

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

РОМАНЧУК
Вера Андреевна

**ГЕПАТИТ С: ЭТИОЛОГИЯ, ЭПИДЕМИОЛОГИЯ, ЛАБОРАТОРНАЯ
ДИАГНОСТИКА, ГЕНОТИПИРОВАНИЕ**

Дипломная работа

Научный руководитель:
доктор медицинских наук,
профессор В.Ф. Ерёмин

Минск, 2018

АННОТАЦИЯ

Объект исследования: вирус гепатита С, выделенный из образцов плазмы крови ВГС-инфицированных пациентов.

Цель исследования: получение нуклеотидных последовательностей, генотипирование и филогенетический анализ вируса гепатита С.

В результате проведённого исследования в 20 образцах сыворотки/плазмы крови пациентов были определены иммуноглобулины классов G и M к вирусу гепатита С, а также вирусная нагрузка - количество копий РНК ВГС в 1 мл плазмы крови методом полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией в режиме реального времени.

Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей по участку core/E1 генома ВГС показал, что у 13 обследованных пациентов был выявлен подгенотип 1b (65 %) ВГС, у 5 обследованных □ подгенотип 3a (25 %) и только у одного пациента был выявлен подгенотип 4d (5 %). Кроме того, у одного пациента была выявлена рекомбинантная форма ВГС □ 2k/1b (5 %). Также было установлено, что филогенетических связей между образцами не существуют. Пациенты были инфицированы ВГС из разных источников.

Таким образом, в ходе исследования было установлено, что доминирующими являются 1b и 3a подгенотипы ВГС. В целом в Республике Беларусь на данные подгенотипы приходится более 60 % и около 30 % соответственно всех случаев заболеваемости ВГС.

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

РАМАНЧУК
Вера Андрэеўна

**ГЕПАТЫТ С: ЭТЫЯЛОГІЯ, ЭПІДЭМІЯЛОГІЯ, ЛАБАРАТОРНАЯ
ДЫЯГНОСТЫКА, ГЕНАТЫПІРАВАННЕ**

Дыпломная праца

Навуковы кіраўнік:
доктар медыцынскіх навук,
прафесар В.Ф. Яромін

Мінск, 2018

АНАТАЦЫЯ

Аб'ект даследавання: вірус гепатыту С, вылучаны з узораў плазмы крыві ВГС-інфіцыраваных пацыентаў.

Мэта даследавання: атрыманне нуклеатыдных паслядоўнасцяў, генатыпіраванне і філагенетычны аналіз віруса гепатыту С.

У выніку праведзенага даследавання ў 20 узорах сывараткі/плазмы крыві пацыентаў былі вызначаны імунаглабуліны класаў G і M да віруса гепатыту С, а таксама вірусная нагрузка □ колькасць копій РНК ВГС у 1 мл плазмы крыві метадам палімеразнай ланцуговай рэакцыі з зваротнай транскрыпцыяй у рэжыме рэальнага часу.

Філагенетычны аналіз нуклеатыдных паслядоўнасцяў па ўчастку core/E1 геному ВГС паказаў, што ў 13 абследаваных пацыентаў быў выяўлены падгенатып 1b (65 %) ВГС, у 5 абследаваных □ падгенатып 3a (25 %) і толькі ў аднаго пацыента быў выяўлены падгенатып 4d (5 %). Акрамя таго, у аднаго пацыента была выяўлена рэкамбінантная форма ВГС □ 2k/1b (5 %). Таксама было ўстаноўлена, што філагенетычных сувязей паміж ўзорамі не існуе. Пацыенты былі інфіцыраваны ВГС з розных крыніц.

Такім чынам, у ходзе даследавання было ўстаноўлена, што дамінуючымі з'яўляюцца 1b і 3a падгенатыпы ВГС. У цэлым у Рэспубліцы Беларусь на дадзеныя падгенатыпы прыпадае больш за 60 % і каля 30 % адпаведна ўсіх выпадкаў захворвання ВГС.

MINISTRY OF EDUCATION OF THE REPUBLIC OF BELARUS
BELARUSIAN STATE UNIVERSITY
BIOLOGICAL FACULTY
Department of Microbiology

ROMANCHUK
Vera Andreevna

**HEPATITIS C: ETIOLOGY, EPIDEMIOLOGY, LABORATORY
DIAGNOSIS, GENOTYPING**

Graduate work

Scientific adviser:
doctor of medical sciences
professor V.F Eremin

Minsk, 2018

ANNOTATION

Object of the study: hepatitis C virus isolated from plasma samples of HCV-infected patients.

Research objective: to obtain nucleotide sequences, genotyping and phylogenetic analysis of the hepatitis C virus.

As a result of the study, immunoglobulins of classes G and M to hepatitis C virus were determined in 20 samples of blood serum/plasma of patients, as well as viral load □ the number of copies of HCV RNA in 1 ml of plasma by polymerase chain reaction with reverse transcription in real time

Phylogenetic analysis of nucleotide sequences in the core/E1 region of the HCV genome showed that 13 of the examined patients had a 1b (65 %) HCV subgenotype, 5 patients had a subgenotype of 3a (25 %), and only one patient had a 4d (5 %). In addition, recombinant form of HCV □ 2k/1b (5 %) was detected at one patient. It was also found that there are no phylogenetic connections between the samples. Patients were infected with HCV from different sources.

Thus the study found that 1b and 3a are the dominant HCV genotypes. In general, in the Republic of Belarus, these genotypes account for more than 60 % and about 30 % of all cases of HCV disease, respectively.