

АНОТАЦІЯ

Методами полімеразної ланцюгової реакції в реальному часі проведено моніторинговий аналіз вірусів респіраторних захворювань: вірус грипу, CoV-OC43 та HCoV-E229, риновірус та респіраторний синцитіальний вірус на території Київської області. Так, при проведенні оцінки стану захворюваності на грип у 2016-2021 рр. в Київській області, а також ступеня розповсюдження інших респіраторних вірусних інфекцій виявлено результати, які мали коливальний характер. Наприклад, навіть протягом одного 2020 р. кількість хворих на грип стрімко зростала з початку року, але введення локдауну зупинило розповсюдження вірусу.

У роботі оцінено ймовірність виявлення хибно-позитивних результатів на SARS-CoV-2 у випадку, якщо у зразку містяться HCoV-OC43 та HCoV-E229. Також було проведено аналіз відмінностей амінокислотних послідовностей спайк-білків та нуклеокапсиду вірусів HCoV-OC43, HCoV-E229 та дикого штаму SARS-CoV-2. Біоінформатичними методами були визначені фізико-хімічні властивості спайк-білків та білків нуклеокапсиду HCoV-OC43 та дикого штаму SARS-CoV-2. Порівняно та визначено основні мутації в амінокислотних послідовностях спайк-білків штамів SARS-CoV-2 B.1.1.529 (омікрон) порівняно з B.1.617.2 (дельта). Ці дослідження можуть допомогти оптимізувати шляхи виявлення та прогнозування епідеміологічного процесу в умовах пандемії.

Кваліфікаційна робота виконана на 59 сторінках, включає в себе 11 рисунків та 5 таблиць. Список використаних джерел включає 41 роботу.

Ключові слова: SARS-CoV-2, HCoV-OC43, HCoV-E229, ПЛР, ІФА, спайк-білок.