



**Резюме на проект по Фонд „Наука“ № 17013 – Конкурсна сесия 2017:
„Проучване и анализ на циркулиращите в североизточна България HDV
генотипове“**

Ръководител: Гл. ас. д-р Живка Стойкова Демирева-Калчева, дм

Хепатит В (HBV) все още е сериозен социален и икономически проблем за обществото поради възможните усложнения – чернодробна фиброза, цирроза и хепатоцелуларен карцином. При болни с HBV относителният риск за хепатоцелуларен карцином е 25 до 35 пъти по-висок от този при неинфектираните с хепатит В индивиди. Хепатит D вирусът е най-интересният и уникален сред хепатотропните вируси, а вирусен хепатит D е най-агресивният хепатит от всички вирусни хепатити в човешката популация и сериозен глобален проблем. Възприемчивостта към хепатит D е всеобща, но заболяването засяга предимно детската и младежка възраст.

При пациенти с двойна HBV/HDV инфекция рискът от хронифициране и влошаване на прогнозата за пациента се повишава. От HDV генотипът зависи, както различното протичане така и изхода от заболяването. Ефективността на приложеното лечение също има връзка с HDV генотипа. В хода на проучването е проследена връзката между HBV и HDV, както и стадия на чернодробното заболяване, като при около 60% от пациентите то протича по-тежко и още в стадий на установяване на болестта, те са били с чернодробна цирроза. Ранната и адекватна генетична диагностика за определяне на вирусния товар и генотипиране е от първостепенно значение в борбата с HBV и HDV и предпазва от прогресия към хепатоцелуларен карцином.

Реализираният от нас проект на тема: „Проучване и анализ на циркулиращите в Североизточна България HDV генотипове“ напълно съответства на научните приоритети на МУ- Варна, в частта онкология и редки заболявания, а именно генетични анализи на онкологични заболявания и редки болести. Изнесените данни са уникални за страната, т.к. до момента проучвания (освен в единични случаи) в тази посока не са провеждани и публикувани.

Изработени са 30 серумни проби от пациенти с чернодробна дисфункция и положителни за anti-HDV Ab. От изследваните 30 серумни проби, посредством HDV-RT PCR (real-time reverse transcription-PCR), HDV RNA (Negative) са 5 от тях (16,7%). Продуктите от останалите 25 серумни проби, бяха изследвани посредством две последователни nested-PCR реакции, със съответните праймери. Получените нуклеотидни последователности са анализирани чрез гел електрофореза и очакваната дължина от 359 бази беше потвърдена при 20 от тях (80%). Получените секвенции се прегледаха и анализираха, като за определяне на вида беше достатъчно да е добре

прочетена и само една верига от ДНК молекулата. Тези, чиято последователност бе ясно прочетена, се прехвърлиха в текстови файл и след това се анализираха посредством BLAST-анализ в National Center for Biotechnology Information, за определяне на вида. При сравнение на получените HDV секвенции, със секвенции, корелиращи на HDV от базата данни, всички те са тясно свързани с генотип I на HDV и циркулиращи сред нашите съседни страни, както и в Европа, като цяло.

Изразходваните, с цел осъществяване на този иновативен проект средства, са в пълно съответствие с първоначално поставените цели и задачи, като един от участниците в него (д-р Деница Цанева-Дамянова) лично е дофинансирала финализирането му.

До момента, в световен мащаб са дефинирани осем генотипа на HDV, които могат да предизвикват разнообразна клинична картина – от асимптоматично чернодробно заболяване до фулминантен хепатит. От това следва, че генотипът определя, както различното протичане и изхода от заболяването, така и ефективността на приложеното лечение. Тази хипотеза потвърждава необходимостта от провеждане на проучване и анализиране на циркулиращите в България HDV генотипове, с цел дефиниране на лечението, както и прогнозиране на изхода от заболяването.