

## **Eesti C-hepatiidiviiruse isolaatide geneetiline varieeruvus ja viirusvastase ravi tulemus kroonilistel hepatiidihaigetel**

### **Meeskond**

- Grandi hoidja: Valentina Tefanova
- Põhitäitjad: Tatjana Tallo, Ljudmilla Priimägi, Irina Golovljova, Olga Katargina

**Kestus:** 2008-2011

### **Eesmärk**

Uurida HCV genoomi NS5A ja E1/E2 piirkonnas geneetiliste variatsioonide seost viroloogilise vastusega ravile.

### **Tulemused**

- HCV NS5A proteiini aminohapete järjestused olid (püsiva viroloogilise vastusega) 1b alltüübiga nakatunud SVR patsientidel enne ravi alustamist Thr<sup>306</sup>, Arg<sup>311</sup> ja Glu<sup>384</sup>. Samal ajal mittevastajatel ja tagasilangejatel patsientidel olid samadel positsioonidel tuvastatud Ser<sup>306</sup>, Pro<sup>311</sup> and Gly<sup>384</sup>.
- Tagasilangejatel leiti mutatsioone positsioonides Ala245Thr, Val278Ile ja Ala347Thr.
- Seevastu mittevastajate aa asendused ilmnisid seitsmes teistest erinevas positsioonis nagu 44, 130, 199, 213, 215, 410 ja 411. Ainult SVR patsientidel täheldati positsioonis 171 Asn, samas kui mittevastajatel ja tagasilangejatel patsientidel leiti kõigil Glu.
- HCV E1/E2 proteiini HVR1 piirkonna 320nt fragmendi sekvensite analüüs näitas märkimisväärset kvaasiliikide mitmekesisuse suurenemist 1b alltüübiga nakatunud SVR patsientidel vahetult enne viiruse elimineerimist. Samas mittevastajatel patsientidel jääb kvaasiliikide mitmekesisus ravi jooksul samaks, kuna tagasilangejatel täheldati selle vähenemist.
- Uuringutulemuste põhjal on avaldatud artiklid ajakirjades Eesti Arst ja Cent Eur J Public Health. Ettevalmistamisel on veel kaks artiklit (käsikirja).

Rahastamine: [Eesti Teadusfondi grant nr 7650](#)