

**NAUČNOM VEĆU MEDICINSKOG FAKULTETA
UNIVERZITETA U BEOGRADU**

Na sednici Naučnog veća Medicinskog fakulteta u Beogradu, održanoj dana 24.09.2015. godine, broj 4600/16, imenovna je komisija za ocenu završene doktorske disertacije pod naslovom:

„Uticaj infekcije virusom humane imunodeficijencije na genetičku varijabilnost kliničkih izolata BK i JC poliomavirusa“

kandidata dr Danijele Karalić, zaposlene na Medicinskom fakultetu u Beogradu kao saradnik u nastavi na katedri za Mikrobiologiju. Mentor je Doc. dr Ivana Lazarević.

Komisija za ocenu završene doktorske disertacije imenovana je u sastavu:

1. Prof. dr Tanja Jovanović, profesor Medicinskog fakulteta Univerziteta u Beogradu
2. Prof. dr Maja Ćupić, profesor Medicinskog fakulteta Univerziteta u Beogradu
3. Prof. dr Dobrila Stanković Đorđević, profesor Medicinskog fakulteta Univerziteta u Nišu

Na osnovu analize priložene doktorske disertacije, komisija za ocenu završene doktorske disertacije jednoglasno podnosi Naučnom veću Medicinskog fakulteta sledeći

IZVEŠTAJ

A. Prikaz sadržaja doktorske disertacije

Doktorska disertacija pod nazivom „Uticaj infekcije virusom humane imunodeficijencije na genetičku varijabilnost kliničkih izolata BK i JC poliomavirusa“ sadrži sledeća poglavlja: Uvod, Ciljevi rada, Materijal i metodologija, Rezultati, Diskusija, Zaključci i Literatura. Rad sadrži 19 tabela, 10 grafikona i 10 slika. U poslednjem poglavlju je iznet pregled literature koja je citirana u doktorskoj disertaciji i sadrži 158 navoda i spisak skraćenica korišćenih u tekstu.

UVOD se sastoji od sedam celina. U prvoj celini opisan je istorijat i prikaz savremene klasifikacije humanih poliomavirusa. Druga i treća celina opisuje strukturu i karakteristike virusnog genoma BK virusa (BKV) i JC virusa (JCV), dok se u četvrtoj celini opisuje životni

ciklus BKV i JCV. U petoj celini opisuju se klinički značaj BK i JC virusne infekcije, kao i značaj reaktivacije poliomavirusa kod HIV-inficiranih pacijenata. Šesta celina posvećena je prikazu genetičke varijabilnosti dva regionala BK i JC virusa: NCRR i VP1 regionala. Poslednja celina se odnosi na molekularnu epidemiologiju BKV i JCV, klasifikaciju genotipova, subgenotipova JCV kao i subtipova i subgrupa BKV, s posebnim osvrtom na upotrebu JCV kao antropološkog markera migracije stanovništva kao i klinički značaj određivanja genotipova JCV i subtipova BKV.

CILJEVI RADA su jasno definisani i podrazumevaju određivanje prevalence izlučivanja BKV i JCV u urinu HIV-inficiranih pacijenata i pacijenata kontrolne grupe kao i ispitivanje povezanosti stepena imunodeficijencije i virurije u grupi HIV-inficiranih. Zatim, utvrđivanje distribucije genotipova i subtipova JCV i BKV kao i strukture NCRR oba virusa. Takođe, ciljevi se odnose i na utvrđivanje moguće povezanosti prisustva BKV i JCV u urinu HIV-inficiranih pacijenata sa demografskim, virusološkim i citološkim parametrima kao i sa stadijumima bolesti i vrstom primjenjene terapije.

MATERIJAL I METODOLOGIJA obuhvata detaljno opisane procedure koje su korišćene u prikupljanju materijala i eksperimentalnom radu. U posebnoj celini opisane su ispitanici: 114 HIV-inficiranih pacijenata i 120 ispitanika kontrolne grupe, a zatim je sledio opis kliničkih uzoraka. U ovom poglavlju prikazani su i protokoli prema kojima se vršilo izolovanje virusne DNK, dokazivanje JCV i BKV u urinu umnožavanjem VP1 regionala i NCRR JCV i BKV seminested i nested-PCR metodama, elektroforeza u agaroznom gelu, i DNK sekvenciranje delova navedenih gena. I konačno, opisani su postupci analize dobijenih sekvenci, poređenja sa referentnim sekvencama i filogenetska analiza kao i metode za statističku obradu podataka.

REZULTATI su kroz 10 celina prikazani u vidu 26 priloga tj. 13 tabela, 9 grafikona i 4 slike uz propratni tekst, čiji sadržaj u potpunosti odgovara sadržaju priloga. U prve dve celine prikazani su rezultati učestalosti BKV i JCV DNK u urinu. U trećoj celini dati su rezultati ispitivanja učestalosti BK i JC virurija u odnosu na kliničke parametre kod HIV-inficiranih pacijenata. Rezultati distribucije subtipova i subgrupa BKV kao i genotipova i subgenotipova JCV dati su u 4. i 7. celini. Detaljan opis sinonimnih i nesinonimnih nukleotidnih izmena i mutacija u okviru VP1 regionala BKV i JCV dat je u celinama 5. i 8. U okviru celina 6. i 9. prikazani su rezultati analize strukture NCRR oba virusa. Poslednji deo poglavlja Rezultati

posvećen je filogenetskoj analizi izolata VP1 regiona BKV i JCV, zajedno sa rezultatima procene selekcionog pritiska za protein kodirajuće sekvene VP1 regiona BKV i JCV.

U poglavlju **DISKUSIJA** kandidat je na sveobuhvatan i detaljan način povezao svoje rezultate sa rezultatima drugih autora. Na osnovu toga, kandidat je izneo svoje zaključke i hipoteze, koji objašnjavaju rezultate ove doktorske disertacije u skladu sa rezultatima većine drugih autora koji imaju isti naučni interes. Značajan doprinos predstavlja utvrđivanje distribucije genotipova JCV i BKV kako kod HIV-inficiranih pacijenata tako i u zdravoj populaciji, kao i analiza varijabilnosti virusnih genoma u obe grupe ispitanika. Takođe je prikazan uticaj imunosupresivnog stanja na učestalost reaktivacije poliomavirusa kod HIV-inficiranih pacijenata.

U poglavlju **ZAKLJUČCI** navedeni su najznačajniji zaključci koji su potpuno u skladu sa dobijenim rezultatima i navedenim ciljevima istraživanja.

U poglavlju **LITERATURA** navedene su 158 bibliografske jedinice iz stranih i domaćih publikacija koje su citirane prema opšteprihvaćenim standardima.

B. Kratak opis postignutih rezultata:

U ovom istraživanju učestalost BK virurije kod HIV-inficiranih pacijenata iznosila je 50,8%, dok je u kontrolnoj grupi ispitanika iznosila 7,5%. Utvrđena je visoka statistička značajna razlika u učestalosti BK virurije između dve ispitivane grupe ($p=0,0001$). JC virurija je češće otkrivana kod HIV-inficiranih pacijenata (43,8% kod HIV-inficiranih pacijenata vs. 30,8% kod ispitanika kontrolne grupe) i utvrđena je statistički značajna razlika između dve ispitivane grupe ($p=0,039$). U obe ispitivane grupe JC virurije je bila češća kod muškog pola, dok povezanost između BK virurije i pola nije utvrđena. Godine starosti imale su uticaj na frekvenciju JC i BK virurije jer je frekvenca virurije s godinama rasla. Statističkom analizom nije utvrđena značajna razlika u učestalosti BKV ili JCV virurije u odnosu na stepen imunosupresije (definisan brojem CD4+ ćelija). Utvrđena je statistički značajna razlika u stepenu BKV virurije među CDC kliničkim kategorijama ($p=0,019$). BK virurija je značajno češća među HIV-inficiranim pacijentima koji pripadaju C kliničkoj kategoriji (64,4%) u odnosu na one koje pripadaju A+B kategoriji. U odnosu na antiretrovirusnu terapiju, kod HIV-inficiranih pacijenta koji su na terapiji didanozinom češće je otkrivan BKV DNK u urinu u odnosu na pacijente koji nisu primali ovaj lek ($p=0,014$).

U grupi HIV-inficiranih pacijenata među izolatima BKV identifikovana su dva subtipa: I i IV. Dominantan subtip BKV u grupi HIV-inficiranih pacijenata je subtip I (81%) sa subgrupama Ia (39,6%) i Ib2 (41,4%) i subtip IV identifikovan kod 19%. I u kontrolnoj grupi ispitanika je dokazano prisustvo subgrupa Ia (11,1%), subgrupa Ib2 (55,5%) i IV (33,4%).

Kod 7 (70%) izolata BKV HIV-inficiranih pacijenata i 3 (30%) ispitanika kontrolne grupe utvrđeno je prisustvo ukupno 10 različitih nesinonimnih nukleotidnih izmena. Kod HIV-inficiranih pacijenata, u okviru BC receptorskog domena VP1 gena BKV otkriveno je 85,7% nesinonimnih nukleotidnih izmena, dok je samo 1 (14,3%) otkrivena u okviru β -ploča koje povezuju receptorke domene. U kontrolnoj grupi, sve 3 (100%) nesinonimne nukleotidne izmene otkrivene su van receptorskog domena u okviru β -ploča. U kontrolnoj grupi, nesinonimne nukleotide izmene nisu utvrđene u receptorskim domenima VP1 BKV. Statistički visoko značajna razlika je utvrđena u distribuciji mutacija u BC receptorskog domena VP1 gena između HIV-inficiranih pacijenata i ispitanika kontrolne grupe ($p=0,0004$). Najčešća mutacija je bila E82D. Sve mutacije su otkrivene kod pacijenata koji su imali CD4+ ćelije manje od 200 po ml krv.

Struktura svih pozitivnih uzoraka urina odgovara arhetip varijanti NCRR BKV. Samo male promene poput baznih supstitucija, delecija i insercija koje nisu remetile bazičnu arhitekturu NCRR su otkrivene među sekvencama NCRR i HIV-inficiranih pacijenata i ispitanika kontrolne grupe.

U kontrolnoj grupi ispitanika najčešći genotipovi JCV su bili genotip 1 (43,2%), 2 (29,7%) i 4 (27,1%). U okviru genotipa 1 otkriveno su subgenotipovi 1A i 1B, dok su u okviru genotipa 2 otkriveni subgenotipovi 2B, 2C i 2D. U grupi HIV-inficiranih dominantan genotip je 2 (42%), 1 (34%) i 4 (24%).

Nesinonimne nukleotidne izmene su utvrđene na 8 pozicija VP1 gena JCV kod 14% HIV-inficirana pacijenta i 10,8% ispitanika kontrolne grupe. U DE receptorskog regionu VP1 gena utvrđeno je 30% nesinonimnih nukleotidnih izmena, dok je preostalih 70% otkriveno u β -pločama. U kontrolnoj grupi kod 13,5% ispitanika utvrđene su 4 (80%) nesinonimne nukleotide izmene u β -pločama i 1 (20%) u DE receptorskog domenu.

Struktura NCRR svih izolata JCV odgovara arhetip varijanti NCRR JCV. Minimalne promene, koje nisu uticale na bazičnu strukturu, poput baznih supstitucija i pojedinačnih delecija su otkrivene među sekvencama JCV NCRR u ovom istraživanju.

dN i dS vrednosti DE i BC receptorskih domena VP1 JCV i BKV kod HIV-inficiranih pacijenata su bile nekoliko puta više od dN i dS vrednosti za protein kodirajuće sekvence VP1 regiona JCV i BKV, ukazujući da je ovaj deo genoma pod većim uticajem selekcionog pritiska. Međutim, pošto je odnos dN/dS bio manji od 1 u svim ispitivanim grupama pozitivna selekcija nije utvrđena.

C. Uporedna analiza doktorskse disertacije sa rezultatima literature

Produženo stanje imunosupresije kao posledica HIV infekcije, izdvojilo je humane poliomaviruse kao nove igrače u timu „opportunističkih infekcija“ u odnosu na AIDS pacijente. U poslednje vreme, BKV i JCV dobijaju sve više i više pažnje u naučnim krugovima pre svega zbog visokog mortaliteta oboljenja koja nastaju kao posledica njihove reaktivacije. Ovo je prva studija u našoj zemlji, ali i u zemljama u regionu koja se bavi izučavanjem genetičke varijabilnosti humanih poliomavirusa: BKV i JCV.

U ovom istraživanju BK virurija je utvrđena kod 50,8% HIV-inficiranih pacijenata. Rezultati ranijih studija su pokazali široki raspon učestalost BK virurije među HIV-inficiranim pacijentima koja se kretala od 15% do 60%. S druge strane, učestalost BK virurije među ispitanicima kontrolne grupe tj. zdravim donorima u Srbiji je bila 7,5%. Ova učestalost je u skladu sa rezultatima predhodnih istraživanja gde je utvrđeno da se kod imunokompetentnih seropozitivnih osoba BKV reaktivira kod nekih 5-10%.

Među HIV-inficiranim pacijentima u Srbiji, učestalost JC virurije iznosila je 43,8%. Ova učestalost virurije je u skladu sa rezultatima za druge evropske zemlje. Na primer, frekvenca JC virurije među HIV-inficiranim pacijentima u Irskoj je iznosila 54,2%, u Portugaliji 51% u Italiji 46,7%. Kao i neke predhodne studije i rezultati ovog istraživanja potvrđuju statistički značajnu razliku u frekvenci izlučivanja JCV između HIV-inficiranih pacijenata i zdravih donora.

Među zdravim donorima učestalost JC virurije iznosila je 30,8%. Ovaj rezultat je u skladu sa objavljenim rezultatima za druge evropske zemlje, gde se frekvenca JC virurije kod zdravih osoba kreće u rasponu od 21% u Irskoj do 32% u Nemačkoj, 38% u Portugalu, 39-46% u Poljskoj, 40-47% u Italiji, 47-54% u Španiji.

Ovo istraživanje kao i neka predhodna nisu pokazala statistički značajnu povezanost između JC virurije i stepena imunosupresije utvrđenog samo na osnovu broja CD4+ T ćelija.

Takođe, nije uočena povezanost između BK virurije i stepena imunosupresije utvrđenog na osnovu broja CD4+ ćelija. Međutim, statistički značajna razlika je utvrđena u frekvenci izlučivanja BKV u odnosu na CDC kategoriju HIV-inficiranih pacijenata.

Široka rasprostanjenost JCV udružena sa transmisijom unutar porodice i koevolucija sa ljudskom populacijom od trenutka nastanka modernog čoveka, učinili su ovaj virus pogodnim kandidatom za rekonstrukciju migracije stanovništva. Genotip 1 je glavni genotip u Evropi i Americi, genotipovi 2 i 7 su karakteristika stanovništva Azije, tipovi 3 i 6 dominiraju među stanovništvom Afrike kao i njihovim potomcima koji naseljavaju druge kontinente. Imajući u vidu da su moderni Srbi južnoslovenski narod, etnički i lingvistički organak Indoevropskog naroda i milenijum dugu zajedničku evoluciju ljudi i JCV, nije bilo neočekivano da se evropski, evroazijski i indijski genotipovi JCV otkriju među stanovništvom Srbije.

Dominantan JCV genotip, među ispitanicima kontrolne grupe (zdravim donorima) u Srbiji, je bio genotip 1, praćen genotipovima 2 i 4. Skoro 71% (70,3%) ispitanika kontrolne grupe u ovom istraživanju su nosioci genotipova 1 i 4, osnovnih markera naroda koji su tokom migracije stanovništva naselili Evropski kontinent. Tri različita subgenotipa genotipa 2 su otkrivena u Srbiji: 2B, 2C i 2D. Subgenotipovi 2A i 2C dominiraju u severnoistočnoj Aziji, subgenotip 2B je evroazijski tip dok je 2D indijski tip. Ovaj obrazac distribucije genotipova JCV, gde je genotip 1 dominantna i praćen genotipovima 2 i 4, je takođe utvrđen i u nekim drugim evropskim zemljama poput Poljske, Portugala i Irske. Situacija sa distribucijom genotipova JCV se menja kada se posmatraju i imunodeficijentni pacijenti. U ovom istraživanju je utvrđena razlika u distribuciji genotipova JCV između dve ispitivane grupe. Naime, među HIV-inficiranim pacijentima najčešće otkriven genotip je bio genotip 2, praćen genotipovima 1 i 4.

Među ispitanicima obe grupe ovog istraživanja dominantan BKV subtip je bio subtip I, praćen subtipom IV. Ovakav obrazac distribucije BKV subtipova, gde je subtip I najčešći i praćen subtipom IV, odgovara distribuciji BKV subtipova na Evropskom kontinentu i rezultatima predhodnih istraživanja. .

U ovom istraživanju, aminokiselinske izmene otkrivene su u obe grupe ispitanika u okviru BC receptorskog domena BKV sa izuzetkom par izmena koje su otkrivene u β -pločama. Aminokiselinske izmene otkrivene na pozicijama 73, 82, 89, 117 i 120 su bile poznate i objavljene u nekim ranijim studijama, dok su izmene na pozicijama 60, 61, 76 i 121 prvi put

opisane u ovom istraživanju. Rezultati predhodnih istraživanja predložili su teoriju da mutacije na pozicijama 73 i 82 ne utiču na virusnu replikaciju, dok mutacije na pozicijama 61, 64, 65 i 69 dovode do nestabilnosti kapsida i defektnog vezivanja virusa za ciljnu ćeliju *in vitro*.

Nijedna od 4 mutacija na pozicijama 55, 60, 267 i 269 koje se označavaju kao prognostički marker za PML nisu otkrivene u ovom istraživanju. U ovom istraživanju svi uzorci HIV-inficiranih pacijenata su bili urini i to je moguće razlog zašto nijedna mutacija koja je karakteristika PML nije otkrivena.

U uzorcima urina obe grupe ispitanika utvrđeno je prisustvo arhetip varijante NCRR BKV i JCV. Samo promene manjeg obima su otkrivene u NCRR poput pojedinačnih delecija i insercija kao i brojne nukleotidne izmene. Pošto u ovom istraživanju HIV-inficirani pacijenti nisu imali poliomavirus-udružena oboljenja otkrivanje samo arhetip varijante sa minimalnim promenama u vidu tačkastih mutacija kao posledica „zamora“ DNK polimeraze zbog povećanog obima replikacije je u skladu sa predhodnim studijama.

D. Objavljeni radovi koji čine deo doktorskog disertacija:

1. **Karalic D.**, Lazarevic I., Knezevic A., Cupic M., Jevtovic D., Jovanovic T. Distribution of JC Virus Genotypes among Serbian Patients Infected with HIV and in Healthy Donors. *J Med Virol* 2014(3):411-418. (M23, IF:2,37)
2. **Karalic D.**, Lazarevic I., Cupic M., Jevtovic D., Jovanovic T. Prevalence of JC and BK Polyomavirus excretion in the urine of HIV-infected patients from Serbia. *Arch. Biol. Sci, Belgrade* 2014;66: 559-564 2014 (M23, IF:0.79)
3. Cupic M., Lazarevic I., Pravica V., Banko A., **Karalic D.**, Naumovic R., Kravljaca M., Jovanovic T. The prevalence of the most important viral infections in renal transplant recipients in Serbia. *Arch. Biol. Sci, Belgrade* 2012;64: 1285-1296. (M23, IF: 0,79)
4. **Karalic D.**, Lazarevic I., Cupic M., Jovanovic T. The prevalence of Human Polyomaviruses in urine samples of immunocompetent individuals in the Serbian population. *Arch. Biol. Sci, Belgrade* 2012;64: 1383-1388. (M23, IF:0,79)

E. ZAKLJUČAK (Obrazloženje naučnog doprinosa):

Doktorska disertacija „**Uticaj infekcije virusom humane imunodeficijencije na genetičku varijabilnost kliničkih izolata BK i JC poliomavirusa**“ dr Danijele Karalić predstavlja originalni naučni doprinos izučavanju poliomavirusa u našoj zemlji. Ovo istraživanje pruža prve informacije o distribuciji genotipova, subgenotipova, subtipova i subgrupa JCV i BKV u našoj zemlji, kao i saznanja o genetičkoj varijabilnosti kliničkih izolata BK i JC poliomavirusa. Distribucija genotipova JCV u kontrolnoj grupi ispitanika može da posluži kao osnova za neka buduća opsežnija antropološka istraživanja o poreklu naroda koji naseljavaju područje Balkana. Dobijene informacije o genotipovima JCV kod HIV inficiranih pacijenata mogle bi imati klinički značaj s obzirom da genotipizacija može da posluži za prepoznavanje pacijent koji nose “nepovoljni” genotip za nastanak poliomavirus-udruženih oboljenja i koji bi stoga mogli biti odabrani za češću i opsežniju kontrolu.

Ova doktorska disertacija je urađena prema svim principima naučnog istraživanja. Ciljevi su bili precizno definisani, naučni pristup je bio originalan i pažljivo izabran, a metodologija rada je bila savremena. Rezultati su pregledno i sistematično prikazani i diskutovani, a iz njih su izvedeni odgovarajući zaključci.

Na osnovu svega navedenog, i imajući u vidu dosadašnji naučni rad kandidata, komisija predlaže Naučnom Veću Medicinskog fakulteta Univerziteta u Beogradu da prihvati doktorsku disertaciju dr Danijele Karalić i odobri njenu javnu odbranu radi sticanja akademske titule doktora medicinskih nauka.

Mentor:

Doc. dr Ivana Lazarević

Članovi Komisije

Prof. dr Tanja Jovanović

Prof. dr Maja Ćupić

Beograd, 08.oktobar 2015.godine

Prof. dr Dobrila Stanković Đorđević