

## Rīgā un tās apkārtnē cirkulējošo *M. tuberculosis* genotipu molekulārais raksturojums

*Ilva Pole*<sup>1,2,3</sup>, *Inta Jansone*<sup>1</sup>, *Ģirts Šķenders*<sup>2</sup>,  
*Jūlija Trofimova*<sup>3</sup>, *Anda Nodīeva*<sup>4</sup>, *Iveta Ozere*<sup>2,4</sup>,  
*Vija Riekstiņa*<sup>2</sup>, *Jeļena Storoženko*<sup>3</sup>, *Vaira Leimane*<sup>2</sup>,  
*Renāte Ranka*<sup>1,4</sup>, *Ludmila Vīksna*<sup>3,4</sup>, *Viesturs Baumanis*<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Latvijas Biomedicīnas pētījumu un studiju centrs

<sup>2</sup> Rīgas Austrumu klīniskā universitātes slimnīca, stacionārs  
"Tuberkulozes un plaušu slimību centrs", Latvija

<sup>3</sup> Rīgas Austrumu klīniskā universitātes slimnīca, stacionārs  
"Latvijas Infektoloģijas centrs", Latvija

<sup>4</sup> Rīgas Stradiņa universitāte, Latvija

**Ievads.** Molekulārās mikobaktēriju genotipēšanas metodēm kopā ar tradicionālajām epidemioloģiskajām metodēm ir liela nozīme gan tuberkulozes (TB) klīniskajos, gan epidemioloģiskajos pētījumos. Kā zināms, daudziem genotipiem (piemēram, SIT1) ir raksturīga spēja ātri iegūt mutācijas pret dažādiem prettuberkulozes medikamentiem, bet daži (SIT254) – spēja saglabāt savu sensitivitāti neizzūd daudzu gadu garumā. Potenciāli atšķirīga ir arī dažādu genotipu spēja inficēt un izraisīt slimību. Informācija par slimību izraisījušo *M. tuberculosis* (MT) genotipiem dotu iespēju izveidot sistēmu potenciāli bīstamu (īpaši virulentu un multirezistentu) MT celmu apzināšanai, to izplatīšanās uzraudzībai, kā arī adekvātai ārstniecisko un profilaktisko pasākumu veikšanai.

**Darba mērķis, materiāls un metodes.** Pētījuma mērķis ir apzināt un raksturot Rīgā cirkulējošo *M. tuberculosis* genotipus.

DNS izolātu, kas iegūti no pozitīvām MT kultūrām laikposmā no 2009. gada februāra līdz 2012. gada jūlijam, analīzei un raksturošanai tika izmantota spoligotipēšanas (starpfragmentu oligonukleotīdu genotipēšana) un MIRU-VNTR (mikobaktērijās izkaisīto atkārtoto vienību un mainīgā daudzuma tandēmisko atkārtojumu analīze) metodes. Iegūto datu analīze un apstrāde tika veikta, izmantojot starptautiskās datu bāzes – SITVIT un MIRU-VNTRplus.

**Rezultāti.** MT genotipu raksturošanai izmantoti 774 (~55% no visām Rīgā un tās apkārtnē reģistrētajām MT pozitīvajām kultūrām laikposmā no 2009. gada februāra līdz 2012. gada jūlijam) paraugi. Ar spoligotipēšanas metodi iegūti (identificēti) 117 dažādi spoligotipi, kas pieder divām MT līnijām – Austrumāzijas (26%) (ar vienu apakšlīniju – B) un Eiroamerikas (64%) (ar sešām – T, H, LAM, X, U un S – apakšlīnijām un to vairākiem apakštipiem). 703 (91%) izolāti veido 46 dažādus klasterus, bet pārējie atrasti pa vienam indivīdam. Biežāk sastopamie Rīgā un tās apkārtnē cirkulējošie MT genotipi ir T (36%), B (26%), H (12%) un LAM (11%) apakšlīnijai piederošie, kā arī reti sastopamie – 10%. Pēc spoligotipēšanas un MIRU-VNTR datiem tika identificēti šādi klasteri: T – 20, B – 15, H – 15, LAM – 6, X – 3, U – 1 un S – 1 un nav SITVIT datu bāzē – seši klasteri.

**Secinājumi.** Ar multizāļu rezistenci un, iespējams, lielāku virulenci saistīti B un LAM apakšlīnijas pārstāvji.

MT genotipu raksturošanai var izmantot spoligotipēšanas un MIRU-VNTR metodes, bet pilnīgai īpaši lielu klasteru raksturošanai papildus vēl nepieciešama IS6110 RFLP analīze.

*Izsakām pateicību kolēģiem no Pastēra institūta Lillē – Philip Supply, Eve Willery par palīdzību MIRU-VNTR metodes aprobācijā. Šis pētījums veikts METIL, ES 7. ietvara TB-PANNET un Valsts Pētījumu programmu VPP-2010-1/9.3 ietvaros.*