

Masalu un masaliņu diagnostikas un vīrusu cirkulācijas monitoringa laboratorisko metožu efektivitāte Latvijā

*Tatjana Kolupajeva, Svetlana Cvetkova, Natālija Repuščenko, Anastasija Aniščenko,
Natālija Zamjatina, Larisa Firstova, Galina Rjazanceva, Frīda Arša,
Jelena Storoženko, Baiba Rozentāle*

*Rīgas Austrumu klīniskā universitātes slimnīca, stacionārs
"Latvijas Infektoloģijas centrs" (RAKUS LIC)*

Ievads. Pēdējos gados Eiropā reģistrēti plaši masalu un masaliņu uzliesmojumi, pārsvarā nevakcinētām personām. 2012. gada deviņos mēnešos no 29 Eiropas valstīm Pasaules Veselības organizācijai (PVO) tika paziņots par 5640 masalu un 25759 masaliņu gadījumiem. PVO izvirzīja mērķi eliminēt masalas un masaliņas Eiropas reģionā līdz 2015. gadam. Latvijā 2010.–2012. gadā reģistrēti tikai 4 masalu un 10 masaliņu gadījumi.

Darba mērķis, materiāls un metodes. Analizēt masalu un masaliņu diagnostikas un vīrusu cirkulācijas monitoringa laboratorisko metožu efektivitāti populācijā ar zemu infekciju izplatību.

Masalu un masaliņu diagnostikai un cirkulācijas monitoringam RAKUS LIC Nacionālā mikrobioloģijas references laboratorijā tika izmantotas PVO un EK gadījumu definīcijās paredzētās metodes. ELISA masalu (*Rubeola*) un masaliņu (*Rubella*) vīrusa specifisko IgM un IgG antivielu noteikšanai un IgG daudzuma salīdzināšanai pāru serumos, RT PCR *Rubeola* un *Rubella* vīrusu RNS noteikšanai iztriepēs no augšējiem elpceļiem, siekalās vai urīnā, masalu vīrusa izolēšanu *VeroSlam* šūnu kultūrā. Vīrusu genotipēšanai tika izmantota sekvenēšanas metode, elektroforegrammu apstrādei un sekvenču salikšanai – *SeqScape* programma, iegūtās sekvenču salīdzināšana ar *GeneBank* resursiem un PVO datubāzi *MeaNS-Measles Nucleotide Surveillance*.

Rezultāti. Laikposmā no 2010. līdz 2012. gadam ieskaitot, tika izmeklēti 1024 asins serumu paraugi masalu specifisko antivielu noteikšanai un 1060 paraugi masaliņu specifisko antivielu noteikšanai, kas tika nosūtīti izmeklēšanai no Latvijas medicīniskajām iestādēm un apstiprinošai diagnostikai no citām laboratorijām. Tika iegūti 11 *Rubeola* IgM un 18 *Rubella* IgM pozitīvi rezultāti. Daļa pozitīvo rezultātu bija saistīti ar neseno vakcināciju vai tika atšifrēti kā krusteniskās reakcijas. Jāatzīmē, ka daļa paraugu seroloģiskai diagnostikai tika paņemti pirms 4 dienām pēc klīnisko simptomu parādīšanās vai dati par laiku, kad parādījās klīniskie simptomi, laboratorijai nebija pieejami. Tajā pašā laikā vīrusu specifisko RNS atklāšanai tika nosūtīti masalu diagnostikai – 97 paraugi un masaliņu diagnostikai – 46 paraugi (*Rubella* RNS noteikšana ir pieejama kopš 2011. gada). Par 2010.–2012. gadu laboratoriski tika apstiprināti 4 masalu gadījumi. Pirmais gadījums (v., 49 g. v.) bija apstiprināts 2011. gada jūlijā: seroloģiski – *Rubeola* IgM un IgG pozitīvs, molekulāri bioloģiski – *Rubeola* RNS pozitīvs siekalu un urīna paraugos. Vīrusam bija noteikts D4 *Manchester* genotips. Izolēt vīrusu šūnu kultūrā neizdevās. Pirmais 2012. gadā no Vācijas importēts gadījums (s., 35 g. v.) un ar to saistīti divi endēmiski gadījumi – pirmsvakcinācijas vecuma bērns (s., 11 mēn. v.) un 26 g. v. vīrietis – bija apstiprināti seroloģiski un molekulāri bioloģiski. No visiem gadījumiem izdevās izolēt vīrusu un tipēt to kā D4 *Manchester*. 2011. gadā seroloģiski tika apstiprināti 2 masaliņu gadījumi, 2012. gadā 6 masaliņas gadījumi apstiprināti seroloģiski un 2 – ar RT PCR metodi. No viena parauga izolēts *Rubella* vīruss un noteikts tā genotips –2B.

Secinājumi. 1. Nacionālā mikrobioloģijas references laboratorijā pielietojamās metodes ļauj efektīvi nodrošināt masalu un masaliņu diagnostiku un vīrusa cirkulācijas monitoringu Latvijā. 2. Lai uzlabotu masalu un masaliņu diagnostiku agrīnajā stadijā, nepieciešams plašāk pielietot molekulāri bioloģiskās metodes. 3. Lai pareizi interpretētu laboratoriskos rezultātus, nepieciešams obligāti informēt laboratoriju par pacienta vakcinācijas datiem un saslimšanas datumu. 4. Masalu un masaliņu eliminācijas procesa dokumentēšanai nepieciešams detalizēti izmeklēt katru saslimšanas gadījumu, izmantojot vīrusu izolāciju un genotipēšanu, kas dos iespēju ne tikai sekot vīrusu ģeogrāfiskai cirkulācijai, bet arī diferencēt endēmiskos un importētos gadījumus.