

Разработка мультиплексной ПЦР тест системы для диагностики генотипов вируса гепатита С / Development of a multiplex PCR test system for diagnostics of hepatitis C virus genotypes

Автор Ермолаев И.И./Autor Ermolaev I.I.

Научный руководитель Марданлы С.Г./ Supervisor Mardanly S.G.

АО «ЭКОлаб», г. Электрогорск, Россия/JSC «EKOlab», Elektrogorsk, Russia

Введение

Вирус гепатита С (HCV- Human C virus) является основной причиной хронических заболеваний печени во всем мире. Обладая высокой генетической изменчивостью генома, в настоящее время HCV подразделяют на 8 генотипов (ГТ) и несколько десятков субтипов. Соответственно, подтипирование является ключевой особенностью для лучшего понимания эпидемиологических и вирусологических особенностей HCV, а также важным инструментом для прогнозирования результатов лечения и контроля инфекции.

Цель

1. Изучение литературных данных об распространенности генотипов и субтипов HCV на территории Российской Федерации.
2. Разработка мультиплексной системы для диагностики генотипов HCV, встречающихся на территории Российской Федерации.

Материалы и методы

В качестве материала использованы 100 образцов сыворотки крови, проверенных на наличие HCV набором «Гепатит С» (АО «ЭКОлаб»). РНК выделена методом преципитации. Анализ нуклеотидных последовательностей проведен по базе данных GenBank. Выравнивание последовательностей характерных для генотипов 1, 2, 3 проведены с помощью программы Clustal Omega. В качестве региона для генотипирования выбраны гены NS2 и NS3, для качественного выявления РНК ВГС выбран регион 5'-UTR из-за его высокой степени консервативности. Подбор праймеров и зондов проведен с использованием Primer(NCBI). Далее с помощью набора для генотипирования Cobas HCV GT подготавливались образцы для дальнейшего определения ГТ разрабатываемой системой.

Библиография

1. Рубрикатор клинических рекомендаций (Хронический вирусный гепатит С) // 2023. Режим доступа: https://cr.minzdrav.gov.ru/schema/516_2%20 (15 Августа 2024).

Результаты

По результатам литературных данных в России преобладает генотип 1, в том числе его субтипы 1a и 1b, также циркулирует ГТ 3 выявлен у инфицированных пациентов и генотип 2 [1]. Генотипы 4 и 5, 6 встречаются крайне редко.

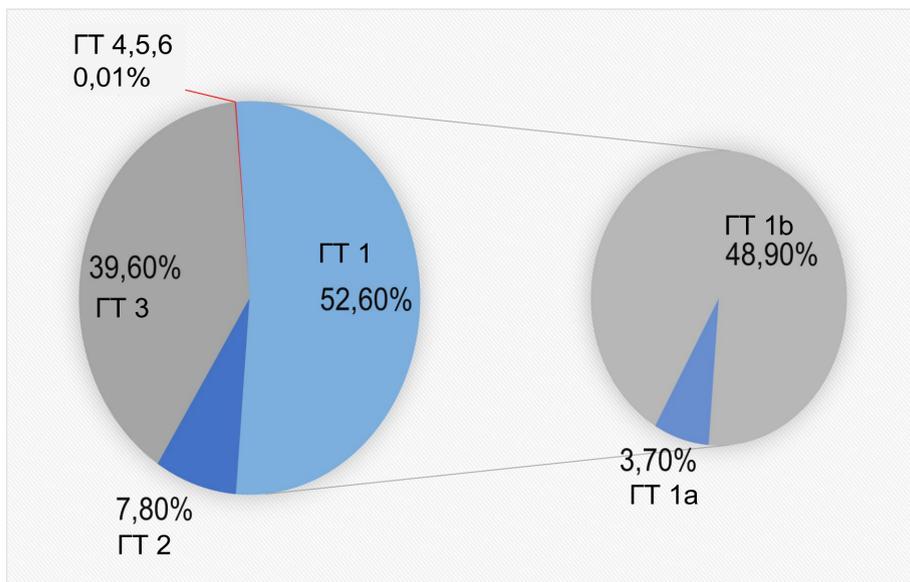


Рис. 1. Распространенность ГТ в России

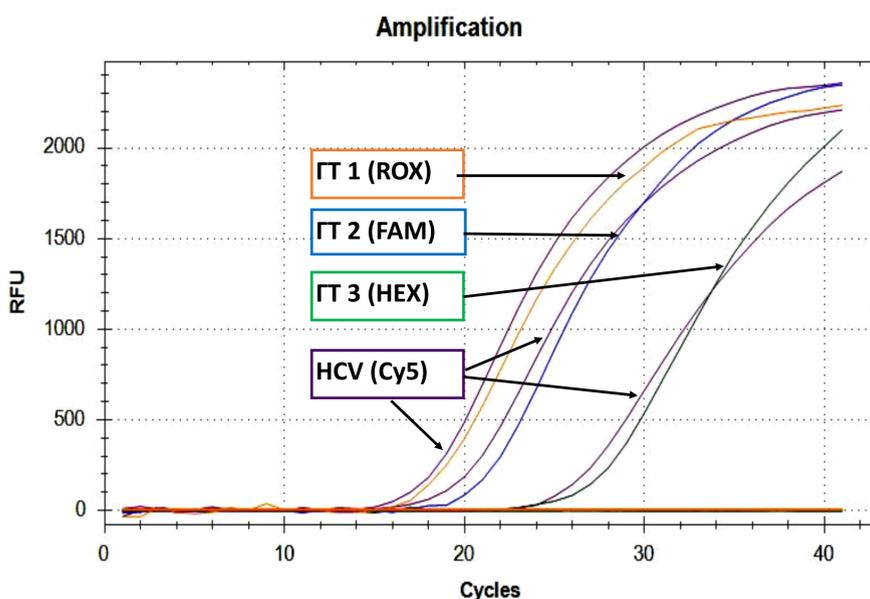


Рис. 2. Результаты генотипирования образцов

С помощью разрабатываемой системы было обнаружено 30 образцов с ГТ1, 60 образцов с ГТ3 и 10 образцов с ГТ2 и дало схожие результаты с набором Cobas HCV GT.

Выводы

Разрабатываемая мультиплексная ПЦР система проверенная на панели из 100 образцов, способна выявлять HCV, а также проводить его дифференцировку на ГТ1, ГТ 2 и ГТ 3.

