МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ

БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ

Кафедра микробиологии

ЛАРЮТИНА

Евгения Александровна

СЕРОЛОГИЧЕСКАЯ И МОЛЕКУЛЯРНО-БИОЛОГИЧЕСКАЯ ДИАГНОСТИКА ВИРУСА ГЕПАТИТА В

Аннотация

к дипломной работе

Научный руководитель:
Заведующий лабораторией
диагностики ВИЧ и сопутствующих
инфекций ГУ РНПЦ «Эпидемиологии
и микробиологии»,
доктор медицинских наук,
Е.В.Фёдорович

Минск, 2014

АННОТАЦИЯ

В настоящее время установлено, что эффективность лечения связана с генотипом вируса гепатита В. В связи с этим, своевременное определение генотипа вируса, а также мутаций резистентности в геноме ВГВ является основой качественного лечения пациентов с хроническим гепатитом.

В результате исследования, в 8 образцах были обнаружены мутации по HBsAg, которые приводят к модификациям HBsAg, снижающим уровень детекции этого антигена в диагностических тестах (мутации P127T, P127N, P120T, P120PS, A128V). В 2 образцах были выявлены мутации, обуславливающие резистентность к препаратам, используемым при лечении хронического гепатита (мутации 80I, 173L, 180M, 204V). По результатам филогенетического анализа исследуемых образцов были установлены генотипы A и D. В исследуемой группе образцов доминирующим оказался D3 подтип. Был обнаружен 1 образец принадлежащий C2 подтипу, характерный для стран Юго-Восточной Азии, что свидетельствует о необходимости контроля заноса вируса из-за пределов страны и совершенствования профилактических мероприятий.

ANNOTATION

At the present time it is established that the efficiency of treatment is associated with genotype of the virus of hepatitis B. In this regard, timely identification of genotype of the virus, and drug-resistance mutation in the HBV genome is the basis of high-quality treatment of patients with chronic hepatitis.

In the result of the study, in 8 samples HBsAg mutations were found, which lead to HBsAg modifications reducing the level of detection of antigen in the diagnostic tests (mutations P127T, P127N, P120T, P120PS, A128V). In two samples mutations were identified which cause resistance to drugs used in the treatment of chronic hepatitis (mutations 80I; 173L, 180M, 204V). According to the results of phylogenetic analysis of the samples genotypes A and D were diagnosed. D3 subtype turned out to be a dominant one in the study group of samples. One sample was discovered belonging to C2 subtype, which is typical for South-East Asia and indicates the control of insertion of the virus from outside the country and improvement of preventive measures.