

УДК: 616.98:579.882.11:616-056.7

ГЕНОТИПИРОВАНИЕ *CHLAMYDIA TRACHOMATIS*, ВЫЯВЛЕННЫХ В ОБРАЗЦАХ, ПОЛУЧЕННЫХ У БОЛЬНЫХ С УРОГЕНИТАЛЬНОЙ ПАТОЛОГИЕЙ В СЕВЕРО-ВОСТОЧНОМ РЕГИОНЕ УКРАИНЫ

Литовченко О.А.

ГУ «Институт дерматологии и венерологии АМН Украины», E-mail: olva_abe@yahoo.com

Chlamydia trachomatis свойственна значительная вариабельность генома.

Штаммы *C. trachomatis* традиционно классифицировались по серотипам и сероварам с помощью иммунотипирования с использованием поли- или моноклональных антител к главному белку наружной мембраны (МOMP) [1]. Более 18 серотипов (с А по К) L1, L2, L2a и L3 были выделены с помощью поликлональных антител. Дополнительные иммуноварианты (Ba, Da, Ia и др.), которые в некоторых публикациях относят к самостоятельным сероварам, были выявлены благодаря использованию моноклональных антител. Серовары А, В и С ассоциируются с трахомой, серовары с D по К – с урогенитальными инфекциями, и L1, L2, L3 с системным заболеванием лимфогранулемой, гнойным лимфаденитом и геморрагическим проктитом. Серовары, вызывающие урогенитальные инфекции, распространены по всему миру, в то время как серовары, вызывающие лимфогранулему и трахому в основном в тропических и субтропических областях земного шара.

Современные методы генетического анализа позволяют определить генотип *C. trachomatis* без использования специальных сывороток, опираясь на анализ первичной структуры ДНК возбудителя. Чаще всего для определения генотипической принадлежности используют метод определения полиморфизма длины рестриционных фрагментов (ПДРФ) гена *omp1*. К преимуществам данного метода относится возможность проводить определение генотипа непосредственно в клиническом образце, без предварительного выделения его культивированием.

Учитывая недостаточную информацию о генотипах *C. trachomatis*, которые циркулируют в Украине, задачей настоящего исследования стало генотипирование *C. trachomatis* на основании анализа ДНК, выделенного из клинических образцов больных с урогенитальным хламидиозом, которые обращались в ГУ "Институт дерматологии и венерологии АМН Украины".

Материалы и методы

Клинические образцы (соскобы из уретры и цервикса) были получены от 537 больных (жители Харьковской области) с урогенитальной патологией (уретрит, эндоцервицит). Амплифицировать ампликон гена *omp 1 C. trachomatis* удалось только в 179 случаях. В остальных образцах по причине низкой

концентрации хламидийной ДНК четкий ампликон получить не удалось. Из 179 образцов 93 из них были получены от мужчин (51,9%), 86 (48%) от женщин. Средний возраст больных составляет 31,8 лет. ДНК из клинических образцов выделяли с помощью протеиназы К по Sachse (2002) или гуанидиновым методом тест-системами фирмы «Литех». Наличие ДНК *C. trachomatis* в образцах было выявлено методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) на фрагмент криптической плазмиды *C. trachomatis*.

Определение генотипа *C. trachomatis*, выявленных в клинических образцах, проводили модифицированным методом Jurstrand et al. [2]. Для амплификации гена *omp1* длиной 1100 пар нуклеотидов нами был применен метод гнездовой ПЦР с использованием двух пар праймеров. В нашей работе мы использовали амплификатор "Терцик" ("ДНК-технология", Россия) и реагенты фирмы Fermentas (Литва). Полученные после ПЦР образцы анализировали методом горизонтального электрофореза в 1,5% геле агарозы с 0,001% бромидом этидиума. Ампликоны выявляли визуально на трансиллюминаторе ("Биоком", Россия) при длине волны возбуждающего света 310 нм.

На следующем этапе ампликоны подвергали действию рестриктаз AluI (Fermentas, Латвия), HpyF3I (Fermentas, Литва), Hinf I (Takara, Япония), и CfoI (Sigma, США) для определения полиморфизма длин рестриционных фрагментов, после чего образованные фрагменты разделяли методом вертикального электрофореза в 10% полиакриламидном геле в камере фирмы Fisherbrand (Англия). Оценку результатов проводили путем сравнения фрагментов ампликонов после рестрикции, разделенных в электрическом поле, с маркерами молекулярного веса (Sigma, США), образцы которых разделяли электрофорезом одновременно с исследуемыми образцами.

Результаты и обсуждение

Нами было получено следующее распределение генотипов *C. trachomatis*: генотип Е был выявлен у 43 больных, генотип G – у 42, генотип F – у 38, генотип В в 19 случаях, I – в 10, генотипы Ва и К в 7 случаях каждый, генотип D – в 5 и генотипы J и H были выявлены у 4 больных каждый.

Полученные результаты позволяют более полно охарактеризовать возбудителей урогенитального хламидиоза в нашем регионе, что может иметь значение для изучения его эпидемиологии и возможного влияния генотипов на клинику заболевания. В частности, установлено, что серовары G, I и D ассоциированы с развитием рака шейки матки, а серовар К – с бесплодием [3]. К сожалению, большая часть случаев урогенитального хламидиоза протекает скрыто, с незначительной симптоматикой, что затрудняет установления связи между генотипом возбудителя и клиническими особенностями вызываемого ими заболевания.

Список литературы

1. Bandea C.I., Kubota K., Brown T.M. et al. – Typing of *Chlamydia trachomatis* strains from urine samples by amplification and sequencing the major outer membrane protein gene (*omp1*). // Sexually transmitted infections. – 2001. – Vol. 77. - P. 419-422.
2. Justrand M., Falk L., Fredlund H. et al. Characterization of *Chlamydia trachomatis* omp1 Genotypes among Sexually Transmitted Disease Patients in Sweden // J.Clin.Microbiol. 2001. – V.39, №.11. – P.3915-3919.
3. Jialin Yu, Shixiao Wu, Fang Li, Linyah Hu.- Vertical transmission of *Chlamydia trachomatis* in Chongqing China. // Curr microbial. – 2009. – Vol. 58. - P.315-320.

УДК: 616.98:579.882.11:616-056.7

ГЕНОТИПИРОВАНИЕ *CHLAMYDIA TRACHOMATIS*, ВЫЯВЛЕННЫХ В ОБРАЗЦАХ, ПОЛУЧЕННЫХ У БОЛЬНЫХ С УРОГЕНИТАЛЬНОЙ ПАТОЛОГИЕЙ В СЕВЕРОВОСТОЧНОМ РЕГИОНЕ УКРАИНЫ

Литовченко О.А.

С помощью рестриктного анализа проведено генотипирование *Chlamydia trachomatis*, выявленных в 179 клинических образцах, полученных у больных с урогенитальной патологией в Северо-восточном регионе Украины. Было обнаружено, что в украинской популяции преобладают генотипы E, G и F, обнаруженные соответственно в 24 %, 23,5% и 21,2 % случаев.

УДК: 616.98:579.882.11:616-056.7

ГЕНОТИПУВАННЯ *CHLAMYDIA TRACHOMATIS*, ВИЯВЛЕНИХ В ЗРАЗКАХ, ОТПИМАННИХ У ХВОРИХ З УРОГЕНІТАЛЬНОЮ ПАТОЛОГІЄЮ У ПІВНІЧНО-СХІДНОМУ РЕГІОНІ УКРАЇНИ

Литовченко О.О.

За допомогою рестриктного аналізу проведено генотипування *Chlamydia trachomatis*, виявлених у 179 клінічних зразках, отриманих у хворих з урогенітальною патологією в Північно-східному регіоні України. Було визначено, що в українській популяції преобладають генотипи E, G і F, виявлені відповідно в 24 %, 23,5% и 21,2 % випадків.

UDK: 616.98:579.882.11:616-056.7

GENOTYPING OF *CHLAMYDIA TRACHOMATIS* OBTAINED FROM PATIENTS WITH UROGENITAL PATHOLOGY IN NORTH-WEST REGION OF UKRAINE

Lytovchenko O.

The genotype distribution of *Chlamydia trachomatis* in patients with urogenital pathology in North-West region of Ukraine was investigated with aid of restriction analysis. The most prevalent genotypes were E, G and F, detected in 24 %, 23,5% и 21,2 % of cases.