

Кыргызстандын саламаттык сактоо илимий-практикалык журналы
2024, № 1, б. 108-112

Здравоохранение Кыргызстана
научно-практический журнал
2024, № 1, с. 108-112

Health care of Kyrgyzstan
scientific and practical journal
2024, No 1, pp. 108-112

УДК: 616.993-078

Кыргыз Республикасынын территориясындагы адамдардан жана айыл чарба жаныбарларынан бөлүнүп алынган бруцелла штамдарына обзор

Ж.С. Казыбаева¹, К.Б. Бектурдиев¹, К. Кыдышов¹, З.Ш. Нурматов²

¹ Карантиндик жана өтө кооптуу жугуштуу оорулардын республикалык борбору,

² Коомдук саламаттык сактоо улуттук институту,

Бишкек, Кыргыз Республикасы

МАКАЛА ЖӨНҮНДӨ МААЛЫМАТ КОРУТУНДУ

Негизги сөздөр:

Бруцеллэз

Генотиптөө

Brucella melitensis

Brucella abortus

Кыргызстан

Макалада Кыргыз Республикасынын аймагында бруцелла штамдарынын адамдар жана айыл чарба жаныбарларынын арасында таралышы боюнча маалыматтар берилген. Ар кайсы авторлор тарабынан жүргүзүлгөн молекулярдык-генетикалык анализдердин натыйжалары боюнча адамдардан бөлүнүп алынган бруцеллалар *B. melitensis* түрүнө гана таандык экени аныкталды, айыл чарба жаныбарларынан бөлүнүп алынган изоляттар бруцелланын эки түрүнүн тең циркуляция болуп жатканын көрсөттү. Кой эчкилерден алынган 443 штамдын 427си (96,3%) *B. melitensis* жана 16 (3,6%) штамм *B. abortus* катары аныкталган. Ийри мүйүздүү малдан алынган бруцелланын 30 штаммынын түрү боюнча 11 (37%) *B. abortus* жана 19 үлгү (63%) *B. melitensis* катары классификацияланды. Ошондой эле *B. melitensis* бодо малга жана *B. abortus* кой эчкилерге миграция болору жөнүндө маалыматтар берилди. Ал эми адамдардан бөлүнүп алынган толук геном тизмегинин натыйжалары боюнча *B. melitensis* түрү аныкталды жана бруцеллалардын козгогучунун штамдары Түркмөнстан, Туркия, Ирандын штамдарына эң көп окшоштугу бар Чыгыш Жер Ортолук деңизинин өлкөлөрүндө жүргөн штамдары менен бирдей экендигин тастыктады.

Обзор штаммов *Brucella* выделенных от людей и сельскохозяйственных животных на территории Кыргызской Республики

Ж.С. Казыбаева¹, К.Б. Бектурдиев¹, К. Кыдышов¹, З.Ш. Нурматов²

¹ Республиканский центр карантинных и особо опасных инфекций,

² Национальный институт общественного здоровья,

Бишкек, Кыргыз Республикасы

Адрес для переписки:

Казыбаева Жаркынай Сынчыбековна, 720005,

Кыргызская Республика, Бишкек, ул.Скрябина 92,

НИОЗ РЦК ООИ, РНПЦ КВИ МЗ КР

Тел.: + 996 500606222

E-mail: kazybaeva94@inbox.ru

Contacts:

Kazybaeva Zharkynay Synchybekovna, 720005,

92 Scriabin str., Bishkek, Kyrgyz Republic

NIPH RCQEDI, RSPVIC MoH KR

Phone: + 996 500606222

E-mail: kazybaeva94@inbox.ru

Для цитирования:

Казыбаева Ж.С., Бектурдиев К.Б., Кыдышов К., Нурматов З.Ш. Обзор

штаммов *Brucella* выделенных от людей и сельскохозяйственных жи-

вотных на территории Кыргызской Республики. *Здравоохранение*

Кыргызстана научно-практический журнал 2024, № 1, с. 108-112.

doi.10.51350/zdravkg2024.1.3.15.108.112

Citation:

Kazybaeva J.S., Bekturdiyev K.B., Kydyshov K., Nurmatov Z.

Sh. Review of *Brucella* isolated from humans and farm ani-

mals in the Kyrgyz Republic. *Health care of Kyrgyzstan sci-*

entific and practical journal 2024, No.1, pp. 108-112.

doi.10.51350/zdravkg2024.1.3.15.108.112

ИНФОРМАЦИЯ О СТАТЬЕ

РЕЗЮМЕ

Ключевые слова:

Бруцеллёз
Генотипирование
Brucella melitensis
Brucella abortus
Кыргызстан

В статье представлены данные о распределении видов бруцелл среди людей и сельскохозяйственных животных, циркулирующих на территории Кыргызской Республики. По результатам молекулярно-генетических анализов проведенных разными авторами, выделенные культуры бруцелл от людей были отнесены только к виду *B. melitensis*, изоляты выделенных от сельскохозяйственных животных указывали на циркуляцию обоих видов *Brucella*. Из 443 штаммов, полученных от мелкого рогатого скота (МРС), 427 (96,3%) идентифицированы как *B. melitensis* и 16 (3,6%) штаммов были отнесены к *B. abortus*. По типизации 30 штаммов бруцелл от крупного рогатого скота (КРС) 11 (37%) относятся к *B. abortus* и 19 проб (63%) были отнесены к *B. melitensis*. Также, приведены данные о миграции *B. melitensis* на крупный рогатый скот (КРС) и миграции *B. abortus* на мелкий рогатый скот (МРС). А по результатам проведенных полногеномных последовательностей, выделенных от людей, были идентифицированы как *B. melitensis* и подтвердили идентичность штаммов возбудителя бруцеллеза, со штаммами, циркулирующими в странах Восточного Средиземноморья с наибольшим сходством со штаммами из Туркменистана, Ирана и Турции.

Review of *Brucella* isolated from humans and farm animals in the Kyrgyz Republic

J.S. Kazybaeva ¹, K.B. Bekturdiev ¹, K.Kydyshev ¹, Z.Sh. Nurmatov ²

¹ Republican Center for Quarantine and Especially Dangerous Infections,

² National Institute of Public Health,
Bishkek, Kyrgyz Republic

ARTICLE INFO

ABSTRACT

Key words:

Brucellosis
Genotyping
Brucella melitensis
Brucella abortus
Kyrgyzstan

The article presents data on the distribution of *Brucella* species among humans and farm animals circulating in the Kyrgyz Republic. According to the results of molecular genetic analyses performed by different authors, *Brucella* cultures isolated from humans were attributed only to *B. melitensis* species, while isolates from farm animals indicated circulation of both *Brucella* species. Out of the 443 strains obtained from small ruminants, 427 (96.3%) were identified as *B. melitensis*, and 16 (3.6%) strains were assigned to *B. abortus*. Upon typing of 30 *Brucella* strains from cattle, 11 (37%) were attributed to *B. abortus*, and 19 samples (63%) were attributed to *B. melitensis*. Additionally, data on the migration of *B. melitensis* to cattle and *B. abortus* to small ruminants are presented. And according to the results of the conducted full genome sequences isolated from humans were identified as *B. melitensis* and confirmed the identity of strains of the causative agent of brucellosis, with strains circulating in the Eastern Mediterranean countries with the greatest similarity to strains from Turkmenistan, Iran and Turkey.

Введение

Бруцеллез – особо опасное, зоонозное инфекционное заболевание, вызываемое грамотрицательными бактериями рода *Brucella*, имеющее медико-

социальную и экономическую значимость [1]. Род *Brucella*, как известно, состоит из 12 самостоятельных видов, классификация которых основана на фенотипических и биохимических свойствах, а также способности паразитировать преимущественно в ор

Таблица 1. Количество идентифицированных штаммов бруцелл от сельхоз животных и человека на территории Кыргызской Республики.

Table 1. Number of identified Brucella strains from farm animals and humans in the territory KR.

Годы	Регионы	Количество изолятов от коров, овец, коз и як				Количество изолятов от больных людей		Авторы исследований
		B.melitensis		B.abortus		B.melitensis	B.abortus	
		МРС	КРС	КРС	МРС			
2011	По республике	122	8	-	-	-	-	Чегиров С.Б., 2014[6]
2012	Ак-Талинский район, Нарынская область	285	2	2	19	-	-	Чегиров С.Б.,2013[7]
2013	Нарынская область	15	2	-	-	-	-	Касымбеков Ж. и др.,2014[8]
2016	По республике	5	3	1	-	-	-	Атамбекова Ж. А. и др.,2016[5]
2018-2020	Нарынская и Иссык-Кульские области	-	1	8	-	-	-	Турсумбетов М.С. и др.,2021[9]
2022	По республике	-	-	-	-	89	-	Кыдышов К. и др.,2016[10]
Общее количество культур		427	16	11	19	89	-	
		443		30		89	-	

ганизме определенных видов животных [2, 3]. Все они патогенны для человека, но эпидемиологически и клинически было доказано, что наибольшее значение в инфекционной патологии человека принадлежит четырем видам возбудителя: *B. melitensis*, *B. abortus*, *B. suis* и *B. canis* [4]. Предполагается, что, в Кыргызстане основными видами, угрожающими здоровью человека и причиняющими экономический ущерб животноводству являются виды *B. Melitensis*, который вызывает заболевание коз, овец и *B. abortus* - поражает крупный рогатый скот. В настоящее время в комплексе мер по лабораторной диагностике динамично проводятся молекулярно-генетические исследования для определения разнообразия штаммов возбудителей бруцеллеза.

Однако, в Кыргызстане на республиканском уровне ключевые подходы, такие как идентификация видов и типирование, описываются только, основываясь на результатах бактериологических и серологических методов. Наряду с этим, выполнение бактериологических исследований длительно по времени, достаточно трудоемкий процесс, и не позволяет в полной мере проводить идентификацию возбудителя бруцеллеза. В связи с этим, использование современных молекулярно-генетических методов с целью изучения характеристики штаммов позволяет не только идентифицировать генетическое родство распространенных в различных регионах Кыргызстана

видов бруцелл, но и определять их исходную территориальную циркуляцию и возможность заноса в другие благополучные зоны [5].

Цель работы: изучить распространенность штаммов бруцелл среди людей и сельскохозяйственных животных в Кыргызской Республике.

Материалы и методы

Проведен обзор научных публикаций из электронных библиотек PubMed и eLIBRARY по типизации и филогеографическим исследованиям штаммов бруцелл, циркулирующих среди людей и сельскохозяйственных животных на территории республики. Для анализа использовались научные статьи, опубликованные в период с 2011 по 2022 гг., из них пять исследований были опубликованы в местных научных журналах и две работы - в международном журнале.

Результаты исследования

Сводный анализ результатов опубликованных научных исследований представлен в таблице 1.

Согласно таблице 1, в исследовании были взяты 443 штаммов *B. melitensis*, 30 штаммов *B. abortus*, а также 89 образцов сывороток крови от больных людей с бруцеллезной этиологией. Из 443 изолятов

бруцелл от МРС 427 (96,3%) проб относятся к виду *B. melitensis* и 16 проб – к виду *B. abortus*, что составляет 3,6% от числа исследованных проб. При типировании 30 изолятов возбудителя бруцеллеза, выделенных от КРС, выявлено 11 (37%) проб, относящихся к виду *B. abortus*, и 19 проб (63 %) показали на наличие вида *B. melitensis*. Таким образом, подтверждается значение фактора миграции бруцелл козье -овечьего (*B. melitensis*) вида на КРС, также о миграции *B. abortus* на коз и овец [5,9]. Как известно, эпидемиологическое значение крупного рогатого скота резко возрастает при наличии миграции на этот вид животных возбудителя бруцеллеза козье – овечьего вида, потому что молоко и молочные продукты коров широко употребляются населением.

Первые работы с применением ПЦР были проведены в 2013 году Касымбековым Ж., были выделены 17 штаммов *B. melitensis* из абортированных плодов овец ($n = 15$) и крупного рогатого скота ($n = 2$). Это были, первые изоляты из Нарынской области и изучение этих культур показало, что возбудитель бруцеллеза от основного хозяина может мигрировать на других сельскохозяйственных животных.

В работах Чегирова С.Б. (2014), представлены результаты ПЦР диагностики по определению видов и биоваров бруцелл, выделенных на территории Кыргызской Республики. Установлено, что изученные штаммы относились к *B. melitensis* биовар 3 и *B. abortus* биовар 2. Однако ранее было известно, что в данном районе зарегистрирована циркуляция только 3 биовара *B. melitensis*. Исходя из полученных данных, сделан вывод, что *B. abortus* биовар 2 также может присутствовать в гиперэндемичных регионах нашей республики [5].

Атамбекова Ж.А. (2016) успешно применила методы АМОС и ПЦР, для идентификации видов бруцелл среди КРС. Авторами для типизации были использованы 9 образцов, которые дали положительный результат. Изученные 3 пробы крови от серопозитивных КРС относились к *B. abortus*, а 1 проба от КРС и 5 проб от овец принадлежали к *B. melitensis* [5].

В природе происходит циркуляция бруцелл между различными видами животных, и инфекция может передаваться от домашних животных к другим видам сельскохозяйственных животных, в свою очередь, эти животные становятся источником заражения людей. Например, яки, как и КРС, очень восприимчивы к инфекции *B. abortus*. Предполагается, что яки, вначале заражаются от мелкого или крупного рогатого скота и только потом инфекция начинает циркулировать среди данного вида сельскохозяйственных животных.

Еще одно исследование, проведенное Турсумбетовым М.С. (2021), показало, что в крови инфицированных яков были обнаружены *B. melitensis*, это указывало на происходящую миграцию бактерий

между мелким и крупным рогатым скотом. Межвидовой миграции бруцелл способствовало совместное содержание яков с крупным и мелким рогатым скотом на общей территории фермерских и частных подворий. А также в распространении бруцеллеза и миграции бруцелл сыграло свою роль совместное (КРС, МРС, яки) круглогодичное использование пастбищных угодий высокогорных естественных пастбищ Нарынской и Иссык-Кульской областей [9].

Кыдышов К. (2022) в своей работе показал, что в Кыргызстане продолжают циркулировать среди людей штаммы бруцеллезного микроба в основном *B. melitensis*, который является наиболее вирулентным для человека и вызывает эпидемические вспышки заболеваний, протекающих в тяжелой форме. Результаты исследуемых штаммов бруцелл показали, что все кыргызские штаммы *B. melitensis* принадлежат к восточно-средиземноморским странам и наибольшее родство отмечалось со штаммами из Туркменистана, Ирана и Турции [10]. Происхождение кыргызских штаммов возбудителя бруцеллеза от восточно-средиземноморских предков объясняется тем, что в далеком историческом прошлом произошел перенос возбудителя бруцеллеза при интенсивном перемещении крупного и мелкого рогатого скота в результате торговли. В то время Кыргызстан был одним из важнейших географических коридоров старого Шелкового пути между Китаем, Центральной Азией и Европой [10].

Кроме этого, большинство схожих генотипов было обнаружено в Баткенской, Ошской и Жалал-Абадской областях. Эти области имеют общие границы между собою, и имеется практика использования одних и тех же пастбищ, ярмарок или рынков [10]. Изоляты из Кадамжайского района (Баткенская область) и Ала-Букинского района (Жалал-Абадская область) были выделены из районов, расположенных вблизи границ Узбекистана. Предполагается, что распространение бактерий среди скота между двумя соседними странами происходит во время неконтролируемой миграции сельскохозяйственных животных, совместного использования одних и тех же летних пастбищ. Три схожих генотипа последовательности были обнаружены в Нарынской, Чуйской и Таласской областях. Этот факт объясняется тем, что скот и мясомолочные продукты из этих областей продаются и скупаются на рынках в Чуйской области.

Заключение

1. Как установлено исследователями, *B. melitensis* может мигрировать от зараженных овец и коз к крупному рогатому скоту, также имеются факты о миграции *B. abortus* на мелкий рогатый скот. Вместе с тем, результаты молекулярно - генетических ана

лизов выделенных культур от сельскохозяйственных животных показывает, что оба вида *Brucella* распространены среди сельскохозяйственных животных.

2. Приведенные материалы доказывают, что большинство (более 99%) случаев бруцеллеза среди людей вызвано возбудителем *B. melitensis* и этот вид является высоко патогенным для людей по сравнению с другими видами бруцелл.

3. Результаты молекулярно-биологического анализа штаммов *B. melitensis*, выделенных от заболевших людей, показали идентичность штаммов бруцелл со штаммами, циркулирующими в странах Восточного Средиземноморья. Одно из возможных объ-

яснений генетического сходства указанных изолятов заключается в том, что Кыргызстан был коридором старого Шелкового пути между Китаем, Централь-ной Азией и Европой в торговых отношениях. Установлено, что распространенность схожих генотипов бруцелл по регионам республики обусловлена использованием одних и тех же пастбищ, ярмарок или рынков.

Жазуучулар ар кандай кызыкчылыктардын чыр жокту-гун жарыялайт.

Авторы заявляют об отсутствии конфликтов интересов.

The authors declare no conflicts of interest.

Литература/ References

1. Писаренко, С. В., Ковалев, Д. А., Хачатурова, А. А., Во-лынкина, А. С., Русанова, Д. В., & Куличенко, А. Н. Фи-логеография штаммов *Brucella melitensis* на основе ана-лиза SNP полных геномов // Бактериология. – 2016. – Т.1. – №. 1. – С. 73-79. doi: 10.20953/2500-1027-2016-1-73-79
2. Ficht T. *Brucella* taxonomy and evolution. *Future Microbi-ol.* 2010 Jun; 5(6):859-66. doi: 10.2217/fmb.10.52.
3. Roth F. Human health benefits from livestock vaccination for brucellosis: Case study. /Roth F., Zinsstag J., Orkhon D. et al. // *Bulletin of the World Health Organization* 2003 [Эл-ектронный ресурс] - Режим доступа: <https://www.who.int/whodoc/publications/brucellosis>
4. Охупкина В. Ю. и др. Эпидемическая опасность бруцел-леза в современных условиях // Эпидемиология и вакци-нопрофилактика. – 2016. – Т. 15. – №. 3 (88). – С. 15-22.
5. Атамбекова Ж. А. и др. Определение типа бруцелл при-менением амос-р-ср. // Вестник Алтайского государствен-ного аграрного университета. – 2016. – №. 10 (144). – С. 107-110.
6. Чегиров С. Б. и др. Типизация *Brucella melitensis* и *abor-tus* до видовой принадлежности с применением видо-специфических праймеров. // Известия ВУЗов (Кыргыз-стан). – 2014. – №. 3. – С. 85-86.
7. Чегиров С.Б. Молекулярно-генетическое типирование бруцелл, циркулирующих в фермерских хозяйствах Ак-Талинского района нарынкой области. // Наука и новые технологии. – 2013. – №. 5. – С. 135-138.
8. Kasymbekov J. et al. Molecular epidemiology and antibio-tic susceptibility of livestock *Brucella melitensis* isolates from Naryn Oblast, Kyrgyzstan // *PLoS neglected tropical diseases.* – 2013. – Т. 7. – №. 2. – С. e2047.
9. Турсумбетов М.С., Чегиров С.Б., Кельдибекова З.С. Меж-видовая миграция возбудителя бруцеллеза среди яков // 696 Вестник Красноярского государственного аграрно-го университета. – 2021. – №. 3 (168). – С. 127-132.
10. Kudyshov K. et al. First record of the human infection of *Brucella melitensis* in Kyrgyzstan: evidence from whole-genome sequencing-based analysis. // *Infectious Diseases of Poverty.* – 2022. – Т. 11. – №. 1. – С. 120. <https://doi.org/10.1186/s40249-022-01044-1>

Авторы:

Казыбаева Жаркынай Сынчыбековна, аспирант третьего года об-учения, Национального института общественного здоровья; врач-эпидемиолог Республиканского центра карантинных и особо опас-ных инфекций, Бишкек, Кыргызская Республика

Бектурдиев Кубанычбек Беделбаевич, кандидат медицинских наук, начальник отдела эпидемиологии карантинных и особо опас-ных инфекций Республиканского центра карантинных и особо опас-ных инфекций, Бишкек, Кыргызская Республика

Кыдышов Калыс, врач-эпидемиолог Республиканского центра кар-антинных и особо опасных инфекций, Бишкек, Кыргызская Респу-блика

Нурматов Зуридин Шарипович, доктор медицинских наук, руково-дитель Республиканского научно-практического центра по контролю вирусных инфекций Национального института общественного здо-ровья, Бишкек, Кыргызская Республика
ORCID:<https://orcid.org/0000-0003-3481-227X>

Authors:

Kazybaeva Zharkynay Synchybekovna, graduate student of the third year of study, National Institute of Public Health; epidemiologist of the Republican Center for Quarantine and Especially Dangerous Infections, Bishkek, Kyrgyz Republic

Bekturdiyev Kubanychbek Bedelbaevich, Candidate of Medical Sci-ences, Head of the Department of Epidemiology of Quarantine and Es-pecially Dangerous Infections of the Republican Center for Quarantine and Especially Dangerous Infections, Bishkek, Kyrgyz Republic

Kudyshov Kalys, epidemiologist of the Republican Center for Quar-antine and Especially Dangerous Infections, Bishkek, Kyrgyz Republic

Nurmatov Zuridin Sharipovich, Doctor of Medical Sciences, Head of the Republican Scientific and Practical Center for the Control of Viral In-fections of the National Institute of Public Health, Bishkek, Kyrgyz Re-public
ORCID:<https://orcid.org/0000-0003-3481-227X>

Поступила в редакцию 20.02.2024

Принята к печати 08.04.2024

Received 20.02.2024

Accepted 08.04.2024