# МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИАГНОСТИКА КАК МЕТОД ОЦЕНКИ ЭПИДЕМИЧЕСКОЙ ЗНАЧИМОСТИ И МИКРОБИОЛОГИЧЕСКОЙ ХАРАКТЕРИСТИКИ ХОЛЕРНЫХ ВИБРИОНОВ О1, ЦИРКУЛИРУЮЩИХ В УКРАИНЕ

Хайтович А.Б. $^{1,2}$ , Кирьякова Л.С. $^{1,2}$ , Ильичев Ю.А. $^1$ , Шипулин Г.А. $^3$ , Яцышина С.Б. $^3$ 

<sup>1</sup> Крымская противочумная станция Министерства здравоохранения Украины, Симферополь, Украина, <sup>2</sup> Крымский государственный медицинский университет им. С.И. Георгиевского, Симферополь, Украина, <sup>3</sup> Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

### Введение

Одной из существенных особенностей 7-ой пандемии является то, что циркулирующие холерные вибрионы имеют различную эпидемическую значимость, которая определяется отличиями в способности к выработке экзотоксина и адсорбции на слизистой эпителия. Реализация патогенности в организме человека возбудителем холеры определяется присутствием в геноме двух основных групп генов. Основная роль в эпидемической значимости (способности вызывать эпидемические осложнения) холерных вибрионов принадлежит генам патогенности: гену токсинообразования – ctx и гену, кодирующему пили адгезии, – tcp. Ген toxR координирует экспрессию (репрессию) генов патогенности. В Украине токсигенные (содержащие сtx-ген) штаммы холерных вибрионов О1 периодически выделяются от людей и параллельно из объектов окружающей среды чаще в годы эпидемических осложнений [3, 4].

Для изучения биологической характеристики и достоверности идентификации необходимо изучение генов, определяющих основные видовые признаки холерных вибрионов: Hly – ген гемолизобразования, определяющий видовую принадлежность к виду Vibrio cholerae, Wbet – ген, определяющий принадлежность к серогруппе O1, WbeF – ген, определяющий принадлежность к серогруппе O 139.

Это указывает, что важнейшей составляющей слежения за циркуляцией холерных вибрионов является необходимость изучения молекулярно-генетической характеристики штаммов, изолированных от людей и из объектов окружающей среды.

## Цель исследования

Изучение эпидемического потенциала и микробиологической характеристики холерных вибрионов О1, циркулирующих в Украине с помощью молекулярно-генетических методов.

## Материалы и методы

Определение генов ctx, tcp, Hly, Wbet, WbeF и toxR у штаммов холерных вибрионов O1 серогруппы биовара эльтор проводилось методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с использованием соответствующих праймеров.

На гены ctx, tcp и toxR изучено 2428 штамма холерных вибрионов О1, в том числе 1482 – от людей и 956 – из окружающей среды. На гены Hly, Wbet, WbeF –74 культуры, изолированные из объектов окружающей среды.

Амплификация осуществлялась на аппаратах: «Терцик», «Perkin Elmer» по специальным программам. Обработка проб для исследования и постановка ПЦР проводились по общепринятым методикам и регистрировались видеокамерой на ПК [1, 2].

# Результаты

Изучение наличия генов патогенности (ctx, tcp) и гена, координирующего экспрессию генов патогенности (toxR) у штаммов V. cholerae O1 биовара эльтор, выделенных в Украине от людей за период с 1991 по 2006 г., показало, что все изученные штаммы имели хотя бы один из указанных генов.

На наличие генов, определяющих принадлежность к виду Vibrio cholerae (Hly), серогруппам O1 и O139 (Wbet, WbeF) выборочно исследовано 74 штамма, изолированных из объектов окружающей среды, из числа которых ген Hly обнаружен у всех изученных культур, что подтверждает достоверность идентификации холерных вибрионов. Ген Wbet обнаружен только у 24 штаммов холерных вибрионов O1 серогруппы (32 %), что свидетельствует о циркуляции в Украине измененных по биологическим свойствам холерных вибрионов. Полученные данные подтверждаются результатами изучения комплекса биологических свойств бактериологическим методом, которые определили штаммы холерных вибрионов не обладающие геном Wbet как RO-формы. Ген WbeF среди изученных штаммов выявлен у одной культуры, которая была идентифицирована как холерный вибрион O139 серогруппы.

При анализе результатов определения генов патогенности холерных вибрионов О1 серогруппы биовара эльтор, установлено, что в Украине штаммы, изолированные от людей и из объектов окружающей среды, имеют различные наборы генов. При этом культуры, изолированные от людей имели 4 варианта генетических сочетаний: ctx, tcp и toxR (93%); tcp и toxR (1,8%); toxR (4,3%); ctx, tcp (0,1%) штаммов. Ген ctx встречался у 93,1% штаммов в 2-х вариантах сочетаний – ctx, tcp, toxR и ctx, tcp. Ген tcp был выявлен у 94,9% штаммов в 3-х вариантах сочетаний – ctx, tcp, toxR; ctx, tcp и tcp, toxR. Ген toxR был выявлен у 99,1% штаммов в 3-х вариантах сочетаний – ctx, tcp, toxR; tcp, toxR и toxR.

Культуры от людей, в которых обнаружены гены:

- ctx, tcp и toxR преимущественно в годы эпидемических осложнений (1991, 1993-1995 гг.) в Херсонской, Днепропетровской, Николаевской, Запорожской, Донецкой, Луганской областях и АР Крым. У больных заболевание протекало в тяжелой форме, отмечались летальные случаи:
- tcp и toxR в годы, когда регистрировались групповые случаи заболевания (1995, 1999 гг.) в Донецкой области;
- toxR в период эпидемического благополучия и широкой циркуляции в объектах окружающей среды (1991 г., Запорожская область, (2001, 2003 гг., Запорожская, Одесская, Днепропетровская, АР Крым) выделены от людей легкими клиническими формами острых кишечных заболеваний (вибриононосители);
- ctx, tcp штаммы с изменными свойствами, в геноме произошли мутации, о чем свидетельствует отсутствие регуляторного гена toxR. Вероятнее всего, это не жизнеспособные формы холерного вибриона, которые не могут адаптироваться к изменениям в окружающей среде.

Изучение аналогичных генов у штаммов V. cholerae О1 биовара эльтор, выделенных из объектов окружающей среды за период с 1989 по 2006 г., показало, что в Украине циркулировали штаммы, имеющие 3 различные сочетания генов: ctx, tcp и toxR (12 %); tcp, toxR (11,5 %); toxR (73 %); не было определено ни одного гена у 3,5 %, соответственно.

Анализ показал, что штаммы, обладающие генами патогенности ctx, tcp и toxR, были выделены из объектов окружающей среды в АР Крым, Донецкой, Луганской, Запорожской и Днепропетровской областях в 1994-1995 гг. – в годы и на территориях эпидемических осложнений.

toxR-ген выявлялся в штаммах, циркулировавших на различных территориях, как в сочетании с генами патогенности, так и независимо от них. Годы, в течение которых выделялись атоксигенные штаммы, были эпидемически благополучными, т.к. случаев заболеваний холерой в эти периоды не зарегистрировано. Вероятно, для длительного существования в объектах окружающей среды холерным вибрионам О1 серогруппы биовара эльтор наличие генов патогенности не является необходимым.

сtx-ген в культурах, выделенных от людей, был обнаружен в 7,7 раза чаще, чем из объектов окружающей среды. При попадании в объекты окружающей среды (в результате контаминации человеком водных объектов) в условиях Украины эпидемически опасные штаммы могут утрачивать ctx- и tcp-гены и длительное время существовать в объектах окружающей среды, т.е. такие штаммы име-

ют сапронозную природу.

Изучение молекулярно-генетических маркеров эпидемической опасности и биологической характеристики холерных вибрионов О1 группы, биовара эльтор позволяет применить эти критерии для микробиологической оценки изменчивости и эпидемиологического анализа.

# Литература

- 1. Инструкция по организации и проведению противохолерных мероприятий, клинике и лабораторной диагностике холеры / Киев. 1998. 168 с.
- 2. Методичні вказівки по застосуванню полімеразної ланцюгової реакції для виявлення збудників інфекційних захворювань. Київ. 2003. 29 с.
- 3. Хайтович А.Б., Кирьякова Л.С., Ильичев Ю.А., Андроновская И.Б. Штаммы холерных вибрионов О1, циркулирующие в Украине, и их значение в эпидемическом процессе // В сб. Материалов 4-ой Межгосударственной научно-практической конференции государств участников СНГ "Современные технологии в диагностике опасных инфекционных болезней". Саратов. 2003. С. 190-192.
- 4. Хайтович А.Б., Ильичев Ю.А., Андроновская И.Б., Кирьякова Л.С. Молекулярно-генетический мониторинг холерных вибрионов О1 на Украине // В сб. материалов 1-й международной научно-практической конференции «Специфическая диагностика инфекционных болезней». Киев. 2004. С. 110-112.