

**О.И. БОБОХОДЖАЕВ<sup>1</sup>, Б.П. ПИРМАХМАДЗОДА<sup>1</sup>, А.С. РАДЖАБЗОДА<sup>1</sup>,  
Р.А. НАИМОВ<sup>2</sup>, А.Г. ГОИБОВ<sup>3</sup>  
К ВОПРОСУ О ВОЗМОЖНОСТЯХ ИДЕНТИФИКАЦИИ ШТАММОВ  
МИКОБАКТЕРИИ ТУБЕРКУЛЕЗА СРЕДИ ТРУДОВЫХ МИГРАНТОВ В  
РЕСПУБЛИКЕ ТАДЖИКИСТАН**

<sup>1</sup>Кафедра фтизиопульмонологии ГОУ «ТГМУ имени Абуали ибни Сино»,

<sup>2</sup>ГОУ «Институт последипломного образования в сфере здравоохранения Республики Таджикистан»,

<sup>3</sup>НУ «Медико-социальный институт Таджикистана», Душанбе, Республика Таджикистан

**Цель.** Внедрить метод секвенирования штаммов микобактерий туберкулеза и изучить их разновидности среди лиц бывших в трудовой миграции.

**Материал и методы.** Для достижения цели исследования нами был использован архивированный в соответствии с лабораторными стандартными операционными процедурами биологический материал 340 образцов МБТ, полученных от больных ТБ (мокрота, плевральная жидкость, гной, биоптат из лимфатических узлов, жидкость из брюшной полости, спинномозговая жидкость, индуцированная мокрота), поступившие из противотуберкулёзных учреждений страны в 2023 году, которые были исследованы на секвенаторе.

**Результаты.** Нами проведено сполиготипирование штаммов МБТ, взятых из 340 образцов мокроты лиц бывших в трудовой миграции. Все образцы мокроты были обработаны на секвенаторе, что позволило выявить, что наиболее распространённой линией является – Beijing (50,8%), за которой следует нераспознанная линия (28,4%), затем следуют линии Ural-2 (4,6%), линии T1 (3,7%), H1 и Ural-1 (2,1%), линии CAS1-Delhi (1,8%), LAM-RUS (1,7%), CAS (1,2%), LAM-9, T и T3-OSA (0,6% каждая), сочетания Beijing-CAS1-Delhi, а также LAM-9, Mani2, Unknown и другие линии (по 0,3% каждая).

**Выводы:** 1. Внедрение метода геномного секвенирования в практику фтизиатрической службы имеет важное клиническое значение, так как от своевременности определения штаммов МБТ и спектра их лекарственной чувствительности зависит подбор препаратов в схеме химиотерапии больных ТБ с соблюдением принципа доказательной медицины и соответственно эффективность их лечения. 2. Расшифрованы сполиготипы штаммов МБТ в Таджикистане: выявлена их принадлежность к семействам Beijing (50,8%), за которой следует нераспознанная линия (28,4%), затем следуют линии Ural-2 (6,7%), линии T и T<sub>1-5</sub> (4,9%), h1 (2,1%), линии Cas1-Delhi (1,8%), Lam-rus (1,7%), Cas (1,2%), Lam-9, Osa (0,6%), сочетания Beijing-Cas1-Delhi, а также Lam-9-Mani2-нераспознанная линии (по 0,3% каждая). Полученные данные, указывают на воздействие миграции на распространение различных линий штаммов возбудителя ТБ в Республике Таджикистан из других стран и регионов. 3. Обнаружено также, что среди всех устойчивых штаммов (81), на линию Beijing приходится 69,8% для всего спектра устойчивости и 80,2% для рифампицин-устойчивости.

**Ключевые слова.** Туберкулез, штаммы микобактерий, секвенирования, сполиготипирование.

*Для цитирования:* О.И. Бобоходжаев, Б.П. Пирмахмадзода, А.С. Раджабзода, Р.А. Наимов, А.Г. Гоиров. К вопросу о возможностях идентификации штаммов микобактерии туберкулеза среди трудовых мигрантов в республике таджикистан. Наука и образование. 2025;2(1): 134-156. <https://doi.org/10.25005/3078-5022-2025-2-1-134-156>

## ХУЛОСА

О.И. БОБОХОЧАЕВ<sup>1</sup>, Б.П. ПИРМАХМАДЗОДА<sup>1</sup>, А. РАҶАБЗОДА<sup>1</sup>,  
Р.А. НАИМОВ<sup>2</sup>, А.Г.ГОИБОВ<sup>3</sup>

### ДАР БОРАИ ИМКОНИЯТҲОИ МУАЙЯН КАРДАНИ ШТАМҲОИ МИКОБАКТЕРИЯИ СИЛ ДАР БАЙНИ МУҲОЧИРОНИ МЕҲНАТИИ ҶУМҲУРИИ ТОҶИКИСТОН

<sup>1</sup>Кафедраи фтизиопулмонологияи МДТ «ДДТТ ба номи ибни Сино»,

<sup>2</sup> МДТ «Институти таҳсилоти баъдидипломӣ дар соҳаи тандурустии Ҷумҳурии Тоҷикистон»,

<sup>3</sup> Муассисаи ғайридавлатии «Донишкадаи тиббӣ-иҷтимоии Тоҷикистон», Душанбе, Ҷумҳурии Тоҷикистон

**Мақсад.** Қорӣ намудани усули секвенкунии штаммҳои микобактерияи сил ва омӯхтани навъҳои онҳо дар байни муҳочирони меҳнатӣ.

**Мавод ва усулҳо.** Барои ноил шудан ба ҳадафи тадқиқот мо аз маводи бойгонии биологии 340 намунаи микобактерияи силро (МБС), ки аз беморони сил (балғам, моеъи плевра, чирк, биопсияи гирехҳои лимфа, моеъи шикам, моеъи мағзи сар, балғами индуксионӣ) аз муассисаҳои зиддисилии кишвар дар соли 2023 гирифта шудаанд, истифода кардем.

**Натиҷаҳо.** Мо сполиготипи штаммҳои МБС-ро, ки аз 340 намунаҳои балғами муҳочирони собиқи меҳнатӣ гирифта шудаанд, анҷом додем. Ҳама намунаҳои балғам пайдарпай тартиб дода шуданд, ки нишон дод, ки насли маъмултарин Beijing (50,8%), пас аз он наслҳои эътирофнашуда (28,4%), пас аз он Урал-2 (4,6%), T1 (3,7%), H1 ва Урал-1 (2,1%), CAS1-Delhi (1,8%), CAS1-Delhi (1,8%), AC.1. (1,2%), LAM-9, T ва T3-OSA (0,6% ҳар як), комбинатсияи Beijing-CAS1-Delhi, инчунин LAM-9, Mani2, номаълум ва дигар штаммҳо (0,3% ҳар як).

**Хулосаҳо:** 1. Дар амалияи силшиносӣ қорӣ намудани усули секвенсияи геномӣ аҳамияти калони клиникӣ дорад, зеро интиҳоби доруҳо дар речаи кимиётерапевтӣ барои беморони сил мутобиқи принсипи тиббӣ далелҳо ва мутаносибан, самаранокии табобати онҳо аз саривақт муайян кардани штаммҳои МБС ва ҳассосияти доруи онҳо вобаста аст. 2. Сполиготипҳои штаммҳои МБС дар Тоҷикистон шифр карда шуданд: онҳо ба оилаи Beijing тааллуқдоранд (50,8%), пас аз наслҳои эътирофнашуда (28,4%), пас аз наслҳои Урал-2 (6,7%), насабҳои T ва T1-5 (4,9%), H1 (2,1%), хати 1-D1, 8-м (2,1%), Ca-D1s. (1,7%), Cas (1,2%), Lam-9, Osa (0,6%), Beijing-CAS1-Delhi, инчунин Lam-9-Mani2-насабҳои эътирофнашуда (0,3%). Маълумоти бадастомада таъсири муҳочиратро ба паҳншавии хатҳои гуногуни штаммҳои ангезандаи бемории сил дар Ҷумҳурии Тоҷикистон аз дигар кишварҳо ва минтақаҳо нишон медиҳад. 3. Инчунин муайян карда шуд, ки дар байни ҳамаи штаммҳои тобовар (81), хатти Beijing барои тамоми спектри муқовимат 69,8% ва муқовимат ба рифампицин 80,2% -ро ташкил медиҳад.

**Калимаҳои калидӣ.** Бемории сил, штаммҳои микобактерияҳо, секвенсия, сполиготипизатсия.

## ABSTRACT

O.I. BOBOKHOJAEV<sup>1</sup>, B.P. PIRMAHMADZODA<sup>1</sup>, A.S. RAJABZODA<sup>1</sup>,  
R.A. NAIMOV<sup>2</sup>, A.G. GOIBOV<sup>3</sup>

### ON THE POSSIBILITIES OF IDENTIFYING MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS STRAINS AMONG LABOR MIGRANTS IN THE REPUBLIC OF TAJIKISTAN

<sup>1</sup>Department of Phthisiopulmonology, State Educational Institution Tajik State Medical  
University named after Avicenna,

<sup>2</sup>State Educational Institution "Institute of Postgraduate Education in Healthcare of the  
Republic of Tajikistan", <sup>3</sup>Nonstate Institution "Medical and Social Institute of the Tajikistan",  
Dushanbe, Republic of Tajikistan

**Purpose.** To introduce a method for sequencing mycobacterium tuberculosis strains and to study their varieties among former labor migrants.

**Material and methods.** To achieve the goal of the study, we used the archived biological material of 340 MBT samples obtained from TB patients (sputum, pleural fluid, pus, lymph node biopsy, abdominal fluid, cerebrospinal fluid, induced sputum) received from anti-tuberculosis institutions of the country in 2023, which were analyzed on a sequencer.

**Results.** We conducted spoligotyping of MBT strains taken from 340 sputum samples of former labor migrants. All sputum samples were sequenced, which revealed that the most common lineage was Beijing (50.8%), followed by an unrecognized lineage (28.4%), followed by Ural-2 (4.6%), T1 (3.7%), H1 and Ural-1 (2.1%), CAS1-Delhi (1.8%), LAM-RUS (1.7%), CAS (1.2%), LAM-9, T and T3-OSA (0.6% each), Beijing-CAS1-Delhi combinations, as well as LAM-9, Mani2, Unknown and other lineages (0.3% each). **Conclusions:** 1. The introduction of the genomic sequencing method into the practice of phthisiology is of great clinical importance, since the selection of drugs in the chemotherapy regimen for TB patients in accordance with the principle of evidence-based medicine and, accordingly, the effectiveness of their treatment depend on the timely determination of MBT strains and the spectrum of their drug sensitivity. 2. The spoligotypes of MBT strains in Tajikistan were deciphered: they belong to the Beijing family (50.8%), followed by an unrecognized lineage (28.4%), then follow the Ural-2 lineages (6.7%), T and T1-5 lineages (4.9%), h1 (2.1%), Cas1-Delhi lineages (1.8%), Lam-rus (1.7%), Cas (1.2%), Lam-9, Osa (0.6%), Beijing-Cas1-Delhi combinations, as well as Lam-9-Mani2-unrecognized lineages (0.3% each). The obtained data indicate the impact of migration on the spread of various lines of TB pathogen strains in the Republic of Tajikistan from other countries and regions. 3. It was also found that among all resistant strains (81), the Beijing line accounts for 69.8% for the entire spectrum of resistance and 80.2% for rifampicin resistance.

**Keywords.** Tuberculosis, mycobacterium strains, sequencing, spoligotyping.

**Актуальность проблемы.** Проблемы идентификации туберкулезных микобактерий в разы усложняются у трудовых мигрантов. Об этом свидетельствуют многочисленные исследования из разных стран мира [4-6, 11, 15, 16]. Идентификация различных штаммов микобактерии туберкулеза (МБТ) в Республике Таджикистан позволила бы дифференцировать этиологические факторы туберкулеза (ТБ) у трудовых мигрантов и их семейных контактов [9]. Другими словами, в настоящее время наконец-то появилась возможность ответить на дискутируемый в течение многих лет вопрос: заболел ли ТБ трудовой мигрант в стране трудовой миграции или же он уже был инфицирован, и трудовая деятельность в период миграции лишь способствовала активации туберкулезного процесса.

Внедрение метода секвенирования для идентификации неизвестных патогенов открывает для проведения научных исследований следующие возможности: 1) можно

тотально секвенировать все имеющиеся в материале нуклеиновые кислоты ДНК микобактерии ТБ (полногеномное секвенирование); 2) можно прицельно (таргетное секвенирование) прочитать только геном патогена, но перед этим нужно обогатить образец одним из известных способов; 3) можно провести фрагментное секвенирование, чтобы определить ключевые мутации и установить, относится ли наш патоген к эпидемически значимым или нет [2, 8, 12, 13, 25-33].

Таргетный метагеномный анализ производится на основе ДНК-штрихкодов, например, 16S рРНК — для бактерий [20-25]. Их можно секвенировать по отдельности короткими участками, а можно — длинную молекулу целиком. При этом, чем длиннее молекулу мы получим, тем точнее сможем определить таксономическое положение патогена. Технологии NGS (*next generation sequencing*) позволяют проводить массовое параллельное секвенирование миллионов

фрагментов ДНК с высокой пропускной способностью [34-41].

**Цель исследования.** Внедрить метод секвенирования штаммов микобактерий туберкулеза и изучить их разновидность среди лиц бывших в трудовой миграции.

**Материал и методы исследования.** Для достижения цели исследования нами был использован архивированный в соответствии с лабораторными стандартными операционными процедурами биологический материал 340 образцов МБТ, полученных от больных ТБ (мокрота, плевральная жидкость, гной, биоптат из лимфатических узлов, жидкость из брюшной полости, спинномозговая жидкость, индуцированная мокрота), поступившие из противотуберкулёзных учреждений страны в 2023 году. Этапность метода секвенирования клинического материала на нанопоровом секвенаторе PromethION - приборе компании Oxford Nanopore Technologies (Великобритания) – ONT включает следующее [33]:

1. Очистка геномной ДНК из лизированных клеток (после лизиса с GenoLyse VER 1.0) с помощью магнитных шариков AMPure XP на микроцентрифуге с роторами для 1,5 мл пробирок и ПЦР-стрипов/пробирок;

2. Приготовление ДНК библиотек для секвенирования и добавление баркодов путём центрифугирования в центрифуге на магнитном штативе для ПЦР-стрипов (на 8 пробирок) / 96-и луночных плашек с применением 8-и канальных дозаторов;

3. Измерение концентрации ДНК в библиотеке с использованием флуорометра Quantus;

4. Загрузка библиотеки в картридж одноканальными дозаторами;

5. Заполнение записи концентрации ДНК библиотек;

6. Запуск секвенирования на приборе MinION с картриджем через порт USB3.0 по программе MinKNOW;

7. Промывка картриджа после секвенирования и его подготовка для хранения;

8. Запуск компьютерного анализа данных с применением программы Docker и EPI2ME.

В анализе данных использованы непараметрические методы: U-тест Манна-Уитни для сравнения двух независимых групп; тест Краскела-Уоллиса для сравнения более чем двух групп, а коэффициент ранговой корреляции Спирмена для оценки взаимосвязей между переменными. Для контроля риска 1-го типа ошибок применялась коррективировка при помощи поправки Бонферрони.

Точный метод Фишера применялся в случаях, когда какое-либо значение признака встречалось очень редко. Для качественных переменных использованы абсолютные числа и процентные доли (%).

Нулевая гипотеза считалась отклонённой, а различия между группами статистически значимыми при  $p$  ( $p$ -значение двухсторонний)  $< 0,05$ . Для измерения диапазона значений был измерен 95% доверительного интервала (95% ДИ). Вариация 95% ДИ не включающая 1, при  $p < 0,05$  расценена как статистически значимое различие между сравниваемыми переменными. Отношение шансов (ОШ) совместно с 95% ДИ и  $p$ -значением использовались для оценки степени связи между двумя категориальными переменными (воздействия и исхода).

**Результаты исследования и их обсуждение.** Нами проведено сполитипирование штаммов МБТ, взятых из 340 образцов мокроты лиц бывших в трудовой миграции. Все образцы мокроты были обработаны на секвенаторе, что позволило выявить, что наиболее распространённой линией является – Beijing (50,8%), за которой следует нераспознанная линия (28,4%), затем следуют линии Ural-2 (4,6%), линии T1 (3,7%), H1 и Ural-1 (2,1%), линии CAS1-Delhi (1,8%), LAM-RUS (1,7%), CAS (1,2%), LAM-9, T и T3-OSA (0,6% каждая), сочетания Beijing-CAS1-Delhi, а также LAM-9, Mani2, Unknown и другие линии (по 0,3% каждая) (Таблица 1).



Таблица 1. - Результаты сполиготипирования штаммов МБТ

Наименование штаммов	Количество	Процент	Нижняя граница 95; ДИ	Верхняя граница 95; ДИ
Beijing	166	50.8%	45.4%	56.1%
Unknown	93	28.4%	23.8%	33.6%
Ural-2	15	4.6%	2.8%	7.4%
T1	12	3.7%	2.1%	6.3%
H1	7	2.1%	1.0%	4.4%
Ural-1	7	2.1%	1.0%	4.4%
CAS1-Delhi	6	1.8%	0.8%	3.9%
LAM-RUS	5	1.5%	0.7%	3.5%
CAS	4	1.2%	0.5%	3.1%
LAM-9	2	0.6%	0.2%	2.2%
T	2	0.6%	0.2%	2.2%
T3-OSA	2	0.6%	0.2%	2.2%
Beijing CAS1-Delhi	1	0.3%	0.1%	1.7%
H3	1	0.3%	0.1%	1.7%
LAM-9 Mani2 Unknown	1	0.3%	0.1%	1.7%
T 5	1	0.3%	0.1%	1.7%
T2	1	0.3%	0.1%	1.7%
X1	1	0.3%	0.1%	1.7%
Bcero	327	100%		

Источник: авторы

Полученные нами данные впервые раскрывают спектр сполиготипов штаммов МБТ в Таджикистане, что имеет важное научно-теоретическое значение, в связи с тем, что сполиготипирование штаммов МБТ впервые в Таджикистане выявило их принадлежность к семействам Beijing, Ural, CAS, LAM, H, T и X.

В странах Центральной Азии (Узбекистан, Казахстан) наиболее распространены линии Beijing, Ural и CAS, при этом линии Beijing ассоциированы с высокой лекарственной устойчивостью [3, 10, 14].

В России доминируют Beijing и Ural, тогда как в Европе чаще встречаются H, T, LAM и X, а в Латинской Америке и Средиземноморье преобладает LAM [1, 7, 16, 17]. Южная Азия (Индия, Пакистан, Афганистан) характеризуется высокой частотой CAS, тогда как линия T встречается по всему миру без четкой региональной привязки [18].

В нашем исследовании, изучение штаммов в зависимости от спектра устойчивости показывает, что среди всех устойчивых штаммов (81), на линию Beijing приходится - 69,8% для всего спектра устойчивости и - 80.2% для рифампицин-устойчивости (65 из 81).

Уровень лекарственной устойчивости к любому ПТП линии Beijing составила около - 49% (81/165), устойчивость штаммов линии LAM – RUS выявлена в - 80% (4/5) образцах, среди неопределенных линий (Unknown) устойчивость составила - 37% (21/57).

Доля лекарственной чувствительности к любому ПТП линии Beijing составила около - 51% (84/165), чувствительность штаммов линии LAM – RUS выявлена в - 20% (1/5) образцах, среди неопределенных линий (Unknown) чувствительность составила - 63% (36/57), CAS1-Delhi - 67% (4/6), линий H - 88% (7/8) (Рисунок 1).

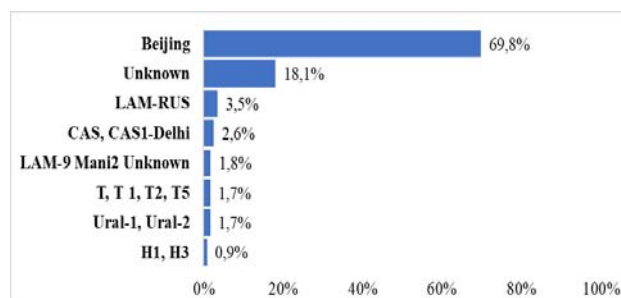


Рисунок 1. -Устойчивость сполиготипированных штаммов МБТ

Выводы: 1. Внедрение метода геномного секвенирования в практику фтизиатрической службы имеет важное клиническое

значение, так как от своевременности определения штаммов МБТ и спектра их лекарственной чувствительности зависит подбор препаратов в схеме химиотерапии больных ТБ с соблюдением принципа доказательной медицины и соответственно эффективность их лечения. 2. Расшифрованы сполиготипы штаммов МБТ в Таджикистане: выявлена их принадлежность к семействам Beijing (50,8%), за которой следует нераспознанная линия (28,4%), затем следуют линии Ural-2 (6,7%), линии T и T<sub>1-5</sub> (4,9%), h1 (2,1%), ли-

нии Cas1-Delhi (1,8%), Lam-rus (1,7%), Cas (1,2%), Lam-9, Osa (0,6%), сочетания Beijing-Cas1-Delhi, а также Lam-9-Mani2-нераспознанная линии (по 0,3% каждая). Полученные данные, указывают на воздействие миграции на распространение различных линий штаммов возбудителя ТБ в Республике Таджикистан из других стран и регионов. 3. Обнаружено также, что среди всех устойчивых штаммов (81), на линию Beijing приходится 69,8% для всего спектра устойчивости и 80,2% для рифампицин-устойчивости.

### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Генетическое разнообразие лекарственно-устойчивых штаммов *Mycobacterium tuberculosis* в Омской области. О.А. Пасечник [и др.]. *Туберкулез и болезни легких*. 2017;95(7):33-39.
2. Геномный анализ клинических штаммов *Mycobacterium tuberculosis* семейства LAM. П.В. Тарлыков, С.Ш. Атавлиева. *Eurasian Journal of Applied Biotechnology*. 2021; 4:46-64.
3. Генотипирование изолятов *M. tuberculosis* с широкой лекарственной устойчивостью, циркулирующих в южных регионах Казахстана. П.В. Тарлыков [и др.]. *Туберкулез и болезни легких*. 2015;9:41-46.
4. Заболеваемость туберкулезом среди трудовых мигрантов в России. Э.Б. Цыбикова, М.Э. Гадирова, Д.А. Мидоренко. *Туберкулез и болезни легких*. 2021;99,11:35-41.
5. Медико-социальные аспекты туберкулеза трудовых мигрантов. АО. Ланкин [и др.]. *Научное обозрение: Медицинские науки*. 2022;3:86-90.
6. Медико-социальные факторы возникновения туберкулеза у мигрантов по Республике Саха (Якутия) в период с 2018–2020 год. Н.А. Гуляева [и др.]. *Международный научно-исследовательский журнал*. 2022; 7(121): URL: <https://research-journal.org/archive/7-121-2022-july/medical-and-social-factors-of-tuberculosis-among-migrants-in-the-republic-of-sakha-yakutia-in-the-period-of-2018-2020>.
7. Моделирование эпидемического распространения генотипа Beijing *Mycobacterium tuberculosis* в Республике Саха (Якутия). С.Н. Жданова [и др.]. *Туберкулез и болезни легких*. 2017;95(7):40-47.
8. Новый аттенуированный штамм *Mycobacterium tuberculosis* BN. Характеристика, вакцинные свойства. Б.В. Никоненко [и др.]. *Туберкулез и болезни легких*. 2021; 99(10):60-65.
9. Пирмахмадзода Б.П. Секвенирование генома микобактерий туберкулеза. *Доклады Национальной академии наук Таджикистана*. 2023;66, 9-10:615-620.
10. Полногеномное секвенирование лекарственно-устойчивых штаммов *M. tuberculosis*, циркулирующих в Казахстане. У.А. Кожамкулов [и др.]. *Фтизиопульмонология*. 2018;1:59-63.
11. Положение трудовых мигрантов в регионах мира: вызовы пандемии COVID-19 и реакция правительств. С.В. Рязанцев, А.Д. Брагин, Н.С. Рязанцев. *Научное обозрение*. 2020;3:7-21.
12. Программный комплекс для практической обработки геномных данных микобактерий туберкулеза. М.В. Спринджук [и др.]. *Молекулярная и прикладная генетика*. 2019: URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/programmnyy-kompleks-dlya-prakticheskoy-obrabotki-genomnyh-dannyh-mikobakteriy-tuberkuleza>.
13. Программное обеспечение для обработки данных полногеномного секвенирования микроорганизмов. М.В. Авторова [и др.]. *Туберкулез и болезни легких*. 2016;94(2):47-54.
14. Распространение возбудителя с устойчивостью к препаратам первого ряда среди больных туберкулезом в г. Астане. Ж.К. Ракишева [и др.]. *Туберкулез и болезни легких*. 2018;96(8):50-54.
15. Риск заболевания туберкулезом и эффективность его химиопрофилактики у трудящихся мигрантов, жителей Республики Таджикистан. О.И. Бобоходжаев [и др.]. *Туберкулёз и болезни лёгких*. 2020; 98,1:16-21.
16. Структура популяции генетического семейства Beijing *Mycobacterium tuberculosis* на терри-

- тории Западной Сибири. А.А. Вязовая [и др.]. *Туберкулез и болезни легких*. 2020;98(5):32-36.
17. Сравнительный анализ полногеномных последовательностей посевной серии вакцинного штамма *Mycobacterium bovis* BCG-1 (Russia) и дочерних изолятов, полученных от детей с БЦЖ-оститами. О.В. Нарвская. *Туберкулез и болезни легких*. 2021;99(4):6-12.
18. Эпидемиологический надзор за туберкулезом: от молекулярных методов к геномным исследованиям. О.Б. Огарков, У.Д. Савилов, С.Н. Жданова. *Эпидемиология и Вакцинопрофилактика*. 2023;22(6):155-161. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2023-22-6-155-161>

## REFERENCES

1. Geneticheskoye raznoobraziye lekarstvenno-ustoychivyykh shtammov *Mycobacterium tuberculosis* v Omskoy oblasti [Genetic diversity of drug-resistant *Mycobacterium tuberculosis* strains in the Omsk region]. О.А. Pasechnik [и др.]. *Tuberkulez i bolezni legkikh - Tuberculosis and lung diseases*. 2017;95(7):33-39.
2. Genomnyy analiz klinicheskikh shtammov *Mycobacterium tuberculosis* semeystva LAM [Genomic analysis of clinical strains of *Mycobacterium tuberculosis* of the LAM family]. P.V. Tarlykov, S.S.H. Atavliyeva. *Eurasian Journal of Applied Biotechnology - Eurasian Journal of Applied Biotechnology*. 2021;4:46-64.
3. Genotipirovaniye izolyatov *M. tuberculosis* s shirokoy lekarstvennoy ustoychivost'yu, tsirkuliruyushchikh v yuzhnykh regionakh Kazakhstana [Genotyping of extensively drug-resistant *M. tuberculosis* isolates circulating in the southern regions of Kazakhstan]. P.V. Tarlykov [и др.]. *Tuberkulez i bolezni legkikh - Tuberculosis and lung diseases*. 2015;9:41-46.
4. Zabolevayemost' tuberkulezom sredi trudovykh migrantov v Rossii [Tuberculosis incidence among labor migrants in Russia]. E.B. Tsybikova, M.E. Gadirova, D.A. Midorenko. *Tuberkulez i bolezni legkikh - Tuberculosis and lung diseases*. 2021;99,11:35-41.
5. Mediko-sotsial'nyye aspekty tuberkuleza trudovykh migrantov [Medical and social aspects of tuberculosis in labor migrants]. A.O. Lankin [и др.]. *Nauchnoye obozreniye: Meditsinskiye nauki - Scientific review: Medical sciences*. 2022;3:86-90.
6. Mediko-sotsial'nyye faktory vozniknoveniya tuberkuleza u migrantov po Respublike Sakha (Yakutiya) v period s 2018–2020 god [Medical and social factors in the occurrence of tuberculosis in migrants in the Republic of Sakha (Yakutia) in the period from 2018–2020]. N.A. Gulyayeva [и др.]. *Mezhdunarodnyy nauchno-issledovatel'skiy zhurnal - International Research Journal*. 2022;7(121): <https://research-journal.org/archive/7-121-2022-july/medical-and-social-factors-of-tuberculosis-among-migrants-in-the-republic-of-sakha-yakutia-in-the-period-of-2018-2020>.
7. Modelirovaniye epidemicheskogo rasprostraneniya genotipa Veijing *Mycobacterium tuberculosis* v Respublike Sakha (Yakutiya) [Modeling the epidemic spread of the Beijing genotype of *Mycobacterium tuberculosis* in the Sakha Republic (Yakutia)]. S.N. Zhdanova [и др.]. *Tuberkulez i bolezni legkikh - Tuberculosis and lung diseases*. 2017;95(7):40-47.
8. Novyyy attenuirovannyiy shtamm *Mycobacterium tuberculosis* BN. Kharakteristika, vaktsinnyye svoystva [New attenuated strain of *Mycobacterium tuberculosis* BN. Characteristics, vaccine properties]. B.V. Nikonenko [и др.]. *Tuberkulez i bolezni legkikh - Tuberculosis and lung diseases*. 2021;99(10):60-65.
9. Pirmakhmadzoda B.P. Sekvenirovaniye genoma mikobakteriy tuberkuleza [Sequencing the genome of *Mycobacterium tuberculosis*]. *Doklady Natsional'noy akademii nauk Tadzhikistana - Reports of the National Academy of Sciences of Tajikistan*. 2023;66, 9-10:615-620.
10. Polnogenomnoye sekvenirovaniye lekarstvenno-ustoychivyykh shtammov *M. tuberculosis*, tsirkuliruyushchikh v Kazakhstane [Whole-genome sequencing of drug-resistant strains of *M. tuberculosis* circulating in Kazakhstan]. U.A. Kozhamkulov [и др.]. *Ftiziopul'monologiya - Phthisiopulmonology*. 2018;1:59-63.
11. Polozheniye trudovykh migrantov v regionakh mira: vyzovy pandemii COVID-19 i reaktsiya pravitel'stv [The situation of migrant workers in the regions of the world: challenges of the COVID-19 pandemic and the response of governments]. S.V. Ryazantsev, A.D. Bragin, N.S. Ryazantsev. *Nauchnoye obozreniye - Scientific Review*. 2020;3:7-21.
12. Programmnyy kompleks dlya prakticheskoy obrabotki genomnykh dannykh mikobakteriy

tuberkuleza [Software package for practical processing of genomic data of Mycobacterium tuberculosis]. M.V. Sprindzhuk [i dr.]. *Molekulyarnaya i prikladnaya genetika - Molecular and Applied Genetics*. 2019; <https://cyberleninka.ru/article/n/programmnyy-kompleks-dlya-prakticheskoy-obrabotki-genomnyh-dannyh-mikobakteriy-tuberkuleza>.

13. Programmnoye obespecheniye dlya obrabotki dannykh polnogenomnogo sekvenirovaniya mikroorganizmov [Software for processing data from whole-genome sequencing of microorganisms].

MV. Avtorov [i dr.]. *Tuberkulez i bolezni legkikh - Tuberculosis and lung diseases*. 2016;94(2):47-54.

14. Rasprostraneniye vozbuditelya s ustoychivost'yu k preparatam pervogo ryada sredi bol'nykh tuberkulezom v g. Astane [Spread of a pathogen with resistance to first-line drugs among tuberculosis patients in Astana]. ZhK. Rakisheva [et al.]. *Tuberculosis and lung diseases - Tuberculosis and lung diseases*. 2018;96(8):50-54.

15. Risk zabolevaniya tuberkulezom i effektivnost' yego khimioprofilaktiki u trudyashchikhsya migrantov, zhiteley Respubliki Tadjikistan [Risk of tuberculosis and the effectiveness of its chemoprophylaxis in migrant workers, residents of the Republic of Tajikistan]. OI. Bobokhodzhayev [i dr.]. *Tuberkuloz i bolezni logkikh - Tuberculosis and lung diseases*. 2020;98,1:16-21.

16. Struktura populyatsii geneticheskogo semeystva Beijing Mycobacterium tuberculosis na territorii Zapadnoy Sibiri [Population structure of the Beijing Mycobacterium tuberculosis genetic family in Western Siberia]. AA. Vyazovaya [i dr.]. *Tuberkulez i bolezni legkikh - Tuberculosis and lung diseases*. 2020;98(5):32-36.

17. Sravnitel'nyy analiz polnogenomnykh posledovatel'nostey posevnoy serii vaktsinnogo shtamma Mycobacterium bovis BCG-1 (Russia) i dochernikh izolyatov, poluchennykh ot detey s BTSZH-ostitami [Comparative analysis of whole-genome sequences of the seed series of the Mycobacterium bovis BCG-1 vaccine strain (Russia) and daughter isolates obtained from children with BCG osteitis]. OV. Narvskaya. *Tuberkulez i bolezni legkikh - Tuberculosis and lung diseases*. 2021;99(4):6-12.

18. Epidemiologicheskii nadzor za tuberkulezom: ot molekulyarnykh metodov k genomnym issledovaniyam [Epidemiological surveillance of tuberculosis: from molecular methods to genomic studies]. OB. Ogarkov, UD. Savilov, SN. Zhdanova. *Epidemiologiya i Vaktsinoprofilaktika - Epidemiology and Vaccine Prevention*. 2023; 22(6):155-161. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2023-22-6-155-161>.

### СВЕДЕНИЯ ОБ АВТОРАХ:

**Бобоходжаев Октам Икрамович** – заведующий кафедрой фтизиопульмонологии ГОУ «ТГМУ им. Абуали ибни Сино», д.м.н., профессор;

Scopus ID: 55841885300, ORCID ID: 0000-0002-8619-3426, SPIN-код: 6745-5078

Author ID: 275977

**Пирмахмадзода Бободжон Пирмахмад**, ассистент кафедры фтизиопульмонологии ГОУ «ТГМУ им. Абуали ибни Сино»,

**Раджабзода Аслиддин Саидбурхон**, соискатель кафедры фтизиопульмонологии ГОУ «ТГМУ им. Абуали ибни Сино»,

**Наимов Рустам Абдугаффорович**, соискатель ГОУ «Институт последипломного образования в сфере здравоохранения Республики Таджикистан»,

**Гоибов Амонулло Гоибович**, д.м.н., заместитель директора НУ «Медико-социальный институт Таджикистана».

### Адрес для корреспонденции:

**Бобоходжаев Октам Икрамович** – заведующий кафедрой фтизиопульмонологии ГОУ «ТГМУ им. Абуали ибни Сино», д.м.н., профессор; Тел.: +992 985868080. Адрес: 734025, г. Душанбе, ул.Сино 29-31. E-mail: bobokhojaev@mail.ru

**Информация об источнике поддержки в виде грантов, оборудования, лекарственных препаратов**

Финансовой поддержки со стороны компаний-производителей лекарственных препаратов и медицинского оборудования авторы не получали.

**Конфликт интересов:** отсутствует.