

***M. tuberculosis* molekulārbioloģiskais raksturojums epidemioloģiski saistītu tuberkulozes slimnieku grupās**

*Iveta Ozere, Inta Jansone¹, Ilva Pole^{1,2}, Ģirts Šķenders²,
Anda Nodieva, Olga Bobrikova², Zīta Lauska²,
Matīss Bauškenieks¹, Vija Riekstiņa², Viesturs Baumanis¹*

Rīgas Stradiņa universitāte, Infektoloģijas un dermatoloģijas katedra, Latvija

¹*Latvijas Biomedicīnas pētījumu un studiju centrs*

²*Rīgas Austrumu klīniskā universitātes slimnīca, stacionārs
"Tuberkulozes un plaušu slimību centrs", Latvija*

Ievads. Latvija joprojām pieder pie augstas tuberkulozes (TB) saslimstības valstīm – 2012. gadā tika diagnosticēti 880 jauni TB gadījumi, kas atbilst saslimstības rādītājam 42,8/100 000. TB izraisa dažādi ģenētiski atšķirīgi *M. tuberculosis* (MT) celmi, kuriem ir atšķirīga virulence un asociācija ar multizāļu rezistenci. MT celmu genotipu analīze infekcijas transmisijas, slimības izraisīšanas un zāļu rezistences kontekstā ir būtiska TB kontroles stratēģijas komponente valstī.

Darba mērķis. Noteikt MT celmu genotipus, kuri izraisījuši grupveida TB uzliesmojumus. Novērtēt genotipa potenciālo saistību ar MT celma virulenci.

Materiāls un metodes. Minētais darbs ir retrospektīvs šķērsriezuma pētījums. Visos gadījumos pēc MT kultūras izolācijas no bērna, viņa potenciālā infekcijas avota un ar bērnu vai tā infekcijas avotu epidemioloģiski saistītā TB slimnieku grupā, tika veikta izolātu identifikācija ar molekulārās genotipēšanas metodēm (IS 6110 restrikcijas fragmentu garuma polimorfisma analīze un / vai starpfragmentu oligonukleotīdu genotipēšana) un zāļu jutības testēšana. Genoma sakrītība pacientu grupā ar atbilstošu epidemioloģisku anamnēzi tika pieņemta par pierādījumu infekcijas pārnesei pacientu vidū.

Rezultāti. Laikposmā no 2001. gada līdz 2013. gada 30. novembrim MT molekulārā genotipēšana tika veikta 90 bērniem un 112 ar bērnu potenciāli epidemioloģiski saistītajiem TB slimniekiem. Genotipiski un fenotipiski identiskas ar vienu epidemioloģiski saistīto TB slimnieku MT izolētas 47 (52%) no 90 bērniem. Genotipiski un fenotipiski identiskas ar 2–6 epidemioloģiski saistītiem TB slimniekiem MT izolētas 11 (12%) no 90 bērniem. Lielākajās 5–7 epidemioloģiski saistītu pacientu grupās tika izolēti šādi MT genotipi: RFLP C klana sensitīvā apakšgrupa, SP57 un SIT50. RFLP C klana sensitīvā apakšgrupa tika izolēta divās sešu pacientu grupās. SP57 genotips tika izolēts vienā piecu pacientu grupā, un tā transmisijai varēja izsekot no 2002. gada. Latvijā reti sastopamais "SIT50" genotips tika izolēts septiņu pacientu grupā, un tas deva iespēju izsekot infekcijas pārnesei triju gadu laikā no ģimenes uz sabiedrību.

Secinājumi.

1. Lielāko TB grupveida uzliesmojumu gadījumos izolētajiem MT celmiem piemīt potenciāli lielāka spēja inficēt un izraisīt slimību.
2. Profilaktiskos pasākumus (kontaktā bijušo personu izmeklēšanu un profilaktiskās ārstēšanas pielietošanu) ir racionāli diferencēt atkarībā no izolētā MT celma genotipa.
3. Tuberkulozes molekulārās epidemioloģijas pielietošana ikdienas klīniskajā praksē ir nepieciešama veiksmīgai TB kontrolei un apkarošanai valstī.

Pētījums veikts Valsts Pētījumu programmas VPP-2010-1/9.3 ietvaros.