

Różnorodność genetyczna prątków *Mycobacterium tuberculosis* izolowanych w Polsce

Agata Bluszcz¹, Zofia Bakuła¹, Mateusz Marczak¹, Małgorzata Proboszcz²,
Edita Vasiliauskienė^{3,4,5}, Laima Vasiliauskaitė^{3,4,5}, Daiva Bakonytė³, Rafał Krenke²,
Petras Stakėnas³, Tomasz Jagielski¹, Justyna Kościuch²

1 Zakład Mikrobiologii Medycznej, Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa

2 Klinika Chorób Wewnętrznych, Pneumonologii i Alergologii, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa

3 Zakład Immunologii i Biologii Komórki, Instytut Biotechnologii, Centrum Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Wileński, Wilno

4 Zakład Fizjologii, Biochemii, Mikrobiologii i Medycyny Laboratoryjnej, Instytut Nauk Biomedycznych, Uniwersytet Wileński, Wilno

5 Centrum Medycyny Laboratoryjnej, Laboratorium Gruźlicy, Wileński Szpital Uniwersytecki Santaros klinikos, Wilno

Wprowadzenie

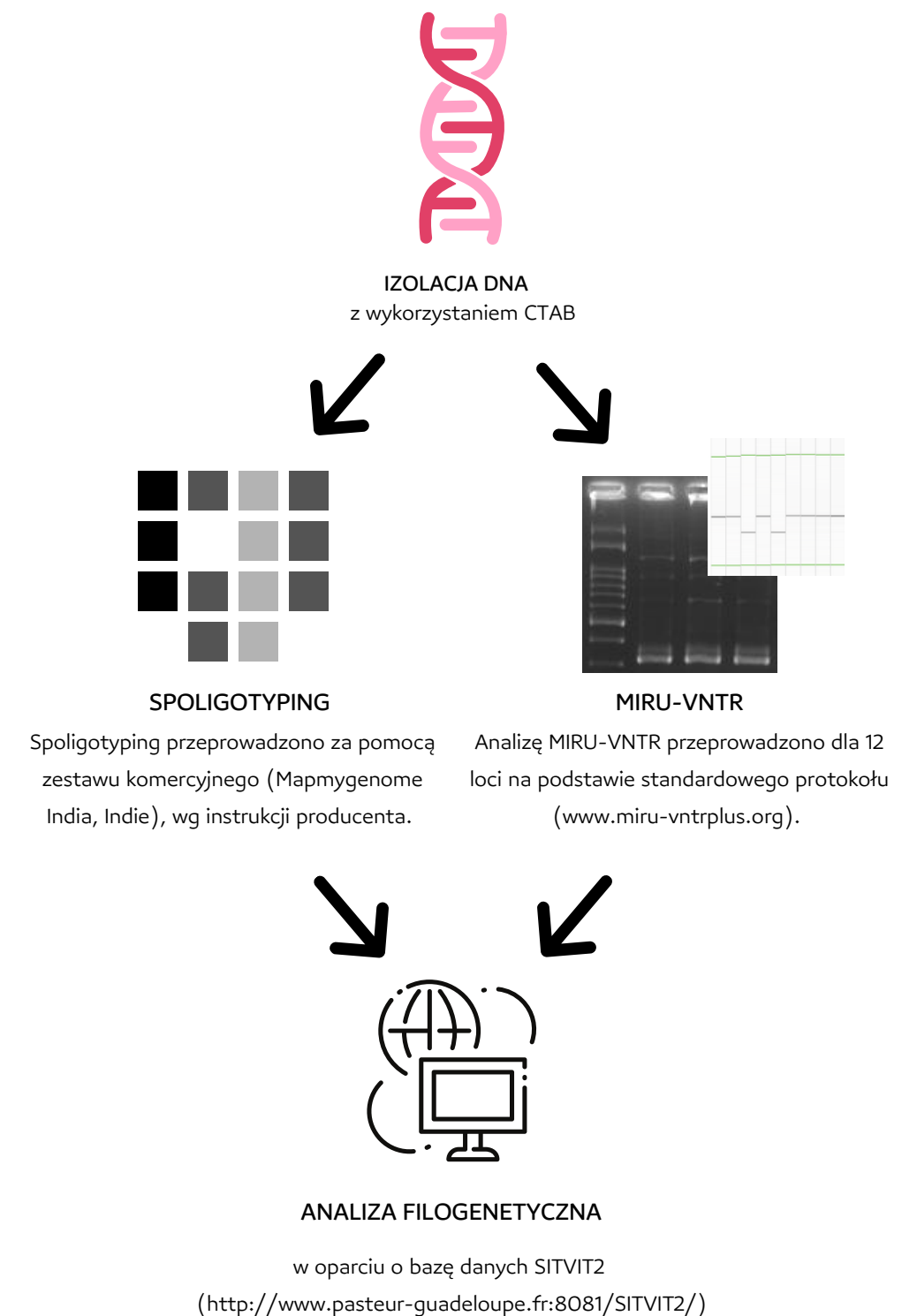
Gruźlica pozostaje nadal jednym z największych zagrożeń zdrowotnych dla populacji ludzkiej. Według szacunków Światowej Organizacji Zdrowia choroba ta diagnozowana jest rocznie u 10 milionów osób i stanowi 13. najczęstszą przyczynę zgonów na świecie. Polska zajmuje 6. miejsce pod względem najwyższej zapadalności na gruźlicę wśród krajów Unii Europejskiej i Europejskiego Obszaru Gospodarczego (*Tuberculosis surveillance in Europe*, ECDC; 2021).



Celem badania była ocena zróżnicowania genetycznego szczepów *M. tuberculosis* wyizolowanych od chorych na gruźlicę płuc w Polsce, przy użyciu metody spoligotyping oraz MIRU-VNTR-typing.

Materiały i metody

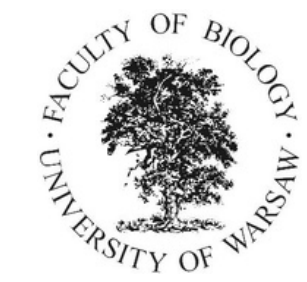
- 89 szczepów *M. tuberculosis* (39 szczepów o oporności typu multidrug-resistance (MDR) i 50 szczepów lekowrażliwych) izolowanych w Polsce w latach 2018-2021
- Próbki od pacjentów chorych na gruźlicę płuc: 69 mężczyzn (w wieku 50,4 +/- 14,7 lat) i 20 kobiet (w wieku 51,8 +/- 21,0 lat)





Agata Bluszcz, Zofia Bakuła,
Mateusz Marczak, Małgorzata
Proboszcz, Edita Vasiliauskienė,
Laima Vasiliauskaitė, Daiva
Bakonytė, Rafał Krenke, Petras
Stakėnas, Tomasz Jagielski,
Justyna Kościuch

RÓŻNORODNOŚĆ
GENETYCZNA
PRĄTKÓW
MYCOBACTERIUM
TUBERCULOSIS
IZOLOWANYCH
W POLSCE

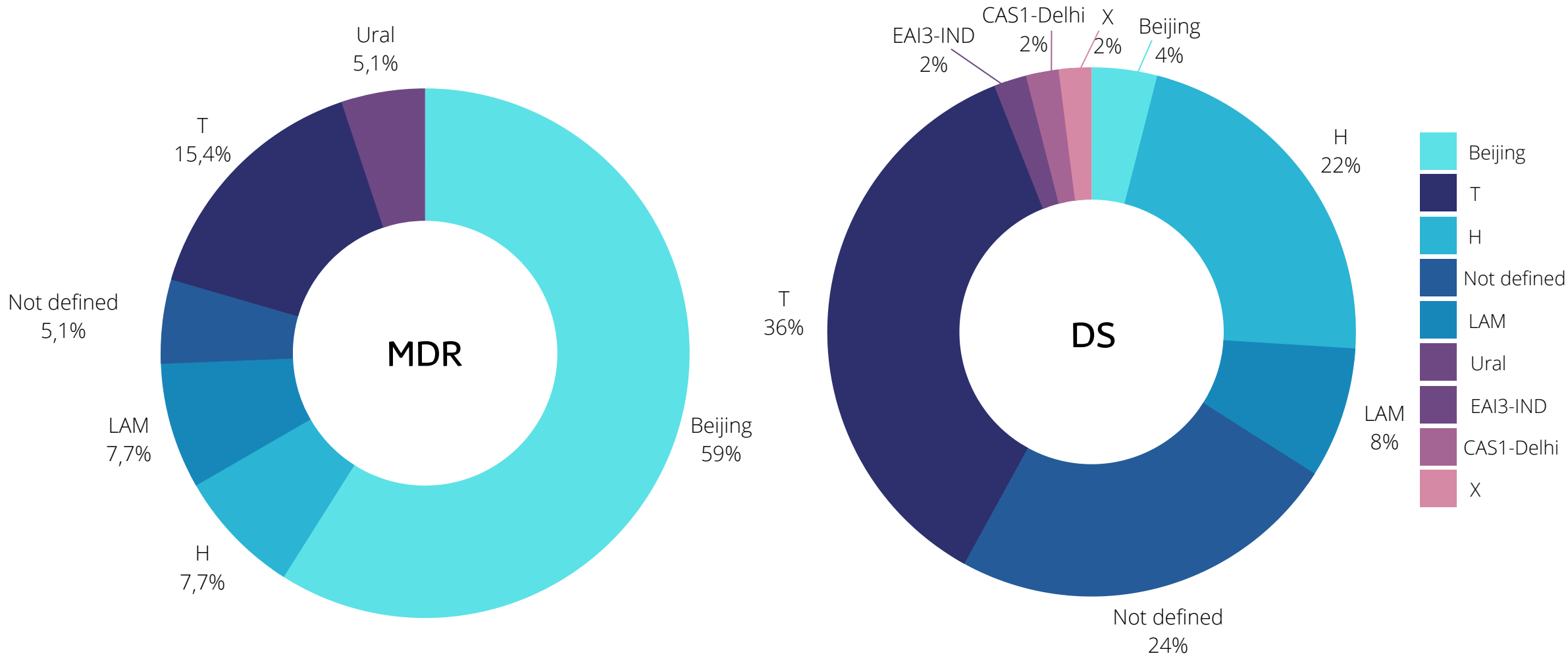


Spoligotyping

- Stosując metodę spoligotyping zidentyfikowano 39 wzorów genetycznych (spoligotypów). Pojedyncze wzory prezentowało 28 szczepów (31,5%), a pozostałych 61 (68,5%) tworzyło 11 klastrów (2-19 szczepów/klaster).
- Szczegółowe wyniki liczbowe dotyczące typowanych szczepów zostały przedstawione w Tabeli 1 oraz na Rycinie 1.

Tabela 1. Przynależność badanych szczepów do rodzin molekularnych, określona metodą spoligotyping.

Rodzina	Liczba szczepów	Udział procentowy
Beijing	25	28,1%
T	24	27,0%
H	14	15,7%
Not defined	14	15,7%
LAM	7	7,9%
Ural	2	2,2%
EAI3-IND	1	1,1%
CAS1-Delhi	1	1,1%
X	1	1,1%



Rycina 1. Wykresy przedstawiające procentowy udział rodzin molekularnych *M. tuberculosis* wśród szczepów o oporności typu MDR oraz szczepów lekowrażliwych (DS, ang. drug-susceptible).

Spoligotyping + MIRU-VNTR

- Łączona analiza spoligotyping i MIRU-VNTR typing pozwoliła wyróżnić 71 pojedynczych wzorów i 5 klastrów (20,2%; 2-6 szczepów/klaster).
- Wyniki analizy zostały przedstawione na Rycinie 2.

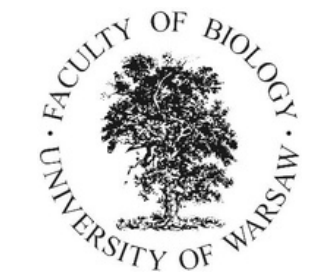
Transmisja

- Poziom transmisji* gruźlicy na podstawie łączonej analizy spoligotyping i MIRU-VNTR typing oszacowano na 14,6% (4% dla szczepów wrażliwych i 25,6% dla szczepów MDR).

*poziom transmisji (The Recent Transmission Index, RTI) został obliczony wg wzoru $(N-C)/SS$, gdzie:
N - liczba szczepów w klastrach,
C - liczba klastrów,
SS - wielkość próbki (sample size).



RÓŻNORODNOŚĆ
GENETYCZNA
PRĄTKÓW
MYCOBACTERIUM
TUBERCULOSIS
IZOLOWANYCH
W POLSCE



PGMA-Tree, MIRU-VNTR [12]: Categorical (1), Spoligo: Categorical (1)

0.1



Wnioski

1. Szczepy *M. tuberculosis* izolowane w Polsce należą głównie do 3 rodzin molekularnych tj. Beijing, T i Haarlem.
2. Ponad połowa szczepów o oporności typu MDR należała do rodziny Beijing.
3. Poziom transmisji dla gruźlicy typu MDR w Polsce ustalono na ok. 6-razy wyższy, niż dla gruźlicy lekowrażliwej.

Informacje kontaktowe

Badanie zostało sfinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki (Program DAINA, 2017/27/L/NZ6/O3279) oraz Litewskiej Rady Nauki (Program DAINA, S-LL-18-4).