

РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ ГЕНОТИПОВ ГЕПАТИТА G (HGV) НА ТЕРРИТОРИИ РОССИИ И СТРАН СНГ

И.В. Карандашова, А.Д. Неверов, С.Г. Орлов, С.И. Браславская, В.П. Чуланов

ФГУН Центральный НИИ эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Введение

Вирусный гепатит G (HGV/GBV-C) – РНК-содержащий, лимфотропный вирус, относящийся к семейству *Flaviviridae*, к которому относится и вирус гепатита С (HCV). Инфицирование HGV происходит при непосредственном попадании вируса в кровь (при парентеральных вмешательствах или при гемотрансфузиях) или через слизистые оболочки, повреждения кожного покрова (при половых контактах, вертикальной передаче). HGV был впервые изолирован в 1995 году из крови пациента с хроническим гепатитом, у которого отсутствовали маркеры других вирусных гепатитов, в честь чего и был изначально отнесен к вирусам, вызывающим заболевания печени. Однако проведенные исследования пока не установили четкой взаимосвязи между этим вирусом и развитием гепатита. Не исключено, что лишь некоторые генетические варианты вируса обладают патогенными свойствами. На основе гомологии нуклеотидных последовательностей различают 5 генотипов вируса гепатита G, обозначаемых арабскими цифрами от 1 до 5. Генотип 1 доминирует в странах Западной Африки. На территории Европы и США превалирует генотип 2. Генотип 3 характерен для ряда азиатских и латиноамериканских стран, 4 - для стран Юго-Восточной Азии, генотип 5 – для жителей Южной Африки. О распространении генотипов HGV на территории России и сопредельных государств данные практически отсутствуют. Целью исследования явилось изучение генетического разнообразия изолятов вируса гепатита G на территории России и ряда стран СНГ.

Материалы и методы

Нами было исследовано 37 РНК HGV-положительных образцов плазмы крови, полученных от пациентов из Москвы (4 образца), Иркутска (5 образцов), Якутска (5 образцов), Кызыла (Республика Тыва, 4 образца), Ужгорода (Украина, 4 образца), из Киргизии (5 образцов), Таджикистана (6 образцов) и из Узбекистана (4 образца). Исследованные изоляты HGV были охарактеризованы с помощью прямого секвенирования фрагмента гена E2 длиной 630 нк. Филогенетический анализ проводили с использованием алгоритмов максимального правдоподобия и Neighbour-joining (NJ, мо-

дель K80) с помощью программ Phylip 3.65 и MEGA3. Оценку достоверности кластеризации для NJ алгоритма проводили с помощью bootstrap-анализа (1000 повторов).

Результаты

При филогенетическом анализе большинство отсеквенированных изолятов HGV из всех исследованных регионов относились к генотипу 2 HGV. Два из четырех изолятов из Республики Тыва и один из четырех изолятов из Узбекистана относились к генотипу 3 HGV. Никакой географической кластеризации этих изолятов не наблюдалось.

Выводы

При исследовании распространенности генотипов вируса гепатита G на территории России и ряда сопредельных государств было выявлено, что в большинстве исследуемых регионов встречается только 2 генотип HGV, который занимает доминирующее положение в Европе и США. В ряде исследованных регионов (Республика Тыва и Узбекистан) наряду со 2 генотипом встречается 3 генотип HGV, характерный для некоторых азиатских стран.