

Анотація

Грип залишається однією з найпоширеніших інфекційних хвороб сучасності. Віруси грипу викликають щорічні епідемії, трапляються спорадичні та непередбачувані глобальні спалахи, які включають штами вірусу грипу А зоонозного походження. Здатність вірусу грипу до антигенної та генетичної мінливості за рахунок різних механізмів – точкових мутацій, рекомбінацій та реасортацій, змушує вчених проводити постійний моніторинг циркуляції вірусів. Аналіз антигенної мінливості вірусу грипу становить важливу задачу, оскільки саме він дозволяє відслідковувати антигенний дрейф вірусів і вчасно вносити зміни до складу грипозних вакцин. Молекулярні методи дослідження, зокрема генетичний аналіз – метод сиквенування, дозволяють спостерігати за змінами у вірусах грипу на генетичному рівні.

Метою роботи було проаналізувати мінливість вірусів грипу людини за антигенними та генетичними характеристиками протягом 2018-2021 рр. в Україні.

За допомогою вірусологічних та молекулярно-генетичних методів дослідження ми провели антигенний та генетичний аналіз виділених вірусів грипу за два епідсезони. В результаті антигенного аналізу було встановлено спорідненість наших ізолятів до референс-штамів провідних збудників сезонів 2018-2020 рр. При проведенні філогенетичного аналізу вірусів протягом 2018-2020 рр. нами було показано, що вони не відрізнялися від таких, які викликали захворювання з інших країн світу в цей період. В епідемічному сезоні 2020-2021рр. вірусів грипу у нашому дослідному центрі виявлено не було у зв'язку з поширенням коронавірусу SARS-CoV-2.

Кваліфікаційна робота викладена на 56 сторінках, ілюстрована 13 рисунками та 6 таблицями. Список використаних джерел включає 40 робіт.

Ключові слова: епідемічний сезон, антигенний аналіз, референс-штами, ЗТ-ПЛР в реальному часі, філогенетичний аналіз, амінокислотні заміни.