

Latgales reģionā izolēto *Mycobacterium tuberculosis* celmu molekulāri bioloģiskais raksturojums

Ilva Pole^{1,2}, Sintija Markovska², Iveta Ozere^{1,3}, Vija Riekstiņa¹, Viktorija Igumnova^{2,4}, Inga Norvaiša¹, Renāte Ranka^{2,4}

¹ Rīgas Austrumu klīniskā universitātes slimnīca, stacionārs

“Tuberkulozes un plaušu slimību centrs”, Latvija

² Latvijas Biomedicīnas pētījumu un studiju centrs

³ Rīgas Stradiņa universitāte, Infektoloģijas un dermatoloģijas katedra, Latvija

⁴ Rīgas Stradiņa universitāte, Farmācijas ķīmijas katedra, Latvija

Ievads. Tuberkulozes (TB) epidemioloģiskā situācija Latvijā pēdējos gados turpina uzlaboties. 2017. gada 11 mēnešos reģistrēts par 78 jauniem saslimšanas gadījumiem mazāk nekā šajā pašā laika posmā 2016. gadā (attiecīgi – 425 un 503). 2017. gada pirmajos 11 mēnešos vidējā saslimstība valstī bija 21,6/100 000 iedzīvotāju, tomēr Latgales reģionā dažos bijušajos rajonos (Daugavpils, Aizkraukles, Jēkabpils, Krāslavas, Ludzas, Preiļu, Balvu un Rēzeknes) saslimstība ar TB pēdējos 25 gadus ir augstāka nekā vidēji valstī: 2016. gadā reģistrēti 26,5 saslimšanas gadījumi uz 100 000 iedzīvotāju; 2017. gada 11 mēnešos reģistrēti 93/425 (21,9 %) jauni saslimšanas gadījumi ar TB, no tiem bakterioloģiski apstiprināti 76/93 (81,7 %) gadījumi.

Darba mērķis, materiāls un metodes. Darba mērķis ir noskaidrot 2017. gada 11 mēnešos Latgales reģionā iegūto *M. tuberculosis* (MT) izolātu ģenētisko profilu, to savstarpējo līdzību un / vai atšķirību ar Latvijas populācijā cirkulējošiem MT celmiem un to iespējamo savstarpējo epidemioloģisko saistību.

No MT pozitīvām kultūrām izdalīta DNS un veikta iegūto izolātu molekulāri bioloģiskā raksturošana ar spoligotipēšanas (DR reģiona polimorfisma analīze) un IS6110 RFLP (ar *PvuII* restrikcijas endonukleāzi šķelto genomisko mikobaktēriju DNS fragmentu polimorfisma analīze) genotipēšanas metodēm. MT DNS izolātu salīdzināšanas analīze veikta, izmantojot *SITVITWEB* datu bāzi un *Bionumeric v. 5.3* programmu.

Rezultāti. No 2017. gada 11 mēnešos Latgales reģionā 76 bakterioloģiski apstiprinātiem TB gadījumiem molekulārai genotipēšanai bija pieejamas 56 (73,7 %) MT kultūras. Pavisam tika iegūti 22 dažādi spoligotipi gan ar starptautiski zināmu tipu (SIT) (SIT1, SIT42, SIT45, SIT47, SIT50, SIT52, SIT53, SIT65, SIT118, SIT150, SIT254, SIT262, SIT278, SIT283, SIT1175, SIT1292, SIT1451, divi *Orphan*), gan *SITVITWEB* datu bāzē neregistrēti spoligotipi. 29/56 (51,8 %) no analizētajiem izolātiem tika klasificēti kā Latvijas populācijā izplatīti (SIT1, SIT42, SIT50, SIT53, SIT254, SIT262, SIT283, SIT1292), bet pārējie 27/56 (48,2 %) – kā reti sastopami un neaprakstīti spoligotipi (SIT45, SIT47, SIT52, SIT65, SIT118, SIT150, SIT278, SIT1175, SIT1451). Literatūrā ir dati, ka šādi spoligotipi identificēti Krievijā. Epidemioloģiskā saistība tika pierādīta 9/56 (16 %) pacientiem, kuri veidoja trīs genotipiski identiskas grupas. Jūtību pret medikamentiem saglabājuši 46/56 (82,1 %) MT celmi, 8/56 (14,3 %) ir monorezistenti un 3/56 (5,4 %) – multirezistenti MT celmi.

Secinājumi.

1. Latvijas reģionā, kur saslimstība ar TB pēdējos 25 gados ir lielāka nekā vidēji valstī, cirkulē MT celmi, kas ir gan Latvijā izplatīti, gan reti sastopami.
2. Augstāku saslimstību ar TB analizētajā paraugkopā var skaidrot ar Latvijā maz izplatītu un datu bāzē neregistrētu spoligotipu identifikāciju gandrīz pusei TB pacientu.
3. Novērota atsevišķu Latvijā reti sastopamu celmu līdzība ar Krievijā cirkulējošiem genotipiem. Ir nepieciešami padziļināti filogeogrāfiskie un epidemioloģiskie pētījumi, lai izprastu šo celmu iespējamo izplatības modeli.

Finansējums: valsts pētījumu programma “BIOMEDICINE”.