

Birus patogeno berrien detekzio genetikoa

Miren Basaras / Elixabete Arrese

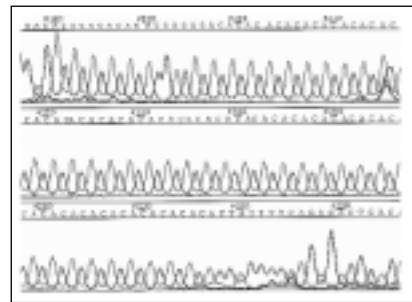
Noizean behin odol-transfusioaren bat jasateko arriskua denok dugu. Beti espero duguna odol hori "garbia" izatea, hots, mikroorganismorik gabekoa izatea da. Azken urte hauetan gero eta mikroorganismo berri gehiago identifikatzen ari dira eta hauetariko batzuk odolari esker nahiko erraz garraiatzen direla ikusi izan da. Hauetan badaude hepatitisak sortarazten dituzten batzuk, hala nola C hepatitisaren birusa (CHB), G hepatitisaren birusa (GHB) eta oraintsu aurkitu berri den TTV edo "Transfusion-Transmitted virus" izenekoak, birus hauek gizakiarentzat kaltegarriak edo patogenoak direlarik.

ten da, ospitale barnean hartu baitute infekzioa eta gainera bide berdinetik. Bestetik, posible da sexu bidez transmitzea eta amak bere umeari transmitzea ere (transmisio bertikal deiturikoa). Transmisio mekanismoa zein den ezagutzea, hortaz, oso garrantzitsua da, bide hori lehenbailehen mozteko edo deuseztatze-ko.

Detekzio-metodoei buruz, CHBren kasuan, bere identifikazioa proba serologikoak eginez gauza daiteke, hau da, antigorputzak agertzen diren edo ez determinaturik; baina informazio honek ez digu birus horren egoera zein den, modu aktiboan erreplikatzeko dagoenentz, guztiz adierazten. Aipaturiko beste bi birusen kasuan, aldiz, gaur egun ez dago proba serologikorik edota dagoen bakarra (GHBren kasuan) ez da erabat fidagarria. Beraz, derrigorrezkoa da birus hauek identifikatzeko metodo arinak eta eraginkorrak bilatzea. Gaur egun biderik azkarrena genoma bera detektatzeko duten metodoak dira. Horretarako, polimerasaren erreazio kateatua (PCR) teknikaren bidez amplifikatu egiten da genomaren zati bat eta, ondoren, zati horren nukleotidoen sekuentzia ikus daiteke sekuentziadore automatikoa erabiliz.

Sekuentziadoreak baimentzen digu genoma bera irakurtzea eta birus bakoitzean agertzen diren genotipoak aztertzea. Era berean, sekuentziazioak genomaren dauden aldaketak edo mutazioak detektatzeko uzten digu. Horrela, aipaturiko birusak pazientearen barnean daudenean mutatzeko edo aldatzeko diren ikus daitezke edota paziente batetik bestera dagoen aldakortasuna neurtu. Aldaketa hauek gaixoen barneko birusen arteko distantzia genetiko deiturikoa ematen dute. Ordenagailu-programak erabilita distantzia genetiko hauek eratzeko dituzten zuhaitz genetikoak eraiki daitezke eta, horrela, gaixoz gaixo beha daitezke birusen arteko berdintasuna zein den. Gaixo bi zuhaitz

genetikoan zenbat eta hurbilago egon, hainbat eta berdintsuagoak izango dira beren barnean dauden birusak eta honek ondoriozta dezakeena hau da: transmisio-ko edo kutsatzeko bidea berdina izan ote den, adibidez infekzio nosokomiala aparatuan baten bidez izan den edo anestesia emateko gaixotan xiringa bera erabili den, eta abar.



Sekuentziazioz lortzen den nukleotidoen sekuentzia adierazten da grafiko honetan.

Gure lan-taldearen asmoa, beraz, CHB, GHB eta TTV birusen identifikazio-metodo arinak garatzea da eta zenbait populazio-talde aztertzea (odol-emaiak, benabarnetiko drogazaleak, hemodializatuak, hepatitisaren dutenak). Gure lurraldeko talde hauetan aipaturiko hiru birusen prebalentzia-tasak zehaztu eta beren genotipoak determinatu ondoren, birusen aldakortasun genetikoak detektatzeko dugu gaixoz gaixo. Gure lurraldean eta nazioarteko beste zenbait lekutako emaitzak konparatuz gero, genotipo desberdina dagoela determinatu daiteke geografikoki eta, askoz garrantzitsuagoa, klinikoki, genotipo eta klinikaren arteko loturaren bat bilatu ahal izateko. Horiekin guztiekin lortu nahi dena hau da: birusen kutsapen edo transmisio bideak zeintzuk diren ikustea eta infekzio nosokomiala ote dagoen baieztatzea. Informazio hau ospitaletako sendagile eta agintarientzat baliagarria izango da behar diren prebentzio-neurriak hartu ahal izateko eta kutsatzeko bide horiek ezabatzeke. **□**

Proiektuaren izenburua:
CHB, GHB eta TTV birusen detekzioa, analisi genetikoak eta aldakortasuna zenbait arrisku-taldetan.

Helburuak:
Aipaturiko birusak detektatzeko metodo genetiko arinak eta eraginkorrak garatzea eta beren genoma analizatu ondoren aldakortasun-mailak kalkulatzeko. Zuhaitz genetikoak eraiki ondoren hauek erlazionatzea: birusaren aldakortasun-maila eta genotipoa, gaixoen egoera eta parametro klinikoak, eta infekzioaren transmisio edo kutsapen bidea.

Finantziazioa:
EHU.

Zuzendariak:
Ramón Cisterna eta Miren Basaras.

Ikerketa-taldea:
Elixabete Arrese, Bihotz Fernández, Benito de las Heras*.

Departamentuak:
Immunologia, Mikrobiologia eta Parasitologia Saila, Medikuntza Saila*.

Fakultatea:
Medikuntza Fakultatea, Leioa.

Bestetik, birus hauek odol-transfusioz gain beste era batzuetan ere sar daitezke gizakiaren barnera eta gizakiz gizaki transmititu, bide parenteralarekin zerikusia duten bideei jarraituz: xiringa konpartituak, dialisiak egitean erabiltzen diren aparatua komunak, kirurgiako tresneria, eta abar. Hauetariko bide batzuk, beraz, ospitale barnean egon daitezkeenak dira eta horrela kutsatzen den jendeak infekzio nosokomialak harrapatzen dituztela esa-