

**Молекулярно-генетическая характеристика циркулирующего в Беларуси  
вируса гепатита E**

**Научный руководитель – Амвросьева Тамара Васильевна**

***Колтунова Юлия Борисовна***

*Сотрудник*

Республиканский научно-практический центр эпидемиологии и микробиологии, Минск,  
Беларусь

*E-mail: koltunovayuliya@gmail.com*

По современным представлениям генотипическое разнообразие вируса гепатита E (ГЕ) представлено 8 генотипами, из которых 5 (GI, GII, GIII, GIV и GVII) могут быть возбудителями острого вирусного гепатита E (ВГЕ) у человека [1]. Согласно литературным данным в Европейских странах преимущественно циркулирует генотип GIII, в котором в настоящее время выделяют 10 субгенотипов (GIIIa - GIIIj) [2].

В Республике Беларусь системные исследования по молекулярной эпидемиологии ВГЕ только начинают разворачиваться, имеющиеся данные о генотипической структуре его возбудителя весьма ограничены.

Целью настоящей работы было изучение молекулярно-генетических характеристик вирусов ГЕ, циркулирующих на территории страны в 2018 - 2020 гг.

В рамках проведения молекулярно-эпидемиологического мониторинга за вирусным гепатитом E (ВГЕ) на территории Республики Беларусь был исследован биологический материал пациентов с инфекционными гепатитами неустановленной этиологии (n=212) и свиней (n=37), а также пробы пищевых продуктов, сточных вод, смывов с поверхностей объектов среды обитания человека (n=110).

РНК вируса ГЕ не была обнаружена ни в одной пробе биологического материала от домашних свиней, смывов с поверхностей ОСОЧ, пищевых продуктов и сточных вод. Частота ее выявления в пробах биологического материала от пациентов составила 3,8% (n=8). Все положительные пробы принадлежали реципиентам почечного аллографта, у которых в поздний посттрансплантационный период была зарегистрирована инфекция с выраженными признаками патологии печени на фоне отсутствия диагностически значимых маркеров вирусных гепатитов A, B и C.

Результаты проведенного далее секвенирования выявленных вирусов ГЕ позволили отнести их к генотипу GIII. Выполненный филогенетический анализ показал, что внутри данного генотипа исследуемые возбудители ВГЕ не принадлежали ни к одному из ранее классифицированных субгенотипов GIIIa - GIIIj, однако формировали общий кластер с вирусами ГЕ, идентифицированными в РФ в 2008-2010 гг. (Екатеринбург, Архангельск) [10] и в Эстонии. Доля нуклеотидных различий между ними составила 6,5-13%, тогда как с вирусами ГЕ из других стран она была не менее 16,5%. Полученные данные указывают на принадлежность исследованных штаммов к одному субгенотипу вирусов ГЕ, наряду с ранее идентифицированными в РФ.

**Источники и литература**

- 1) 1. Guan-Huei Lee [et al.] Chronic Infection With Camelid Hepatitis E Virus in a Liver Transplant Recipient Who Regularly Consumes Camel Meat and Milk. Gastroenterology. 2016. Vol. 2
- 2) 2. S. Sridhar [et al.] Hepatitis E virus genotypes and evolution: emergence of camel hepatitis E variants. Mol. Sci. – 2017.