

БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ  
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ  
Кафедра молекулярной биологии

Аннотация к дипломной работе

БУНАС  
Анастасия Сергеевна

**ОПРЕДЕЛЕНИЕ ГЕНОТИПОВ И ВЫЯВЛЕНИЕ МУТАЦИЙ В  
ОБЛАСТЯХ S И P ГЕНОМА ВИРУСА ГЕПАТИТА В (HBV)**

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

Минск, 2017

## РЕФЕРАТ

Дипломная работа – 58 с., 10 рис., 9 табл., 1 прил., 46 источников.

**Ключевые слова:** ВГВ, молекулярно-генетическая характеристика, генотипы, субтипы, escape-мутации, мутации резистентности, ИФА HBsAg, количественная ПЦР, генотипирование.

**Объект исследования:** образцы сывороток и плазмы крови.

**Цель работы:** определить генотипы ВГВ, выявить мутации в геноме вируса и оценить их значение для терапии.

**Методы исследования:** серологические (ИФА), молекулярно-биологические (выделение ДНК методом магнитного разделения, выделение ДНК методом органической экстракции, ПЦР, количественная ПЦР, секвенирующая ПЦР, электрофорез, очистка ДНК методом адсорбции на силикагелевой мембране, очистка ДНК ацетатом натрия, секвенирование по Сэнгеру).

В результате проделанной работы было установлено, что:

1. Превалирующим генотипом является D/D2 – 42%.
2. Генотип A/A2 по частоте распространения приближается к D2 (30%).
3. Функции большинства мутаций S и P областей генома ВГВ на данный момент неизвестны.
4. Среди мутаций обратной транскриптазы с известными функциями наиболее часто встречается мутация H126R – предположительно резистентности к лекарственным препаратам (обнаружена в 14 образцах).
5. Среди мутаций HBsAg с известными функциями чаще всего была обнаружена мутация P127T, снижающая уровень детекции поверхностного антигена (найдена в 15 образцах).

## РЭФЕРАТ

Дыпломная праца – 58 с., 10 мал., 9 табл., 1 дад., 46 крыніц.

**Ключавыя словы:** ВГВ, малекулярна-генетычная характарыстыка, генатыпы, субтыпы, escape-мутацыі, мутацыі рэзістэнтнасці, ІФА HBsAg, колькасная палімеразная ланцуговая рэакцыя (ПЛР), генатыпаванне.

**Аб’ект даследавання:** узоры сывороткі і плазмы крыві.

**Мэта работы:** вызначыць генатыпы ВГВ, выявіць мутацыі ў геноме віруса і ацаніць іх значэнне для тэрапіі.

**Метады даследавання:** сералагічныя (ІФА), малекулярна-біялагічныя (выдзяленне ДНК метадам магнітнага падзелу, выдзяленне ДНК метадам арганічнай экстракцыі, ПЛР, колькасная ПЛР, секв-ПЛР, электрофарэз, ачыстка ДНК метадам адсорбцыі на сілікагелевай мембране, ачыстка ДНК ацэтатам натрыю, секвеніраванне па Сэнгеру).

У выніку праведзенай працы было вызначана, што:

1. Дамінуючым генатыпам з’яўляецца D/D2 – 42%.
2. Генатып A/A2 по чашчыні распаўсюджвання набліжаецца да D2 (30%).
3. Функцыі большасці мутацый S і P абласцей геному ВГВ на дадзены момант невядомыя.
4. Сярод мутацый зваротнай транскрыптазы з вызначанымі функцыямі часцей за іншыя сустракаецца мутацыя H126R – як мяркуецца, яна адказвае за ўстойлівасць да лекавых прэпаратаў (знойдзена ў 14 узорах).
5. Сярод мутацый HBsAg з вызначанымі функцыямі часцей за ўсё была выяўлена мутацыя P127T, якая зніжае ўзровень дэтэкцыі паверхневага антыгена (знойдзена ў 15 узорах).

## ABSTRACT

Diploma – thesis 58 p., 10 Fig., 9 Tables, 1 Appendix, 46 references.

**Keywords:** HBV, molecular genetic characteristic, genotypes, subtypes, escape mutations, resistance mutation, HBsAg ELISA, quantitative PCR, genotyping.

**Object of study:** serum and plasma samples.

**Research objects** was to identify HBV genotypes and mutations in the viral genome and to assess their significance for therapy.

**Methods:** serological (ELISA), molecular biology methods (DNA extraction by magnetic beads method, DNA extraction by salting out method, PCR, quantitative PCR, PCR for Sanger sequencing, electrophoresis, DNA purification by adsorption to silica gel membranes, DNA purification by Sodium Acetate precipitation, Sanger sequencing).

The main results of this study are:

1. The prevailing genotype is D / D2 - 42%.
2. The genotype A / A2 (30%) approaches D/D2 genotype by frequency of propagation.
3. Functions of most mutations of S and P-regions of HBV are currently unknown.
4. Putative resistance mutation H126R is the most common among mutations of reverse transcriptase with known functions (found in 14 samples).
5. A P127T mutation, which reduces the level of detection of the surface antigen, is the most often detected mutation of HBsAg with known functions, founded in 15 samples.