

Дрозд А. М.

ГЕНОТИПИРОВАНИЕ И ОПРЕДЕЛЕНИЕ МУТАЦИЙ РЕЗИСТЕНТНОСТИ ВИЧ-1

Научный руководитель д-р мед. наук, Ерёмин В. Ф.

Кафедра микробиологии, вирусологии, иммунологии

Белорусский государственный медицинский университет, г. Минск

Актуальность. Генотипирование и филогенетический анализ ВИЧ у ВИЧ-инфицированных пациентов позволяет определить направление заноса вируса, расследовать случаи умышленного инфицирования, а также инфицирования через кровь и её препараты, расшифровывать вспышки ВИЧ-инфекции. Определение первичных и приобретенных мутаций резистентности ВИЧ необходимо для своевременного назначения адекватных схем высокоактивной антиретровирусной терапии (ВААРТ).

Цель: определить подтипы ВИЧ, их филогенетическое родство между собой и с изолятами ВИЧ, циркулирующими в странах СНГ и в мире. Определить наличие/отсутствие мутаций резистентности в геноме исследуемых изолятов ВИЧ.

Материал и методы. Секвенирование по участку гена pol проводили на коммерческой тест-системе ViroSeq HIV-1 Genotyping System v.2.0, производства фирмы Abbott, США. ПЦР и последующее секвенирование по участкам генов gag и env проводили на тест-системах «Бел РНК/ДНК ВИЧ-1», производства РНПЦ эпидемиологии и микробиологии. Электрофоретическое разделение очищенных фрагментов ДНК ВИЧ-1 осуществляли на генетическом анализаторе ABI Prism 3100 Avant, США. Анализ полученных фрагментов проводили с использованием программ Sequencing Analysis v5.1.1., SeqScape v.2.6, BioEdit. Филогенетические деревья строили с применением программы MEGA4.1. Нуклеотидные дистанции рассчитывали по методу Кимуры. Мутации резистентности определяли с применением базы данных Стэнфордского Университета – HIVdb v6.0.1 и программ EUResist v1, Geno2pheno v3.0.

Результаты. Проведен филогенетический анализ шести изолятов ВИЧ, полученных от пяти первично-выявленных пациентов с ВИЧ-инфекцией и одного пациента, находящегося на ВААРТ. Установлены подтипы вирусов и их происхождение. По участку гена pol определено наличие мутаций резистентности к антиретровирусным препаратам в одном образце.

Выводы:

1. Все шесть исследуемых образцов принадлежат к группе М ВИЧ-1. Четыре изолята относились к подтипу A, и по одному – к подтипу G и рекомбинантной форме CRF03_AB.
2. Образцы ВИЧ, относящиеся к подтипу A, филогенетически близки к изолятам, циркулирующим на территории Беларуси. Изолят ВИЧ подтипа G является завозным случаем (Нигерия), а рекомбинантная форма CRF03_AB близка к изоляту из Калининградской области России.
3. Мутации резистентности к антиретровирусным препаратам выявлено в одном из шести исследованных образцов у пациента, находящегося на ВААРТ.