

332. Molecular-genetic characteristics of the influenza virus population among the population of the Rivne Oblast

Khoronzhevska I., Moroz V., Vakulich O.

SI Rivne Oblast Laboratory Center of the MoH of Ukraine

Introduction. Molecular genetic monitoring of influenza virus on the investigated territory is an important part of the epidemiological surveillance of this infection.

Methods. For 2009-2017, 862 patients with suspected influenza and 84 samples of sectional material (from those who were diagnosed with flu and pneumonia) were screened in RT-PCR in real-time in the virology laboratory of the Rivne Oblast Laboratory Center of the Ministry of Health of Ukraine on the iQ5 amplifier Bio-Rad (USA) using the Test Systems *Amplisens Influenza virus A/B-FI*. Influenza virus subtypes were determined using Bio-Rad Laboratories, Inc. (USA) reagents and primers for Influenza A, Asw, H1sw, and An3 virus from BioSearch (USA).

Results. For 2009-2017, among the 862 patients with suspected influenza by the ZT-PCR method, the genetic markers of influenza viruses were detected in 204 (23.7%). In the structure of positive persons, nucleoside (NA) fragments of influenza A viruses were detected in 173 (84.8%), fragments of NA influenza viruses of type B - in 31 (15.2%). Among the patients who identified the genetic markers of influenza A viruses, subtype A (H1N1 pandemic) was identified in 125 (72.3%), subtype A (H3N2) in 37 (21.4%), and in 11 (6.3%) of patients determine the subtype of influenza A viruses was not successful. Influenza A (H1N1 pandemic) viruses were detected among 32 (19.4%) out of 165 patients surveyed in 2009-2010, in 26 (21.5%) out of 121 patients surveyed in 2011, in 6.1% of patients in 2012 - 2013 years (9 out of 148 surveyed), 55 (27.8%) out of 198 examined patients in 2016.

In the study of 84 samples of sectional material from dead patients with NA influenza viruses were detected in 35 (41.7%), among them influenza A subtype (H1N1 pandemic) was identified in 32 (91.3%) dead, subtype A (H3N2) was detected in 1 (2.9%), yet one specimen failed to identify the type A influenza virus subtype. NA of influenza type B virus was detected in one deceased patient. If in 2009 among the 18 dead NA of the influenza A virus (H1N1 pandemic) were found in 14 (77.8%), then in 2010 - 4 (33.3%) out of 12 surveyed, in 2016 among 28 dead patients in 13 (46.4%) this subtype of the influenza virus was detected, yet one specimen failed to identify the type A subtype of the influenza virus.

Conclusions. 1. In the studied area, for the last 9 years, type A influenza viruses were detected in 5.6 times more patients than influenza type B viruses (84.8% and 15.2% respectively). 2. Among the type A viruses, subtype A (H1N1 pandemic) dominates, which was 3.4 times more frequent than subtype A (H3N2) (72.3% and 21.4% respectively), in 11 (6.3 %) of individuals determination the subtype of the influenza A virus was not successful. 3. In the period of 2009-2017, among the 35 dead patients who were found to have NA influenza viruses, the subtype of the influenza A virus (H1N1 pandemic) was identified in 32 (91.3%), subtype A (H3N2) in 1 (2.9 %), in one sample failed to identify the type A influenza virus subtype. NA of influenza type B virus was detected in one deceased patient.

332. Молекулярно-генетична характеристика популяції вірусів грипу серед населення Рівненської області

Хоронжевська І., Мороз В., Вакуліч О.

ДУ «Рівненський обласний лабораторний центр МОЗ України»

Вступ. Молекулярно-генетичний моніторинг вірусів грипу досліджуваній території - важлива частина епідеміологічного нагляду за цією інфекцією.

Методи. За 2009-2017 роки обстежено 862 хворих з підозрою на грип та 84 зразки секційного матеріалу (від померлих з діагнозом грип та негоспітальна пневмонія) методом ЗТ-ПЛР в реаль-час у вірусологічній лабораторії ДУ «Рівненський обласний лабораторний центр МОЗ України» на ампліфікаторі iQ5 Bio-Rad (USA) за допомогою тест-системи «АмпліСенс *Influenza virus A/B-FI*». Підтипи вірусів грипу визначали за допомогою реагентів фірми Bio-Rad Laboratories, Inc (USA) та праймерів до вірусу грипу А, Аsw, H1sw, АН3 фірми BioSearch (USA).

Результати. За 2009-2017 роки серед 862 хворих з підозрою на грип методом ЗТ-ПЛР генетичні маркери вірусів грипу були виявлені у 204 (23,7%). У структурі позитивних осіб фрагменти нуклеїнової кислоти (НК) вірусів грипу типу А виявлені у 173 (84,8%), фрагменти НК вірусів грипу типу В - у 31 (15,2%). Серед хворих, у яких були виявлені генетичні маркери вірусів грипу типу А, підтип А (H1N1 пандемічний) ідентифіковано у 125 (72,3%), підтип А(H3N2) - у 37(21,4%), у 11 (6,3%) пацієнтів визначити підтип вірусів грипу типу А вдалось. Віруси грипу А (H1N1 пандемічний) виявляли серед 32(19,4%) із 165 обстежених хворих у 2009-2010 роках, у 26 (21,5%) із 121 обстежених пацієнтів в 2011 році, у 6,1% хворих в 2012-2013 роках (9 із 148 обстежених), у 55 (27,8%) із 198 обстежених пацієнтів у 2016 році.

При дослідженні 84 зразків секційного матеріалу від померлих хворих НК вірусів грипу виявлена у 35(41,7%), серед них підтип вірусу грипу А(H1N1 пандемічний) ідентифіковано у 32 (91,3%) померлих, підтип А(H3N2) виявлено у 1(2,9%), ще у одному зразку не вдалось визначити підтип вірусу грипу типу А. НК вірусу грипу типу В виявлено у одного померлого хворого. Якщо у 2009 році серед 18 померлих НК вірусу грипу А(H1N1 пандемічний) було виявлено у 14 (77,8%), то в 2010 році - у 4 (33,3%) із 12 обстежених, у 2016 році серед 28 померлих хворих у 13 (46,4%) було виявлено цей підтип вірусу грипу, ще у одному зразку не вдалось визначити підтип вірусу грипу типу А.

Висновки. 1. На досліджуваній території за останні 9 років віруси грипу типу А визначались у хворих у 5,6 рази частіше, ніж віруси грипу типу В (84,8% та 15,2% відповідно). 2. Серед вірусів грипу типу А домінує підтип А (H1N1 пандемічний), який виявляли у 3,4 рази частіше, ніж підтип А (H3N2) (72,3% та 21,4 % відповідно), ще у 11 (6,3 %) осіб визначити підтип вірусу грипу А не вдалось. 3. За період 2009-2017 роки серед 35 померлих хворих, у яких було виявлено НК вірусів грипу підтип вірусу грипу А(H1N1 пандемічний) ідентифіковано у (91,3%), підтип А(H3N2) у 1(2,9%), ще у одному зразку не вдалось визначити підтип вірусу грипу типу А. НК вірусу грипу типу В виявлено у одного померлого хворого.