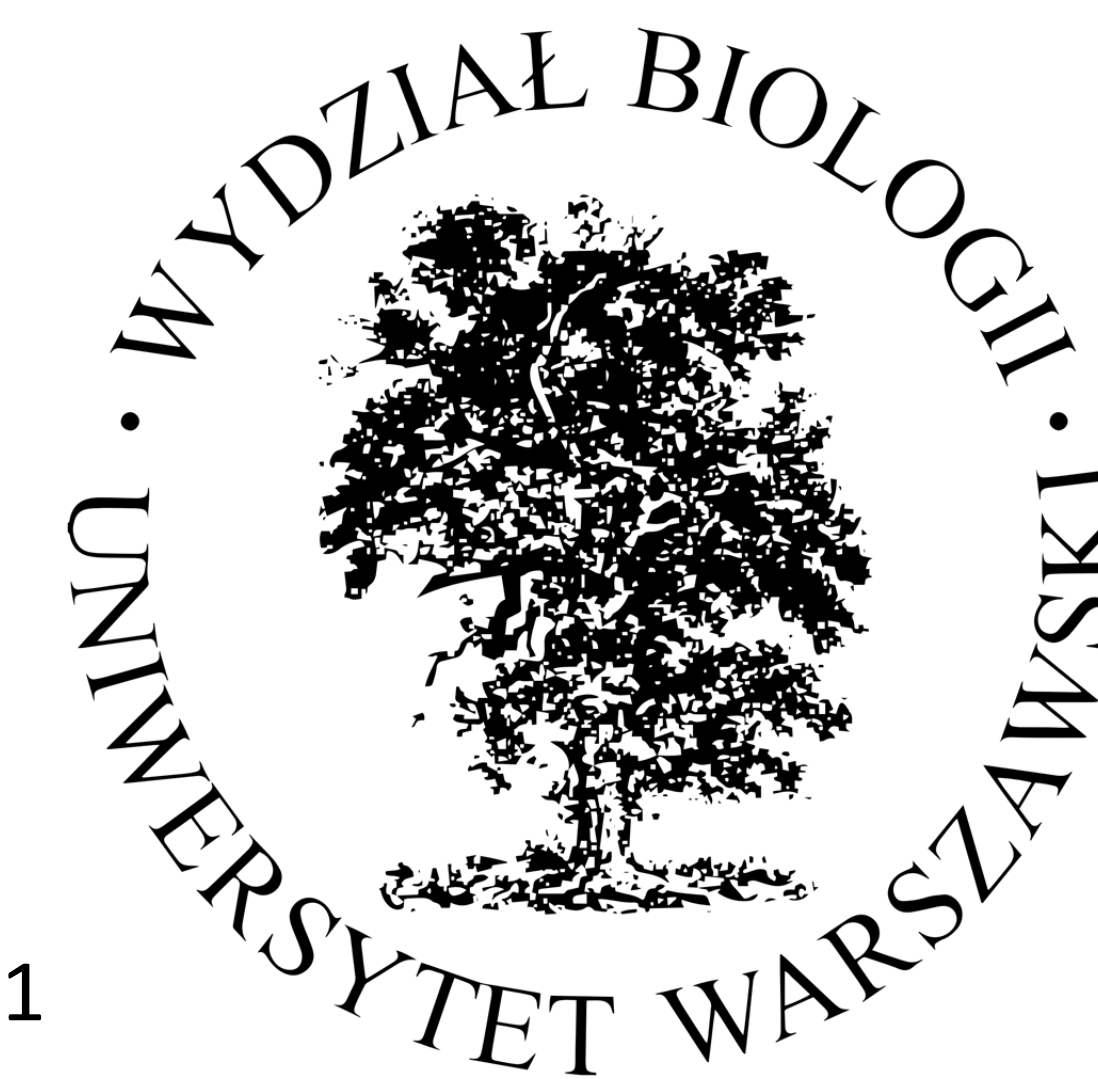




OCENA ZRÓŻNICOWANIA GENETYCZNEGO SZCZEPÓW KLINICZNYCH *MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS* O WIELOLEKOOPORNOŚCI TYPU MDR IZOLOWANYCH W NIGERII



Łukasz Bartocha¹, Zofia Bakuła¹, Valentine B. Wuyep², Eugene I. Ikeh³, Tomasz Jagielski¹

¹Zakład Mikrobiologii Stosowanej, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, Polska

²Plateau State College of Health Technology, Zawan, Jos, Nigeria

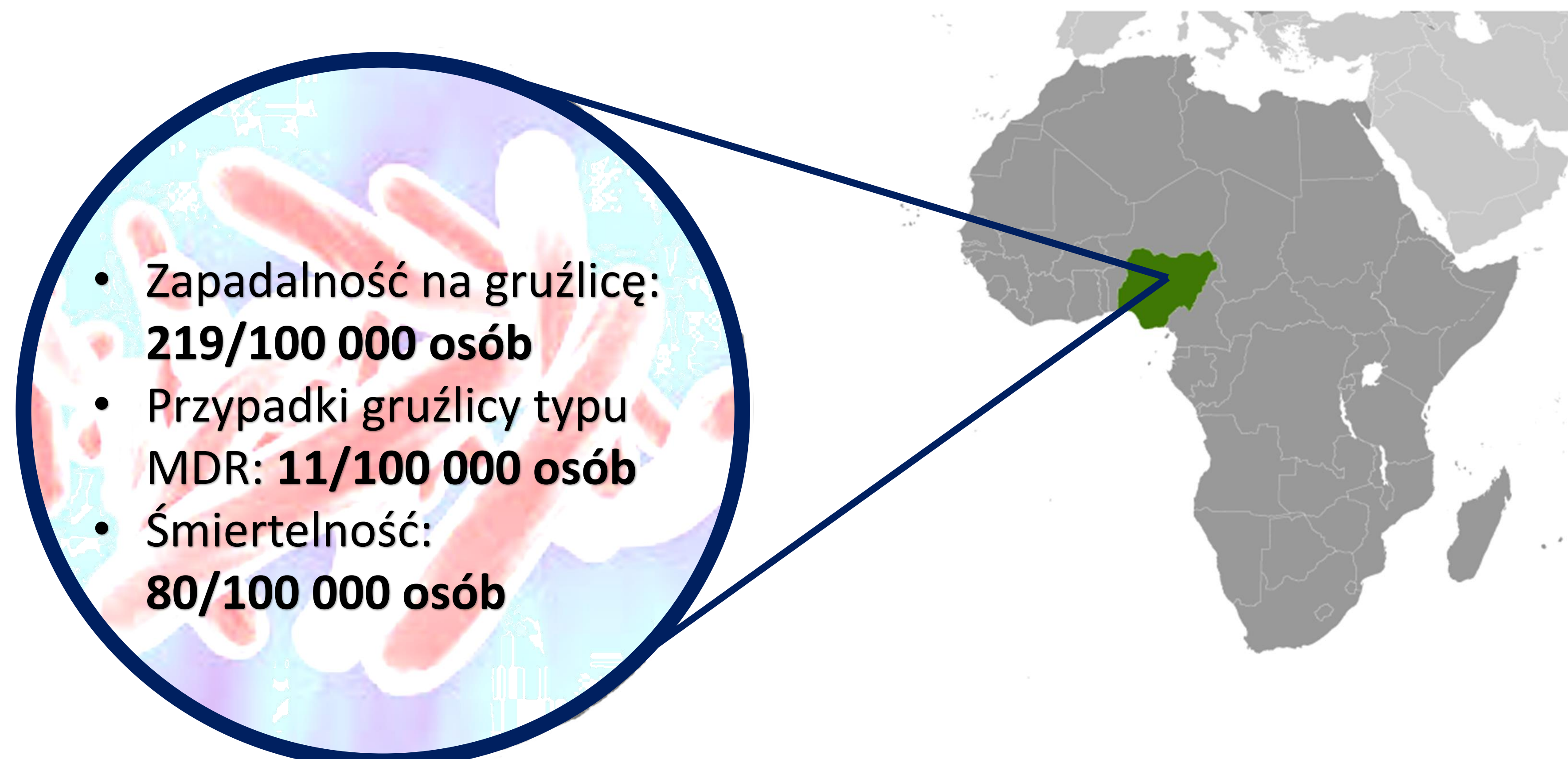
³Department of Medical Microbiology, School of Medical and Health Sciences, College of Medical Sciences, University of Jos, Nigeria

Projekt finansowany przez Uniwersytet Warszawski i Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego w ramach programu „Strategia doskonałości”.

WPROWADZENIE

Gruźlica jest jednym z najistotniejszych problemów zdrowotnych na świecie. Każdego roku odnotowuje się 8–9 milionów nowych zachorowań i około 2 miliony zgonów z powodu tej choroby. Nigeria należy do krajów najbardziej dotkniętych problemem gruźlicy. Pod względem liczby chorych zajmuje 6. miejsce na świecie (**Rycina 1**).

Celem badania była ocena zróżnicowania genetycznego szczepów *Mycobacterium tuberculosis* o wielolekooporności typu MDR (ang. multidrug resistance), wyizolowanych od chorych na gruźlicę płuc w Nigerii.



Ryc. 1. Dane dotyczące epidemiologii gruźlicy w Nigerii (Źródło: Global tuberculosis report, WHO, 2019)

MATERIAŁY I METODY

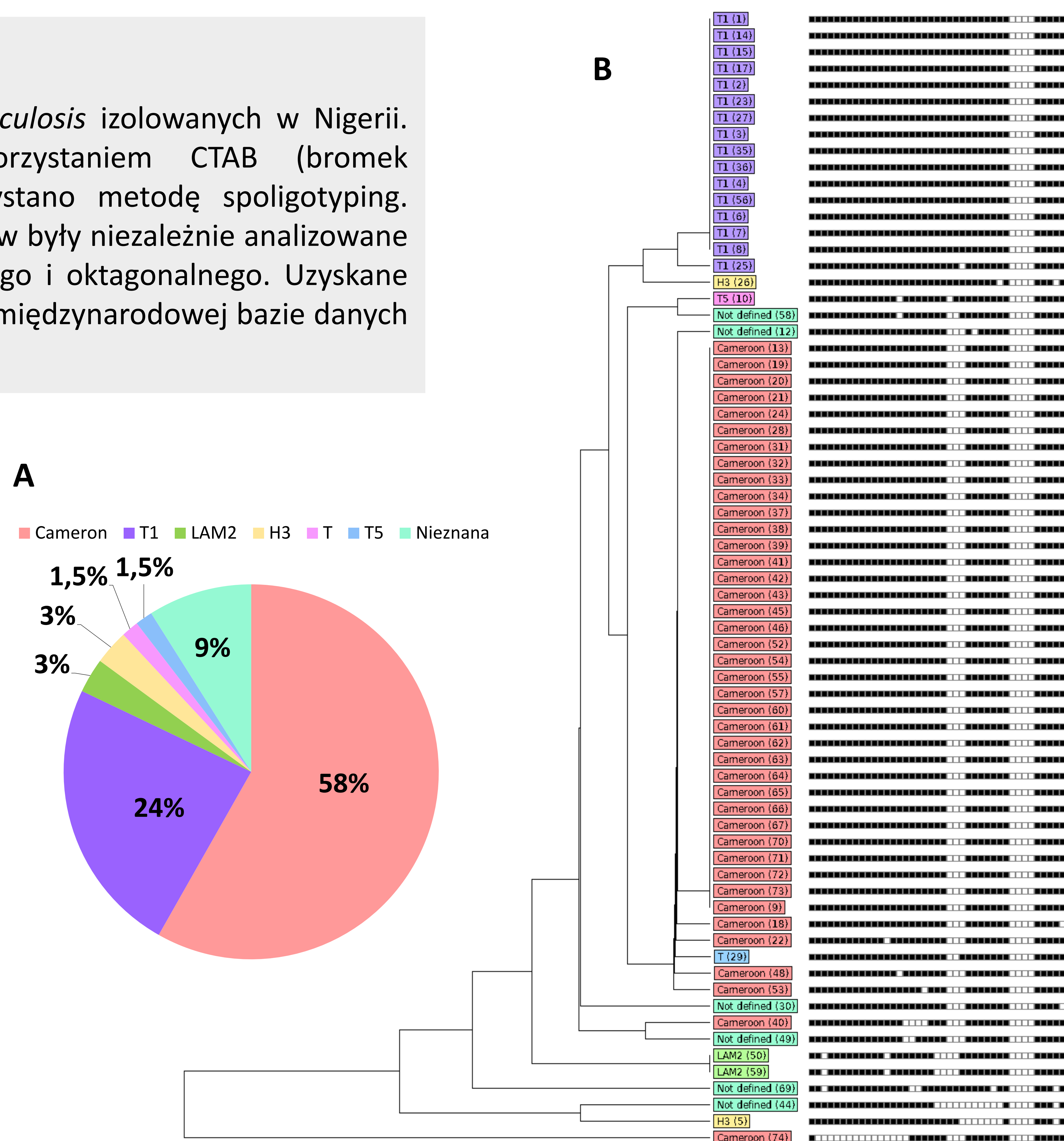
Przedmiotem badań była kolekcja 67 szczepów klinicznych *M. tuberculosis* izolowanych w Nigerii. Chromosomowy DNA prątków izolowano z hodowli z wykorzystaniem CTAB (bromek heksadecylotrimetyloamoniowy). W typowaniu genetycznym wykorzystano metodę spoligotyping. Uzyskane wzory hybrydizacyjne (spoligotypy) dla poszczególnych szczepów były niezależnie analizowane przez dwie osoby, a następnie przedstawiane w postaci zapisu binarnego i oktagonalnego. Uzyskane wyniki zostały opracowane i porównane ze wzorami zarejestrowanymi w międzynarodowej bazie danych SITVIT2.

WYNIKI

Wśród 67 szczepów *M. tuberculosis* zidentyfikowano 20 różnych spoligotypów (**Rycina 2**). Pojedyncze wzory prezentowało 6 szczepów (6/67; 9%), a pozostałych 61 (61/67; 91%) tworzyły tzw. klastry (grupy, do których należy więcej niż jeden szczep z identycznym wzorem). Analiza przynależności do rodzin molekularnych wykazała, że ponad połowa (39/67; 58%) szczepów należała do rodziny Cameroon, a około ¼ (16/67; 24%) do rodziny T1. Do rodziny LAM2, H3, T i T5 należało odpowiednio 2 (3%), 2 (3%), 1 (1,5%) i 1 (1,5%) szczepy. Dla 6 (9%) szczepów nie określono przynależności do rodziny molekularnej.

WNIOSKI

Struktura populacyjna szczepów *M. tuberculosis* o oporności typu MDR wyizolowanych od chorych na gruźlicę płuc w Nigerii była typowa dla krajów Afryki Zachodniej. Wysoki poziom klasteryzacji i niewielki udział genotypów o rodowodzie spoza Afryki wskazuje na wysoki poziom i autochtoniczny charakter transmisji gruźlicy lekoopornej na terenie badanego kraju.



Ryc. 2 Struktura populacyjna szczepów *M. tuberculosis* z obszaru Nigerii: A) Procentowy udział rodzin molekularnych pośród badanych szczepów, B) Przynależność szczepów do poszczególnych rodzin molekularnych, numerów ST (ang. Shared Type) i spoligotypów.