

2014.–2015. gada sezonā cirkulējošo gripas vīrusu antigēnais un ģenētiskais raksturojums

*Natālija Zamjatina, Tatjana Kolupajeva, Anastasija Aņiščenko,
Gaļina Rjazanceva, Larisa Firstova, Larisa Metlova,
Jeļena Storoženko, Baiba Rozentāle*

*Rīgas Austrumu klīniskā universitātes slimnīca,
stacionārs "Latvijas Infektoloģijas centrs", Latvija*

Ievads. Viena no gripas vīrusu nozīmīgām īpašībām ir liela antigēnu mainība, kas notiek kā antigēnu dreifa, tā arī antigēnu šrifta ceļā. Visbiežākais mainības veids ir dreifs – progresējošo mutāciju uzkrāšanās process gripas vīrusa virsmas antigēnu hemaglutinīna un neiraminidāzes kodējošos gēnos. Iznākumā veidojas gripas vīrusa dreifa variants, kas ģenētiski un ar antigēniem atšķiras no iepriekš cirkulējošā vīrusa varianta. Tādi dreifa varianti spēj izraisīt plašas gripas epidēmijas, jo cilvēka imūnsistēma vairs neatpazīst vai tikai daļēji atpazīst izmainīto gripas vīrusa variantu.

Darba mērķis, materiāls un metodes. Pētījuma mērķis bija identificēt un raksturot gripas vīrusa variantus, kas 2014.–2015. gadā cirkulēja Latvijas teritorijā, kā arī izvērtēt to atbilstību šīs sezonas pretgripas vakcīnas komponentiem. Lai to noskaidrotu, tika ievākts izmeklējamais cilvēka klīniskais materiāls – rīkles gala un deguna eju uztriepes. Gripas vīrusa RNS noteikšanai un tipēšanai izmantota PĶR reālajā laikā metodi pēc modificētiem protokoliem (*WHO information for molecular diagnosis of influenza virus – update, March 2014, E. Van der Vries, et al./J.Clin.Virol.47 (2010), RIVM un Erasmus MC* (Nīderlandē) nepublicēti protokoli). No paraugiem, kas bija pozitīvi uz gripas vīrusa RNS klātbūtni, tika izolēts gripas vīruss MDCK šūnu kultūru līnijā, lai turpmāk noteiktu izolātu antigēno un ģenētisko raksturu. Iegūtie izolāti tika identificēti un raksturoti antigēni ar hemaglutinācijas inhibīcijas reakcijas palīdzību, izmantojot specifisko references un aktuālo pēc infekcijas sesku serumu spektru. Latvijā izolēto gripas vīrusu ģenētiskā analīze veikta Londonā, Medicīnisko pētījumu nacionālajā institūtā (Eiropas gripas references centrs).

Rezultāti. 2014.–2015. gadā no 20. līdz 6. nedēļai izmeklēti 2190 paraugi, A tipa gripas vīrusu RNS tika apstiprināta 826 paraugiem, B tipa – 27. No 137 subtipētiem A tipa gripas vīrusu RNS 112 bija A/H3 un 25 – A/H1pdm; visas 15 B tipa gripas vīrusu RNS piederēja *Yamagata* līnijai. Sezonas sākumā (41.–51. nedēļā) Latvijā dominēja *A/California/07/09* (H1N1pdm09). Hemaglutinācijas inhibīcijas (HI) titri 7 izolētiem *A/California/07/09* (H1N1pdm09) līdzīgiem vīrusiem pilnīgi saskanēja ar references vīrusa titriem. Sākot ar 52. nedēļu, cirkulācijā parādījās un no 1. nedēļas līdz 6. nedēļai kļuva par dominējošu A(H3N2) gripas vīruss. Patlaban ir izolēti un raksturoti 28 A(H3N2) gripas vīrusi. No 28 raksturotiem vīrusiem 32,1% (9) uzrādīja HI titrus līdzīgam dreifa variantam *A/Switzerland/971593/13*, pārējie piederēja vakcīnas vīrusa *A/Texas /50/12(H3N2)* klasterim. Pieciem dreifa variantiem pierādīta to piederība divām A(H3N2) ģenētiskām grupām – 3.C.3 un 3.C.2. atbilstīgi izmaiņām HA gēnā. Izmeklēšana turpinās.

Secinājumi. Gripas vīrusa cirkulācijas sezona vēl turpinās, bet Latvijas Infektoloģijas centra laboratorijā gūtie primārie dati un Eiropas gripas references centrā Londonā gūtie apstiprinātie dati liecina, ka daļa no cirkulācijā dominējošo A(H3N2) gripas vīrusu antigēniem ģenētiski atšķiras no vakcīnā esošiem variantiem. Balstoties uz pētījuma datiem, vakcīnas efektivitāte komponentā A(H3N2) varētu mazināties no 25 līdz 50%. Cirkulējošie A(H1N1pdm)09 un B gripas vīrusi atbilst vakcīnas sastāvam.