

Бруцеллез в Республике Бурятия / Brucellosis in the Republic of Buryatia

Толмачёва М.И. / Tolmacheva M.I.

Таликина Т.О., Лященко С.М., Вишняков В.А. /
Talikina T.O., Lyaschenko S.M., Vishnyakov V.A.

Научный руководитель проф. Балахонов С.В. /
Scientific supervisor prof. Balakhonov S.V.

ФКУЗ Иркутский научно-исследовательский противочумный институт
Роспотребнадзора, Иркутск, Россия /
Irkutsk Research Anti-Plague Institute of Rospotrebnadzor, Irkutsk, Russia

Введение

В Джидинском районе Республики Бурятия при плановом серологическом обследовании крупного рогатого скота (КРС) в 2023 г. (поселок Енхор) и в рамках контрольных мероприятий в 2024 г. (сельское поселение «Белоозерское») выявлены положительно реагирующие на бруцеллез животные (РА, РСК и РИД).

Для углубленного лабораторного исследования патологический материал от семи голов КРС (четырёх в 2023 г., трех в 2024 г.) направлен в Иркутский противочумный институт.

Цель

Этиологическая расшифровка бруцеллеза КРС в Республике Бурятия в 2023 и 2024 гг.

Материалы и методы

Патологический материал от семи голов КРС (лимфоузлы, печень, селезенка, половые органы) исследован комплексом методов лабораторной диагностики на бруцеллез: биологическим (морские свинки), бактериологическим, молекулярно-генетическим (ПЦР, полногеномное секвенирование), времяпролетной масс-спектрометрии MALDI-ToF MS (MALDI Biotyper).

Результаты

Методом биопробы выделено семь чистых культур из пула органов каждой головы КРС с характерными для бруцелл культурально-морфологическими свойствами. Методом масс-спектрометрии все штаммы идентифицированы как *Brucella abortus* (Score = 2.5) (рис. 1).

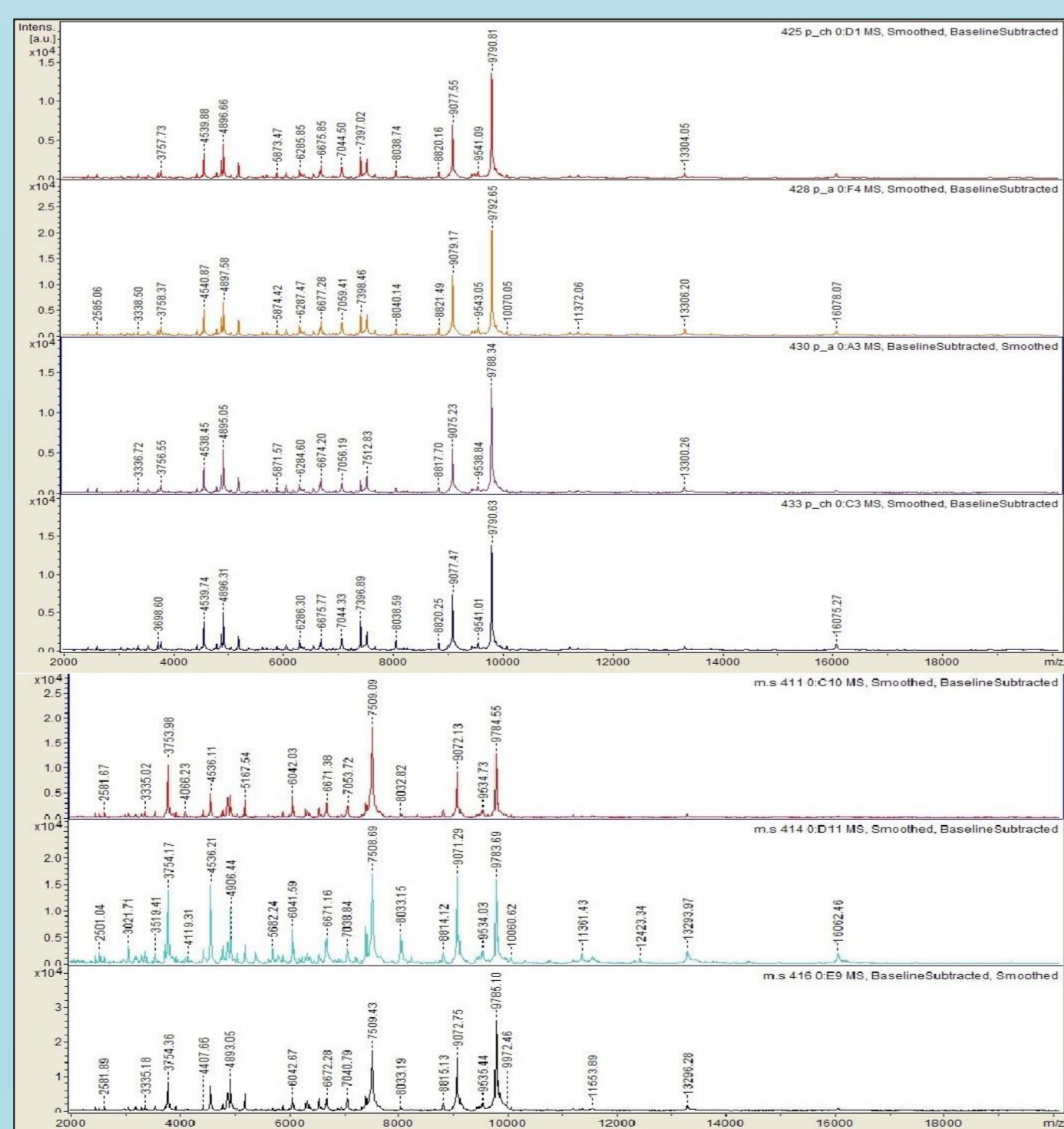


Рис. 1 Масс-спектрометрические профили белковых экстрактов изолятов из органов КРС

При ПЦР-исследовании выделенных культур (тест-система «ОМ-Скрин-Бруцеллез-РВ») выявлена ДНК *Br. abortus* (рис. 2).

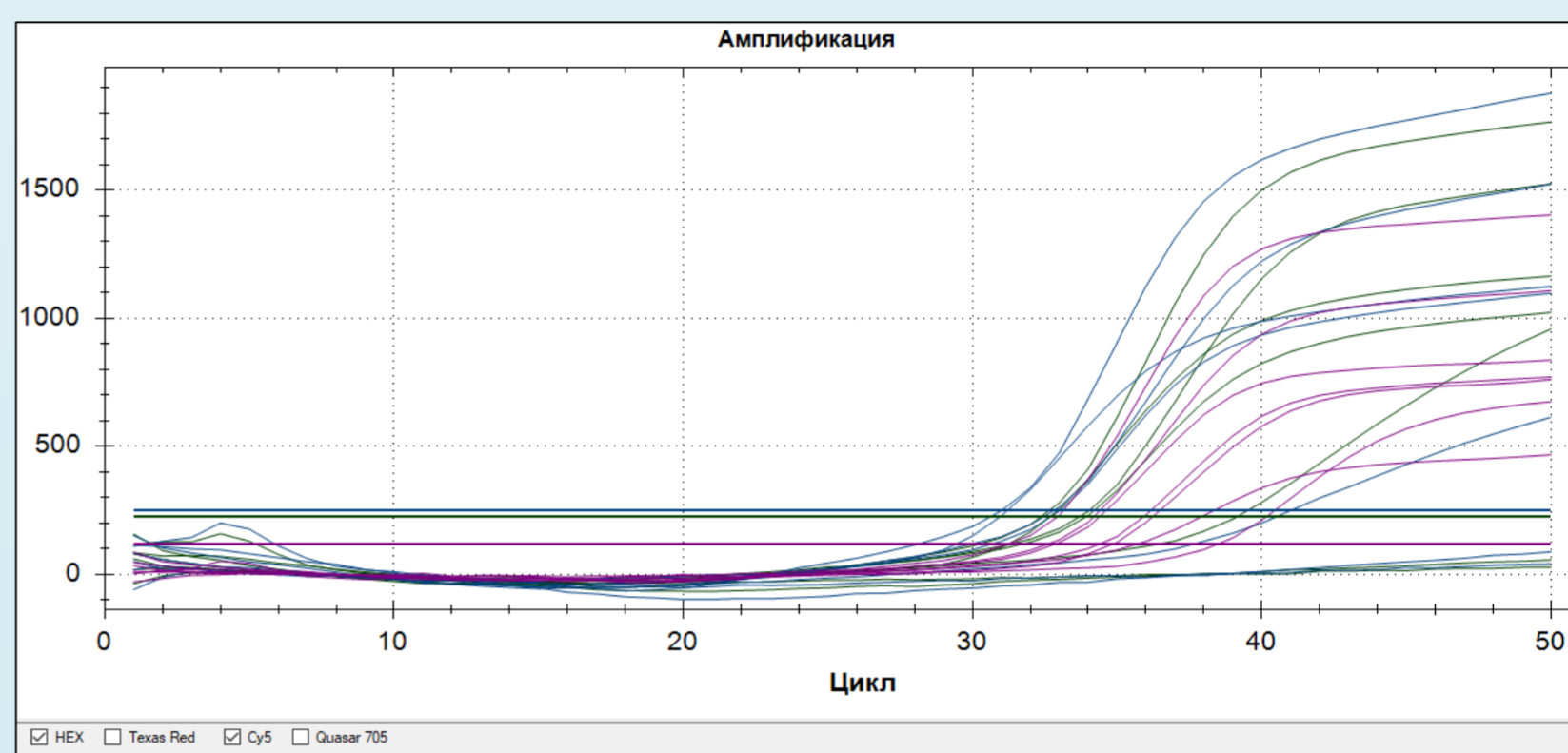


Рис. 2 Положительные результаты на бруцеллез методом ПЦР-РВ по каналам FAM, HEX, Cy5

Полные геномы изолятов сходны с геномом вакцинного штамма *Br. abortus* 82 на 99,7-99,8 %. MLST-профиль штаммов (ST=2) по данным открытой базы данных PubMLST идентичен бруцеллам, выделенным от лосей, яков и КРС в Казахстане (1967 г.), Монголии (2008 г.) и Китае (2017-2019 гг.). Штаммы 2023 и 2024 гг. образуют монофилетическую группу (рис. 3), которая демонстрирует повышенную скорость эволюции ($2,4 \cdot 10^{-7}$ нуклеотидных замен на геном), что является признаком эпизодического отбора. Отметим: штаммы 2024 г. отделились от главной ветви раньше штаммов 2023 г., что вероятно обусловлено циркуляцией возбудителя на данной территории в течение 20-30 лет.

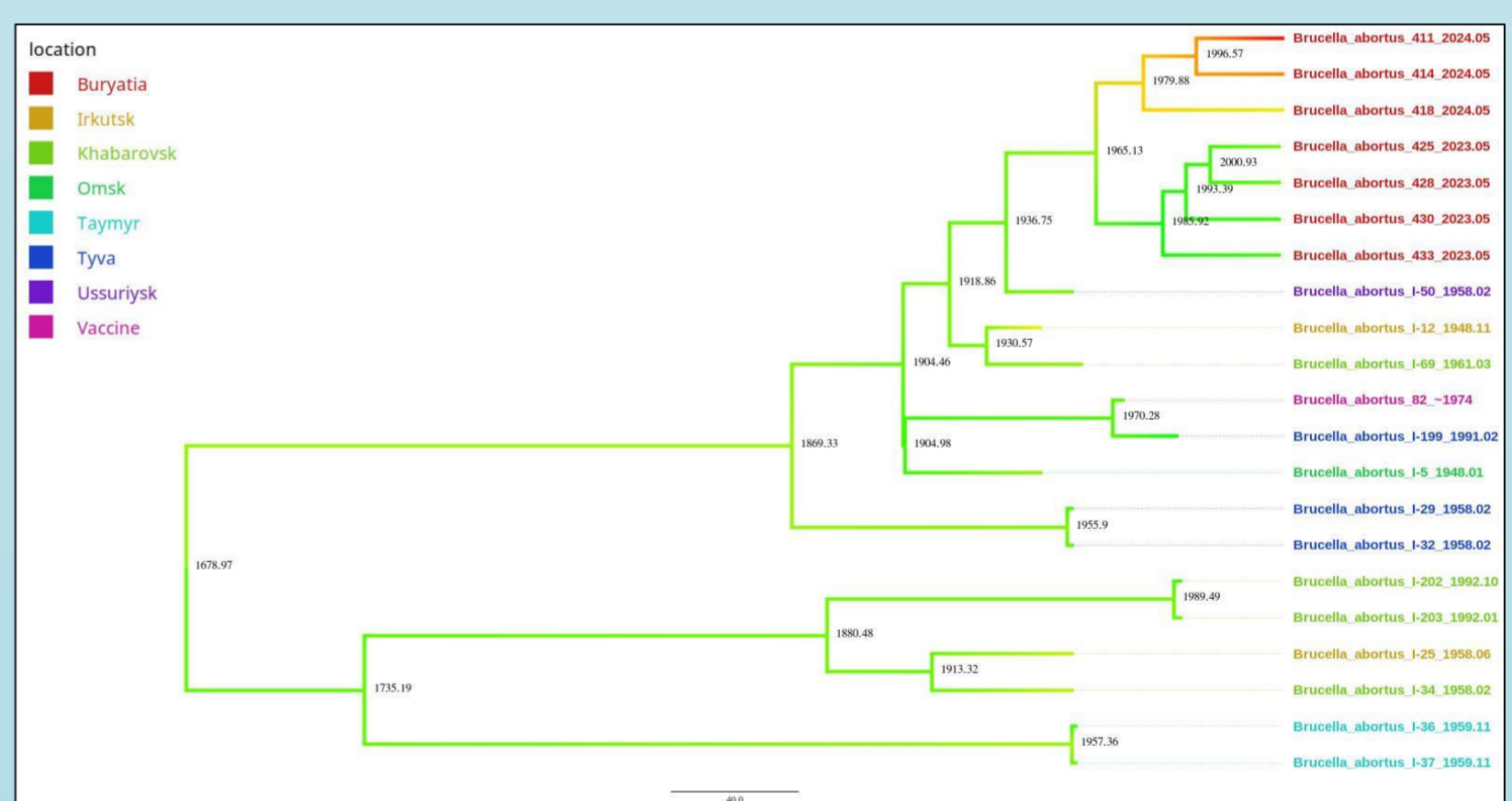


Рис. 3 Дендрограмма MCC (maximum clade credibility) сравнения геномов клады изолятов *Br. abortus* из Бурятии (2023 и 2024 гг.) с изолятами, выделенными в Сибири и на Дальнем Востоке. Цвета таксонов – территории выделения, ветвей – скорость накопления изменений в коровом wgSNP. Цифры в узлах – ориентировочная дата появления общего предка группы штаммов (год, день)

Выводы

В Республике Бурятия в 2023-2024 гг. от КРС выделено и идентифицировано семь штаммов *Br. abortus*. На основании проведенного комплекса исследований предполагается существование «дикого» варианта *Br. abortus* 82 вакцинного происхождения, который распространен на территории приграничных субъектов РФ, а также Монголии, Китая, Казахстана, что требует дальнейшего изучения.



IX НАЦИОНАЛЬНЫЙ КОНГРЕСС
БАКТЕРИОЛОГОВ

Москва • 17 - 19 сентября 2024 г.