

***Mycobacterium tuberculosis* Austrumāzijas līnijas genotipiskais raksturojums Latvijā**

***Ilva Pole*^{1,2}, *Inta Jansone*², *Ģirts Šķenders*¹, *Anda Nodieva*³,
Iveta Ozere^{1,3}, *Viktorija Igumnova*^{2,4}, *Renāte Ranka*^{2,4}**

¹ Rīgas Austrumu klīniskā universitātes slimnīca, stacionārs "Tuberkulozes un plaušu slimību centrs", Latvija

² Latvijas Biomedicīnas pētījumu un studiju centrs

³ Rīgas Stradiņa universitāte, Infektoloģijas un dermatoloģijas katedra, Latvija

⁴ Rīgas Stradiņa universitāte, Farmācijas ķīmijas katedra, Latvija

Ievads. Pasaulē lieto vairākas *Mycobacterium tuberculosis* (MT) genotipēšanas metodes. Spoligotipēšana un MIRU-VNTR metode ir diezgan ātras un ērtas, bet ar zemāku izšķirtspēju; IS6110 RFLP ir "zelta standarta" metode, bet tā ir darbietilpīga.

Latvijā cirkulējošie MT celmi pieder Austrumāzijas (aptuveni trešdaļa) un Eiroamerikas līnijām. Austrumāzijas līnijai ir raksturīga spēja diezgan ātri veidot mutācijas un ilgstoši noturēties populācijā. Šā iemesla dēļ ir svarīgi iespējami ātri atšķirt Austrumāzijas līniju no citām MT līnijām, kā arī noteikt izolātu individuālos genotipus Latvijā.

Darba mērķis, materiāls un metodes. Dažādu genotipēšanas metožu racionālu kombināciju lietojamības pārbaude Latvijā izplatīto MT Austrumāzijas līnijas Beidžinas apakšlīnijas analīzē, par testēšanas kvalitātes mēru pieņemot maksimālu šo izolātu izšķirtspēju, kā arī MT Austrumāzijas līnijas ģenētiskā profila noskaidrošana, savstarpējo līdzību un / vai atšķirību konstatēšana.

Pētījumā izmantoti 52 Beidžinas apakšlīnijas MT izolāti. Iegūto MT izolātu genotipēšanai izmantotas spoligotipēšanas, MIRU-VNTR un IS6110 RFLP metodes. Beidžinas apakšlīnijas MT DNS izolātu salīdzināšana veikta, izmantojot SITVIT datubāzi un *Bionumeric v5.10* programmu.

Rezultāti. Pavisam pētījumā analizēti 52 Beidžinas apakšlīnijas MT izolāti, starp kuriem tika identificēti trīs spoligotipu varianti: SIT1 (50 izolāti), SIT190 (viens izolāts) un SIT265 (viens izolāts). Spoligotipēšana noteikti tos atšķir no Eiroamerikas līnijas, bet neļauj tos savstarpēji identificēt. MIRU-VNTR metode uzrādīja 20 dažādus genotipu variantus. No tiem 71% (37/52) izolātu veidoja sešus genotipu klāsterus ar diviem līdz 22 paraugiem katrā, bet pārējiem izolātiem tika konstatēts katram savs unikāls MIRU-VNTR variants, kas tika pārstāvēts ar vienu paraugu. IS6110 RFLP analīze uzrādīja 33 dažādus genotipu variantus. No tiem 52% (27/52) izolātu veidoja deviņu genotipu klāsterus ar diviem līdz sešiem paraugiem katrā. Salīdzinot ar dažādām metodēm iegūtos genotipus, ir vērojama tendence, ka vienādiem MIRU-VNTR paraugiem (klāsteriem) atbilst tuvradnieciski RFLP profili, bet atsevišķi MIRU varianti ir izkaisīti pa visu RFLP dendrogrammu. Savukārt RFLP vienādajos profilos ir atrodami dažādi MIRU genotipi. Pētījuma rezultāti apstiprina uzskatu, ka molekulārie marķieri, kas ir pamatā dažādām genotipēšanas metodēm, MT genomā mainās neatkarīgi cits no cita un ir savstarpēji nesaistīti.

Secinājumi. MT Austrumāzijas līnijas Beidžinas apakšlīnijas genotipēšanai jāizmanto visas trīs metodes. Racionāla analīzes secība ir šāda:

- 1) spoligotipēšana, lai varētu atšķirt Austrumāzijas izolātus no citiem (piemēram, Eiroamerikas);
- 2) MIRU-VNTR, lai varētu atšķirt vienādos izolātus ar vienādiem spoligotipiem;
- 3) IS6100 RFLP, lai varētu atšķirt izolātus, kam ir identisks MIRU-VNTR variants.

Pētījums veikts Valsts pētījumu programmas BIOMEDICINE ietvaros.