

***M. tuberculosis* genotipu analīze epidemioloģiski saistītu pacientu paraugiem**

Ilva Pole^{1,2}, Sintija Markovska², Inta Jansone², Vija Riekstiņa¹, Inga Norvaiša¹, Iveta Ozere^{1,3}, Renāte Ranka^{2,4}

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

²Latvijas Biomedicīnas pētījumu un studiju centrs

³Rīgas Stradiņa universitāte, Infektoloģijas un dermatoloģijas katedra, Latvija

⁴Rīgas Stradiņa universitāte, Farmācijas ķīmijas katedra, Latvija

Ievads. Latvijā ik gadu tuberkuloze (TB) tiek diagnosticēta vairākiem simtiem pacientu, tai skaitā bērniem un pusaudžiem. 2016. gadā tika reģistrēti 560 jauni saslimšanas gadījumi, no tiem 22 bērniem un 8 pusaudžiem. Vislielākais risks inficēties ir tiem cilvēkiem, kuriem ir tiešs un ilgstošs kontakts ar TB slimniekiem. Ja rodas aizdomas par TB mikrouzliesmojumu, ir jāveic *Mycobacterium tuberculosis* paraugu DNS analīze, kas var sniegt nepieciešamo pierādījumu pacientu epidemioloģiskai saistībai, kā arī palīdzēt noteikt iespējamo infekcijas avotu.

Darba mērķis, materiāls un metodes. Darba mērķis bija *M. tuberculosis* izolātu DNS analīze un zāļu jutības testu rezultātu salīdzināšana sešiem savstarpēji saistītiem pacientiem, lai noteiktu to iespējamo epidemioloģisko saistību no 2014. līdz 2016. gadam. Pētījumā tika izmantoti *M. tuberculosis* izolāti, kas tika iegūti no dažādu veidu pacientu analizēm (krēpas, inducētas krēpas, izskalojumi no bronhiem). Izolātiem tika noteikta jutība pret pirmās rindas prettuberkulozes medikamentiem (izoniazīdu (INH), rifampicīnu (RIF), etambutolu (EMB) un pirazinamīdu (PZA)), kā arī otrās rindas medikamentiem (ofloksacīnu (OFX)), lietojot MGIT90 šķidro kultūru un zāļu jutības testēšanas sistēmu. Tika pielietota arī fluorescentā mikroskopija uztriepēm. Izolātu kultūras tika audzētas uz *Löwenstein Jensen* barotnēm. *M. tuberculosis* DNS izolātu genotipēšanai tika izmantotas spoligotipēšanas un *IS6110* RFLP metodes. RFLP genotipēšanas rezultātu analīzei tika izmantota *BioNumerics v5.3* programma; spoligotipēšanas rezultātu izvērtēšana un salīdzināšana ir veikta, lietojot SITVIT datubāzi.

Rezultāti. Kad 2016. gadā 14 gadu vecai pusaudzei tika diagnosticēta TB, kā iespējamie infekcijas avoti un sociālie kontakti tika apsekoti gan tuvinieki, gan kaimiņi. Kontakta meklēšanas nolūkā tika analizēti vairāki *M. tuberculosis* izolāti. Visu šajā mikrouzliesmojumā iespējami iesaistīto TB pacientu zāļu jutības testi uzrādīja vienādu rezistenci pret pirmās rindas medikamentu izoniazīdu (INH) un jutību pret pārējiem pārbaudītajiem medikamentiem. Tikai diviem no sešu pacientu uztriepju paraugiem pēc analīzes ar fluorescentās mikroskopijas metodi izrādījās ARB pozitīvs. Spoligotipēšanas rezultāti parādīja, ka visu sešu pacientu *M. tuberculosis* izolāti pieder SIT1 spoligotipam (*Beijing genotype*). Tālāk izmantotā RFLP genotipēšanas metode papildus apstiprināja *tuberculosis* izolātu savstarpējo saistību.

Secinājumi.

1. *M. tuberculosis* izolātu molekulārā genotipēšana ir viena no svarīgākajām metodēm, lai noteiktu un pierādītu TB slimnieku epidemioloģisko saistību, mikrouzliesmojuma esamību un potenciālo infekcijas avotu.
2. TB izplatīšanās ir iespējama ne tikai mājāsaimniecības ietvaros, bet arī ciešu sociālo kontaktu ceļā (tuva apkaime, dzīvošanas apstākļi, piemēram, kopīga vannasistaba un virtuve komunālajā dzīvoklī vai mājā, vai ilgstošs kontakts ar tuberkulozes slimnieku). Līdz ar to, ja sociāla tipa mājā, kurā ir kopīga virtuve, sanitārais mezgls un gaitenis, kādam no iemītniekiem diagnosticē ARB pozitīvu plaušu TB, būtu nepieciešams pārbaudīt visus iedzīvotājus, kuri lieto šīs telpas un bijuši kontaktā ar slimnieku.

VPP BIOMEDICINE.