

**Выявление фенотипически значимых мутаций вируса гепатита В у условно здоровых добровольцев сероэпидемиологического исследования**

**Научный руководитель – Почтовый Андрей Андреевич**

***Панова Ольга Сергеевна***

*Студент (бакалавр)*

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра вирусологии, Москва, Россия

*E-mail: panovaolya691@gmail.com*

Вирус гепатита В (HBV) представляет собой глобальную проблему общественного здравоохранения. Несмотря на то, что эффективная и безопасная рекомбинантная вакцина доступна уже более 30 лет [1], по данным ВОЗ количество людей, инфицированных вирусом гепатита В, и количество смертей от него продолжает расти с каждым годом [2].

При этом лишь 27 миллионов человек (~10 % от всех инфицированных) знают о своем статусе [3], и по меньшей мере около 600 тысяч человек во всем мире ежегодно умирают от таких заболеваний как хронический гепатит В (СНВ), цирроз печени (LC) и гепатоцеллюлярная карцинома (НСС), ассоциированных с вирусом гепатита В. Известно, что многие вирусные факторы, такие как вирусная нагрузка, генотип и специфические вирусные мутации, влияют на прогрессирование заболевания [4].

Наличие замен, позволяющих некоторым вариантам вируса ускользать от вакцинации (штаммы ускользающие от вакцинации), а также мутаций, вызывающих устойчивость к лекарственным препаратам, является одним из ключевых факторов дальнейшего распространения данных мутантных форм. В настоящее время данные риски продолжают оставаться недостаточно исследованными [5].

В настоящем исследовании были проанализированы генетические последовательности вируса гепатита В, ранее полученные от добровольцев всероссийского серологического исследования, в котором принимали участие условно здоровые люди. Генетический материал вируса был выделен от 25 серопозитивных пациентов, проживающих на территории различных субъектов Российской Федерации: Москва, Санкт-Петербург, Новосибирск, Республика Дагестан и Республика Крым. Для определения генотипов HBV и лекарственной устойчивости использовали программы HBVdb и HBVseq [6][7].

В результате проведенного исследования было установлено, что проанализированные геномы относятся к двум основным генотипам, распространенным на территории Российской Федерации: генотипу D (23/25, 92 %) и генотипу A (2/25, 8 %). Среди данных генотипов только у одной последовательности была выявлена лекарственная устойчивость к препаратам Ламивудин, Энтекавир и Тенофовир; при этом Escape мутации позволяющие ускользать от вакцинации были выявлены в 9 случаях из 25 (36 %).

### **Источники и литература**

- 1) Huzair F, Sturdy S Biotechnology and the transformation of vaccine innovation: The case of the hepatitis B vaccines 1968–2000 // Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences, 2017. 64. С. 11–21
- 2) Graber-Stiehl I. The silent epidemic killing more people than HIV, malaria or TB // Nature. 2018. 564(7734). С. 24-26.
- 3) Всемирная Организация Здравоохранения (ВОЗ): <https://www.who.int/>

- 4) Sunbul M. Hepatitis B virus genotypes: Global distribution and clinical importance // World Journal of Gastroenterology 2014. 2018. С. 5427–5434.
- 5) Коноплева М.В., Борисова В.Н., Семененко Т.А., Крымский М.А., Соколова М.В., Суслов А.П. Проблемы современной стратегии вакцинации против гепатита В // Эпидемиология и Вакцинопрофилактика №4. 2017. 94. С. 58-64.
- 6) Kay, A. et al. HBVdb [U+202F]: a knowledge database for Hepatitis B Virus. 2013. 41, № November 2012. С. 566–570.
- 7) Rhee, S. et al. Hepatitis B virus reverse transcriptase sequence variant database for sequence analysis and mutation discovery // Antiviral Res. Elsevier B.V., 2010. 88. № 3. С. 269–275.