

Ģenētiskās predispozīcijas marķieri pacientiem ar tuberkulozes pneimoniju Latgales reģionā

Ksenija Kramiča¹, Oksana Koļesova², Jeļena Eglīte², Sergejs Koļesovs³, Tatjana Kramiča⁴, Gaļina Titoviča⁵

¹ Rīgas Stradiņa universitāte, Doktorantūras nodaļa, Latvija

² Rīgas Stradiņa universitāte, Klīniskās imunoloģijas un imunoģenētikas starpkatedru laboratorija, Latvija

³ Latvijas universitāte, Bioloģijas fakultāte

⁴ T. Kramičas ģimenes ārsta prakse, Latvija

⁵ Daugavpils reģionālā slimnīca, Latvija

Ievads. Tuberkuloze (TB) ir sen pazīstama un ārstējama infekcioza slimība, tomēr, neraugoties uz izstrādātiem preventīviem pasākumiem, saslimšana ar TB joprojām paliek augsta. Augsta saslimstība ar TB saglabājas arī Latvijā, kur TB incidence ir viena no visaugstākajām Eiropas Savienībā. Pēc Slimību profilakses un kontroles centra datiem 2016. gadā visbiežāk TB gadījumi tika reģistrēti Latgales reģionā.

Viens no faktoriem, kas ietekmē uzņēmību pret TB, ir galvenā audu saderības kompleksa gēni (MHC jeb HLA gēni), bet ir pierādīts, ka pastāv atšķirības starp riska alēļu variantiem dažās cilvēku populācijās. TB ģenētiskās predispozīcijas noteikšanai Latvijas teritorijā ir uzsākts pētījums, kas ir fokusēts uz MHC II klases gēnu variantu izpēti TB pacientu grupā Latgales reģionā.

Darba mērķis, materiāls un metodes. Noteikt HLA-DRB1, DQA1, DQB1 gēnu alēļu variantus pacientiem ar TB Latgales reģionā. Prospektīvs pētījums ir uzsākts 2017. gada oktobrī un tiks realizēts RSU Klīniskās imunoģenētikas un imunoloģijas starpkatedru laboratorijā sadarbībā ar Daugavpils reģionālās slimnīcas plaušu slimību un tuberkulozes nodaļu. Pētījuma iekļaušanas kritēriji: ārstēšanās Daugavpils reģionālās slimnīcas plaušu slimību un tuberkulozes nodaļā, vecums no 18 gadiem, pierādīta TB un negatīvs HIV1/2 rezultāts.

HLA II klases DRB1, DQA1 un DQB1 alēļu specifiskuma noteikšanai tika izmantotas sasaldētas perifērās asinis. Genotipēšana tika veikta ar polimerāzes ķēdes reakciju reālā laika režīmā (*DT_Lite*), izmantojot sekvenču specifiskus praimerus (*DNA-Technology*). No medicīniskās dokumentācijas tika apkopota informācija par pacientu demogrāfiskajiem rādītājiem, sociālo statusu, kaitīgajiem ieradumiem, TB formu, blakusslimībām un terapijas veidu.

Rezultāti. Laikā no 2017. gada oktobra līdz decembra beigām pētījumā tika iekļauti 11 pacienti (septiņi vīrieši un četras sievietes) vecumā no 18 līdz 58 gadiem (vidējais vecums bija 39,8 gadi). Visiem pacientiem, izņemot vienu, bija diagnosticēta abpusēja TB pneimonija, kuras ārstēšanai tika ordinēti 1. rindas prettuberkulozes preparāti. Vienam pacientam tika atklāta *M. tuberculosis* primārā multirezistence un tika uzsākta terapija ar 2. rindas prettuberkulozes preparātiem. Deviņi pacienti ir smēķētāji, trīs – regulāri lieto alkoholu. Trīs pacientiem piešķirts trūcīgas personas statuss, viens pacients ir bijis ieslodzītais. Visiem pacientiem tika veikta ģenētiskā polimorfisma noteikšana HLA II klases DRB1, DQA1 un DQB1 lokusus. Asociācijas starp HLA gēnu alēlēm, pacientu imunitātes traucējumiem un sociāli demogrāfiskajiem faktoriem tiks noteiktas turpmākos pētījuma etapos.

Secinājumi. Aprakstītie dati ir sākums imūnģenētisko faktoru izpētei TB pacientiem Latgales reģionā. Palielinot iekļauto pacientu skaitu, būs iespējama TB riska alēļu noteikšana pētījuma grupā. Turpmākos pētījuma etapos tiks meklēta ģenētisko marķieru saistība ar imūnsistēmas reaktivitātes rādītājiem.