

**МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ**  
**БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ**  
**БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ**  
**Кафедра микробиологии**

ЛЕМЕШ

Илья Александрович

**ЛАБОРАТОРНАЯ ДИАГНОСТИКА И ГЕНОТИПИРОВАНИЕ**  
**ЭПИДЕМИЧЕСКОГО ПАРОТИТА**

Аннотация к дипломной работе

Научный руководитель:  
кандидат биологических наук,  
Семейко Г.В.

Минск, 2019

## АННОТАЦИЯ

Дипломная работа 37 страниц, 8 рисунков, 3 таблицы, 27 источников.

Цель данной работы - провести лабораторную диагностику случаев, подозрительных на эпидпаротит, выявленных в 2016-2019 гг., а также провести генотипирование вирусов выявленных у пациентов в этот период и из коллекции лаборатории (за предыдущие годы, т.е. с 2013 года).

Ключевыми методическими подходами являлись метод твердофазного непрямого ИФА, метод гнездовой ОТ-ПЦР со специфическими праймерами к SH-гену вируса, а также секвенирование по Сенгеру.

Выравнивание нуклеотидных последовательностей производили с использованием программ: SeqScape 2.0 и BioEdit Sequence Alignment Editor v.7.0.9.0. Генотипирование вирусов паротита выполняли на основании анализа филогенетических взаимоотношений с референс-штаммами с помощью программы MEGA версии 6.

Основными результатами выполненной работы являются:

1. Исследовано 360 случаев подозрительных на паротит, из которых 12 оказались положительными.
2. Были секвенированы вирусы от 6 пациентов, в результате чего были получены фрагменты SH области генома вируса с необходимой длиной в 316 нуклеотидов.
3. Был произведен филогенетический анализ и установлены генотипы и происхождение для секвенированных вирусов.

**МІНІСТЭРСТВА АДУКАЦЫІ РЭСПУБЛІКІ БЕЛАРУСЬ**  
**БЕЛАРУСКІ ДЗЯРЖАЎНЫ ЎНІВЕРСІТЭТ**  
**БІЯЛАГІЧНЫ ФАКУЛЬТЭТ**

**Кафедра мікрабіялогіі**

**ЛЕМЕШ**

**Ілья Аляксандравіч**

**ЛАБАРАТОРНАЯ ДЫЯГНОСТЫКА І ГЕНАТЫПРАВАННЕ**  
**ЭПІДЭМІЧНАГА ПАРАТЫТУ**

**Анатацыя да дыпломнай работы**

Навуковы кіраўнік:  
кандыдат біялагічных навук,  
Семейка Г.В.

Мінск, 2019

## АНАТАЦЫЯ

Дыпломная праца 37 старонак, 8 малюнкаў, 3 табліцы, 27 крыніц.

Мэта дадзенай працы - правесці лабараторную дыягностыку выпадкаў, падазроных на эпідпаратыт, выяўленых у 2016-2019 гг., а таксама правесці генатыпіраванне вірусаў выяўленых у пацыентаў у гэты перыяд і з калекцыі лабараторыі (за папярэднія гады, г.зн. з 2013 года).

Ключавымі метадычнымі падыходамі з'яўляліся метады шчыльнафазнага непрамога ІФА, метады гнездавой АТ-ПЛР са спецыфічнымі праймерамі да SH-гена віруса, а таксама секвеніраванне па Сэнгеру.

Выраўноўванне нуклеатыдных паслядоўнасцяў ажыццяўлялі з выкарыстаннем праграм: SeqScape 2.0 і BioEdit Sequence Alignment Editor v.7.0.9.0. Генатыпіраванне вірусаў паратыту выконвалі на падставе аналізу філагенетычных ўзаемаадносін з референс-штамамі з дапамогай праграмы MEGA версіі 6.

Асноўнымі вынікамі выкананай працы з'яўляюцца:

1. Даследавана 360 выпадкаў падазроных на паратыт, з якіх 12 апынуліся станоўчымі.
2. Былі секвеніраваны вірусы ад 6 пацыентаў, у выніку чаго былі атрыманыя фрагменты SH вобласці геному віруса з неабходнай даўжынёю - 316 нуклеатаў.
3. Быў зроблены філагенетычны аналіз і ўстаноўлены генатыпы і паходжанне для секвеніраваных вірусаў.

**THE MINISTRY OF EDUCATION OF THE REPUBLIC OF BELARUS  
BELARUSIAN STATE UNIVERSITY  
BIOLOGICAL FACULTY**

**LEMESH**

Ilya Alexandrovich

**LABORATORY DIAGNOSTICS AND GENOTYPING OF MUMPS**

Annotation for the diploma work

Scientific supervisor:  
Candidate of Biological Sciences,  
Semeiko G.V.

Minsk, 2019

## **ABSTRACT**

Diploma paper. 37 pages, 8 illustrations, 3 tables, 27 sources.

The purpose of this work is to conduct laboratory diagnostics of cases suspected of mumps, detected in 2016-2019, and also to carry out genotyping of viruses identified from patients during this period and from the collection of the laboratory (for previous years, that is, since 2013).

The key methodological approaches were the method of solid-phase indirect ELISA, the method of nested RT-PCR with specific primers to the SH-gene of the virus, and also sequencing by Sanger.

Alignment of nucleotide sequences was performed using the programs: SeqScape 2.0 and BioEdit Sequence Alignment Editor v.7.0.9.0. Mumps virus genotyping was performed based on the analysis of phylogenetic relationships with the reference strains using the MEGA version 6 program.

The main results of the work performed are:

1. Among 360 investigated cases of suspicious mumps, 12 were positive.
2. Viruses from 6 patients were sequenced. As a result, fragments of the SH region of the virus genome with the required length of 316 nucleotides were obtained.
3. Phylogenetic analysis was carried out, and genotypes and origins were determined for sequenced viruses.