

**FLPP**

FUNDAMENTĀLIE UN  
LIETIŠĶIE PĒTĪJUMU  
PROJEKTI



**BIOR**

Pētījums par Latvijā  
konstatētajiem *C. burnetii*  
genotipiem un to  
salīdzinājums ar citās valstīs  
sastopamajiem

Mg. biol. Guntis Boikmanis

Mg. biol. Juris Ķibilds

# Genotipi

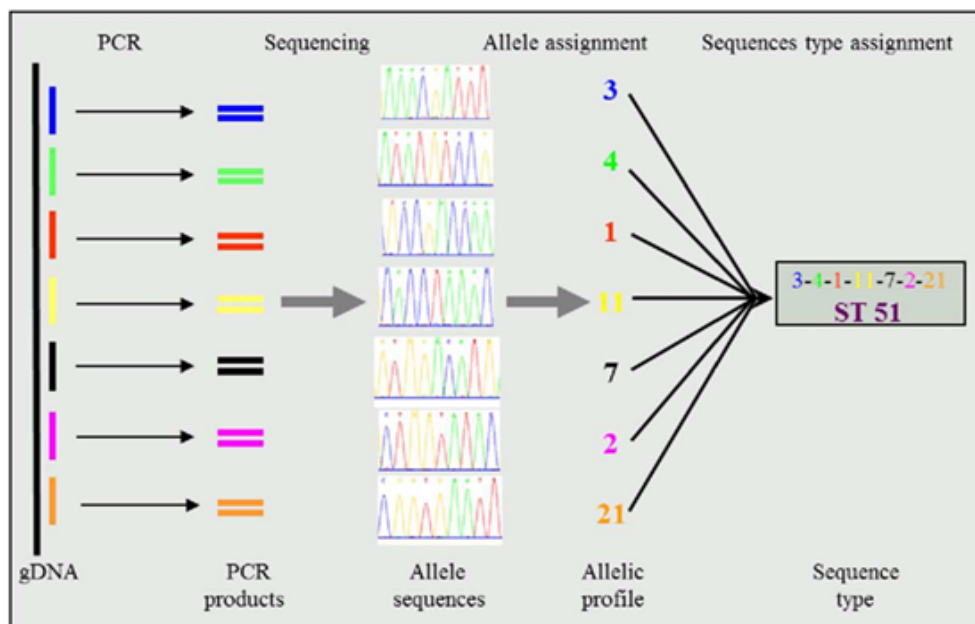
- ▶ Pēc patogēnu ģenētiskajām iezīmēm (genotipiem) ir iespējams paredzēt dažādas to īpašības (piemēram, virulenci) un vairāku izolātu savstarpējo līdzību, kas var noderēt epidemioloģiskajos izmeklējumos.
- ▶ *Coxiella burnetii* ir izstrādātas vairākas genotipēšanas metodes, kas balstās uz dažādiem principiem (sekvenēšana, mikročipi, MLVA u.c.).
- ▶ Genotipus var iedalīt genomiskajās grupās, kuras asociē ar dažādiem *C. burnetii* plazmīdu tipiem (QpH1, QpRS, QpDG, QpDV un bez plazmīdas) (Beare et al., 2006).
- ▶ Ir izpētīts, ka baktērijas genotips un plazmīdu tips korelē ar Q-drudža slimības klīniskajām izpausmēm (Beare et al., 2006; Angelakis et al., 2013).

# Genotipi

- ▶ Baktērijas sastāvā esošās QpDG un QpH1 plazmīdas ir gandrīz identiskas (Jäger et al., 2002).
- ▶ Izolāti ar QpH1 plazmīdu biežāk saistīti ar akūtām saslimšanām, ar QpDV esošie izolāti ir iesaistīti vairāk aborta gadījumos, QpRS izolāti biežāk iesaistīti vaskulārās infekcijās (Angelakis et al., 2013).
- ▶ Lielākajā uzliesmojumā cilvēku populācijā tika reģistrēti 4026 cilvēku saslimšanas gadījumi, Nīderlandē uzliesmojumu bija izraisījis MST33, tas bija identisks ar inficētajām aitām un kazām (Tilburg et al., 2012). Noskaidrots, ka izolātam ir bijusi QpH1 plazmīda (Shpynov et al., 2018).
- ▶ Ja ir pieejama informācija par lokāli sastopamajiem genotipiem, tad tas var palīdzēt ārstiem izstrādāt atbilstošu ārstēšanas stratēģiju (Angelakis et al., 2013).

# Genotipēšanas metode

- ▶ MST (Multi Spacer Typing)
- ▶ Starpgēnu reģionu sekvenēšana un sekvenču salīdzināšana ar datu bāzi ([https://ifr48.timone.univ-mrs.fr/mst/coxiella\\_burnetii/strains.html](https://ifr48.timone.univ-mrs.fr/mst/coxiella_burnetii/strains.html))
- ▶ Genotipēšanai tika izmantoti 10 starpgēnu reģioni - cox2, cox5, cox18, cox20, cox22, cox37, cox51, cox56, cox57, cox61 (Glazunova et al., 2005)

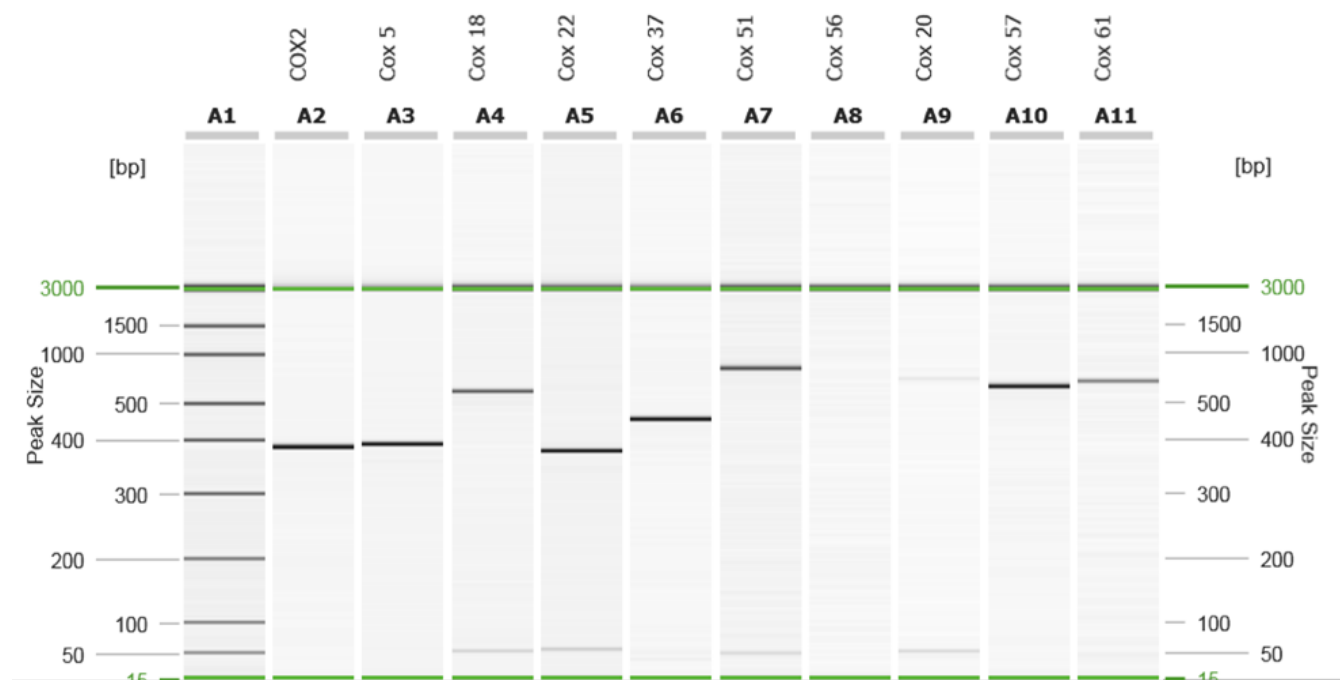


# Metodes pārbaude ar references celmu

- ▶ Sazinoties ar references DNS ražotāju, tika uzzināts, ka DNS ir no celma Nine Mile Q (Davis and Cox, 1938) Phase II.
- ▶ Tika nolemts nosekvenēt kontroles DNS ar MiSeq (Illumina) un salīdzināt MST lokusu sekvences;
- ▶ Pozitīvajai kontrolei savā starpā atbilda tās MST lokusu sekvences, kas iegūtas ar Sangera sekvenēšanu un WGS, tātad iegūtie genotipu rezultāti ir ticami.
- ▶ Ar Sangera sekvenēšanas metodi Cox 56 alēles sekvence netika iegūta. Kā iesmesls tam ir Cox 56 alēles neamplificēšanās.

Metode	Identificēto starpgēnu rajonu alēles										Sekvences tips
	Cox 2	Cox 5	Cox 18	Cox 20	Cox 22	Cox 37	Cox 51	Cox 56	Cox 57	Cox 61	
NGS	3	8	3	3	4	1	6	7	6	5	MST16
Sangers	3	8	5	3	4	1	6	-	6	5	MST16

# Elektroforēzes aina



Kontroles parauga elektroforēzes aina (izmantotā DNS koncentrācija 1:10)

# Paraugi

- ▶ Tika atlasīti paraugi ar koncentrāciju vismaz  $5 \times 10^4$  baktērijas genoma ekvivalentu / ml (CT vērtības zem 27).
- ▶ Kritērijam atbilda 5 aborta paraugi, 2 individuālā piena paraugi un 19 koppiena paraugi.

# Genotipēšanas rezultāti

Parauga numurs	Parauga izcelsme	Novads	Pagasts	Reālā laika PQR	Identificēto starpgēnu rajonu alēles										Sekvenču tips
					Cox 2	Cox 5	Cox 18	Cox 20	Cox 22	Cox 37	Cox 51	Cox 56	Cox 57	Cox 61	
Kontrole_NGS	-	-	-	-	3	8	3	3	4	1	6	7	6	5	MST16
Kontrole_Sanger	-	-	-	-	3	8	3	3	4	1	6	-	6	5	MST16
20120	Liesa+aknas	Auces	Vecauce	25.75	3	2	6	1	5	10	4	10	6	5	MST61
35392	Liesa+aknas	Auces	Vecauce	24.68	3	2	6	1	5	10	4	10	6	5	MST61
38845/2	Liesa+aknas	Auces	Vecauce	23.23	3	2	6	-	5	10	4	-	6	5	MST61*
38924/2	Liesa+aknas	Auces	Vecauce	25.20	3	2	6	1	5	10	4	-	-	5	MST61*
80117	Liesa+aknas	Auces	Vītiņu	25.76	-	2	-	-	5	-	-	-	-	5	-
4391	Piens	Kocēnu	Kocēnu	25.61	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
25363	Piens	Tukuma	Zentenes	24.46	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	-
40349/2	Koppiens	Ventspils	Ances	24.10	3	2	6	-	5	10	4	-	6	5	MST61*
15139/17	Koppiens	Tērvetes	Tērvetes	23.00	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
88758/8	Koppiens	Riebiņu	Stabulnieku	26.02	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
22006/8	Koppiens	Brocēnu	Blīdenes	24.90	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
15139/14	Koppiens	Tērvetes	Tērvetes	26.05	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
22006/5	Koppiens	Brocēnu	Blīdenes	25.79	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
27381/8	Koppiens	Auces	Vecauce	23.84	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
22006/7	Koppiens	Brocēnu	Blīdenes	21.63	3	2	6	1	5	10	4	-	-	5	MST61*
29151/1	Koppiens	Priekuļu	Veselavas	24.60	7	2	6	-	5	10	-	-	-	5	-
15139/9	Koppiens	Tērvetes	Tērvetes	25.85	3	-	-	1	5	10	4	-	-	-	-
15139/28	Koppiens	Tērvetes	Tērvetes	25.82	3	-	-	-	5	-	4	-	-	-	-
15139/30	Koppiens	Tērvetes	Tērvetes	26.38	3	2	-	-	-	10	-	-	-	5	-
22006/3	Koppiens	Brocēnu	Blīdenes	24.73	3	2	6	-	5	10	-	-	-	5	-
22006/4	Koppiens	Brocēnu	Blīdenes	25.82	3	2	6	-	5	10	4	-	-	-	-
22006/6	Koppiens	Brocēnu	Blīdenes	24.86	3	2	6	-	5	10	4	-	-	-	-
15139/34	Koppiens	Tērvetes	Tērvetes	26.06	3	-	-	1	-	10	4	-	-	-	-
29151/2	Koppiens	Priekuļu	Veselavas	22.87	3	2	-	1	5	10	4	-	-	-	-
15139/33	Koppiens	Tērvetes	Tērvetes	23.35	3	-	6	-	5	10	4	-	-	-	-
20769/1	Koppiens	Valkas	Vijciema	23.35										5	

\* Genotips noteikts balstoties uz nepilnīgu alēlisko profilu



# Genotipēšanas rezultāti

- Pēc pilna alēliskā profila genotips noteikts 2 paraugiem:

Parauga numurs	Parauga izcelsme	Novads	Pagasts	Reālā laika PQR	Identificēto starpgēnu rajonu alēles										Sekvences tips
					Cox 2	Cox 5	Cox 18	Cox 20	Cox 22	Cox 37	Cox 51	Cox 56	Cox 57	Cox 61	
20120	Liesa+aknas	Auces	Vecauce	25.75	3	2	6	1	5	10	4	10	6	5	MST61
35392	Liesa+aknas	Auces	Vecauce	24.68	3	2	6	1	5	10	4	10	6	5	MST61

# Genotipēšanas rezultāti

- Pēc nepilna alēliskā profila, balstoties uz unikālu Cox 37 alēli, genotips noteikts 11 paraugiem :

Parauga numurs	Parauga izcelsme	Novads	Pagasts	Reālā laika PĶR	Identificēto starpgēnu rajonu alēles										Sekvences tips
					Cox 2	Cox 5	Cox 18	Cox 20	Cox 22	Cox 37	Cox 51	Cox 56	Cox 57	Cox 61	
38845/2	Liesa+aknas	Auces	Vecauce	23.23	3	2	6	-	5	10	4	-	6	5	MST61*
38924/2	Liesa+aknas	Auces	Vecauce	25.20	3	2	6	1	5	10	4	-	-	5	MST61*
4391	Piens	Kocēnu	Kocēnu	25.61	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
40349/2	Koppiens	Ventspils	Ances	24.10	3	2	6	-	5	10	4	-	6	5	MST61*
15139/17	Koppiens	Tērvetes	Tērvetes	23.00	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
88758/8	Koppiens	Riebiņu	Stabulnieku	26.02	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
22006/8	Koppiens	Brocēnu	Blīdenes	24.90	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
15139/14	Koppiens	Tērvetes	Tērvetes	26.05	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
22006/5	Koppiens	Brocēnu	Blīdenes	25.79	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
27381/8	Koppiens	Auces	Vecauce	23.84	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
22006/7	Koppiens	Brocēnu	Blīdenes	21.63	3	2	6	1	5	10	4	-	-	5	MST61*

- Samazināts starpgēnu reģionu skaits sekvenēto paraugu salīdzināšanai ir izmantots arī atsevišķos citos Q-drudža pētījumos, piemēram, Alžīrijā (Rahal et al., 2018), Brazīlijā un Argentīnā (Mioni et al., 2019), Senegālā (Mediannikov et al., 2010) un Polijā (Szymańska-Czerwińska et al., 2019).

# Genotipa noteikšana

- ▶ Salīdzinot ar datu bāzi atbilstošākie genotipi ir MST20 un MST61:

MST group	Cox2	Cox5	Cox18	Cox20	Cox22	Cox37	Cox51	Cox56	Cox57	Cox61
20	3	2	6	1	5	4	4	10	6	5
61	3	2	6	1	5	10	4	10	6	5

- ▶ Savā starpā šos genotipus atšķir cox 37 alēle.

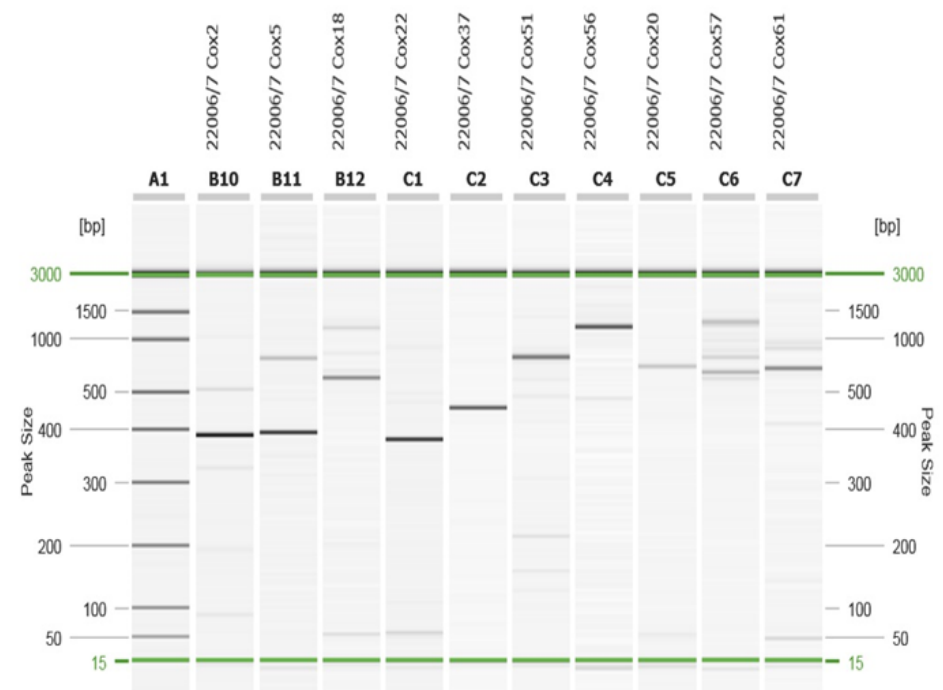
# Genotipa noteikšana

- Salīdzinot savā starpā, ir vērojams, ka cox 37.10 no 37.4 atšķiras ar viena nukleotīda delēciju.

1. Cox37.4	AAAC TTTACAGC TTGGTAGCC TTGGATTTCT CTATTTGGGAATCGGAATTAAC TTTCTGTTCACTACTT
2. Cox37.10	AAAC TTTACAGC TTGGTAGCC TTGGATTTCT CTATTTGGGAATCGGAATTAAC TTTCTGTTCACTACTT
1. Cox37.4	CGCATATTATTTTCTCCAATTGAAGTTATCGCCACGGGGTTATCAGTTCCAAGGGCTCACTCAGGTATA
2. Cox37.10	CGCATATTATTTTCTCCAATTGAAGTTATCGCCACGGGGTTATCAGTTCCAAGGGCTCACTCAGGTATA
1. Cox37.4	ATGTCAC TAGTGATTATCAGGAAA TTTCTGGTTAAACC TTTCAAGGAGGTAAAATGAAGCTTTAGATTA
2. Cox37.10	ATGTCAC TAGTGATTATCAGGAAA TTTCTGGTTAAACC TTTCAAGGAGGTAAAATGAAGCTTTAGATTA
1. Cox37.4	AAAGCTCC CAGATAAAC TTAAAGAGGGGTTAAGTCGAGTATATAAGTTGAATCCGAATTAATTTTTCACC
2. Cox37.10	AAAGCTCC CAGATAAAC TTAAAGAGGGGTTAAGTCGAGTATATAAGTTGAATCCGAATTAATTTTTCACC
1. Cox37.4	CAGCATCATCGCTTACAATGGCGAGGTCAACATTA AAAACCATGCGACAAAATAC TTTCAACCAAGGCTTC
2. Cox37.10	CAGCATCATCGCTTACAATGGCGAGGTCAACATTA AAAACCATGCGACAAAATAC TTTCAACCAAGGCTTC
1. Cox37.4	TTCCGTCGCAATTC TGCAATGATGAGAAC TAATAATATCCAGAGTCTTTAAATGGGGTTGCCAAGCTTCT
2. Cox37.10	TTCCGTCGCAATTC TGCAATGATGAGAAC TAATAATATCCAGAGTCTTTAAATGGGGTTGCCAAGCTTCT
1. Cox37.4	CGTCGCAATTC TGCAATGATGAGAAC TAATAATATCCAGAGTCTTTAAATGGGGTTGCCAAGCTTCTTT
2. Cox37.10	CGTCGCAATTC TGCAATGATGAGAAC TAATAATATCCAGAGTCTTTAAATGGGGTTGCCAAGCTTCTT -

# Genotipēšanas rezultāti

- ▶ Lokusi *cox 20*, *cox 56*, *cox 57* slikti amplificējās. Slikto amplifikāciju varēja izraisīt paraugos esošie piemaisījumi, jo DNS netika iegūta no tīrkultūras, kā arī zemā *C.burnetii* DNS koncentrācija. Tādos parauga veidos kā koppiens un apvienotais piens vienlaicīgi varētu būt vairāki ierosinātāja celmi, kuru izcelsme ir dažādi ganāmpulka dzīvnieki.

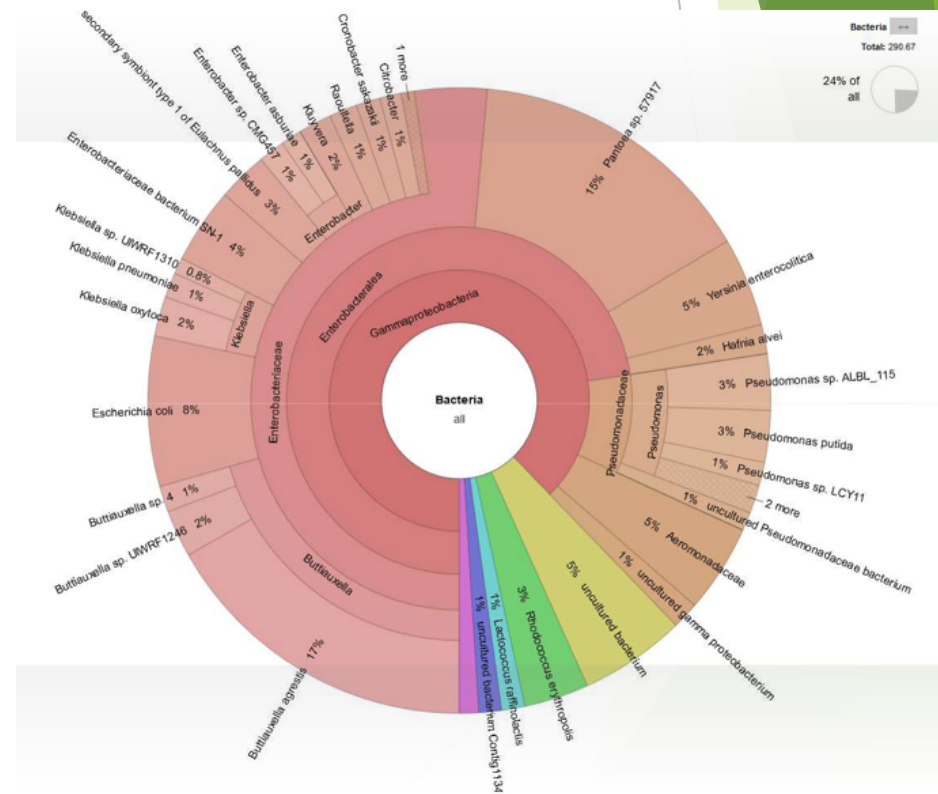
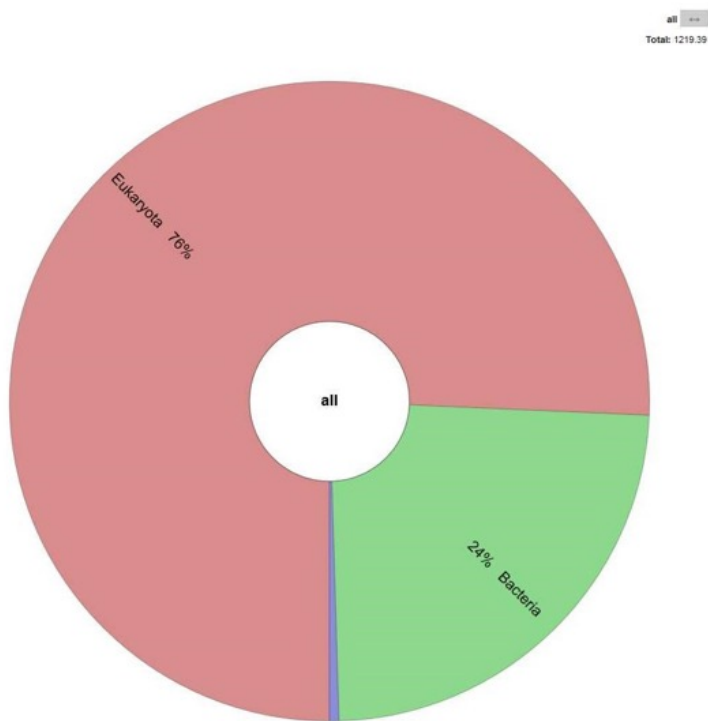


Parauga 22006/7  
elektroforēzes  
aina

# Genotipēšanas rezultāti

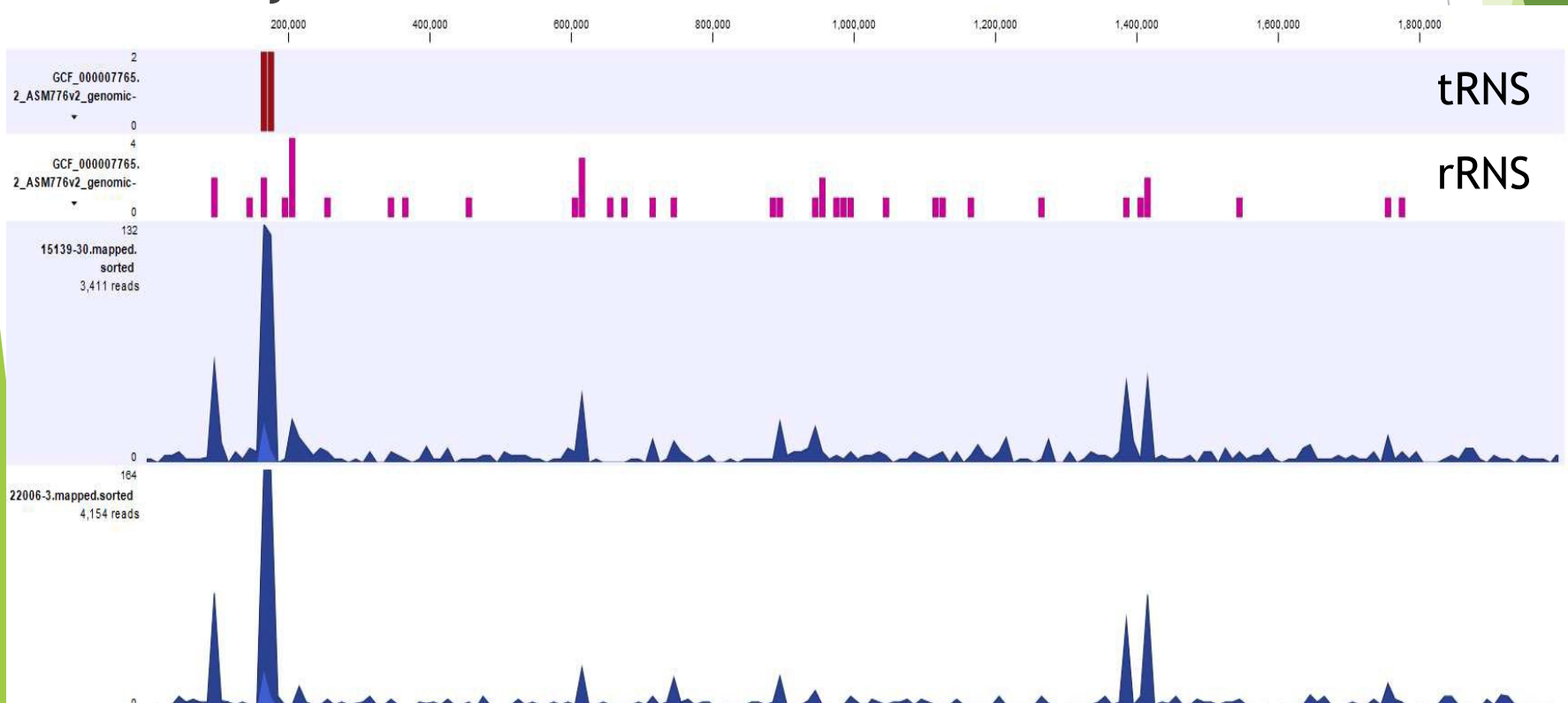
- ▶ Zema *C. burnetii* DNS koncentrācija ir bijis arī par iemeslu apgrūtinātai genotipu noteikšanai Brazīlijas un Argentīnas pētījumā (Mioni et al., 2019). Arī citos *C. burnetii* genotipēšanas pētījumos ir novērotas problēmas iegūt visu alēļu sekvences, piemēram, Polijas zinātnieku pētījumā, kur tika atklāts MST61 tips, daļai paraugu netika iegūtas visu alēļu sekvences (Szymańska-Czerwińska et al., 2019).
- ▶ iespējamās arī mutācijas praimeru sekvencēs, kas neļauj iegūt PCR produktus un kuras nevar konstatēt, veicot Sangera sekvenēšanu ar MST praimeriem.

# Pozitīvo piena paraugu metagenoms



# Pozitīvo piena paraugu metagenoms

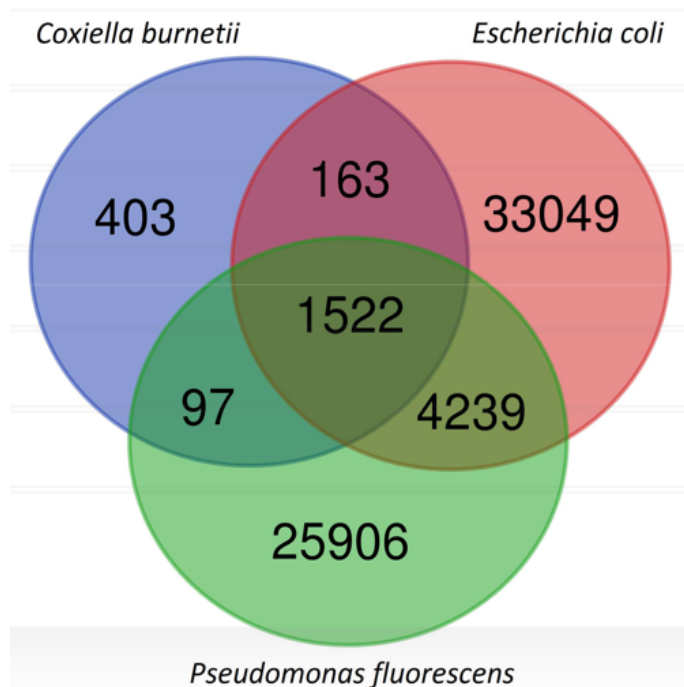
- ▶ Cik lielu daļu no kopējās parauga DNS veido *C.burnetii* genoms?
- ▶ 0.8-1% nolasījumu atbilst *C.burnetii* references genomam, bet galvenokārt rRNS un tRNS gēniem, kas ir ļoti līdzīgi visām baktērijām:





# Pozitīvo piena paraugu metagenoms

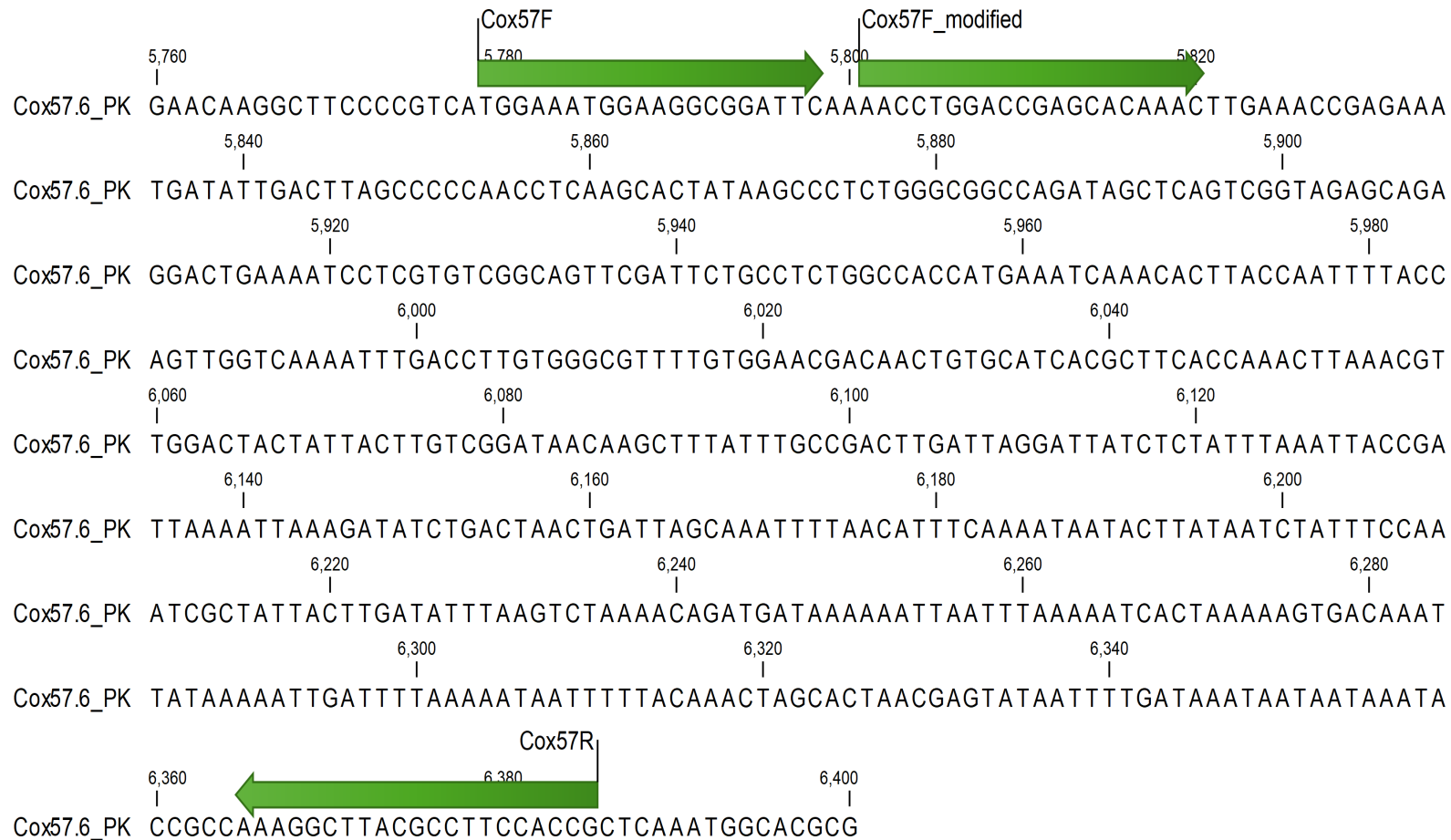
Cik lielu daļu no kopējās parauga DNS veido *C.burnetii* genoms?  
0.8-1% nolasījumu atbilst *C.burnetii* references genomam, bet daudzi no tiem varētu piederēt arī citām baktērijām:



# Genotipēšana

- ▶ MLST genotipēšanas metode tiek plaši izmantota, taču tai ir savi mīnusi.
- ▶ Cox 57 praimeriem pastāv dažādas modifikācijas, jo slikti amplificējas, taču vienīgajā *Coxiella* datu bāzē tiek izmantots nemodificētais praimeris, ar kuru bieži neizdodas iegūt sekvenējamu PCR produktu.
- ▶ Starptautiskā genotipu datu bāze netiek pastāvīgi atjaunota.
- ▶ Metodes priekšrocība ir tā, ka nav vajadzīgs kultivēt baktēriju (bīstami), taču tas reizē ir arī mīnuss, jo jāstrādā ar ļoti mazu baktērijas DNS daudzumu.

# Praimeris cox 57



Cox 57 modificētā praimera salīdzinājums ar nemodificēto -  
 tiek iegūts īsāks reakcijas produkts

# Genotipēšanas rezultāti

Parauga numurs	Parauga izcelsme	Novads	Pagasts	Reālā laika PQR	Identificēto starpgēnu rajonu alēles										Sekvenču tips
					Cox 2	Cox 5	Cox 18	Cox 20	Cox 22	Cox 37	Cox 51	Cox 56	Cox 57	Cox 61	
Kontrole_NGS	-	-	-	-	3	8	3	3	4	1	6	7	6	5	MST16
Kontrole_Sangers	-	-	-	-	3	8	3	3	4	1	6	-	6	5	MST16
20120	Liesa+aknas	Auces	Vecaucē	25.75	3	2	6	1	5	10	4	10	6	5	MST61
35392	Liesa+aknas	Auces	Vecaucē	24.68	3	2	6	1	5	10	4	10	6	5	MST61
38845/2	Liesa+aknas	Auces	Vecaucē	23.23	3	2	6	-	5	10	4	-	6	5	MST61*
38924/2	Liesa+aknas	Auces	Vecaucē	25.20	3	2	6	1	5	10	4	-	-	5	MST61*
80117	Liesa+aknas	Auces	Vītiņu	25.76	-	2	-	-	5	-	-	-	-	5	-
4391	Piens	Kocēnu	Kocēnu	25.61	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
Z5363	Piens	Tukuma	Zentenes	24.46	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	-
40349/2	Koppiens	Ventspils	Ances	24.10	3	2	6	-	5	10	4	-	6	5	MST61*
15139/17	Koppiens	Tērvetes	Tērvetes	23.00	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
88758/8	Koppiens	Riebiņu	Stabulnieku	26.02	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
22006/8	Koppiens	Brocēnu	Blīdenes	24.90	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
15139/14	Koppiens	Tērvetes	Tērvetes	26.05	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
22006/5	Koppiens	Brocēnu	Blīdenes	25.79	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
27381/8	Koppiens	Auces	Vecaucē	23.84	3	2	6	-	5	10	4	-	-	5	MST61*
22006/7	Koppiens	Brocēnu	Blīdenes	21.63	3	2	6	1	5	10	4	-	-	5	MST61*
29151/1	Koppiens	Priekuļu	Veselavas	24.60	7	2	6	-	5	10	-	-	-	5	-
15139/9	Koppiens	Tērvetes	Tērvetes	25.85	3	-	-	1	5	10	4	-	-	-	-
15139/28	Koppiens	Tērvetes	Tērvetes	25.82	3	-	-	-	5	-	4	-	-	-	-
15139/30	Koppiens	Tērvetes	Tērvetes	26.38	3	2	-	-	-	10	-	-	-	5	-
22006/3	Koppiens	Brocēnu	Blīdenes	24.73	3	2	6	-	5	10	-	-	-	5	-
22006/4	Koppiens	Brocēnu	Blīdenes	25.82	3	2	6	-	5	10	4	-	-	-	-
22006/6	Koppiens	Brocēnu	Blīdenes	24.86	3	2	6	-	5	10	4	-	-	-	-
15139/34	Koppiens	Tērvetes	Tērvetes	26.06	3	-	-	1	-	10	4	-	-	-	-
29151/2	Koppiens	Priekuļu	Veselavas	22.87	3	2	-	1	5	10	4	-	-	-	-
15139/33	Koppiens	Tērvetes	Tērvetes	23.35	3	-	6	-	5	10	4	-	-	-	-
20769/1	Koppiens	Valkas	Vijciema	23.35										5	

\* Genotips noteikts balstoties uz nepilnīgu alēlisko profilu

# Genotipēšanas rezultāti

Parauga numurs	Parauga izcelsme	Novads	Pagasts	Reālā laika PQR	Identificēto starpgēnu rajonu alēles										Sekvences tips
					Cox 2	Cox 5	Cox 18	Cox 20	Cox 22	Cox 37	Cox 51	Cox 56	Cox 57	Cox 61	
29151/1	Koppiens	Priekuļu	Veselavas	24.60	7	2	6	-	5	10	-	-	-	5	-

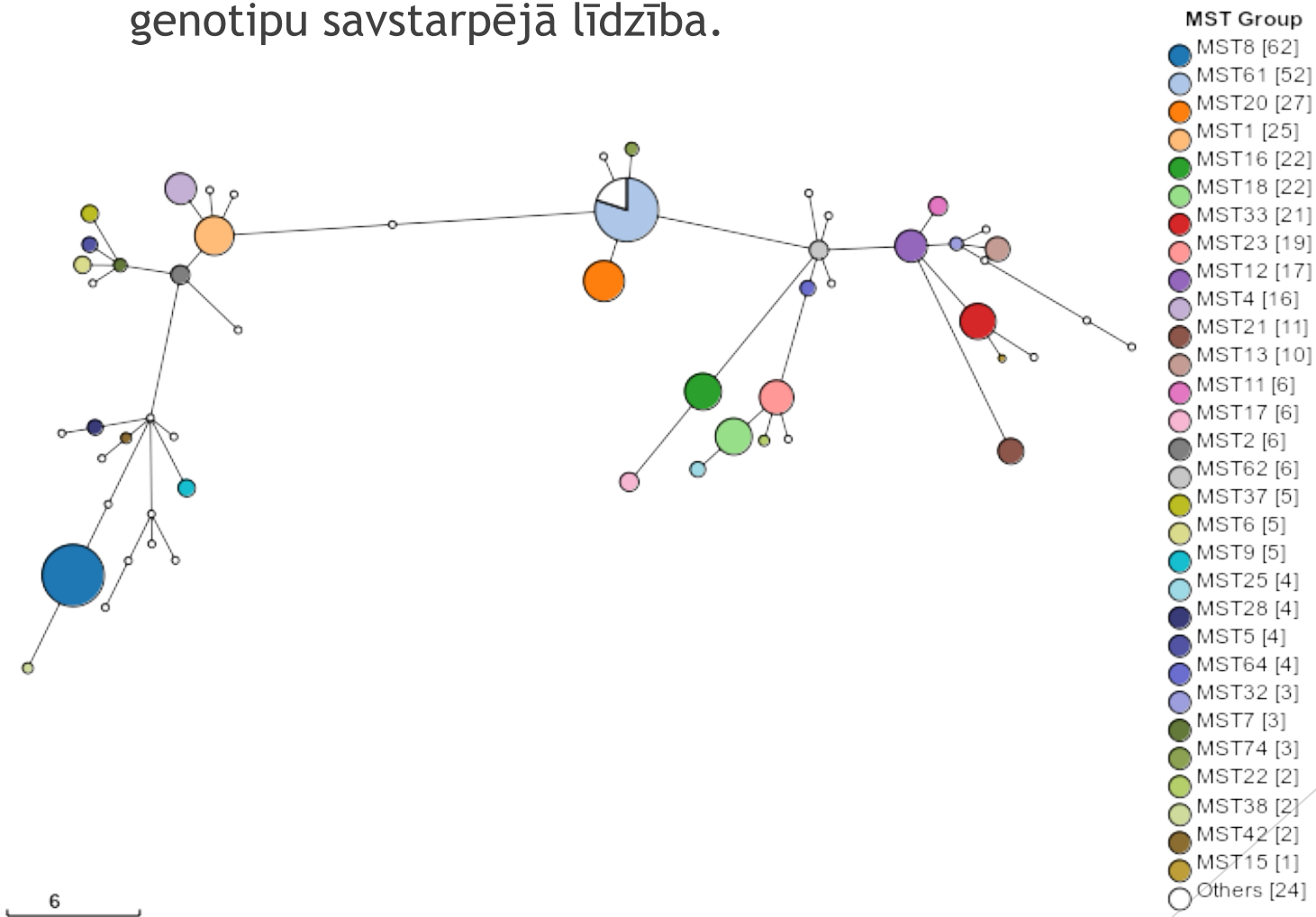
- ▶ Pēc iegūtajiem rezultātiem redzams, ka alēlē Cox 2 visi paraugi sakrita ar references alēli MST61 genotipam, izņemot paraugu 29151/1. Lai precīzāk varētu noteikt 29151/1 genotipu, nepieciešams iegūt arī citu alēļu sekvences, kuras neizdevās iegūt.

MST group	Cox2	Cox5	Cox18	Cox20	Cox22	Cox37	Cox51	Cox56	Cox57	Cox61
15	7	5	1	6	5	6	9	4	3	2
33	7	5	1	6	5	9	9	4	3	2
44	7	5	3	6	5	9	9	4	3	4
46	7	5	2	4	5	9	9	4	3	2

- ▶ Visticamāk, šeit vērojams jauns vēl iepriekš nenoteikts genotips, jo datu bāzē nav tipa, kuram ir cox 2 alēle 7, cox 5 alēle 2, cox 18 alēle 6, cox 37 alēle 10 un cox 61 alēle 5 vienlaicīgi.

# Genotipu salīdzinājums ārpus Latvijas robežām

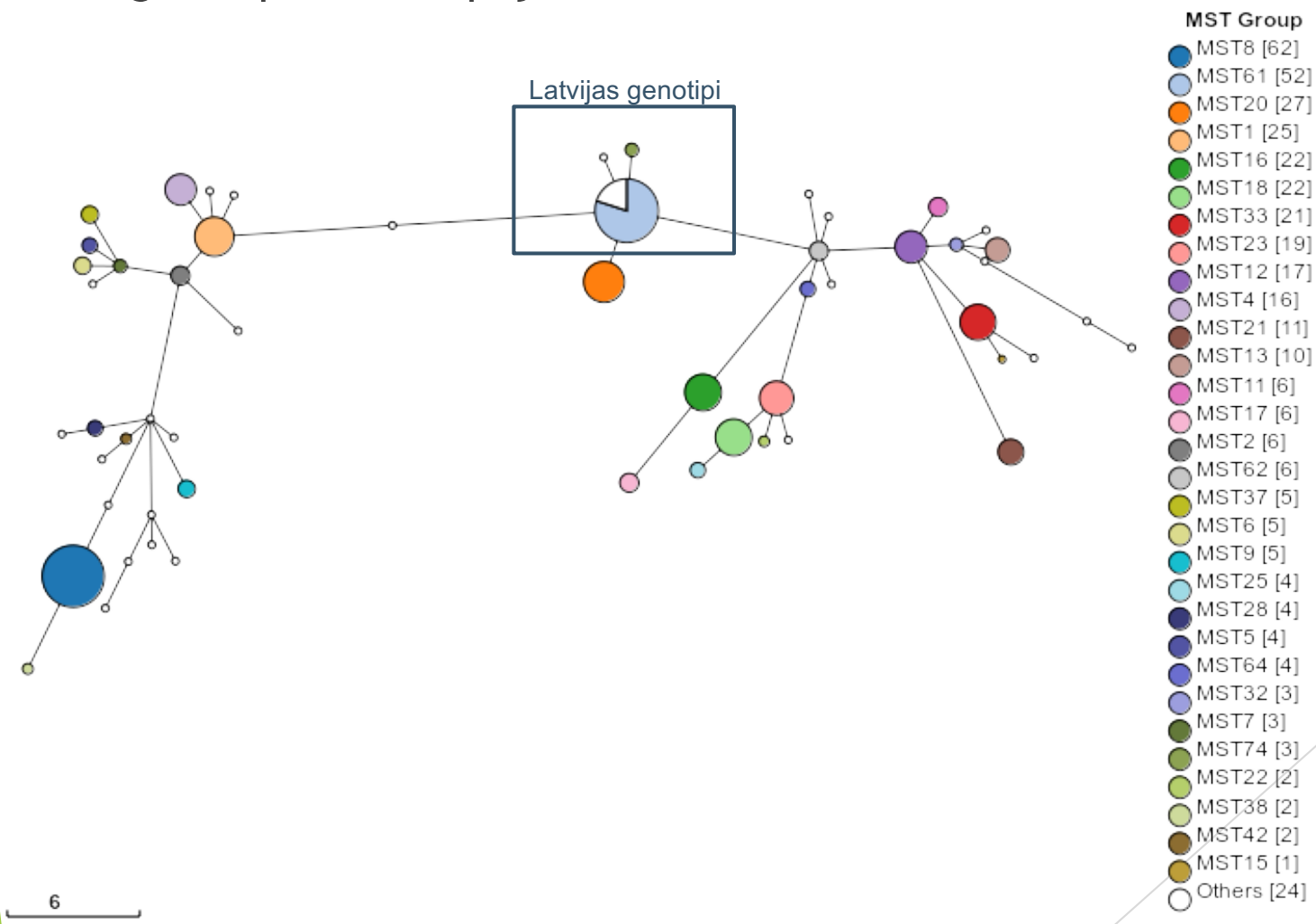
- ▶ Šeit attēlota visu publiski dokumentēto *C. burnetii* MST genotipu savstarpējā līdzība.



Dati no [https://ifr48.timone.univ-mrs.fr/mst/coxiella\\_burnetii/strains.html](https://ifr48.timone.univ-mrs.fr/mst/coxiella_burnetii/strains.html); Mioni et al., 2019; Sulyok et al., 2014; Gyuranecz et al., 2014; BIOR)

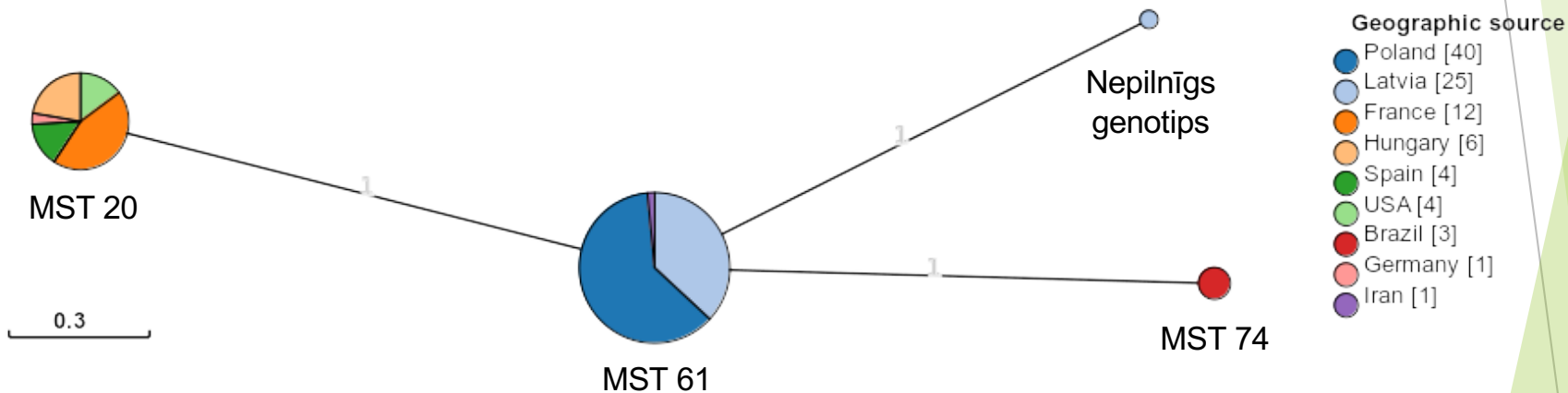
# Genotipu salīdzinājums ārpus Latvijas robežām

- ▶ Šeit attēlota visu publiski dokumentēto *C. burnetii* MST genotipu savstarpējā līdzība.



# Genotipu salīdzinājums ārpus Latvijas robežām

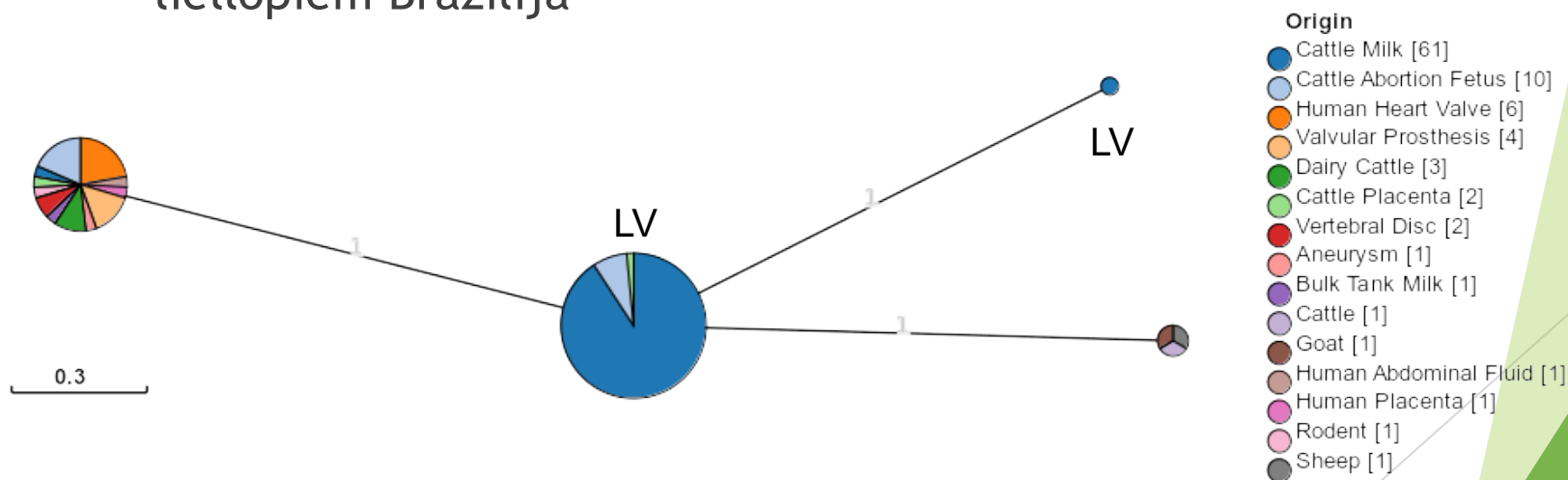
- ▶ Latvijas genotipiem identiski ir konstatēti Polijā un Irānā, ļoti līdzīgi (vienas alēles atšķirība) - Francijā, Spānijā, Ungārijā, Vācijā un ASV (MST20) un Brazīlijā (MST74)





# Genotipu salīdzinājums ārpus Latvijas robežām

- ▶ MST61 celmi līdz šim ir saistīti tikai ar piena lopkopību - konstatēti pienā vai liellopu patoloģiskajā materiālā
- ▶ Tuvu radniecīgais MST20 bieži atrasts inficētiem cilvēkiem. Pagaidām literatūra ir pretrunīga par to, vai noteikti MST genotipi saistīti ar augstāku patogenitāti dzīvniekiem un cilvēkam
- ▶ Tuvu radniecīgais MST74 atrasts tikai aitām, kazām un liellopiem Brazīlijā



# Secinājumi

- ▶ Latvijas teritorijā sastopams *C. burnetii* genotips, kuram līdzīgākais MST datu bāzē ir MST61, lielākajai daļai paraugu genotips tika noteikts izmantojot nepilnīgu alēlisko profilu.
- ▶ Iespējams, Latvijas teritorijā sastopami vēl līdz šim citās valstīs neaprašīti genotipi.
- ▶ MST20 genotipa sastāvā ir QpH1 plazmīda (Glazunova et al., 2005). Citur pasaulē nav datu par MST61 celma virulenci, taču pēc klīniskajiem pētījumiem QpH1 plazmīda izraisa lielākoties akūtas infekcijas (Angelakis et al., 2013).
- ▶ Pilnīgāki dati par plazmīdu genotipiem varētu ļaut labāk novērtēt risku dzīvnieku un cilvēku veselībai
- ▶ Pašreizējie rezultāti liek domāt, ka Latvijas piena lopu ganāmpulkos galvenokārt cirkulē viens genotips - iespējama horizontāla pārnese starp ganāmpulkiem?

# Izmantotā literatūra

- ▶ Angelakis E., Million M., D'Amato F., Rouli L., Richet H., Stein A., Rolain J.M., Raoult D., 2013. Q fever and pregnancy: disease, prevention, and strain specificity. *European Society of Clinical Microbiology*, 32(3): 361-368.
- ▶ Beare P.A., Samuel J.E., Howe D., Virtaneva K., Porcella S.F., Heinzen R.A., 2006. Genetic Diversity of the Q Fever Agent, *Coxiella burnetii*, Assessed by Microarray-Based Whole-Genome Comparisons. *Journal of bacteriology*, 188(7): 2309–2324.
- ▶ Glazunova O., Roux V., Freylikman O., Sekeyova Z., Fournous G., Tyczka J., Tokarevich N., Kovacova E., Marrie T.J., Raoult D., 2005. *Coxiella burnetii* genotyping. *Emerging infectious diseases*, 11(8): 1211-1217.
- ▶ Gyuranecz, M., Sulyok, K. M., Balla, E., Mag, T., Balazs, A., Simor, Z., ... & Pearson, T. (2014). Q fever epidemic in Hungary, April to July 2013. *Eurosurveillance*, 19(30), 20863.
- ▶ Jäger C., Lautenschläger S., Willems H., Baljer G., 2002. *Coxiella burnetii* plasmid types QpDG and QpH1 are closely related and likely identical. *Veterinary microbiology*, 89(2-3): 161-166.
- ▶ Mediannikov O., Fenollar F., Socolovschi C., Diatta G., Bassene H., Molez J.F., Sokhna C., Trape J.F., Raoult D., 2010. *Coxiella burnetii* in humans and ticks in rural Senegal. *PLoS neglected tropical diseases*, 4(4): e654.
- ▶ Mioni M.S.R., Sidi-Boumedine K., Morales Dalanezi F., Fernandes Joaquim S., Denadai R., Reis Teixeira W.S., Bahia Labruna M., Megid J., 2019. New genotypes of *Coxiella burnetii* circulating in Brazil and Argentina. *Pathogens*, 9(1): E30.
- ▶ Rahal M., Tahir D., Eldin C., Bitam I., Raoult D., Parola P., 2018. Genotyping of *Coxiella Burnetii* detected in placental tissues from aborted dairy cattle in the north of Algeria. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 57: 50-54.
- ▶ Shpynov S.N., Tarasevich I.V., Skiba A.A., Pozdnichenko N.N., Gumenuk A.S., 2018. Comparison of genomes of *Coxiella burnetii* strains using formal order analysis. *New microbes and new infections*. 23: 86-92.
- ▶ Sulyok, K. M., Kreizinger, Z., Hornstra, H. M., Pearson, T., Szigeti, A., Dán, Á., ... & Gyuranecz, M. (2014). Genotyping of *Coxiella burnetii* from domestic ruminants and human in Hungary: indication of various genotypes. *BMC veterinary research*, 10(1), 107.
- ▶ Tilburg J.J.H.C., Roest H.I.J., Buffet S., Nabuurs-Franssen M.H., Horrevorts A.M., Raoult D., Klaassen C.H.W., 2012. Epidemic genotype of *Coxiella burnetii* among goats, sheep and humans, the Netherlands. *Emerging Infectious Diseases*, 18: 887-889.

**Paldies par uzmanību!**

