 14717-15, была зафиксирована высокая частота случаев инфильтративного туберкулеза, сопровождающегося разрушением легочной ткани, а также диссеминированного туберкулеза. Кроме того, среди легочных заболеваний была отмечена казеозная пневмония, также характеризующаяся деструктивными изменениями в пораженных долях легких. Микобактерии, относящиеся к кластерам Beijing 14717-15, значительно чаще вызывают казеозную пневмонию по сравнению с микобактериями других сполиготипов. В большинстве случаев эти возбудители обладают многофакторной лекарственной устойчивостью, включая как ос-

новые, так и резервные препараты. Установлена прямая корреляция между генотипом кластера Beijing 14717-15 и тяжестью клинического течения туберкулеза, что позволяет предсказывать ис-

ход заболевания у каждого пациента и своевременно корректировать терапию. Клиническая структура впервые диагностированного туберкулеза у пациентов представлена в табл. 6.

Таблица 6

Клиническая структура впервые выявленных больных туберкулезом.

Table 6

Clinical structure of newly diagnosed patients with tuberculosis.

Клиническая форма	Beijing 14717-15		nonBeijing		Другие кластеры	
	абс. число	%	абс.число	%	абс.число	%
Очаговый	3	1,5	-			
Инфильтративный	84	42,0	42	21,0	4	2,0
Диссеминированный	28	14,0	18	14,0	1	0,5
Туберкулема легких	3	1,5	1	0,5		
Фиброзно-кавернозный	2	1,0	1	0,5		
Казеозная пневмония	6	3,0	2	1,0		
Миллиарный	2	1,0	2	1,0		

В ходе проведенных исследований была проанализирована степень поражения легочной ткани у пациентов, обладающих различными генотипами. Установлено, что микобактерии из кластера

Beijing 14717-15 способствуют более выраженному развитию легочных процессов, таких как инфильтративный и диссеминированный туберкулез (табл. 6).

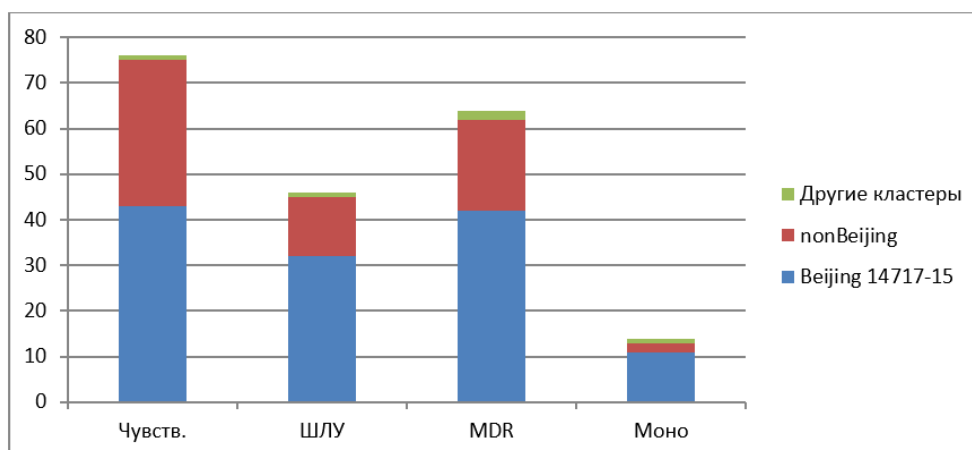


Рис. 3. Лекарственная устойчивость МБТ у больных туберкулезом с разными генотипами (%).

Fig. 3. Drug resistance of MBT in tuberculosis patients with different genotypes (%).

В ходе исследования лекарственной устойчивости штаммов *M. tuberculosis* генотипа Beijing 14717-15 была зафиксирована значительная частота возникновения полирезистентности и множественной лекарственной устойчивости у патогена. Обнаружение данного генотипа у пациентов с впервые диагностированным легочным туберкулезом дало возможность оперативно оценить частоту МЛУ и полирезистентности возбудителя. Что в следствии привело к более точному прогнозированию клинической ситуации и исхода заболевания у пациентов.

Среди случаев туберкулеза, причиной которого стал генотип Beijing 14717-15, в исследуемой ко-

горте у 64,0% обследованных пациентов (128 из 200) была диагностирована множественная или широкая лекарственная устойчивость МБТ. Согласно данным, представленным на рис. 3, штаммы с множественной и широкой лекарственной устойчивостью демонстрировали статистически достоверно более высокую частоту встречаемости среди пациентов, инфицированных микобактериями генотипа Beijing 14717-15, в сравнении с группами пациентов, у которых туберкулезный процесс был обусловлен микобактериями nonBeijing генотипа и других кластерных групп ( $\chi^2=13,4$ ;  $p=0,0002$ ).

Таблица 7  
Исходы туберкулеза у впервые выявленных пациентов с разными генотипами микобактерий.  
Table 7

Outcomes of tuberculosis in newly diagnosed patients with different mycobacterium genotypes.						
Исход заболевания	Beijing 14717-15		nonBeijing		Другие кластеры	
	абс.число	%	абс.число	%	абс.число	%
Клиническое излечение	72	36,0	55	27,5	3	1,5
Клиническое излечение – резекция	3	1,5	1	0,5	-	-
Прерывание лечения (без динамики)	10	5,0	4	2,0	2	1,0
Переход в хроническую форму	23	11,5	-	-	-	-
Выбыл в другой регион	4	2,0	-	-	-	-
Летальный исход	16	8,0	7	3,5	5	2,5

В исследуемой группе пациентов с туберкулезом летальный исход был зафиксирован у 8,0 % из них, при этом возбудителем заболевания выступали микобактерии генотипа Beijing 14717-15 (таблица 7). Из пяти пациентов с данным генотипом, умерших от туберкулеза, у всех были обнаружены микобактерии с МЛУ или ШЛУ. Однако среди семи других больных с генотипом Beijing 14717-15, также страдавших туберкулезом, риск летальных исходов во время терапии не был установлен; причины их смерти были связаны с другими факторами. Таким образом, трудно однозначно интерпретировать генотип Beijing 14717-15 как потенциальный фактор, способствующий летальному исходу. Данные, полученные в ходе нашего исследования, нуждаются в более детальной оценке с расширением объема наблюдаемых случаев. Эпидемиологические исследования когортного типа, реализованные в территориях с повышенной распространенностью коинфекции ВИЧ и туберкулеза, продемонстрировали существенное увеличение показателей смертности среди пациентов, инфицированных штаммами *Mycobacterium tuberculosis* с множественной лекарственной устойчивостью. Данные результаты позволяют выдвинуть гипотезу о наличии корреляционной связи между указанными факторами и в анализируемой контрольной совокупности пациентов.

Анализ клинических данных демонстрирует статистически достоверную корреляцию между генотипом Beijing 14717-15 и такими параметрами, как характер поражения легочной ткани, клиническая манифестация туберкулезного процесса и наличие МЛУ. Эти взаимосвязи существенно влияют на вариативность исходов заболевания у больных туберкулезом. Неблагоприятная динамика и тенденция к хронизации туберкулезного процесса у больных, инфицированных штаммом Beijing 14717-15, находят объяснение в результа-

тах базисных научных исследований, направленных на изучение вирулентности и специфических механизмов эвазии иммунного ответа макроорганизма, характерных для данного субтипа микобактерий. В контексте настоящего исследования целесообразно представить комплекс научных доказательств, свидетельствующих о повышенной жизнеспособности и значительном эпидемиологическом потенциале распространения и прогрессирования туберкулезной инфекции, ассоциированной с генотипом *Mycobacterium tuberculosis* Beijing 14717-15.

Ситуация с туберкулезом в Бурятии характеризуется снижением уровня заболеваемости, однако наблюдается увеличение доли штаммов кластера Beijing 14717-15, которые демонстрируют множественную лекарственную устойчивость и являются эндемичными для данного региона. Микобактерии, относящиеся к кластеру Beijing 14717-15, принадлежат к древнему генетическому кластеру сублинии генотипа Beijing, который ассоциируется с множественной устойчивостью к лекарственным препаратам.

Генотип Beijing занимает доминирующее положение в популяции *Mycobacterium tuberculosis* в Бурятии, составляя 65,5% от общего числа штаммов, и демонстрирует относительную однородность распределения (63,2-63,9%), с заметным отклонением в северо-восточной части, где его распространенность достигает 81,3%. Субтип Beijing Central Asian/Russian идентифицирован в 43,8 % от общего числа анализируемых штаммов, причем наблюдается градиент увеличения его распространенности с запада (36,1%) к северо-востоку Бурятии (62,5%). Российский эпидемический кластер Beijing B0/W148 выявлен в 9,8% исследованных изолятов, характеризуясь гомогенным географическим распределением по районам республики с вариативностью от 11,5% до 13,9%, при этом в

центральной зоне региона она составляет лишь 2%. Кластер Beijing 14717-15, имеющий распространённость в 7,7%, также демонстрирует равномерное распределение по районам, с показателями от 6,3% до 8,3%. В рамках данного кластера наблюдается значительное преобладание лекарственно-устойчивых изолятов (93,3%) по сравнению с другими генотипами в целом ( $p < 0,01$ ).

### Выводы

В Республике Бурятия среди пациентов с впервые выявленной туберкулезной инфекцией доминирующим штаммом является генотип МБТ Beijing 14717-15.

Анализ клинических случаев туберкулеза, ассоциированного с генотипом Beijing 14717-15, демонстрирует выраженную резистентность к противотуберкулезным препаратам, которая регистрируется у 87,5 % инфицированных лиц. Среди пациентов с первично диагностированным туберкулезом, вызванным данным генотипом, отмечается статистически значимое преобладание инфильтративных и диссеминированных форм заболевания по сравнению с другими генотипическими вариантами *Mycobacterium tuberculosis* (37,5% против 15,7% соответственно). Наблюдаемая клиническая картина имеет прямую корреляцию с высокой частотой коинфекции ВИЧ, достигающей 56,3% в данной когорте пациентов. Характерной особенностью инфильтративного туберкулеза, обусловленного генотипом Beijing 14717-15, является формирование экстенсивных патологических процессов в легочной паренхиме, вплоть до тотального поражения с последующей деструкцией легочной ткани и образованием полостей распада.

Терапия пациентов с туберкулезной инфекцией, ассоциированной с генотипом Beijing 14717-15 микобактерий, характеризуется значительной про-

должительностью и часто требует хирургического вмешательства для достижения клинического излечения. Данная ситуация обусловлена комплексом факторов, включающих экстенсивное распространение патологического процесса, превалирование штаммов с множественной и широкой лекарственной устойчивостью, а также коморбидность с ВИЧ-инфекцией. Статистический анализ демонстрирует существенное снижение эффективности терапии у данной категории пациентов – показатель клинического излечения составляет лишь 18,7%, что значительно уступает аналогичному параметру в других группах больных (47,4%). Представленные эпидемиологические данные свидетельствуют о наличии дистинктивных клинических характеристик туберкулезной инфекции, вызванной генотипом Beijing 14717-15, что актуализирует необходимость углубленного исследования клинико-рентгенологических и микробиологических аспектов патогенеза данного варианта туберкулезного процесса, соотносящегося с МБТ данного генотипа.

Определение генотипа Beijing 14717-15 у пациентов с туберкулезом является важным аспектом для понимания его влияния на клиническое течение и исходы заболевания. Генотип Beijing 14717-15 ассоциируется с замедленной динамикой туберкулезного процесса во время лечения, что делает его выявление у пациентов критически важным для корректировки продолжительности фазы интенсивной терапии. Присутствие данного генотипа у больных оказывает негативное влияние на течение заболевания и должно быть учтено при выборе схемы химиотерапии, особенно при назначении IV режима, так как это является дополнительным фактором риска развития мультирезистентного туберкулеза.

### Список источников

1. Васильева И.А. Вопросы повышения качества противотуберкулезных мероприятий в Российской Федерации. 2023. URL: [https://orennotd.orb.ru/upload/uf/6bc/r5ddprn0bgm612smhqnzvkxerk99qp2e/Vasileva-28.09.2023-VKS-Minzdrav-\\_5\\_5\\_-.pdf](https://orennotd.orb.ru/upload/uf/6bc/r5ddprn0bgm612smhqnzvkxerk99qp2e/Vasileva-28.09.2023-VKS-Minzdrav-_5_5_-.pdf) (date of access: Jan 28, 2025)
2. Голубчиков П.Н., Крук Е.А., Мишустин С.П., Петренко Т.И., Кудлай Д.А. Опыт лечения больных туберкулезом с широкой лекарственной устойчивостью возбудителя, в том числе с длительным применением бедаквилина, в Томской области: непосредственные и отдаленные результаты // Туберкулез и болезни легких. 2019. № 97 (8). С. 38 – 45.
3. ВОЗ. Доклад о глобальной борьбе с туберкулезом 2019 год. Резюме [Электронный ресурс]. Режим доступа: [https://www.who.int/tb/publications/global\\_report/gtbr2019\\_executive\\_summary\\_ru.pdf](https://www.who.int/tb/publications/global_report/gtbr2019_executive_summary_ru.pdf)
4. Совершенствование диагностики и лечения туберкулеза органов дыхания. Методические рекомендации. М-2014/Приказ Минздрава России от 29.12.2014 N 951 «Об утверждении методических рекомендаций по совершенствованию диагностики и лечения туберкулеза органов дыхания».
5. Coscolla M. Biological and epidemiological consequences of MTBC Diversity // Adv. Exp. Med. Biol. 2017. Vol. 1019. P. 95 – 116. doi: 10.1007/978-3-319-64371-7\_5



6. De Steenwinkel J.E., ten Kate M.T., de Knecht G.J., Kremer K., Aarnoutse R.E., Boeree M.J., Verbrugh H.A., van Soolingen D., Bakker-Woudenberg I.A. Drug susceptibility of *Mycobacterium tuberculosis* Beijing genotype and association with MDR TB // *Emerg Infect Dis*. 2012 Apr. № 18 (4). P. 660 – 663.
7. Kong Y., Cave M.D., Zhang L., Foxman B., Marrs C.F., Bates J.H., Yang Z.H. Association between *Mycobacterium tuberculosis* Beijing/W lineage strain infection and extrathoracic tuberculosis: Insights from epidemiologic and clinical characterization of the three principal genetic groups of *M. tuberculosis* clinical isolates // *Journal of clinical microbiology*. 2007. № 45 (2). P. 409 – 414.
8. Mokrousov I. Insights into the origin, emergence, and current spread of a successful Russian clone of *Mycobacterium tuberculosis* // *Clin. Microbiol. Rev*. 2013. № 26. P. 342 – 360. doi: 10.1128/CMR.00087-12
9. Casali N., Nikolayevskiy V., Balabanova Y., Harris S.R., Ignatyeva O., Kontsevaya I. et al. Evolution and transmission of drug-resistant tuberculosis in a Russian population // *Nat. Genet*. 2014. № 46. P. 279 – 286. doi: 10.1038/ng.2878.
10. Mokrousov I., Badleeva M., Mudarisova R., Kozhevnikov V., Markhaev A., Guntupova A. et al. Increasing circulation of multi-drug resistant tuberculosis strains in Buryatia, high-burden and ethnically diverse region in the Russian Far East // *Tuberculosis (Edinb)*. 2024. № 149. P. 102555. <https://doi.org/10.1016/j.tube.2024.102555>

### References

1. Vasilyeva I.A. Issues of improving the quality of anti-tuberculosis measures in the Russian Federation. 2023. URL: [https://orenोटd.orb.ru/upload/uf/6bc/r5ddprn0bgm612smhnqzvkerk99qp2e/Vasileva-28.09.2023-VKS-Minzdrav-\\_5\\_5\\_-.pdf](https://orenोटd.orb.ru/upload/uf/6bc/r5ddprn0bgm612smhnqzvkerk99qp2e/Vasileva-28.09.2023-VKS-Minzdrav-_5_5_-.pdf) (date of access: Jan 28, 2025)
2. Golubchikov P.N., Kruk E.A., Mishustin S.P., Petrenko T.I., Kudlai D.A. Experience in treating patients with extensively drug-resistant tuberculosis, including long-term use of bedaquiline, in the Tomsk region: immediate and remote results. *Tuberculosis and lung diseases*. 2019. No. 97 (8). P. 38 – 45.
3. WHO. Global tuberculosis report 2019. Executive summary [Electronic resource]. Access mode: [https://www.who.int/tb/publications/global\\_report/gtbr2019\\_executive\\_summary\\_ru.pdf](https://www.who.int/tb/publications/global_report/gtbr2019_executive_summary_ru.pdf)
4. Improving the diagnosis and treatment of tuberculosis of the respiratory organs. Methodological recommendations. M-2014. Order of the Ministry of Health of Russia dated 29.12.2014 N 951 "On approval of methodological recommendations for improving the diagnosis and treatment of tuberculosis of the respiratory organs".
5. Coscolla M. Biological and epidemiological consequences of MTBC Diversity. *Adv. Exp. Med. Biol*. 2017. Vol. 1019. P. 95 – 116. doi: 10.1007/978-3-319-64371-7\_5
6. De Steenwinkel J.E., ten Kate M.T., de Knecht G.J., Kremer K., Aarnoutse R.E., Boeree M.J., Verbrugh H.A., van Soolingen D., Bakker-Woudenberg I.A. Drug susceptibility of *Mycobacterium tuberculosis* Beijing genotype and association with MDR TB. *Emerg Infect Dis*. 2012 Apr. No. 18 (4). P. 660 – 663.
7. Kong Y., Cave M.D., Zhang L., Foxman B., Marrs C.F., Bates J.H., Yang Z.H. Association between *Mycobacterium tuberculosis* Beijing/W lineage strain infection and extrathoracic tuberculosis: Insights from epidemiologic and clinical characterization of the three principal genetic groups of *M. tuberculosis* clinical isolates. *Journal of clinical microbiology*. 2007. No. 45 (2). P. 409 – 414.
8. Mokrousov I. Insights into the origin, emergence, and current spread of a successful Russian clone of *Mycobacterium tuberculosis*. *Clin. Microbiol. Rev*. 2013. No. 26. P. 342 – 360. doi: 10.1128/CMR.00087-12
9. Casali N., Nikolayevskiy V., Balabanova Y., Harris S.R., Ignatyeva O., Kontsevaya I. et al. Evolution and transmission of drug-resistant tuberculosis in a Russian population. *Nat. Genet*. 2014. No. 46. P. 279 – 286. doi: 10.1038/ng.2878.
10. Mokrousov I., Badleeva M., Mudarisova R., Kozhevnikov V., Markhaev A., Guntupova A. et al. Increasing circulation of multi-drug resistant tuberculosis strains in Buryatia, high-burden and ethnically diverse region in the Russian Far East. *Tuberculosis (Edinb)*. 2024. No. 149. P. 102555. <https://doi.org/10.1016/j.tube.2024.102555>

### Информация об авторах

**Бадлеева М.В.**, кандидат медицинских наук, Бурятский государственный университет имени Доржи Банзарова, [mbadleeva@mail.ru](mailto:mbadleeva@mail.ru)

**Кожевников В.В.**, доктор медицинских наук, главный врач, Республиканский клинический противотуберкулёзный диспансер имени Г.Д. Дугаровой, [rpdt@govrb.ru](mailto:rpdt@govrb.ru)

**Мархаев А.Г.**, кандидат медицинских наук, врач-фтизиатр, Республиканский клинический противотуберкулёзный диспансер имени Г.Д. Дугаровой, [marhaev50@mail.ru](mailto:marhaev50@mail.ru)

**Юндунова О.В.**, кандидат медицинских наук, Бурятский государственный университет имени Доржи Банзарова, [ouu12@bk.ru](mailto:ouu12@bk.ru)

**Гунтупова А.Б.**, врач-фтизиатр, Иркутский государственный университет, [guntupova96@gmail.ru](mailto:guntupova96@gmail.ru)

© Бадлеева М.В., Кожевников В.В., Мархаев А.Г., Юндунова О.В., Гунтупова А.Б., 2025