

ხატიაშვილი ხ., ნაფეტვარიძე ე., ტავლალაშვილი ნ., კვიციანი მ., გეგეშიძე თ.

C ჰეპატიტის ვირუსის გენოტიპების ვარიანტების გავრცელება საქართველოში თანამედროვე ეტაპზე

თსსუ, ინფექციური სნეულებების დეპარტამენტი

C ჰეპატიტი მსოფლიოში გავრცელებული დაავადებაა. მის აქტუალობაზე მიუთითებს ჯანმრთელობის დაცვის მსოფლიო ორგანიზაციის მონაცემები, რომლის მიხედვით 71 მილიონ ადამიანს აქვს ამ დაავადების ქრონიკული ფორმა (5). მათი მნიშვნელოვანი რაოდენობა არის ღვიძლის ციროზის და ჰეპატოცელულარული კარცინომის განვითარების რისკის ქვეშ. ამასთან, ყოველწლიურად 400000-მდე ადამიანი კვდება აღნიშნული გართულებებით (2,3,4). პრობლემას ამწვავებს ისიც, რომ ჯერჯერობით არ არსებობს C ჰეპატიტის საწინააღმდეგო ვაქცინა. თუმცა, თანამედროვე ანტივირუსული პრეპარატების გამოყენებამ მკვეთრად შეცვალა დაავადების პროგნოზი და დღეს დაავადებულთა თითქმის 95%- ის განკურნებაა შესაძლებელი.

ცნობილია C ვირუსის 6 ძირითადი გენოტიპი (2), მათგან საქართველოში გავრცელებულია 1, 2, 3, (იშვიათია 4) გენოტიპები (1,3). დღეს უკვე მრავალი ანტივირუსული პრეპარატი არსებობს და მკურნალობის სქემის შერჩევა ვირუსის გენოტიპზეა დამოკიდებული. ამ მიმართულებით საქართველოში 2000-2003 წლებში ჩატარებული კვლევებით 1 გენოტიპი აღინიშნებოდა 62% შემთხვევაში, 2 და 4 გენოტიპი, შესაბამისად, 10,2% და 27,8% (1). როგორც ცნობილია, 2015 წლის მაისიდან საქართველოში C ჰეპატიტის ელიმინაციის უპრეცედენტო პროექტი დაიწყო, რომელიც ამერიკული კომპანია „G I I e a d“-ის და საქართველოს მთავრობის მხარდაჭერით ხორციელდება. პროექტი მოიცავს C ვირუსით ინფიცირებულების გამოვლენას, დაავადებულთა მკურნალობას და დაავადების პრევენციას.

აღნიშნულიდან გამომდინარე, აქტუალური იყო შეგვესწავლა, გაცილებით დიდ მასალაზე, მოხდა თუ არა დღეს C ვირუსის გენოტიპების გავრცელების სპექტრის ცვლილება საქართველოში. მიზნის მისაღწევად შევისწავლეთ STOP-C სახელმწიფო პროგრამაში დარეგისტრირებული 749 პაციენტი, რომელთაგან ქალი იყო 141 (18,8%), ხოლო მამაკაცი - 608 (81,2%). გენოტიპების კვლევამ აჩვენა, რომ 1 გენოტიპი გამოვლინდა - 166 შემთხვევაში (22,2%) და 3 გენოტიპი - 263 შემთხვევაში (35,1%) შემთხვევაში. როგორც მონაცემებიდან ჩანს, პაციენტთა უმრავლესობა 1 გენოტიპითაა ინფიცირებული (4,2), თუმცა ეს მაჩვენებელი ნაკლებია 2000-2003 წლებში შესწავლილი მასალის მაჩვენებელთან შედარებით. სქესის მიხედვით გენოტიპური სპექტრი შემდეგნაირად გადანაწილდა: ქალებში 1 გენოტიპი გამოვლინდა 96 შემთხვევაში (68%), 2 გენოტიპი - 20 შემთხვევაში (14,2%), 3 გენოტიპი 25 შემთხვევაში (17,8%). მამაკაცებში 1 გენოტიპი გამოვლინდა 224 შემთხვევაში (36,8%), 2 გენოტიპი - 146 შემთხვევაში (24%), 3 გენოტიპი - 238 შემთხვევაში (39,2%). როგორც ჩანს, ქალებში 1 გენოტიპი დომინირებს (68%) და ბევრად მაღალია მაჩვენებელი 2 და 3 გენოტიპთან შედარებით. ხოლო მამაკაცებში 1 და 3 გენოტიპი თითქმის თანაბარი სიხშირით შეგვხვდა (შესაბამისად, 39,2% და 36,8%).

ამრიგად, HCV გენოტიპების შესწავლამ თანამედროვე ეტაპზე აჩვენა ისევ 1 გენოტიპის უპირატესი სიხშირე საქართველოში, თუმცა სხვაობა 1 და 3 გენოტიპს შორის შედარებით შემცირდა. აღნიშნული მნიშვნელოვანია დღეს არსებული DAA მკურნალობის სქემების შერჩევისთვის და გამოსავალის პროგნოზირებისთვის.

ლიტერატურა:

1. Butsashvili M, Kasradze A, Kuchuxidze G, Gamkrelidze A, Alkhazashvili M, Salyver S, Zakhshvili K, Chanturia G, Blanton C, Drobeniuc J, Russel S – prevalence and genotype distribution of hepatitis C virus in Georgia :A 2015 Nationwide population-based survey. JOURNAL OF HEPATOLOGY-2017.

2. Lauer GM, Walker BD. Hepatitis C virus infection. The new England journal of medicine. 2001;345(1):41-52

3. Sharvadze L, Nelson RE, Imnadze P, Kacharava M, Tsercvadze T. -Prevalence of HCV and genotypes distribution in general population of Georgia- Georgian medical news - 2008 dec;(165):71-7

4. Wise M, Bialek S, Finelli L - Changing trends in hepatitis related mortality the United States, 1995-2004. Hepatology 2008, 47.P.1128-1135.

5. World health organization. Hepatitis C fact sheet 2013 (CITED 2013; available from: <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs164/en/>

**Khatiashvili Kh., Napetvaridze E., Tavlalashvili N., Kvitashvili M., Gegeshidze T.
NEW FINDINGS IN HEPATITIS C VIRUS GENOTYPE DISTRIBUTION IN GEORGIA
DEPARTMENT OF INFECTIOUS DISEASES, TBILISI STATE MEDICAL UNIVERSITY**

Abstract

Hepatitis C is a widespread disease worldwide, which has very severe prognosis. Treatment with modern antiviral therapeutic drugs has dramatically changed prognosis of treatment result and outcome, and nowadays it is possible to cure approximately 95% of all patients. HCV genotypes 1, 2, 3, (genotype 4 is less common) are most prevalent in Georgia. Determination of the genotypes is clinically important in order to determine the therapeutic scheme. For that reason 749 patients registered in the STOP-C national program have been studied. Among them 141 (18,8%) were women, 608 (81,2%) men. Genotype study has revealed that genotype 1 was the most prevalent and comprised 320 (42,7%) cases, next most prevalent was genotype 3 in 263 (35,1%) cases, genotype 2 was responsible for 166 (22,2%) cases. As the data indicate the vast majority of all patients were infected with genotype 1 (42,7%). However this proportion is less in comparison with the data received from the similar studies conducted in previous years (2000-2003 years). According to gender distribution of HCV genotype prevalence genotype 1 was dominant in women (68%) far exceeding genotype 2 and 3 prevalence. In men oppositely prevalence of genotypes 1 and 3 is almost the same (39,2% and 36,8% respectively). In conclusion, studying and analysing of

HCV genotyping has revealed that genotype 1 is still most prevalent in Georgia, however the difference between genotype 1 and 3 is relatively reduced. These results are important to consider during selection of the DAA-based treatment scheme and for prognosis of treatment outcome.