

УДК 616-002.52:615.015.8

DOI: 10.34215/1609-1175-2025-2-55-60



Эпидемиологическая оценка влияния на эпидемический процесс туберкулеза в Приморском крае циркулирующих генотипов микобактерий туберкулеза и их устойчивости к лекарственным препаратам

А.А. Яковлев¹, М.Л. Корнилов¹, С.Н. Жданова², Н.А. Полякова³, М.А. Яковлев³¹ Тихоокеанский государственный медицинский университет, Владивосток, Россия² Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека, Иркутск, Россия³ Приморский краевой противотуберкулезный диспансер, Владивосток, Россия

Цель: определить спектр генотипов *Mycobacterium tuberculosis*, циркулирующих в Приморском крае, и их значимость в формировании эпидемиологической ситуации. **Материалы и методы.** Распространенность туберкулеза с множественной лекарственной устойчивостью (МЛУ) оценивали по данным мониторинга Приморского краевого противотуберкулезного диспансера (ПКДП). Для выявления генотипов микобактерий туберкулеза (МБТ) использовали их ДНК, выделенную от пациентов в 2015–2016 гг. при обследовании в бактериологической лаборатории диспансера. Образцы культур помещались в специальный консервант и переправлялись в лабораторию эпидемиологически и социально значимых болезней Научного центра проблем здоровья семьи и репродукции человека г. Иркутска, где и проводилось генотипирование методом MIRU-VNTR по 24 локусам. В работе было использовано 99 образцов ДНК *M. tuberculosis*. В выборку вошли пациенты как женского (38 больных), так и мужского пола (61 больной), средний возраст составлял ~41 год. Преобладали больные с диагнозом инфильтративный туберкулез – 65 пациентов (65%). Статистическая обработка данных проводилась общепринятыми методами с использованием программ Microsoft Excel 2010 и Statistica 10. **Результаты.** Установлено, что динамика заболеваемости туберкулезом с МЛУ населения Приморского края относительно стабильна и активность его распространения существенно не уменьшается. Генотипическая структура МБТ в Приморском крае представлена 6 генотипами с существенным преобладанием семейства *Beijing* (генотип Пекин – 72,7%). Штаммы субтипа CC2/148, относящихся к семейству *Beijing*, демонстрируют статистически значимо более высокую множественную лекарственную устойчивость по сравнению с субтипом CC1. **Заключение.** Высокая эпидемиологическая значимость туберкулеза с МЛУ и преобладание в его структуре семейства *Beijing* с высоким уровнем лекарственной устойчивости обуславливают необходимость совершенствования эпидемиологического надзора за туберкулезом в Приморском крае.

Ключевые слова: туберкулез, заболеваемость, множественная лекарственная устойчивость, генотип, распространенность

Поступила в редакцию: 12.05.2025. Получена после доработки: 19.05.2025, 26.05.2025. Принята к публикации: 3.06.2025

Для цитирования: Яковлев А.А., Корнилов М.Л., Жданова С.Н., Полякова Н.А., Яковлев М.А. Эпидемиологическая оценка влияния на эпидемический процесс туберкулеза в Приморском крае циркулирующих генотипов микобактерий туберкулеза и их устойчивости к лекарственным препаратам. *Тихоокеанский медицинский журнал*. 2025;2:55–60. doi: 10.34215/1609-1175-2025-2-55-60

Для корреспонденции: Яковлев Анатолий Александрович – д-р мед. наук, профессор кафедры эпидемиологии Тихоокеанского государственного медицинского университета (Владивосток, 690002, пр-т Острякова, д. 2); ORCID: 0000-0002-7008-3804; e-mail: yakovlev-epid@yandex.ru

Epidemiological assessment of the effect of circulating genotypes of *Mycobacterium tuberculosis* and their drug resistance on the epidemic process of tuberculosis in Primorsky Krai

А.А. Yakovlev¹, M.S. Kornilov¹, S.N. Zhdanova², N.A. Polyakova³, M.A. Yakovlev³¹ Pacific State Medical University, Vladivostok, Russia² Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems, Irkutsk, Russia³ Primorsky Regional Tuberculosis Dispensary, Vladivostok, Russia

Objective. To identify the spectrum of *Mycobacterium tuberculosis* genotypes circulating in Primorsky Krai and their significance in shaping the epidemiological situation. **Materials and methods.** The prevalence of multidrug-resistant tuberculosis (MDR-TB) was assessed based on monitoring data from the Primorsky Regional Tuberculosis Dispensary. To identify the genotypes of *Mycobacterium tuberculosis* (MTB), DNA was extracted from patient samples obtained at the dispensary's bacteriological laboratory in 2015–2016. Culture samples were placed in a special preservative and sent to the Laboratory of Epidemiologically and Socially Significant Infections at the Scientific Center for Family Health and Human Reproduction Problems in Irkutsk, Russian Federation, where genotyping was performed using the 24-locus MIRU-VNTR method. A total of 99 DNA samples of *M. tuberculosis* were used in the study. The sample included both female (38 patients) and male (61 patients) individuals, with a mean

age of approximately 41 years. The majority of patients (65 individuals, 65%) were diagnosed with infiltrative tuberculosis. Statistical analysis was performed using standard methods with Microsoft Excel 2010 and Statistica 10 software. **Results.** The incidence of MDR-TB in the population of Primorsky Krai remains relatively stable, with no significant decrease in its transmission activity. The genotypic structure of *Mycobacterium tuberculosis* in the region includes six genotypes, with a marked predominance of the *Beijing* family (*Beijing* genotype – 72.7%). Strains of the CC2/148 subtype belonging to the *Beijing* family demonstrated a statistically significantly higher level of multidrug resistance compared to the CC1 subtype. **Conclusion.** The high epidemiological significance of MDR-TB and the predominance of the *Beijing* family strains with a high level of drug resistance highlight the need to improve epidemiological surveillance of tuberculosis in Primorsky Krai.

Keywords: tuberculosis, incidence, multidrug resistance, genotype, prevalence

Received 12 May 2025; Revised 19, 26 May 2025; Accepted 3 June 2025

For citation: Yakovlev A.A., Kornilov M.S., Zhdanova S.N., Polyakov N.A., Yakovlev M.A. Epidemiological assessment of the effect of circulating genotypes of *Mycobacterium tuberculosis* and their drug resistance on the epidemic process of tuberculosis in Primorsky Krai. *Pacific Medical Journal*. 2025;2:55–60 doi: 10.34215/1609-1175-2025-2-55-60

Corresponding author: Anatoly A. Yakovlev, Dr. Sci. (Med.), Professor, Department of Epidemiology, Pacific State Medical University (2 Ostryakova Ave. Vladivostok 690002, Russia); ORCID: 0000-0002-7008-3804; e-mail: yakovlev-epid@yandex.ru

По данным Всемирной организации здравоохранения, туберкулез вместе с ВИЧ-инфекцией, вирусными гепатитами (HBV, HCV) и малярией является наиболее опасным инфекционным заболеванием и одной из 10 ведущих причин смерти в мире [1]. Российская Федерация (РФ) входит в перечень континентов с наибольшим бременем по туберкулезу, при этом в Дальневосточном федеральном округе (ДФО) в целом и в Приморском крае (ПК) в частности отмечается один из самых высоких уровней заболеваемости туберкулезом в России. Эта нозоформа доминирует и в структуре смертности от всех инфекционных заболеваний населения Приморья [2, 3, 4]. Несмотря на снижение в последние годы заболеваемости туберкулезом как в России в целом, так и в Приморском крае в частности, он остается весьма актуальной проблемой для общественного здравоохранения [5]. Тем не менее факторы, определяющие эпидемиологическую ситуацию по заболеваемости туберкулезом, с позиции современных представлений о причинах, условиях и механизмах развития эпидемического процесса в Приморском крае ранее не изучались. Между тем для создания и реализации современного риск-ориентированного эпидемиологического надзора (ЭН) необходимо формирование систематизированной и периодически обновляемой информации о действии потенциальных факторов риска в отношении конкретных болезней [6].

В современный период одним из основных факторов, влияющих на эпидемиологическую ситуацию по туберкулезной инфекции как в мире, так и в Российской Федерации, считают пандемическое распространение микобактерий с множественной лекарственной устойчивостью (МЛУ), вызывающих тяжелое клиническое течение и снижающих возможности химиотерапии [1].

Результаты молекулярно-генетических исследований, проводимых как в мире, так и в РФ, свидетельствуют о том, что в основном штаммы микобактерий туберкулеза с МЛУ преобладают среди представителей семейства *Beijing* (генотип Пекин) [7, 8, 9]. Важно подчеркнуть, что указанный вариант существенно отличается от других семейств рядом специфических «патогенных» свойств, что нашло свое отражение в крайне неблагоприятных клинико-эпидемиологических проявлениях заболевания, к которым следует

отнести: высокий уровень лекарственной устойчивости, диссеминацию и генерализацию туберкулезного процесса, рост внелегочных форм заболевания, меньшую эффективность вакцинопрофилактики и другие «агрессивные» свойства.

В связи с этим можно предположить, что влияние на эпидемиологическую ситуацию по туберкулезу оказывают генотипы, циркулирующие на территории Приморского края и в соседних регионах. Однако исследований такого плана в Приморском крае ранее не проводилось.

Цель исследования: определить спектр генотипов *Mycobacterium tuberculosis*, циркулирующих в Приморском крае, и их значимость в формировании эпидемиологической ситуации.

Материалы и методы исследования

Распространенность туберкулеза с множественной лекарственной устойчивостью оценивали по данным мониторинга Приморского краевого противотуберкулезного диспансера, представленным в форме 081/у – медицинская карта больного туберкулезом, форме 33 «Сведения о больных туберкулезом» с заполнением индивидуальных анкет.

Для выявления генотипов микобактерий туберкулеза (МБТ) использовали ДНК микобактерий туберкулеза, выделенных от пациентов, проходивших лечение в Приморском краевом противотуберкулезном диспансере (ПКПД) в 2015–2016 гг. и обследуемых в бактериологической лаборатории диспансера. Образцы культур, выросших из посевов мокроты больных туберкулезом легких на плотной среде Левенштейна – Йенсена, помещались в специальный консервант, содержащий изопропанол и стабилизатор ДНК СТАВ (цетил-триметил аммония бромид), и переправлялись в лабораторию эпидемиологически и социально значимых болезней Научного центра проблем здоровья семьи и репродукции человека (зав. лабораторией – д.м.н. О.Б. Огарков) г. Иркутска, где и проводилось генотипирование штаммов МБТ.

ДНК экстрагировали из инактивированных культур набором ДНК-сорб В (Интерлабсервис) в соответствии с протоколом производителя и затем

генотипировали методом MIRU-VNTR по 24 локусам. При MIRU-VNTR типировании и делеционном анализе по RD 105 и 207 использовали ПЦР и идентификацию ее продуктов в горизонтальном электрофорезе в агарозном геле. Выявление субтипа CC2/W148 генотипа *Beijing* проводили с помощью идентификации динуклеотидной делеции в гене *kdpD*, субтипа CC1- по SNP в гене *pks17*, позиция 1887060 методом ПЦР-РВ с праймерами и зондами собственного дизайна. MLVAMtbC 15-9-й тип определяли с помощью пакета программ сайта MIRU-VNTR-plus.

На каждую отобранную пробу заполнялась специальная анкета, которая была разработана под данное исследование. В работе было использовано 99 образцов ДНК *M. tuberculosis*. В выборку вошли пациенты как женского (38 больных), так и мужского пола (61 больной), средний возраст составлял 41 год. Преобладали больные с диагнозом инфильтративный туберкулез – 65 пациентов (65%). На впервые выявленный туберкулез пришлось 73% (73 случая), на вторичный – 27% (27 случаев).

Статистическая обработка данных проводилась общепринятыми методами [10] с использованием программы Microsoft Excel 2014. Величина критического уровня значимости p при проверке статистических гипотез принималась равной $p = 0,05$.

Результаты исследования

Проведенные исследования показали, что динамика заболеваемости туберкулезом с МЛУ населения Приморского края в последнее десятилетие относительно стабильна (рис. 1). Сравнение полученных данных с результатами наблюдений за туберкулезом с МЛУ в целом по РФ и по ДФО свидетельствует о том,

что уровень заболеваемости в крае на протяжении всего анализируемого периода значительно выше, чем по РФ, а в последние годы довольно близок показателям по ДФО. Пик заболеваемости пришелся на 2010 г. Показатели темпа прироста туберкулезной инфекции с МЛУ в последние годы в крае кардинально не отличаются от таковых по ДФО и в среднем по России ($T_{пр} = 0,3\%$).

Среди впервые выявленных случаев заболевания туберкулезом доля больных с МЛУ в 2022 г. составила 23,7% (в РФ – 23%, ДФО – 22%). Удельный вес пациентов с МЛУ среди бациллярных форм к 2022 г. достиг 51,7% (в РФ – 47,5%, ДФО – 40,6%). Показатели распространенности туберкулеза с МЛУ к 2022 г. в ПК составили 46,3‰, в РФ – 25,5; в ДФО – 47,3.

Как видно на рисунке 2, количество территорий, где регистрировалась наиболее высокая заболеваемость туберкулезом, обусловленная штаммами с МЛУ, сократилось с 9 в 2016 г. до 6 к 2022 г. Однако появились новые территории риска (Шкотовский, Партизанский, Лазовский районы), на которых ранее туберкулез с МЛУ не играл существенной роли в этиологии болезни.

Как мы уже указывали выше, проводимые молекулярно-генетические исследования как в мире, так и в РФ свидетельствуют о том, что в основном штаммы микобактерий туберкулеза с МЛУ преобладают среди представителей семейства *Beijing* (генотип Пекин).

Популяционная генетика *M. tuberculosis* достаточно строго привязана к географическим регионам мира. При этом в пределах каждой географической территории можно выделить как более, так и менее эпидемиологически значимые генетические семейства МБТ [11].

В Приморском крае из 7 основных семейств *M. tuberculosis* нами выявлено 6. Как показали

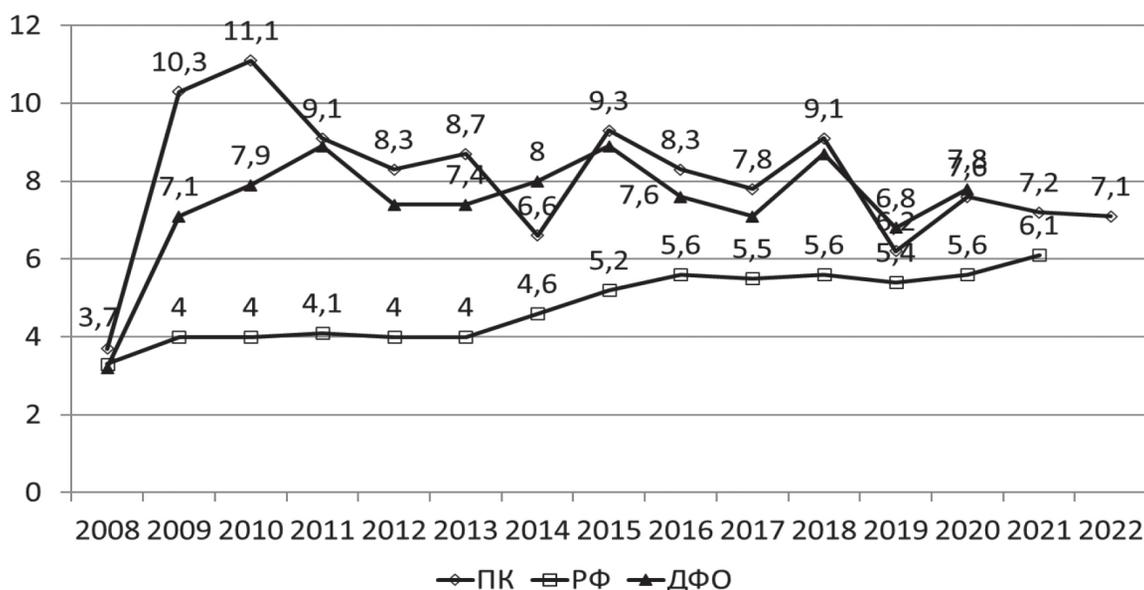


Рис. 1. Динамика заболеваемости туберкулезом с МЛУ населения ПК, ДФО и РФ за 2008–2022 гг.

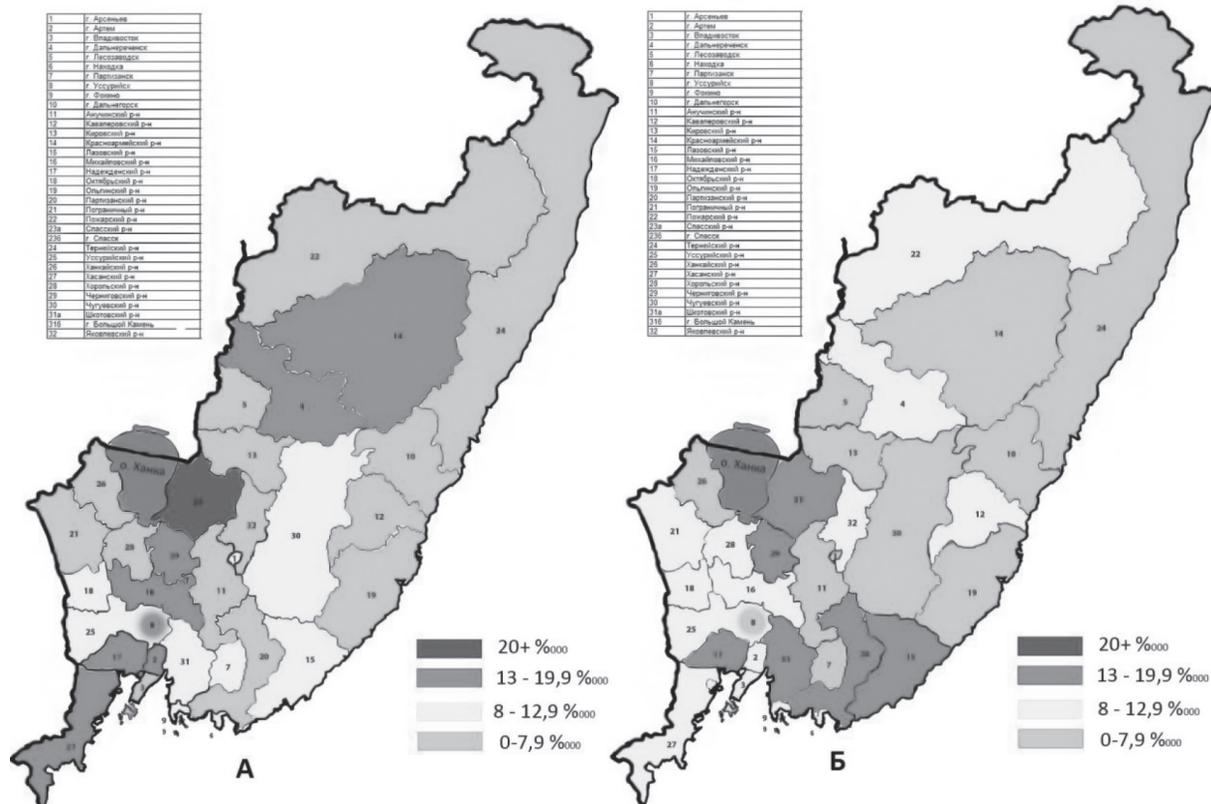


Рис. 2. Заболеваемость туберкулезом с МЛУ на различных административных территориях ПК в разные временные периоды (на 100 тыс.).
А – 2009–2015 гг., Б – 2016–2022 гг.

исследования (рис. 3) доминирующее количество изолятов исследуемой выборки принадлежало генотипу Beijing – 72%. Важно подчеркнуть, что именно это семейство широко циркулирует в Юго-Восточной Азии, в частности в Китае, где, как известно, один из самых высоких уровней заболеваемости туберкулезом в мире и где, как мы полагаем, сформировался популяционный очаг туберкулеза [12].

Таким образом, использование современных методов идентификации изолятов *M. tuberculosis* позволило нам получить подробную генотипическую характеристику популяции возбудителя, циркулирующей на территории Приморского края, где помимо генотипа Пекин получили распространение генотипы LAM, T, S, Haarlem, Ural.

На следующем этапе исследований нами изучалась устойчивость к лекарственным препаратам отдельных циркулирующих генотипов популяции *M. tuberculosis*.

Результаты исследования показали (табл. 1), что среди представителей всех семейств статистически значимых превышений доли штаммов с МЛУ не выявлено. Среди представителей семейства Beijing штаммы с МЛУ и без нее распределились практически поровну. В других семействах: LAM, Haarlem и T – доминировали штаммы, чувствительные к химиопрепаратам.

Штаммы семейства Beijing были нами дополнительно классифицированы по крупномасштабным

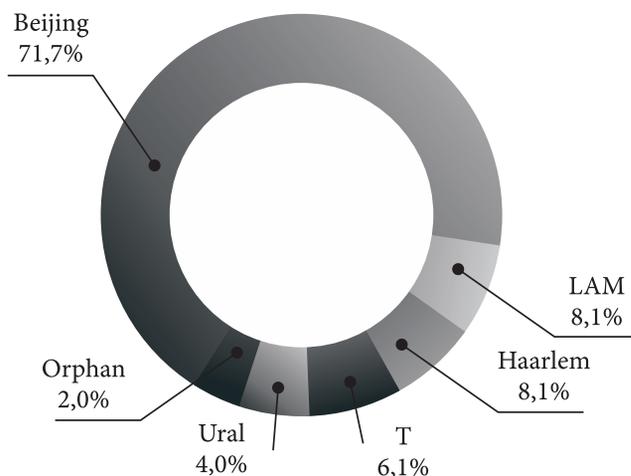


Рис. 3. Спектр генотипов *M. tuberculosis*, циркулирующих в Приморском крае.

маркерам – субтипам (клональным комплексам) CC1 (Central Asia) и CC2/W148 (Europe/Russia), для которых характерно наличие высоких частот первичной и вторичной МЛУ [13]. Исследуемые субтипы были выявлены только среди изолятов, принадлежащих генотипу Beijing. Экспресс-методом идентифицировано

Таблица 1

Удельный вес штаммов *M. tuberculosis* с МЛУ среди различных генотипов, циркулирующих в Приморском крае

| Генотипы (всего штаммов) | Штаммы с МЛУ абс. (% ± m) | «Чувствительные» к химиопрепаратам штаммы абс. (% ± m) | χ^2 Пирсона (p) |
|---------------------------------|---------------------------|--|------------------------------|
| <i>Beijing</i> (BJ) (72 штамма) | 36 (85,7 % ± 11,7 %) | 36 (63,2 % ± 12,1 %) | $\chi^2 = 5,1$ $p = 0,02$ |
| LAM (8 штаммов) | 1 (2,4 % ± 5,6 %) | 7 (12,3 % ± 8,3 %) | $\chi^2 = 2,0$ $p = 0,16$ |
| <i>Ural</i> (4 штамма) | 2 (4,8 % ± 7,5 %) | 2 (3,5 % ± 5,3 %) | $\chi^2 = 0,04$ $p = 0,8$ |
| <i>Haarlem</i> (9 штаммов) | 2 (4,8 % ± 7,5 %) | 7 (12,3 % ± 8,3 %) | $\chi^2 = 0,9$ $p = 0,34$ |
| T (6 штаммов) | 1 (2,4 % ± 5,6 %) | 5 (8,8 % ± 7,7 %) | $\chi^2 = 0,8$ $p = 0,3$ |
| Всего 99 штаммов | 42 (100 %) | 57 (100 %) | – |

Примечание: * – полужирным шрифтом выделены статистически значимые связи по χ^2 Пирсона.

Таблица 2

Удельный вес штаммов *M. tuberculosis* с МЛУ среди клональных комплексов CC1 и CC2 в Приморском крае

| Субтипы BJ CC (абс., %) | Штаммы с МЛУ абс. (% ± m) | «Чувствительные» к химиопрепаратам штаммы абс. (% ± m) | χ^2 Пирсона |
|-------------------------|---------------------------|--|-------------------------------|
| BJ CC1 41 (56,9 %) | 12 (40,0 % ± 18,1 %) | 29 (69,1 % ± 14,2 %) | $\chi^2 = 4,8$ $p = 0,03$ |
| BJ CC2/W148 22 (30,5 %) | 15 (50,0 % ± 18,7 %) | 7 (16,7 % ± 12,5 %) | $\chi^2 = 7,6$ $p = 0,006$ |
| Other CC9 (12,5 %) | 3 (10,0 % ± 11,3 %) | 6 (14,3 % ± 10,7 %) | $\chi^2 = 0,03$ $p = 0,9$ |
| Всего 72 | 30 (100 %) | 42 (100 %) | – |

Примечание: * – полужирным шрифтом выделены статистически значимые связи по χ^2 Пирсона с поправкой Йейтса.

22 изолята субтипа CC2/W148, имевших 6 разнообразных MIRU-VNTR-24 профилей и принадлежащих по классификации MLVAMtbC 15–9 как к известным – 100-32, 1075-32, 3754-32, 3828-32, 98-32, так и не идентифицированным этой системой номенклатуры вариантам. Среди представителей этого субтипа статистически значимо доминировали изоляты с МЛУ (табл. 2).

Заключение

Таким образом, проведенные исследования позволили установить, что на фоне общего снижения заболеваемости туберкулезом в Приморском крае активность распространения туберкулеза с МЛУ существенно не уменьшается и динамика заболеваемости остается относительно стабильной. Важную роль в формировании эпидемиологической ситуации играют циркулирующие в крае генотипы *M. tuberculosis*, спектр которых представлен 6 генотипами с преобладанием генотипа Пекин – 72,7%. Высокая эпидемиологическая значимость туберкулеза и преобладание в его структуре генотипа *Beijing* с высоким уровнем лекарственной устойчивости у субтипа CC2/W148 обуславливают необходимость совершенствования эпидемиологического надзора за туберкулезом в Приморском крае.

При этом в его информационный блок целесообразно включать данные о структуре генотипов МБТ.

Конфликт интересов: авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

Источник финансирования: авторы заявляют о финансировании проведенного исследования из собственных средств.

Участие авторов:

Концепция и дизайн исследования – ААЯ, МСК, СЖ
Сбор и обработка материала – МАЯ, МСК, НАП
Статистическая обработка – МСК, МАЯ
Написание текста – ААЯ, МСК, СЖ
Редактирование – ААЯ

Литература / References

1. WHO. Global tuberculosis report 2014. – World Health Organization, 2015 : – URL: <https://www.who.int/publications/item/9789240101531>. – Текст: электронный (Accessed Dec 10, 2018).
2. Алексеева Т.В., Ревякина О.В., Филиппова О.П., Краснов В.А. Туберкулез в Сибирском и Дальневосточном федеральных округах (2007–2016 гг.). *Туберкулез и болезни легких*. 2017;95(8):12–17. [Alekseeva TV, Revyakina OV, Filippova OP, Krasnov VA. Tuberculosis in the Siberian and Far Eastern

- Federal Districts (2007–2016). *Tuberculosis and Lung Diseases*. 2017;95(8):12–17 (In Russ.]. doi: 10.21292/2075-1230-2017-95-8-12-17
3. Нечаева О.Б. Ситуация по туберкулезу и ВИЧ-инфекции в России. *Туберкулез и болезни легких*. 2014;(6):9–16. [Nechaeva OB. A situation on tuberculosis and HIV infection in Russia. *Tuberculosis and Pulmonary Diseases*. 2014;(6):9–16 (In Russ.)].
 4. Лавренюк В.В., Мотанова Л.Н. Оценка ситуации по туберкулезу в Приморском крае за последние 14 лет (2003–2016). *Тихоокеанский медицинский журнал*. 2017;(4):74–76. [Lavrenyuk VV, Motanova LN. Assessment of the tuberculosis situation in Primorsky Krai over the past 14 years (2003–2016). *Pacific Medical Journal*, 2017;(4):74–76 (In Russ.)].
 5. Герасимов А.Н., Михеева И.В. Эпидемиологическая ситуация с туберкулезом в России – кажущееся благополучие и скрытые угрозы. *Тихоокеанский медицинский журнал*. 2018;(3):75–8. [Gerasimov AN, Mikheeva IV. Epidemiological situation with tuberculosis in Russia – apparent well-being and hidden threats. *Pacific Medical Journal*. 2018;(3):75–8 (In Russ.)].
 6. Онищенко Г.Г., Ежлова Е.Б., Мельникова А.А., Димина Ю.В., Деметьева Л.А., Паскина Н.Д., Фролова Н.В. Актуальные проблемы надзора за инфекционными болезнями в Российской Федерации. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунологии*. 2014;(5):13–24. [Onishchenko GG, Ezhlova EB, Melnikova AA, Dimina YuV, Dementieva LA, Paskina ND., Frolova NV. Current problems of supervision of infectious diseases in the Russian Federation. *Journal of Microbiology, Epidemiology and Immunobiology*. 2014;(5):13–24 (In Russ.)].
 7. Яковлев А.А., Бурнашева Л.С., Жданова С.Н. *Интеграционная эпидемиология туберкулеза и ВИЧ-инфекции на модели Республики Саха (Якутия)*. Владивосток, Медицина ДВ. 2017. 112 с. [Yakovlev AA, Burnasheva LS, Zhdanova SN. *Integration epidemiology of tuberculosis and HIV infection on the model of the Republic of Sakha (Yakutia)*. Vladivostok, Medicine DV. 2017.112 p.
 8. Думова МА, Khrapov EA, Filipenko ML, Kinsht VN, Cherednichenko AG, Svistelnik AV. Highest prevalence of the *Micobacterium tuberculosis Beijing* genotype isolates in patients newly diagnosed with tuberculosis in the Novosibirsk oblast, Russian Federation. *Journal of Medical Microbiology*. 2011;60(7):1003–1009.
 9. Пасечник О.А., Думова М.А., Стасенко В.Л., Татаринцева М.П., Колесникова Л.П., Ляпина Е.С. Генетическое разнообразие лекарственно-устойчивых штаммов *Mycobacterium tuberculosis* в Омской области. *Туберкулез и болезни легких*. 2017;95(7):33–39. [Pasechnik OA, Dumova MA, Stasenko VL, Tatarintseva MP, Kolesnikova LP, Lyapina EA. Genetic diversity of drug-resistant strains of *Mycobacterium tuberculosis* in the Omsk region. *Tuberculosis and Lung Diseases*. 2017;95(7):33–39 (In Russ.)]. doi: 10.21292/2075-1230-2017-95-7-33-39
 10. Савилов Е.Д., Синьков В.В., Огарков О.Б. *Эпидемиология туберкулеза на Евро-Азиатском континенте. Оценка глобального движения штаммов генотипа «Пекин»*. Иркутск. 2013. 120 с. [Savilov ED, Sinkov VV, Ogarkov OB. *Epidemiology of tuberculosis on the Euro-Asian continent. Assessment of the global movement of strains of the Beijing genotype*. Irkutsk. 2013. 120 p. (In Russ.)].
 11. Беляков В.Д., Семенов Т.А., Шпрага М.Х. *Введение в эпидемиологию инфекционных и неинфекционных болезней*. М.: Медицина, 2001. 264 с. [Belyakov VD, Semenenko TA, Shraga MH. *Introduction to the epidemiology of infectious and non-communicable diseases*. Moscow: Medicine, 2001. 264 p. (In Russ.)].
 12. Колпаков С.Л., Яковлев А.А., Гинкул М.А. Популяционные механизмы заболеваемости респираторной стрептококковой инфекцией и ревматизмом в Приморском крае. *Тихоокеанский медицинский журнал*. 2003;(2):48–52. [Kolpakov SL, Yakovlev AA, Ginkul MA. Population mechanisms of respiratory streptococcal infection and rheumatism in Primorsky Krai. *Pacific Medical Journal*. 2003;(2):48–52 (In Russ.)].
 13. Микова О.Е., Жданова С.Н., Сергеев В.И., Огарков О.Б., Сармометов Е.В., Варецкая Т.А., Новицкая О.Н., Хромова П.А., Савилов Е.Д., Кошечев М.Е., Шмагин Д.В. Высокая распространенность генотипа B0/W148 *Mycobacterium tuberculosis* у больных ВИЧ-инфекцией, сочетанной с туберкулезом, в Пермском крае и Иркутской области. *Бюллетень Восточно-Сибирского научного центра Сибирского отделения Российской академии медицинских наук*. 2016;1(5):142–145. [Mikova OE, Zhdanova SN, Sergeevnina VI, Ogarkova OB, Sarmometov EV, Varetskaya TA, Novitskaya ON, Khromova PA, Savilov ED, Kosheev ME, Shmagin DV. High prevalence of the B0/W148 *Mycobacterium tuberculosis* genotype in patients with HIV infection combined with tuberculosis in the Perm Territory and Irkutsk Region. *Bulletin of the East Siberian Scientific Center of the Siberian Branch of the Russian Academy of Medical Sciences*. 2016;1(5):142–145. (In Russ.)].