

Molekulārā epidemioloģija A vīrushepatīta uzliesmojumam Latvijā 2017. gadā

Oksana Savicka¹, Anastasija Aņiščenko¹, Mārtiņš Laģis¹,
Oļegs Vasins¹, Lilija Lapke¹, Tatjana Kolupajeva¹,
Jeļena Storoženko¹, Baiba Rozentāle²

Rīgas Austrumu klīniskā universitātes slimnīca, Latvija

¹ Stacionāra "Latvijas Infektoloģijas centrs" laboratorija

² Stacionārs "Latvijas Infektoloģijas centrs"

Ievads. Pēc Eiropas Slimību profilakses un kontroles centra (*European Centre for Disease Prevention and Control - ECDC*) datiem 2017. gadā tika reģistrēti 2873 A vīrushepatīta (HAV) gadījumi no 20 Eiropas Savienības (ES) valstīm – visi ar HAV genotipu IA un ar 99,3% sekvenču homologiju pie viena no trim uzliesmojumu celmiem: VRD_521_2016, RIVM-HAV16-090 un V16-25801. Latvijā 22.01.2018. tika reģistrēti 80 HAV saslimšanas gadījumi (76 akceptēti gadījumi un 4 gadījumi izmeklēšanas statusā), t. sk. 19 ievestie gadījumi (12 gadījumos – ES valstīs, divos gadījumos – Krievijā, divos gadījumos – Uzbekistānā, pa vienam gadījumam Indijā, Kazahstānā un vienā gadījumā – Krievijā vai ES valstī). Pēc *ECDC* ziņojuma kopš 23.02.2017. ir aprakstīti trīs klasteri. Pirmais klasteris VRD-521_2016 tika paziņots no Lielbritānijas un 22.02.2017. jau desmit ES valstis paziņoja par 190 ar šo klasteri saistītiem HAV gadījumiem. Otrais – RIVM-HAV16-090 – tika paziņots no Nīderlandes un saistīts ar ikgadējo *EuroPride* festivālu Amsterdamā. 22.02.2017. jau deviņas ES valstis paziņoja par 70 gadījumiem. RIVM-HAV16-090 sekvenču 95,4% ir līdzīga VRD_521_2016 klasterim. Trešais – V16-25801 – tika paziņots no Vācijas, un 22.02.2017. septiņas ES valstis paziņoja par 27 gadījumiem. V16-25801 sekvenču 96,1% ir līdzīga RIVM-HAV16-090 klasterim.

Darba mērķis, materiāls un metodes. Pētījuma mērķis ir noteikt Latvijā reģistrēto HAV gadījumu genotipus un to piederību *ECDC* izdalītajiem klasteriem, izmantojot molekulāri bioloģiskās metodes. No 2017. gada jūnija līdz 2018. gada janvārim tika sekvenēti 62 asins paraugi, kuriem ar *ELISA* (angļu val. *enzyme-linked immunosorbent assay*) metodi tika noteiktas pozitīvas IgM klases antivielas pret A hepatīta vīrusu. Genotipēšanai izmantota HAV RNS VP1/P2A fragmenta sekvenēšana pēc Nīderlandes Nacionālā Sabiedrības veselības un vides institūta (RIVM) oriģinālās metodikas. Iegūtās nukleotīdu secības tika salīdzinātas savā starpā un ar A hepatīta vīrusa RNS sekvenču no publiskās HAVNET datubāzes.

Rezultāti. HAV VP1/2A reģiona sekvenēšanai tika izmantoti 59 pozitīvie HAV RNS un anti-HAV IgM paraugi. Filoģenētiskā analīze parādīja, ka no 59 sekvenču tika noteikti šādi HAV genotipi: HAV IA genotips – 55/59, HAV IB genotips – 3/59, HAV genotips IIIA – 1/59. Pie *ECDC* izdalīta VRD_521_2016 klastera pieder 38/59 paraugu sekvenču, pie klastera RIVM-HAV16-090 – 5/59 paraugu sekvenču. Citu sekvenču filoģenētiskā analīze: no 16 sekvenču 12 paraugiem ir noteikts genotips HAV IA, no tām viena ir ar savu sekvenču, divas – savstarpēji līdzīgas un saistītas ar inficēšanos ES valstīs, divas – savstarpēji līdzīgas un sekvenču saistīta ar Uzbekistānu un Kazahstānu, vēl divas – savstarpēji līdzīgas, sekvenču saistīta ar Krieviju un Uzbekistānu. Trīs ir savstarpēji līdzīgas, no kurām viena ir atrasta personai, kura inficējās Krievijā, un divas inficējušās vietēji. Vēl divas ir savstarpēji līdzīgas, no kurām viena ir saistīta ar inficēšanos ES valstī un otrs ir vietējs gadījums. Trim pārējiem paraugiem no 16 noteikts genotips HAV IB, kas pieder pie vienas grupas. Vienam no 16 paraugiem noteikts genotips HAV IIIA, kas ir līdzīga sekvenču no Indijas.

Secinājumi. A vīrushepatīta molekulārās epidemioloģijas izmeklēšanas dati liecina, ka uzliesmojumā prevalē HAV IA genotipa cirkulācija (93,2%) ar piederību klasterim VRD_521_2016 38 gadījumos (64,4%) un klasterim RIVM-HAV16-090 piecos gadījumos (8,5%), kuri ir aprakstīti *ECDC* ziņojumā. Trīs gadījumos tika atklāta inficēšanās ar HAV genotipu IB (5,1%) un 1-III A (1,7%). Līdz ar to izmeklēšanas dati liecina par uzliesmojuma avotu heterogenitāti. Molekulāro metožu lietošana un epidemioloģisko datu rūpīga analīze var palīdzēt labāk izprast infekcijas izplatīšanās ceļus, izmeklēt lokālus uzliesmojumus, atklāt ievestās infekcijas gadījumus, kā arī nodrošināt savlaicīgu un adekvātu preventīvu darbību valsts līmenī.