



ФБУН Центральный НИИ
Эпидемиологии
Роспотребнадзора
НАУКА НА СЛУЖБЕ ВАШЕГО ЗДОРОВЬЯ

Конгресс
с международным участием

Молекулярная диагностика и биобезопасность – 2024

16–17 апреля 2024 г.

Сборник тезисов

Москва

Федеральная служба по надзору в сфере защиты
прав потребителей и благополучия человека
ФБУН «Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии» Роспотребнадзора
Всероссийское научно-практическое общество
эпидемиологов, микробиологов и паразитологов
Ассоциация специалистов и организаций лабораторной службы
«Федерация лабораторной медицины»
Национальная ассоциация специалистов по инфекционным болезням
имени академика В.И. Покровского

Молекулярная диагностика и биобезопасность – 2024

Конгресс с международным участием
(Москва, 16–17 апреля 2024 года)

Сборник тезисов

Под редакцией
академика РАН В.Г. Акимкина

Москва
ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора

2024

УДК 616-036.22
ББК 51.9
М75

Рецензенты: д.м.н., профессор Т.А. Семенов, д.м.н., профессор И.В. Фельдблюм

М75 Молекулярная диагностика и биобезопасность – 2024: сборник тезисов Конгресса с международным участием (Москва, 16–17 апреля 2024 года) / под ред. академика РАН В.Г. Акимкина. М.: ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, 2024. — 266 с.

ISBN 978-5-6048873-9-4

Новое звучание приобрела проблема биобезопасности в разных сферах медицины и биологии. XXI век ознаменовал собой эпоху глобальных перемен, но, несмотря на все достижения мировой науки, проблемы инфекционной патологии не утрачивают своей актуальности. Благодаря усилиям учёных, распространённость многих инфекционных заболеваний постепенно снижается. В то же время природа ставит новые, всё более сложные задачи, которые предстоит решить мировому научному сообществу. Современные технологии диагностики включают различные методы: выявление нуклеиновых кислот возбудителя с помощью различных методов амплификации нуклеиновых кислот: полимеразной цепной реакции, изотермической амплификации; выявление антигенов или антител к возбудителю с помощью серологической диагностики в форматах иммуноферментного анализа и иммунохроматографического анализа; технологии с использованием биочипов; различные методы секвенирования, в том числе секвенирование нового поколения — прорывная технология идентификации патогенов; технологии редактирования генома — современное направление в создании диагностических наборов нового поколения.

В сборнике представлены материалы, посвящённые вопросам современной молекулярной диагностики болезней вирусной и бактериальной этиологии. Отдельное внимание будет уделено роли молекулярной диагностики в изучении генетики мультифакторных заболеваний.

Материалы предназначены для специалистов по лабораторной диагностике, эпидемиологов, микробиологов, гигиенистов, врачей — специалистов клинического профиля, сотрудников научно-исследовательских учреждений, студентов, ординаторов и аспирантов профильных специальностей.

УДК 616-036.22
ББК 51.9



Сборник тезисов издан за счёт средств Гранта (Соглашение № 075-15-2019-1666 — «Центр геномных исследований мирового уровня по обеспечению биологической безопасности и технологической независимости в рамках Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий»).



DOI: : <https://doi.org/10.36233/978-5-6048873-9-4>

ISBN 978-5-6048873-9-4

EDN: <https://www.elibrary.ru/plxwsb>

© Коллектив авторов, 2024
© ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, 2024

Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing
Central Research Institute for Epidemiology
Russian Scientific Society of Epidemiologists, Microbiologists and Parasitologists
Association of Specialists and Organizations of Laboratory Service
«Federation of Laboratory Medicine»
National Association of Specialists in Infectious Diseases named after Academician V.I. Pokrovsky

Molecular Diagnostics and Biological Safety – 2024

Congress with international participation
(Moscow, April, 16–17, 2024)

Abstracts book

Editor:

Vasily G. Akimkin, Full Member of the Russian Academy of Sciences

Moscow
Central Research Institute for Epidemiology

2024

Reviewers: Dr. Sci. (Medicine), Professor T.A. Semenenko,
Dr. Sci. (Medicine), Professor I.V. Feldblum

Molecular Diagnostics and Biological Safety – 2024. Congress with international participation (Moscow, April, 27–28, 2023): Abstracts book / ed. RAS Full Member V.G. Akimkin. — Moscow: Central Research Institute for Epidemiology, 2024. — 266 p.

ISBN 978-5-6048873-9-4

The problem of biosafety in various fields of medicine and biology has acquired a new meaning. The 21st century has marked an era of global changes, but, despite all the achievements of world science, the problems of infectious pathology today do not lose their relevance. Thanks to the efforts of scientists, the prevalence of many infectious diseases is gradually decreasing. At the same time, nature poses new, increasingly complex problems that the global scientific community must solve. Modern diagnostic technologies include various methods: detection of pathogen nucleic acids using various methods of nucleic acid amplification: polymerase chain reaction, isothermal amplification; detection of antigens or antibodies to the pathogen using serological diagnostics in the formats of enzyme immunoassay and immunochromatographic analysis; technologies using biochips; various sequencing methods, including next-generation sequencing, a breakthrough technology for identifying pathogens; Genome editing technologies are a modern trend in the creation of new generation diagnostic kits.

The collection presents materials on the issues of modern molecular diagnostics of diseases of viral and bacterial etiology. Special attention will be paid to the role of molecular diagnostics in the investigation of genetics of multifactorial diseases.

The materials are intended for laboratory diagnostic specialists, epidemiologists, microbiologists, hygienists, clinical specialists, employees of research institutions, students, residents and graduate students of specialized specialties.



Conference Proceedings were published with the support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation within the framework of a grant in the form of a subsidy for the creation and development of the «World-class Genomic Research Center for Ensuring Biological Safety and Technological Independence under the Federal Scientific and Technical Program for the Development of Genetic Technologies», agreement No. 075-15-2019-1666.



DOI: <https://doi.org/10.36233/978-5-6048873-9-4>

ISBN 978-5-6048873-9-4

EDN: <https://www.elibrary.ru/plxwsb>

© Authors, 2024

© Central Research Institute for Epidemiology, 2024

Содержание

ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЙ НАДЗОР ЗА ИНФЕКЦИОННЫМИ БОЛЕЗНЯМИ НА ОСНОВЕ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ МЕТОДОВ ДИАГНОСТИКИ

<i>RHENVIVIRIDAE</i> И FLAVI-LIKE ВИРУСЫ В ТАЁЖНЫХ КЛЕЩАХ ЗАБАЙКАЛЬСКОГО КРАЯ <i>Адельшин Р.В., Лопатовская К.В., Бабаш В.А., Бондарюк А.Н., Андаев Е.И.</i>	34
ПОЛНОГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ ВИРУСА БЕШЕНСТВА, ИЗОЛИРОВАННОГО НА ТЕРРИТОРИИ РЕСПУБЛИКИ ХАКАСИЯ В 2015–2017 гг. <i>Адельшин Р.В., Баклыкова А.А., Бабаш В.А., Бондарюк А.Н., Андаев Е.И.</i>	35
АЛЛЕЛЬНОЕ ТИПИРОВАНИЕ <i>PTXР BORDETELLA PERTUSSIS</i> В КЛИНИЧЕСКИХ ОБРАЗЦАХ <i>Андриевская И.Ю., Пименова А.С., Гадуа Н.Т., Чагина И.А., Борисова О.Ю.</i>	36
ИЗУЧЕНИЕ РАЗНООБРАЗИЯ ИЗОЛЯТОВ ВИРУСА ЗАПАДНОГО НИЛА ВТОРОГО ГЕНОТИПА НА ТЕРРИТОРИИ РОССИИ <i>Антонов А.С., Устинов Д.В., Ижбердеева М.П., Гусева А.Н., Шпак И.М., Галкина А.Ю., Путинцева Е.В.</i>	37
ОПТИМИЗАЦИЯ УСЛОВИЙ ПЦР В РЕЖИМЕ РЕАЛЬНОГО ВРЕМЕНИ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ РНК ВИРУСОВ ДОБРАВА И ПУУМАЛА <i>Арбузова Т.В., Шарова А.А., Попова М.Р., Гладких А.С., Дедков В.Г.</i>	38
ПЕРВЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО МОНИТОРИНГА ПОПУЛЯЦИИ ВИРУСА <i>VARICELLA-ZOSTER</i> В РОССИИ <i>Афонина Н.М., Михеева И.В., Надтока М.И., Хафизов К.Ф.</i>	39
ОБНАРУЖЕНИЕ ДНК <i>OPISTHORCHIS FELINEUS</i> И <i>METORCHIS BILIS</i> В ТКАНЯХ МОЛЛЮСКОВ <i>BOREOELONA SIBIRICA</i> В ТЮМЕНСКОЙ ОБЛАСТИ <i>Бакштановская И.В., Григорьев О.В., Беляева М.И., Фаттахов Р.Г., Климова Н.В.</i>	40
ЛАБОРАТОРНАЯ ДИАГНОСТИКА РЕСПИРАТОРНЫХ ВИРУСОВ ПО ДАННЫМ ИНФЕКЦИОННОГО СТАЦИОНАРА В ПЕРИОД COVID-19 <i>Балагова Л.Э., Маржохова А.Р., Понежева Ж.Б., Маржохова М.Ю., Нагоева М.Х., Афашагова М.М., Балагова З.Э.</i>	41
ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИЗАЦИЯ ВИРУСА ЗИКА, ВЫЯВЛЕННОГО В ГВИНЕЕ <i>Баяндин Р.Б., Макенов М.Т., Бомбали С., Стуколова О.А., Гладышева А.В., Шиповалов А.В., Скарнович М.О., Камара У, Туре А.Х., Святчено В.А., Швалов А.Н., Терновой В.А., Буаро М.И., Агафонов А.П., Карань Л.С.</i>	42
ВИРУС ДЖИНГМЕН В ИКСОДОВЫХ КЛЕЩАХ ГВИНЕИ <i>Бондаренко Т.А., Скрипниченко Д.Д., Voumbali S., Sacko N., Tolno R.F., Conde N., Макенов М.Т., Морозкин Е.С.</i>	43
МОНИТОРИНГ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ У ДЕТЕЙ НА ОСНОВЕ ПРИМЕНЕНИЯ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ТЕХНОЛОГИЙ <i>Бруснигина Н.Ф., Махова М.А., Черневская О.М., Орлова К.А., Барышева Н.Н.</i>	44
МУЛЬТИЛОКУСНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНОМОВ ЛЕПТОСПИР, ВЫДЕЛЕННЫХ В СИБИРИ И НА ДАЛЬНЕМ ВОСТОКЕ <i>Будаева С.Е., Бренёва Н.В.</i>	45
ВЗАИМОСВЯЗЬ МЕЖДУ ВОЗРАСТОМ И НАПРЯЖЁННОСТЬЮ ИММУНИТЕТА К SARS-CoV-2 <i>Иванов А.В., Ваганова А.Н.</i>	46

МЕТАГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ ДЛЯ ДЕТЕКЦИИ И ИДЕНТИФИКАЦИИ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ПРИРОДНО-ОЧАГОВЫХ ИНФЕКЦИЙ В ОБРАЗЦАХ ПОЛЕВОГО МАТЕРИАЛА <i>Васильева О.В., Ульшина Д.В., Зайцева О.А., Волынкина А.С., Писаренко С.В., Сирица Ю.В., Гнусарева О.А.</i>	47
ДОМИНИРОВАНИЕ В НИЖНЕМ НОВГОРОДЕ РЕАССОРТАНТНЫХ ШТАММОВ ROTAVIRUS А ГЕНОТИПА G3P[8], НЕСУЩИХ НОВЫЕ АЛЛЕЛИ ВНУТРЕННИХ ГЕНОВ <i>Великжанина Е.И., Сашина Т.А., Морозова О.В., Кашиников А.Ю., Епифанова Н.В., Новикова Н.А., Алексеева А.Е.</i>	48
БАЗОВАЯ РАСПРОСТРАНЁННОСТЬ 26, 53, 67, 70 И 73-го ТИПОВ ВПЧ, ВОЗМОЖНО ОНКОГЕННЫХ ДЛЯ ЧЕЛОВЕКА, СРЕДИ ЖЕНЩИН МОСКОВСКОГО РЕГИОНА: ПИЛОТНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ <i>Виноградова Н.А., Кулешова О.Б., Романюк Т.Н., Домонова Э.А.</i>	49
АЛЛЕЛИ HLA В КОГОРТАХ С РАЗЛИЧНЫМ УРОВНЕМ АНТИТЕЛ АНТИ-HBS ПОСЛЕ ВАКЦИНАЦИИ <i>Власенко Н.В., Чанышев М.Д., Глуценко А.Г., Кузин С.Н., Хафизов К.Ф.</i>	50
ДЕТЕРМИНАНТА УСТОЙЧИВОСТИ К ТЯЖЁЛЫМ МЕТАЛЛАМ <i>ACRB</i> У <i>VIBRIO CHOLERAЕ</i> <i>Евтеев А.В., Водопьянов С.О., Водопьянов А.С., Герасименко А.А., Ежова М.И., Меньшикова Е.А., Писанов Р.В., Кругликов В.Д.</i>	51
СОПОСТАВИМОСТЬ МЕТОДОВ ИДЕНТИФИКАЦИИ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ОСТРЫХ КИШЕЧНЫХ ИНФЕКЦИЙ В РОСТОВЕ-НА-ДОНУ <i>Волошина О.А., Куренная Л.Ю., Сараев К.Н., Исперян В.К., Федотова Е.Н.</i>	52
ЭКОНОМИЧЕСКИЙ УЩЕРБ ОТ ЗАБОЛЕВАНИЙ, ВЫЗЫВАЕМЫХ ВИРУСОМ ЭПШТЕЙНА–БАРР, В СФЕРЕ ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РОССИИ <i>Воронин Е.М., Соломай Т.В., Лаврухина Е.В., Семененко Т.А., Мельниченко Ю.Р., Приваленко А.А., Герасимов А.Н., Тутельян А.В., Акимкин В.Г.</i>	53
ЧАСТОТА ВЫЯВЛЕНИЯ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНФЕКЦИЙ, ПЕРЕДАВАЕМЫХ ПОЛОВЫМ ПУТЁМ, СРЕДИ МУЖЧИН ИЗ РАЗНЫХ СОЦИАЛЬНЫХ ГРУПП В МОСКВЕ В 2023 г. <i>Гатцаева Н.Д., Махова Т.И., Скачкова Т.С., Головешкина Е.Н., Большенко Н.В.</i>	54
РАЗРАБОТКА АЛГОРИТМА КЛАССИФИКАЦИИ ШТАММОВ ВИРУСА БЕШЕНСТВА <i>Герасименко А.А., Водопьянов А.С.</i>	55
ВСТРЕЧАЕМОСТЬ ГЕНА ХОЛОДОВОГО ШОКА <i>CSH1</i> У ШТАММОВ <i>VIBRIO CHOLERAЕ</i> , ВЫДЕЛЕННЫХ В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ В 2023 г. <i>Герасименко А.А., Водопьянов С.О., Водопьянов А.С.</i>	56
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОЕ ТИПИРОВАНИЕ ШТАММОВ ВОЗБУДИТЕЛЯ ТУЛЯРЕМИИ, ВЫДЕЛЕННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ СТАВРОПОЛЬСКОГО КРАЯ <i>Гнусарева О.А., Зайцева О.А., Сирица Ю.В., Ульшина Д.В., Васильева О.В., Волынкина А.С.</i>	57
ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ШТАММОВ <i>SALMONELLA ENTERICA</i> , ВЫДЕЛЕННЫХ В ДОНЕЦКОЙ НАРОДНОЙ РЕСПУБЛИКЕ В 2022–2023 гг. <i>Горох А.М., Герасименко А.А., Писанов Р.В., Водопьянов А.С.</i>	58
ВЫЯВЛЕНИЕ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНФЕКЦИЙ МОЧЕВЫВОДЯЩИХ ПУТЕЙ НА ОСНОВЕ ПЦР В РЕЖИМЕ РЕАЛЬНОГО ВРЕМЕНИ <i>Горшкова Т.Г., Громова А.В., Лазарева А.В., Новикова И.Е., Фисенко А.П., Скачкова Т.С.</i>	59
ИНФИЦИРОВАННОСТЬ ДИКИХ МЕЛКИХ МЛЕКОПИТАЮЩИХ ВОЗБУДИТЕЛЯМИ ПРИРОДНО-ОЧАГОВЫХ ИНФЕКЦИЙ В САНКТ-ПЕТЕРБУРГЕ <i>Гречишкина Д.И., Лунина Г.А., Баимова Р.Р., Лызенко И.С., Рябико Е.Г., Кармоков И.А., Халилов Э.С., Токаревич Н.К.</i>	60

РАЗРАБОТКА ПРАЙМЕРОВ ДЛЯ ПЦР-ИНДИКАЦИИ ВИРУСНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ РЫБ <i>Громова Е.А., Додонова Е.А., Осянин К.А.</i>	61
ЗАБЫТЫЙ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЙ ТИП ЗАБОЛЕВАНИЯ ЛЮДЕЙ ТУЛЯРЕМИЕЙ <i>Демидова Т.Н., Михайлова Т.В., Гурина Е.А., Шеенков Н.В., Транквилевский Д.В.</i>	62
ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ПЛАТФОРМЫ SOLAR В СИСТЕМЕ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО НАДЗОРА ЗА ИНФЕКЦИОННЫМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ <i>Дубоделов Д.В., Корабельникова М.И., Гасанов Г.А., Сычева Н.В., Мурадова А.А., Родионова З.С.</i>	64
ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ SARS-CoV-2 В ИНФЕКЦИОННЫХ ГОСПИТАЛЯХ ДЛЯ ЛЕЧЕНИЯ БОЛЬНЫХ COVID-19 В РАЗНЫЕ ВОЛНЫ ПАНДЕМИИ <i>Егоров И.А., Смирнова С.С.</i>	65
ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ВИРУСОВ ГРИППА А(Н3N2), ЦИРКУЛИРОВАВШИХ В СЕЗОНЕ 2023–2024 гг. В РОССИИ <i>Елькина М.А., Артамонова А.А., Яцышина С.Б., Берсенева А.А., Валдохина А.В., Буланенко В.П.</i>	66
ОСОБЕННОСТИ ГЕНОМОВ ШТАММОВ ОСНОВНЫХ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ЛИНИЙ <i>BACILLUS ANTHRACIS</i> <i>Еременко Е.И., Рязанова А.Г., Печковский Г.А., Писаренко С.В., Ковалев Д.А., Аксенова Л.Ю., Семенова О.В., Куличенко А.Н.</i>	67
ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИЗАЦИЯ ВИРУСА ГЕПАТИТА В, ЦИРКУЛИРУЮЩЕГО СРЕДИ ВИЧ-ИНФИЦИРОВАННЫХ ЛИЦ В РЕСПУБЛИКЕ АЛТАЙ <i>Железнова А.С., Свириг К.А., Антонец М.Е., Щербаков Д.Н., Карташов М.Ю.</i>	68
УГРОЗА ПАНДЕМИИ ПТИЧЬЕГО ГРИППА: МЕХАНИЗМЫ ФОРМИРОВАНИЯ ПОПУЛЯЦИОННОГО ГЕНОФОНДА ВИРУСА <i>Жирнов О.П., Львов Д.К.</i>	69
ВЫЯВЛЕНИЕ ГЕНОВ CRISPR-CAS-СИСТЕМЫ В НЕТОКСИГЕННЫХ ШТАММАХ <i>VIBRIO CHOLERAE</i> O1 СЕРОГРУППЫ БИОВАРА EL TOR <i>Заднова С.П., Челдышова Н.Б., Сергутин Д.А., Плеханов Н.А., Ерохин П.С.</i>	71
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ SARS-CoV-2 И НАУЧНОЕ ОБОСНОВАНИЕ ЭФФЕКТИВНОСТИ ПРОТИВОЭПИДЕМИЧЕСКИХ МЕРОПРИЯТИЙ В ОЧАГАХ COVID-19 В ОБЩЕЖИТИЯХ МОСКВЫ <i>Задорожный А.В., Пшеничная Н.Ю.</i>	72
ВИРУСЫ В ПИЩЕВОЙ ПРОДУКЦИИ — ТЕНДЕНЦИИ, ОСОБЕННОСТИ ИССЛЕДОВАНИЯ И РАСПРОСТРАНЁННОСТЬ <i>Зайко Е.В., Сатабаева Д.М.</i>	73
РАЗРАБОТКА НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ КАЧЕСТВЕННОГО ОПРЕДЕЛЕНИЯ РНК ВИРУСА КОРИ МЕТОДОМ ПЦР <i>Замотаева Т.Л., Черкашин Е.А.</i>	74
ОБНАРУЖЕНИЕ ЭНТЕРОВИРУСА EV-D68 У ПАЦИЕНТОВ С ОРВИ <i>Зверев В.В., Селиванова С.Г., Пономарева Н.В., Голицына Л.Н., Новикова Н.А.</i>	75
УРОВЕНЬ КОЛЛЕКТИВНОГО ИММУНИТЕТА К ВИРУСУ КОРИ У ЖИТЕЛЕЙ СЕВЕРО-ЗАПАДНОГО ФЕДЕРАЛЬНОГО ОКРУГА РОССИИ <i>Иванов А.В., Ваганова А.Н., Семенова Е.В.</i>	76
ОСОБЕННОСТИ ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ COVID-19 НА ТЕРРИТОРИИ МОСКОВСКОЙ ОБЛАСТИ <i>Каира А.Н., Мурзина А.А.</i>	77

МОНИТОРИНГ ВИРУСА СИНДБИС НА ТЕРРИТОРИИ ЕВРОПЕЙСКОЙ ЧАСТИ РОССИИ В 2023 г. <i>Кайсаров И.Д., Батурин А.А., Бондарева О.С., Алёхина В.А., Бородай Н.В., Путинцева Е.В.</i>	78
ПАТОГРУППЫ <i>ESCHERICHIA COLI</i> ПРИ ТРИХОЦЕФАЛЁЗЕ У ОБЕЗЬЯН <i>Калашникова В.А., Егорова Т.П., Демерчян А.В., Леншина Я.И., Аршба И.М.</i>	79
РАЗРАБОТКА МЕТОДА ДИАГНОСТИКИ ВИРУСА <i>MAMMARENAVIRUS MACHUPOENSE</i> НА ОСНОВЕ ИЗОТЕРМИЧЕСКОЙ РЕКОМБИНАЗНОЙ ПОЛИМЕРАЗНОЙ АМПЛИФИКАЦИИ В РЕАЛЬНОМ ВРЕМЕНИ <i>Капитонова М.А., Шабалина А.В., Дедков В.Г., Долгова А.С.</i>	80
ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ШТАММОВ <i>YERSINIA PESTIS</i> , ВЫДЕЛЕННЫХ В СЕВЕРО-ПРИАРАЛЬСКОМ И ПРИАРАЛЬСКО-КАРАКУМСКОМ ПРИРОДНЫХ ОЧАГАХ ЧУМЫ <i>Карапетян Л.А., Нарышкина Е.А., Ерошенко Г.А.</i>	81
ПРЕВАЛЕНТНОСТЬ ИКСОДОВЫХ КЛЕЩЕЙ, СОБРАННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ ПСКОВСКОЙ ОБЛАСТИ, В ОТНОШЕНИИ <i>RICKETTSIA SPP.</i> <i>Кармоков И.А., Лунина Г.А., Рябико Е.Г., Лызенко И.С., Баимова Р.Р., Халилов Э.С., Гречишкина Д.И., Токаревич Н.К.</i>	82
ВСТРЕЧАЕМОСТЬ И ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ СЕГМЕНТИРОВАННОГО ФЛАВИПОДОБНОГО ВИРУСА АЛОНГШАН НА ЮГЕ ВОСТОЧНОЙ СИБИРИ <i>Карташов М.Ю., Кривошеина Е.И., Курушина В.Ю., Терновой В.А.</i>	83
ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ВАРИАНТЫ ВИЧ-1 НА ТЕРРИТОРИИ РЕСПУБЛИКИ САХА (ЯКУТИЯ) <i>Котова В.О., Балахонцева Л.А., Базыкина Е.А., Троценко О.Е.</i>	84
ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ВИРУСОВ ГЕПАТИТОВ В И С СРЕДИ НАСЕЛЕНИЯ ХАБАРОВСКОГО КРАЯ <i>Котова В.О., Балахонцева Л.А., Базыкина Е.А., Троценко О.Е.</i>	85
СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ ВИРУСА ПАПИЛЛОМЫ ЧЕЛОВЕКА ПРИ ПЛОСКОКЛЕТОЧНЫХ ИНТРАЭПИТЕЛИАЛЬНЫХ ПОРАЖЕНИЯХ ШЕЙКИ МАТКИ ВЫСОКОЙ СТЕПЕНИ <i>Кулешова О.Б., Домонова Э.А., Минкина Г.Н.</i>	86
РАЗРАБОТКА СПОСОБА ОПРЕДЕЛЕНИЯ ТИПА ICE SXT ЭЛЕМЕНТА В ШТАММАХ <i>VIBRIO CHOLERAE</i> O1 СЕРОГРУППЫ БИОВАРА EL TOR НА ОСНОВЕ ВЫЯВЛЕНИЯ АНТИФАГОВЫХ ГЕНОВ <i>Кураташвили А.Ю., Челдышова Н.Б., Плеханов Н.А., Варшавская Ю.С., Заднова С.П.</i>	87
ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКАЯ И ИММУНОЛОГИЧЕСКАЯ ЭФФЕКТИВНОСТЬ ОДНОКРАТНОЙ ИММУНИЗАЦИИ ПРОТИВ ГЕПАТИТА А В РЕСПУБЛИКЕ ТЫВА СПУСТЯ 11 ЛЕТ ПОСЛЕ ВНЕДРЕНИЯ МАССОВОЙ ВАКЦИНАЦИИ <i>Лопатухина М.А., Мобархан Ф.А., Ильченко Л.Ю., Исаева О.В., Карлсен А.А., Потемкин И.А., Кичатова В.С., Сарыглар А.А., Очур Ш.С., Салчак Л.К., Дажикай А.Д., Кюрегян К.К., Михайлов М.И.</i>	88
ОПРЕДЕЛЕНИЕ РАСПРОСТРАНЁННОСТИ СЕРОЛОГИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ ГЕПАТИТА А СРЕДИ МИГРАНТОВ ИЗ ГИПЕРЭНДЕМИЧНЫХ РЕГИОНОВ <i>Лопатухина М.А., Потемкин И.А., Кичатова В.С., Юзлибаева Л.Р., Патяшина М.А., Кюрегян К.К., Михайлов М.И.</i>	91
ПРИМЕНЕНИЕ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА ДЛЯ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО РАССЛЕДОВАНИЯ ВСПЫШКИ БРУЦЕЛЛЕЗА В РЕСПУБЛИКЕ БУРЯТИЯ В 2023 г. <i>Таликина Т.О., Лященко С.М., Бондарюк А.Н., Куликалова Е.С., Балахонов С.В.</i>	93

ЧАСТОТА ВЫЯВЛЕНИЯ УСТОЙЧИВЫХ К МАКРОЛИДАМ <i>MYCOPLASMA PNEUMONIAE</i> ДО И ПОСЛЕ ПАНДЕМИИ COVID-19 <i>Мамошина М.В., Яцышина С.Б.</i>	94
РАЗРАБОТКА СПОСОБА ВЫЯВЛЕНИЯ РНК ВИРУСА ЗАПАДНОГО НИЛА НА ОСНОВЕ ТЕХНОЛОГИИ LAMP <i>Миронова А.В., Бондарева О.С., Ткаченко Г.А., Батулин А.А.</i>	95
СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ АКТИВНОСТИ ОБРАТНОЙ ТРАНСКРИПТАЗЫ ПРИ РАЗНЫХ УСЛОВИЯХ ОЧИСТКИ <i>Михеева О.О., Шеметова А.Ф., Замотаева Т.Л., Черкашин Е.А., Черкашина А.С., Акимкин В.Г.</i>	96
АНАЛИЗ ЗАРАЖЁННОСТИ КЛЕЩЕЙ ПАТОГЕНАМИ В АМУРСКОЙ ОБЛАСТИ <i>Мурмило В.С., Бурдинская Е.Н.</i>	97
ПОДХОДЫ К ИЗУЧЕНИЮ ЭПИДЕМИЧЕСКОГО ПРОЦЕССА ПРИРОДНО-ОЧАГОВЫХ ИНФЕКЦИЙ <i>Нафеев А.А., Салина Г.В., Жукова Е.Ю.</i>	98
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИАГНОСТИКА У ПАЦИЕНТОВ С ХРОНИЧЕСКИМ ГЕПАТИТОМ В <i>Нгуен Т.Х., Кюрегян К.К., Ильченко Л.Ю., Мельникова Л.И.</i>	99
ЧАСТОТА ВСТРЕЧАЕМОСТИ ДВОЙНОЙ ОНКОГЕННОЙ ЗАМЕНЫ 1762A/1764T В ИЗОЛЯТАХ ВИРУСА ГЕПАТИТА В, ЦИРКУЛИРУЮЩЕГО НА ТЕРРИТОРИИ МОСКВЫ <i>Панасюк Я.В., Власенко Н.В., Кистенева Л.Б., Хлопова И.Н., Абдурахманов Д.Т., Понежева Ж.Б., Макашова В.В., Омарова Х.Г., Кузин С.Н., Акимкин В.Г.</i>	100
ИЗУЧЕНИЕ ЧАСТОТЫ ВЫЯВЛЕНИЯ ИНФЕКЦИЙ, ПЕРЕДАВАЕМЫХ ПОЛОВЫМ ПУТЁМ, У ЖЕНЩИН С РАЗНЫМ ВИЧ-СТАТУСОМ В ДВУХ РЕГИОНАХ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ <i>Переvezенцева М.А., Скачкова Т.С., Домонова Э.А., Романюк Т.Н., Попова А.А., Самарина А.В., Шамаева Н.С., Мартиросян М.М., Белоцерковцева Л.Д., Майер Ю.И., Конарева И.Г.</i>	101
ОБНАРУЖЕНИЕ РНК-ИЗОЛЯТА РОДСТВЕННОГО ВИРУСУ ХОККАЙДО НА ТЕРРИТОРИИ КРАСНОЯРСКОГО КРАЯ <i>Попова Ю.В., Блинова Е.А., Грицкова Е.В., Курашова С.С., Егорова М.С., Дзагурова Т.К.</i>	103
ОЦЕНКА РАСПРОСТРАНЁННОСТИ <i>ВETAROLYOMAVIRUS HOMINIS</i> СРЕДИ ВИЧ-ИНФИЦИРОВАННЫХ ЛИЦ <i>Прилепская Д.Р., Домонова Э.А., Попова А.А., Голицусова М.Д.</i>	104
СЕРОПРЕВАЛЕНТНОСТЬ ВИРУСА КЛЕЩЕВОГО ЭНЦЕФАЛИТА СРЕДИ НАСЕЛЕНИЯ РОССИИ И КЫРГЫЗСТАНА <i>Притворова Л.Н., Алаторцева Г.И., Нестеренко Л.Н., Кабаргина В.Ю., Гогина С.С., Оксанич А.С., Нурматов З.Ш., Касымов О.Т., Свитич О.А.</i>	105
ИНФИЦИРОВАННОСТЬ ИКСОДОФАУНЫ КАЛИНИНГРАДСКОГО ПОЛУОСТРОВА <i>Раков А.В., Волчев Е.Г., Петремгвдлишвили К., Чеканова Т.А.</i>	106
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНФЕКЦИОННЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ПЛАТФОРМЫ VGenus <i>Роев Г.В., Аглетдинов М.Р., Надтока М.И., Хафизов К.Ф., Акимкин В.Г.</i>	107
РАЗРАБОТКА СПОСОБА ОПРЕДЕЛЕНИЯ ЕДИНИЦ АКТИВНОСТИ ПОЛИМЕРАЗЫ МЕТОДОМ ДЕТЕКЦИИ ФЛУОРЕСЦЕНЦИИ В РЕАЛЬНОМ ВРЕМЕНИ <i>Румянцева Н.П., Черкашина А.С., Акимкин В.Г.</i>	108
ПОЛУЧЕНИЕ РЕКОМБИНАНТНЫХ БЕЛКОВ-ЭПИТОПОВ SARS-CoV-2 <i>Румянцева Н.П., Михеева О.О., Черкашина А.С., Щербаков А.И., Стуколова О.А., Акимкин Г.В.</i>	109

НОВЫЕ ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ВАРИАНТЫ ВОЗБУДИТЕЛЯ ХОЛЕРЫ И СПОСОБ ИХ ИДЕНТИФИКАЦИИ	
<i>Рыбальченко Д.А., Плеханов Н.А., Щелканова Е.Ю., Смирнова Н.И.</i>	110
РЕЗУЛЬТАТЫ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО МОНИТОРИНГА ЗА ЭНТЕРОВИРУСАМИ В СУБЪЕКТАХ ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА И СИБИРИ В 2023 г.	
<i>Сапега Е.Ю., Бутакова Л.В., Троценко О.Е.</i>	111
ОБНАРУЖЕНИЕ БАКТЕРИЙ <i>SALMONELLA ENTERICA</i> КОМБИНАЦИЕЙ РЕКОМБИНАЗНОЙ ПОЛИМЕРАЗНОЙ АМПЛИФИКАЦИИ И ИММУНОАНАЛИЗА МЕЧЕННОЙ АНТИГЕНОМ ДНК	
<i>Серченя Т.С., Охремчук Е.В., Валентович Л.Н., Лапина В.С., Свиридов О.В.</i>	112
ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ШТАММОВ <i>YERSINIA PESTIS</i> ИЗ ИЛИЙСКОГО МЕЖГОРНОГО ОЧАГА МЕТОДОМ SNP-АНАЛИЗА	
<i>Сидорин А.С., Нарышкина Е.А., Ерошенко Г.А.</i>	113
ПЛАЗМИДНОЕ ТИПИРОВАНИЕ ДНК ИЗОЛЯТОВ <i>COXIELLA BURNETII</i>	
<i>Сирица Ю.В., Зайцева О.А., Гнусарева О.А., Ульшина Д.В., Волюнкина А.С., Васильева О.В., Михайлова М.Е.</i>	114
ОЦЕНКА ЭФФЕКТИВНОСТИ ПРОГРАММЫ ВАКЦИНОПРОФИЛАКТИКИ ГЕПАТИТА В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ	
<i>Соловьёв Д.В., Родионова З.С., Корабельникова М.И., Власенко Н.В., Панасюк Я.В., Клушкина В.В., Кудрявцева Е.Н., Дубоделов Д.В., Семенов Т.А., Кузин С.Н., Акимкин В.Г.</i>	115
ТЕНДЕНЦИИ ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ ХРОНИЧЕСКИМ ГЕПАТИТОМ В В РАЗЛИЧНЫХ ВОЗРАСТНЫХ ГРУППАХ НАСЕЛЕНИЯ МОСКВЫ С 2001 ПО 2022 г.	
<i>Соловьёв Д.В., Семенов Т.А., Кузин С.Н.</i>	116
ОДНОВРЕМЕННАЯ ДЕТЕКЦИЯ КЛАСТЕРОВ W0/W148 И 94-32 ГЕНОТИПА <i>BEIJING MUCOVACTERIUM TUBERCULOSIS</i>	
<i>Терентьева Д.Р., Вязовая А.А., Мокроусов И.В.</i>	117
ДИАГНОСТИКА РЕСПИРАТОРНЫХ ВИРУСНЫХ ИНФЕКЦИЙ У ДЕТЕЙ С КОКЛЮШЕМ	
<i>Трушакова С.В., Попова О.П., Краснослободцев К.Г., Мукашева Е.А., Бурцева Е.И.</i>	118
ОЦЕНКА СПЕЦИФИЧНОСТИ ФРАГМЕНТОВ ГЕНА 16S рРНК ПРИ ИДЕНТИФИКАЦИИ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ПРИРОДНО-ОЧАГОВЫХ ИНФЕКЦИЙ В КЛИНИЧЕСКОМ И ПОЛЕВОМ МАТЕРИАЛЕ	
<i>Ульшина Д.В., Васильева О.В., Зайцева О.А., Волюнкина А.С., Писаренко С.В., Сирица Ю.В.</i>	120
МЕТОД АНАЛИЗА ЕДИНИЧНЫХ НУКЛЕОТИДНЫХ ПОЛИМОРФИЗМОВ ДЛЯ ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ ШТАММОВ <i>BACILLUS ANTHRACIS</i>	
<i>Фахрутдинов Н.А., Громова Е.А., Зайнуллин Л.И.</i>	121
ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ ДЛЯ ПЦР-ДИАГНОСТИКИ КЛАССИЧЕСКОЙ ЧУМЫ СВИНЕЙ	
<i>Хаммадов Н.И., Горбунова М.Е., Сальманова Г.Р.</i>	122
СЕРОЛОГИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ ПОПУЛЯЦИОННОГО ИММУНИТЕТА К ВОЗБУДИТЕЛЯМ ГЕМОРАГИЧЕСКОЙ ЛИХОРАДКИ С ПОЧЕЧНЫМ СИНДРОМОМ И ИЗУЧЕНИЕ ИНФИЦИРОВАННОСТИ МЕЛКИХ МЛЕКОПИТАЮЩИХ ХАНТАВИРУСАМИ В РЯДЕ СУБЪЕКТОВ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ В 2023 г.	
<i>Хусаинова Р.М., Савицкая Т.А., Трифонов В.А., Серова И.В., Тюрин Ю.А., Исаева Г.Ш.</i>	123
ЭВОЛЮЦИОННАЯ СВЯЗЬ ИЗМЕНЧИВОСТИ ГЕНА НУКЛЕОКАПСИДНОГО БЕЛКА NP С КРУГОМ ХОЗЯЕВ ВИРУСОВ ГРИППА А	
<i>Чернышова А.И., Жирнов О.П.</i>	125

MLVA-ТИПИРОВАНИЕ ШТАММОВ <i>YERSINIA PESTIS</i> ИЗ КАРАКУМСКОГО ПУСТЫННОГО ОЧАГА <i>Шевченко К.С., Ерошенко Г.А.</i>	126
РАСПРОСТРАНЁННОСТЬ И АНТИМИКРОБНАЯ РЕЗИСТЕНТНОСТЬ ШТАММОВ <i>LISTERIA MONOCYTOGENES</i> В ПИЩЕВЫХ ПРОДУКТАХ И ПРОИЗВОДСТВЕННОЙ СРЕДЕ ПИЩЕВЫХ ПРЕДПРИЯТИЙ <i>Юшина Ю.К., Батаева Д.С., Зайко Е.В., Грудистова М.А.</i>	127
ГЕНОМНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ ПО ОБЕСПЕЧЕНИЮ БИОЛОГИЧЕСКОЙ БЕЗОПАСНОСТИ И ТЕХНОЛОГИЧЕСКОЙ НЕЗАВИСИМОСТИ. ГЕНОМНЫЙ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЙ НАДЗОР	
СРАВНИТЕЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА СИСТЕМ CRISPR-Cas ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ РНК ВИРУСА SARS-CoV-2 <i>Акинин А.С., Тюменцев А.И., Тюменцева М.А., Акимкин В.Г.</i>	128
РАЗРАБОТКА НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ <i>DENGUE VIRUS</i> МЕТОДОМ ПЕТЛЕВОЙ ИЗОТЕРМИЧЕСКОЙ АМПЛИФИКАЦИИ <i>Анисимова Д.А., Красовитов К.В., Петров В.В.</i>	129
СЕЛЕКТИВНАЯ АМПЛИФИКАЦИЯ ДНК <i>COXIELLA BURNETII</i> ДЛЯ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ <i>Безручко М.В., Полев Д.Е., Фрейлихман О.А.</i>	130
КОНСТРУИРОВАНИЕ ПРАЙМЕРОВ ДЛЯ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ВИРУСА МЕШОТЧАТОГО РАСПЛОДА ПЧЕЛ (<i>INFLAVIRUS SACBROODI</i>) <i>Белик А.А., Мерлов Е.К., Карнаухова Е.В., Милованкин П.Г., Фоменко Е.П., Щелканов М.Ю.</i>	131
РАЗРАБОТКА НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ <i>MYSOPLASMA PNEUMONIAE</i> МЕТОДОМ LAMP <i>Беликова А.В., Красовитов К.В., Петров В.В.</i>	132
ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ШТАММОВ ХОЛЕРНЫХ ВИБРИОНОВ, ЦИРКУЛИРУЮЩИХ В РОССИИ И МИРЕ <i>Водопьянов А.С., Кругликов В.Д., Писанов Р.В., Монахова Е.В., Чемисова О.С., Носков А.К.</i>	133
РАЗНООБРАЗИЕ СИКВЕНС-ТИПОВ <i>KLEBSIELLA PNEUMONIAE</i> , КОЛОНИЗИРУЮЩИХ КИШЕЧНИК ЧЕЛОВЕКА ПРИ ДИСБИОТИЧЕСКИХ НАРУШЕНИЯХ <i>Гладышева Н.П.</i>	134
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ШТАММОВ СТРЕПТОКОККА ГРУППЫ В, ВЫДЕЛЕННЫХ У БЕРЕМЕННЫХ ЖЕНЩИН И НОВОРОЖДЁННЫХ ДЕТЕЙ <i>Гордеев А.Б., Бембеева Б.О., Денисов П.А., Изюмов Р.В., Гончарук О.Д., Нечаева О.В., Припутневич Т.В.</i>	135
ПОЛНОГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ И АННОТАЦИЯ ШТАММА <i>EXIGUOBACTERIUM</i> <i>Горохов И.А., Гончаров Н.Е., Полев Д.Е.</i>	136
МИКРОБИОМ ЧЕЛОВЕКА В АСПЕКТЕ БИОЛОГИЧЕСКОЙ БЕЗОПАСНОСТИ <i>Ильина Е.Н.</i>	137
ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ВИРУСА ГЕПАТИТА В У МИГРАНТОВ ИЗ СТРАН СРЕДНЕЙ АЗИИ <i>Карлсен А.А., Асади Мобархан Ф.А., Юзлибаева Л.Р., Патышина М.А., Чанышев М.Д., Хафизов К.Ф., Кюрегян К.К., Михайлов М.И.</i>	138
РАЗРАБОТКА ПРАЙМЕРНЫХ ПАНЕЛЕЙ ДЛЯ АМПЛИКОННОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ВИРУСОВ ПАРАГРИППА ЧЕЛОВЕКА 1-го И 2-го ТИПОВ <i>Мансур О., Фадеев А.В., Коржанова М., Комиссаров А.Б.</i>	140

КОНСТРУИРОВАНИЕ ПРАЙМЕРОВ ДЛЯ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ВИРУСА ОСТРОГО ПАРАЛИЧА ПЧЁЛ (<i>APARAVIRUS APISACUTUM</i>) <i>Мерлов Е.К., Белик А.А., Милованкин П.Г., Карнаухова Е.В., Фоменко Е.П., Щелканов М.Ю.</i>	141
КОНСТРУИРОВАНИЕ ПРАЙМЕРОВ ДЛЯ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ВИРУСА ХРОНИЧЕСКОГО ПАРАЛИЧА ПЧЁЛ (<i>IFLAVIRUS APISTARDUM</i>) <i>Карнаухова Е.В., Белик А.А., Мерлов Е.К., Милованкин П.Г., Фоменко Е.П., Щелканов М.Ю.</i>	142
ПРИМЕНЕНИЕ МУЛЬТИПЛЕКСНОЙ ПЦР И ТЕХНОЛОГИЙ NGS ДЛЯ ИДЕНТИФИКАЦИИ ШИРОКОГО СПЕКТРА ВИРУСНЫХ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ РЕСПИРАТОРНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ <i>Надтока М.И., Пересадына А.В., Аглетдинов М.Р., Роев Г.В., Бухарина А.Ю., Хафизов К.Ф., Акимкин В.Г.</i>	143
SARS-CoV-2 — БИОЛОГИЧЕСКИЕ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ <i>Субботина И.А., Семенов В.М., Куприянов И.И., Егоров С.К.</i>	144
МОЛЕКУЛЯРНАЯ ДИАГНОСТИКА В КЛИНИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЯХ	
ОСОБЕННОСТИ ПРОДУКЦИИ TNF α У ДЕТЕЙ С НОВОЙ КОРОНАВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИЕЙ <i>Агеева Е.С., Аблаева Р.Н., Рымаренко Н.В., Дядюра Е.Н.</i>	146
ОПТИМИЗАЦИЯ НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ КАЧЕСТВЕННОГО ОПРЕДЕЛЕНИЯ РНК ВИРУСА ГЕПАТИТА А МЕТОДОМ ПЦР <i>Блохина С.А., Черкашин Е.А.</i>	147
ОПРЕДЕЛЕНИЕ МУТАЦИЙ УСТОЙЧИВОСТИ К ДЕЙСТВИЮ АНТИБИОТИКОВ У <i>Mycoplasma genitalium</i> КАК ПРОФИЛАКТИКА ОСЛОЖНЕНИЙ И РАСПРОСТРАНЕНИЯ ИНФЕКЦИИ <i>Большенко Н.В., Махова Т.И., Гатцаева Н.Д., Головешкина Е.Н.</i>	148
РАЗРАБОТКА НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ ШИГЕЛЛ И ЭНТЕРОИНВАЗИВНЫХ ЭШЕРИХИЙ МЕТОДОМ ПЕТЛЕВОЙ ИЗОТЕРМИЧЕСКОЙ АМПЛИФИКАЦИИ <i>Борисова Е.С., Верещагина Н.В., Красовитов К.В., Петров В.В.</i>	149
ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬ ЭПИДЕМИЧЕСКИ ЗНАЧИМЫХ ШТАММОВ ВИРУСОВ ГРИППА К ИНГИБИТОРАМ НЕЙРАМИНИДАЗЫ В РОССИИ <i>Бреслав Н.В., Кириллова Е.С., Мукашева Е.А., Крепкая А.С., Бурцева Е.И.</i>	150
РАЗРАБОТКА НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ РНК ВИРУСА ЭПИДЕМИЧЕСКОГО ПАРОТИТА МЕТОДОМ ПЦР <i>Дедаева Е.А., Замотаева Т.Л., Черкашин Е.А.</i>	151
АССОЦИАЦИЯ ПОЛИМОРФИЗМА Chr.10:88793660С>А С КЛИНИЧЕСКИМИ ПРОЯВЛЕНИЯМИ У ПАЦИЕНТОВ С ИШЕМИЧЕСКОЙ БОЛЕЗНЬЮ СЕРДЦА <i>Кипень В.Н., Зотова О.В., Добыш О.И., Бейманов А.Э., Стельмашок В.И., Королёва Т.С., Лемеш В.А.</i>	152
ВЛИЯНИЕ МИКРОБИОТЫ ВЛАГАЛИЩА НА РАЗВИТИЕ ПОСЛЕОПЕРАЦИОННЫХ ОСЛОЖНЕНИЙ <i>Зыкова Т.А., Шевякова Е.А., Никитина В.П., Женило О.Е.</i>	153
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ В ВЫЯВЛЕНИИ <i>HUMAN PAPILLOMAVIRUS</i> <i>Ильин И.И., Марданлы С.Г.</i>	154
АНАЛИЗ ШТАММОВ <i>PSEUDOMONAS AERUGINOSA</i> С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ПРОГРАММЫ «PSEUDOMONAS ANALYSER» <i>Ковалевич А.А., Водопьянов А.С., Писанов Р.В.</i>	155

ГЕНЫ РЕЗИСТЕНТНОСТИ <i>KLEBSIELLA PNEUMONIAE</i> <i>Колотова О.Н., Катаева Л.В., Степанова Т.Ф.</i>	156
ЗНАЧЕНИЕ МЕТОДОВ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ГЕНЕТИКИ В ПРОГНОЗИРОВАНИИ ОДНОСТОРОННЕГО ТЕЧЕНИЯ МОЧЕКАМЕННОЙ БОЛЕЗНИ В РОССИЙСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ <i>Константинова О.В., Сломинский П.А., Калиниченко Д.Н., Тупицына Т.В., Сивков А.В., Аполухин О.И., Каприн А.Д.</i>	157
РАБОТА МИКРОБИОЛОГИЧЕСКОЙ ЛАБОРАТОРИИ: АКТУАЛЬНЫЕ АСПЕКТЫ ИДЕНТИФИКАЦИИ МИКРОБНЫХ КУЛЬТУР <i>Котелевец Е.П.</i>	159
ПОСТВАКЦИНАЛЬНЫЙ ИММУННЫЙ ОТВЕТ У МЕДИЦИНСКИХ РАБОТНИКОВ <i>Маннанова И.В., Гришаева А.А., Алакаев Р.З., Тхазаплизева Л., Понежева Ж.Б.</i>	160
ИММУННЫЙ ОТВЕТ НА ВАКЦИНАЦИЮ ПРОТИВ ГЕПАТИТА В <i>Омарова Х.Г., Маннанова И.В., Алакаев Р.З., Макашова В.В., Понежева Ж.Б.</i>	161
МУЛЬТИПЛЕКСНАЯ ЭКСПРЕСС-ИММУНОДИАГНОСТИКА В МИКРОФЛЮИДНОМ ЧИПЕ <i>Матвеева А.Г., Москалец А.П., Морозова О.В., Прусаков К.А., Гудков А.Г., Клинов Д.В.</i>	162
ИСЛЕДОВАНИЕ ЧАСТОТ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ ПРОТЕАСОМНЫХ ГЕНОВ <i>PSMB5, PSMB7</i> ПРИ ТУБЕРКУЛЁЗНОЙ ИНФЕКЦИИ <i>Мейер А.В., Тхоренко Б.А., Холодов А.А., Лавряшина М.Б.</i>	163
СРАВНЕНИЕ ВОСПРОИЗВОДИМОСТИ РЕЗУЛЬТАТОВ ВЫЯВЛЕНИЯ ДНК ВПЧ 6, 11, 44-го ТИПОВ МЕТОДОМ ПЦР-РВ ПРИ ИСПОЛЬЗОВАНИИ НАБОРОВ РЕАГЕНТОВ РОССИЙСКИХ ПРОИЗВОДИТЕЛЕЙ <i>Надысева Т.В., Кулешова О.Б., Домонова Э.А.</i>	164
ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ЭНТЕРОВИРУСОВ У ГОСПИТАЛИЗИРОВАННЫХ ДЕТЕЙ С ОСТРЫМИ РЕСПИРАТОРНЫМИ ИНФЕКЦИЯМИ В 2023 г. <i>Нохова А.Р., Дёрко А.А., Мурашкина Т.А., Сароян Т.А., Курская О.Г.</i>	166
РАЗРАБОТКА НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ <i>LEGIONELLA PNEUMOPHILA</i> МЕТОДОМ LAMP <i>Обухова Е.А., Петров В.В., Шустова М.И.</i>	167
РАЗРАБОТКА ПЛАТФОРМЫ ДЕТЕКЦИИ ВИРУСА <i>МАММАРЕНАВИРУС JUNINENSE</i> НА ОСНОВЕ СИСТЕМЫ CRISPR/Cas12a <i>Прокopenko Е.С., Капитонова М.А., Шабалина А.В., Дедков В.Г., Долгова А.С.</i>	168
ЭТИОЛОГИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА РЕСПИРАТОРНЫХ ИНФЕКЦИЙ В СЕМЕЙНЫХ ОЧАГАХ <i>Рублева О.В., Николаева С.В., Плоскирева А.А.</i>	169
ДИАГНОСТИЧЕСКОЕ ЗНАЧЕНИЕ ОПРЕДЕЛЕНИЯ АНТИТЕЛ IGA ПРИ КЛЕЩЕВОЙ ПЯТНИСТОЙ ЛИХОРАДКЕ <i>Смирнова Н.С., Ганчева П.Г., Кондратьев А.В., Грумов Д.А., Пантюхина А.Н., Костарной А.В.</i>	170
РАСПРОСТРАНЁННОСТЬ КАРБАПЕНЕМАЗ БАКТЕРИЙ, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ ПАЦИЕНТОВ С КОЛОПРОКТОЛОГИЧЕСКИМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ <i>Спивак М.В., Чистякова Д.А., Шафикова А.А., Лягина И.А., Мелкумян А.Р.</i>	171
ПЕРСИСТЕНЦИЯ SARS-CoV-2 У ПАЦИЕНТОВ С ИНФЕКЦИОННЫМ ЭНДОКАРДИТОМ И COVID-19 <i>Твердохлебова Д.К., Петрова О.В.</i>	172

РАЗРАБОТКА КОМПЛЕКТА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ ЭКСТРАКЦИИ ДНК ГРИБОВ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ЛИТИКАЗЫ <i>Трофимова С.С., Ливадина Е.В., Черкашина А.С.</i>	173
ИССЛЕДОВАНИЕ СПЕКТРА И ЧАСТОТЫ ВСТРЕЧАЕМОСТИ ГАПЛОТИПОВ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ ГЕНОВ <i>GC, VDR, RXR</i> У ЛИЦ, БОЛЬНЫХ ТУБЕРКУЛЁЗОМ ЛЁГКИХ <i>Тхоренко Б.А., Мейер А.В., Холодов А.А., Лавряшина М.Б.</i>	174
ВЛИЯНИЕ ГЕНОТИПА <i>hV1</i> И АЛЛЕЛЕЙ ГЕНОВ <i>HLA</i> НА ИСХОД ВИРУСНОГО ГЕПАТИТА В <i>Чанышев М.Д., Власенко Н.В., Глущенко А.Г., Макашова В.В., Кузин С.Н., Хафизов К.Ф.</i>	175
ПРЕИМУЩЕСТВО МУЛЬТИПЛЕКСНОГО НАБОРА ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ РАЗЛИЧНЫХ ТИПОВ ВИРУСА ГЕРПЕСА МЕТОДОМ ПЦР <i>Чуликова А.Н.</i>	176
МЕТОДИКА ОПРЕДЕЛЕНИЯ ФЕРМЕНТАТИВНОЙ АКТИВНОСТИ <i>Шеметова А.Ф., Черкашин Е.А.</i>	177
ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ САЛЬМОНЕЛЛ: ПОИСК СВЯЗЕЙ И ОПРЕДЕЛЕНИЕ СЕРОВАРИАНТОВ <i>Эрдынеев С.В., Миронова Л.В., Федотова И.С., Хунхеева Ж.Ю., Пономарева А.С., Арефьева Н.А., Распопина Л.А., Рудевич О.Г., Давидчук К.Ю.</i>	179
МОЛЕКУЛЯРНАЯ ДИАГНОСТИКА В ГЕНЕТИКЕ МУЛЬТИФАКТОРНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ	
АССОЦИАЦИЯ ГЕНОТИПА <i>rs699-AA</i> ГЕНА <i>AGT</i> С ГИПЕРХОЛЕСТЕРИНЕМИЕЙ У ДЕТЕЙ С ОЖИРЕНИЕМ <i>Бевз А.С., Бокова Т.А., Дрибноходова О.П., Миронов К.О.</i>	180
РАЗРАБОТКА ПРОГНОСТИЧЕСКОЙ МОДЕЛИ РАЗВИТИЯ РАКА ШЕЙКИ МАТКИ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ФАКТОРОВ <i>Винокуров М.А., Миронов К.О., Акимкин В.Г.</i>	181
АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ФАКТОРОВ РИСКА РАЗВИТИЯ ЦИРРОЗА ПЕЧЕНИ И ГЕПАТОЦЕЛЛЮЛЯРНОЙ КАРЦИНОМЫ У БОЛЬНЫХ ХРОНИЧЕСКИМ ГЕПАТИТОМ С <i>Гапонова И.И., Миронов К.О., Омарова Х.Г., Макашова В.В.</i>	182
ИССЛЕДОВАНИЕ ЭТНОТЕРРИТОРИАЛЬНЫХ ОСОБЕННОСТЕЙ ЧАСТОТ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ ГЕНОВ ФЕРМЕНТОВ БИОТРАНСФОРМАЦИИ КСЕНОБИОТИКОВ <i>Имекина Д.О., Ульянова М.В., Минин А.В., Соболева О.А., Лавряшина М.Б.</i>	183
АНАЛИЗ ПРОФИЛЯ МЕТИЛИРОВАНИЯ ДНК СРЕДИ ПАЦИЕНТОВ С ИШЕМИЧЕСКИМ ИНСУЛЬТОМ <i>Кипень В.Н., Буракова А.А., Добыш О.И., Зотова О.В., Булгак А.Г., Лемеш В.А.</i>	184
ФАРМАКОГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ КАРДИОТОКСИЧЕСКИХ ЭФФЕКТОВ СРЕДИ ПАЦИЕНТОВ С РАКОМ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ <i>Кипень В.Н., Добыш О.И., Королева Т.С., Ковш Е.В., Лемеш В.А.</i>	185
ПОЛИМОРФИЗМЫ <i>rs241429</i> И <i>rs2740574</i> АССОЦИИРОВАНЫ С ПОКАЗАТЕЛЯМИ <i>RECIST</i> ДЛЯ ПАЦИЕНТОВ С РАКОМ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ <i>Кипень В.Н., Добыш О.И., Ходоронок Е.И., Расолько Е.А., Хоров А.О., Лемеш В.А.</i>	186
АССОЦИАЦИЯ ГЕНОТИПА <i>rs699-AA</i> ГЕНА <i>AGT</i> С МАРКЕРОМ СТРЕССОРНОЙ КАРДИОМИОПАТИИ ПРИ ФИЗИЧЕСКОЙ НАГРУЗКЕ У ДЕТЕЙ <i>Королева Ю.В., Бокова Т.А., Дрибноходова О.П., Миронов К.О.</i>	188

МОДЕЛЬ ПРЕДСКАЗАНИЯ БИОЛОГИЧЕСКОГО ВОЗРАСТА ПО УРОВНЮ МЕТИЛИРОВАНИЯ ДНК В КЛЕТКАХ КРОВИ <i>Корчагин В.И., Поздышева Е.А., Животова В.А., Миронов К.О.</i>	189
ВКЛАД ПОЛИМОРФНЫХ ЛОКУСОВ ГЕНОВ ДЛИННЫХ НЕКОДИРУЮЩИХ РНК В РАЗВИТИЕ ХРОНИЧЕСКОЙ ОБСТРУКТИВНОЙ БОЛЕЗНИ ЛЁГКИХ <i>Маркелов В.А., Ахмадишина Л.З., Ларкина А.П., Насибуллин Т.Р., Корытина Г.Ф.</i>	190
ОПРЕДЕЛЕНИЕ БАКТЕРИАЛЬНОЙ ДНК В ТРОМБАХ, ИЗВЛЕЧЁННЫХ ПРИ ИШЕМИЧЕСКОМ ИНСУЛЬТЕ <i>Миронов К.О., Гапонова И.И., Корчагин В.И., Куликова Н.Г., Кривошеева Н.М., Комарова А.Г., Плоскирева А.А., Малеев В.В.</i>	191
СОЧЕТАНИЯ ПОЛИМОРФНЫХ ДНК-МАРКЕРОВ ГЕНОВ ФЕРМЕНТОВ АНТИОКСИДАНТНОЙ СИСТЕМЫ И РЕНИН-АНГИОТЕНЗИН-АЛЬДОСТЕРОНОВОЙ СИСТЕМЫ КАК ИНФОРМАТИВНЫЕ ПРЕДИКТОРЫ ИНФАРКТА МИОКАРДА <i>Насибуллин Т.Р., Тимашева Я.Р., Эрдман В.В., Туктарова И.А., Корытина Г.Ф.</i>	192
АССОЦИАЦИЯ ВАРИАНТОВ <i>MTNFR A1298C</i> И <i>MTNFR C677T</i> В АНАЛИЗЕ ВЕРОЯТНОСТИ ПРИВЫЧНОГО НЕВЫНАШИВАНИЯ БЕРЕМЕННОСТИ У ЖЕНЩИН <i>Перевезенцев О.А., Мамедов И.С., Крапивкин А.И.</i>	193
ЭПИГЕНЕТИЧЕСКОЕ СТАРЕНИЕ ЖЕНЩИН С БЕСПЛОДИЕМ <i>Поздышева Е.А., Корчагин В.И., Миронов К.О., Огнева Д.А., Румянцева Т.А.</i>	194
ОПРЕДЕЛЕНИЕ УРОВНЯ ЭКСПРЕССИИ И АЛЛЕЛЕЙ ОДНОНУКЛЕОТИДНЫХ ПОЛИМОРФИЗМОВ ГЕНОВ ТОЛЛ-ПОДОБНЫХ РЕЦЕПТОРОВ ПРИ ХРОНИЧЕСКОЙ ОБСТРУКТИВНОЙ БОЛЕЗНИ ЛЁГКИХ <i>Саламайкина С.А., Корчагин В.И., Карнаушкина М.А., Миронов К.О.</i>	195
ТРАНСКРИПТОМНЫЙ АНАЛИЗ ПРИ БОЛЕЗНИ ПАРКИНСОНА <i>Сломинский П.А., Шадрин М.И.</i>	196
МОЛЕКУЛЯРНАЯ ДИАГНОСТИКА В ОНКОЛОГИИ И ГЕМАТОЛОГИИ	
ИЗУЧЕНИЕ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ РАЗЛИЧИЙ ПЕРВИЧНОЙ ОПУХОЛИ И МЕТАСТАЗОВ ПАПИЛЛЯРНОГО РАКА ЩИТОВИДНОЙ ЖЕЛЕЗЫ <i>Асанова Э.Р., Максимова П.Е., Хабаров О.Р., Зима Д.В., Зяблицкая Е.Ю.</i>	197
СПЕКТР ГЕРМИНАЛЬНЫХ МУТАЦИЙ В ГЕНАХ <i>BRCA1</i> И <i>BRCA2</i> В МОСКОВСКОМ РЕГИОНЕ <i>Дрибноходова О.П., Бухарина А.Ю., Миронов К.О., Тиванова Е.В.</i>	198
РАЗРАБОТКА ТАРГЕТНОЙ ПАНЕЛИ ОЛИГОНУКЛЕОТИДОВ ДЛЯ ОЦЕНКИ СТРУКТУРНЫХ ОСОБЕННОСТЕЙ ГЕНОВ <i>ALK, EGFR, ERBB2, MET</i> , СВЯЗАННЫХ С ЭФФЕКТИВНОСТЬЮ ПРИМЕНЕНИЯ ИНГИБИТОРОВ ИММУННЫХ КОНТРОЛЬНЫХ ТОЧЕК У ПАЦИЕНТОВ С НЕМЕЛКОКЛЕТОЧНЫМ РАКОМ ЛЁГКОГО <i>Епифанова А.В., Бабкин А.В., Антонова Е.Н., Кузьмин О.В., Кравцов И.С., Махлай А.А.</i>	199
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИАГНОСТИКА: РЕГИОНАЛЬНЫЙ ОПЫТ РЕСПУБЛИКИ КРЫМ И НОВЫХ ТЕРРИТОРИЙ РОССИИ <i>Крутиков Е.С., Зяблицкая Е.Ю., Макалиш Т.П., Хабаров О.Р., Амдиев А.А., Алиев К.А., Сеферов Б.Д.</i>	200
АБЕРРАНТНО ЭКСПРЕССИРУЕМЫЕ микроРНК В РАЗРАБОТКЕ МИШЕНЕЙ ТАРГЕТНОЙ ТЕРАПИИ скПКР <i>Пронина И.В., Лукина С.С., Бурдённый А.М., Логинов В.И.</i>	201

УСТОЙЧИВОСТЬ К АНТИМИКРОБНЫМ ПРЕПАРАТАМ: КЛИНИЧЕСКАЯ ПРАКТИКА И ПИЩЕВАЯ БЕЗОПАСНОСТЬ

РЕЗИСТЕНТНОСТЬ К МАКРОЛИДАМ <i>MYCOPLASMA GENITALIUM</i> , ВЫДЕЛЕННЫХ У БЕРЕМЕННЫХ г. СМОЛЕНСКА <i>Авчинникова Д.А., Покусаева В.Н., Эйдельштейн И.А.</i>	203
РАЗРАБОТКА ПРЕПАРАТОВ ПРОБИОТИКОВ ПРОТИВ ЛИСТЕРИЙ <i>Похиленко В.Д., Дунайцев И.А., Батаева Ю.В., Сомов А.Н., Борзилов А.И., Текутов А.Р., Перескокова Е.С., Комбарова Т.И., Коробова О.В.</i>	204
СТРУКТУРА И ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬ МИКРООРГАНИЗМОВ К АНТИБАКТЕРИАЛЬНЫМ ПРЕПАРАТАМ У ПАЦИЕНТОВ ОТДЕЛЕНИЙ РЕАНИМАЦИИ И ИНТЕНСИВНОЙ ТЕРАПИИ г. СТАВРОПОЛЯ <i>Батурин В.А., Халаева Е.А., Подсвирова И.А., Болатчиев А.Д.</i>	205
АНТИБИОТИКОУСТОЙЧИВОСТЬ <i>bla_{NDM}</i> -ПОЛОЖИТЕЛЬНЫХ ШТАММОВ <i>ACINETOBACTER BAUMANNII</i> <i>Гудуева Е.Н., Чемисова О.С., Носков А.К.</i>	206
РАЗРАБОТКА ПРЕПАРАТОВ ДЛЯ АКТИВНОЙ ИММУНИЗАЦИИ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ И ПТИЦЫ ДЛЯ СТРАН БРИКС НА ОСНОВЕ УНИВЕРСАЛЬНОЙ ПЛАТФОРМЫ ИЗ ПРИРОДНЫХ ИММУНОАКТИВНЫХ ЧАСТИЦ <i>Жемчужов В.Е., Васин С.М.</i>	207
МНОГОЛЕТНИЙ МОНИТОРИНГ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ <i>M. PNEUMONIAE</i> К МАКРОЛИДАМ У ПАЦИЕНТОВ ОРГАНИЗОВАННЫХ КОЛЛЕКТИВОВ СМОЛЕНСКА ЗА 2006–2024 гг. <i>Корнюшина В.М., Эйдельштейн И.А., Романов А.В., Плескачевская Т.А., Иванова О.В.</i>	208
ПРОФИЛЬ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ ПИЩЕВЫХ ИЗОЛЯТОВ <i>SALMONELLA ENTERICA</i> , ВЫДЕЛЕННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ СТРАН ВОСТОЧНОЙ ЕВРОПЫ, ЗАКАВКАЗЬЯ И ЦЕНТРАЛЬНОЙ АЗИИ <i>Куликова Н.Г., Битюмина Л.А., Михайлова Ю.В., Меликян Л.А., Мнацаканян Р.Т., Галстян Л.А., Довнар Д.А., Марейко А.М., Сурко Е.С., Максимова Г.Т., Есенова З.А., Аманкулова Г.Э., Рысыпаев А.Б., Джумаканова А.Б., Мартюшева И.Б., Карпенко А.Е., Манзенюк И.Н., Акимкин В.Г.</i>	209
ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬ К АНТИБАКТЕРИАЛЬНЫМ ПРЕПАРАТАМ ВНУТРИБОЛЬНИЧНЫХ ШТАММОВ БАКТЕРИЙ <i>Манкевич Р.Н., Ключко Н.Л.</i>	211
ИЗУЧЕНИЕ ПРОФИЛЯ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ ПИЩЕВЫХ ИЗОЛЯТОВ <i>STARPHYLOCOCCUS AUREUS</i> , ВЫДЕЛЕННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ СТРАН ВЕЗЦА В 2017–2022 гг. <i>Мартюшева И.Б., Куликова Н.Г., Битюмина Л.А., Михайлова Ю.В., Меликян Л.А., Мнацаканян Р.Т., Галстян Л.А., Довнар Д.А., Марейко А.М., Сурко Е.С., Максимова Г.Т., Есенова З.А., Аманкулова Г.Э., Рысыпаев А.Б., Джумаканова А.Б., Каюмова М.У., Рузиев М.М., Муминов М.О., Шеленков А.А., Манзенюк И.Н., Акимкин В.Г.</i>	212
ВАЛИДАЦИЯ И ВЕРИФИКАЦИЯ МОЛЕКУЛЯРНЫХ МЕТОДОВ ДЛЯ ИССЛЕДОВАНИЯ ПИЩЕВОЙ ПРОДУКЦИИ КАК ГАРАНТИЯ ДОСТОВЕРНЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ <i>Махова А.А., Грудистова М.А.</i>	214
ФЕНОТИПИЧЕСКИЕ И ГЕНОТИПИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ <i>Орлова О.А., Абрамов Ю.Е.</i>	215

СВЯЗЫВАНИЕ ТЕТРАЦИКЛИНА С РЕКОМБИНАНТНЫМ БЕЛКОМ TetR — АНАЛОГОМ РЕПРЕССОРА-РЕЦЕПТОРА В МОЛЕКУЛЯРНОЙ СИСТЕМЕ УСТОЙЧИВОСТИ БАКТЕРИЙ К АНТИБИОТИКУ	
<i>Серченя Т.С., Лапина В.С., Свиридов О.В.</i>	216
АНАЛИЗ ВЫСЕВАЕМОСТИ И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ В ОТДЕЛЕНИЯХ РЕАНИМАЦИИ ГБУЗ «ГОРОДСКАЯ БОЛЬНИЦА № 1 ИМЕНИ Н.И. ПИРОГОВА»	
<i>Стенина С.И., Коситченков А.А., Кузнецов В.В., Олейник О.И.</i>	217
АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ В ВЕТЕРИНАРНОЙ ПРАКТИКЕ	
<i>Даровских И.А., Сафар заде Гамид Рафиг оглы, Абаимова Е.Б., Субботина И.А.</i>	218
ДЕТЕРМИНАНТЫ УСТОЙЧИВОСТИ К АЗИТРОМИЦИНУ У ПОЛИРЕЗИСТЕНТНЫХ ШТАММОВ <i>SALMONELLA</i>	
<i>Сужаева Л.В., Нгуен Т.Х., Саитова А.Т., Полев Д.Е., Егорова С.А.</i>	219
ИНФЕКЦИИ, СВЯЗАННЫЕ С ОКАЗАНИЕМ МЕДИЦИНСКОЙ ПОМОЩИ, В УСЛОВИЯХ ОРИТ ПОСЛЕ ПАНДЕМИИ НОВОЙ КОРОНАВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИИ (COVID-19)	
<i>Тхакохова Г.М., Родионов Е.П., Плоскирева А.А.</i>	220
МОЛЕКУЛЯРНО-БИОЛОГИЧЕСКИЕ МЕТОДЫ ДИАГНОСТИКИ В ПРАКТИКЕ ВРАЧА	
<i>MYSORPLASMA PNEUMONIAE</i> : ДИАГНОСТИКА АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ	
<i>Батулин В.А., Болатчиев А.Д.</i>	222
РАЗРАБОТКА ПИТАТЕЛЬНОЙ СРЕДЫ ДЛЯ СУЛЬФАТРЕДУЦИРУЮЩИХ БАКТЕРИЙ РОДА <i>DESULFOVIBRIO SPP.</i>	
<i>Битюмина Л.А., Куликова Н.Г., Плоскирева А.А., Горелов А.В.</i>	223
ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ АДЕНОВИРУСОВ СРЕДИ ПАЦИЕНТОВ ГБУЗ НСО «ГИКБ № 1» И ГБУЗ НСО «ДГКБ № 3» г. НОВОСИБИРСКА С ДИАГНОЗОМ ОРЗ	
<i>Демина Д.С., Бердиева С.Б., Осипов И.Д., Маслов Д.Е., Комиссарова Т.В., Макуха В.В., Позднякова Л.Л., Ульянова Я.С., Томилова Ю.Е., Аглетдинов Э.Ф., Нетесов С.В.</i>	224
ЧАСТОТА ВЫЯВЛЕНИЯ МАРКЕРОВ ИНФИЦИРОВАНИЯ ГЕПАТОРОПНЫМИ ВИРУСАМИ У СПОРТСМЕНОВ	
<i>Кожанова Т.В., Соболева Н.В., Ильченко Л.Ю., Морозов И.А., Мельникова Л.И., Гордейчук И.В.</i>	225
КОРРЕЛЯЦИОННЫЕ СВЯЗИ МЕЖДУ УРОВНЯМИ микроРНК ПРИ ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОМ ФИБРОЗЕ ПЕЧЕНИ	
<i>Лебедева Е.И., Щастный А.Т., Бабенко А.С.</i>	226
ДИАГНОСТИКА КАМПИЛОБАКТЕРИОЗА У ДЕТЕЙ	
<i>Манкевич Р.Н., Лукша И.В., Стояновская Е.В., Ключко Н.Л.</i>	227
ИССЛЕДОВАНИЕ СОСТАВА КИШЕЧНОЙ МИКРОБИОТЫ ПРИ ЭНДОМЕТРИОЗЕ	
<i>Пронина В.А., Гордеев А.Б., Жигалова К.Н., Муравьева В.В., Скоробогатый А.В., Базухейр Д.Х., Припутневич Т.В.</i>	228
ВАЛИДАЦИЯ НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ КОЛИЧЕСТВЕННОГО ОПРЕДЕЛЕНИЯ ДНК <i>ВETAROLIO MAVIRUS HOMINIS</i> (ВКРyV) МЕТОДОМ ПЦР-РВ ОТНОСИТЕЛЬНО МЕЖДУНАРОДНОГО СТАНДАРТА ВОЗ	
<i>Сильвейстрова О.Ю., Домонова Э.А.</i>	229
ХАРАКТЕРИСТИКА ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ И КЛИНИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ КОРИ В РЕСПУБЛИКЕ ДАГЕСТАН	
<i>Тагирова З.Г., Ниналалов М.А., Понежева Ж.Б., Музыка А.Д., Шабалина С.В.</i>	230

РЕЗУЛЬТАТЫ ЛАБОРАТОРНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ ЛИСТЕРИОЗНОГО МЕНИНГОЭНЦЕФАЛИТА У БОЛЬНЫХ, ПЕРЕНЁСШИХ COVID-19 <i>Тагирова З.Г., Нагибина М.В., Понежева Ж.Б., Шабалина С.В., Смирнова Т.Ю.</i>	232
ОЦЕНКА ЭФФЕКТИВНОСТИ ПРИМЕНЕНИЯ РЕКОМБИНАНТНОГО БЕЛКА P41 <i>BORRELIA BURGENDORFERI S.L.</i> <i>Филатов П.В., Ерш А.В., Ушкаленко Н.Д., Полтавченко А.Г., Шаньшин Д.В.</i>	233
МЕТОДИЧЕСКИЕ ВОПРОСЫ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ДИАГНОСТИКИ	
ВЛИЯНИЕ РАЗМЕРА НАНОЧАСТИЦ КОЛЛОИДНОГО ЗОЛОТА НА АНАЛИТИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ МЕТОДА ИММУНОХРОМАТОГРАФИЧЕСКОГО АНАЛИЗА ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ АНТИТЕЛ К ВИРУСУ ГЕПАТИТА Е <i>Алаторцева Г.И., Нестеренко Л.Н., Амцантова И.И., Притворова Л.Н., Доценко В.В., Зверев В.В., Свитич О.А.</i>	235
БЕЛКОВЫЕ ПРОФИЛИ БОРДЕТЕЛЛ ПРИ ПОДГОТОВКЕ КУЛЬТУР НА РАЗНЫХ ПИТАТЕЛЬНЫХ СРЕДАХ <i>Видманова М.В., Лямин А.В., Исмагуллин Д.Д., Шеститко Е.Ю., Жестков А.В.</i>	236
НАНОЗИМНОЕ УСИЛЕНИЕ В ИММУНОХРОМАТОГРАФИЧЕСКИХ ТЕСТ-СИСТЕМАХ <i>Жердев А.В., Гендриксон О.Д., Панферов В.Г., Сафенкова И.В., Дзантиев Б.Б.</i>	237
ОЦЕНКА ВОЗМОЖНОСТИ ПРОВЕДЕНИЯ МАССОВЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ НА МОДЕЛИ COVID-19 <i>Каримова Т.В., Прядкина Е.Н., Чернышова Т.В., Гонтарев Д.В., Гурский М.А., Попов А.В., Семенова Е.В., Парахина А.И., Парахина Л.И.</i>	238
ДЕЙСТВИЕ <i>YERSINIA PESTIS</i> EV НИИЭГ И ЕГО ИЗОГЕННЫХ ПРОИЗВОДНЫХ НА МЕМБРАНУ ЭРИТРОЦИТОВ КРОВИ МОРСКИХ СВИНОК <i>Клюева С.Н., Бугоркова С.А., Ерохин П.С., Гончарова А.Ю., Кравцов А.Л.</i>	239
ПОВРЕЖДЕНИЕ ГРАНУЛОЦИТОВ КРОВИ ПРИВИТЫХ ПРОТИВ ЧУМЫ МОРСКИХ СВИНОК АНТИГЕНАМИ <i>YERSINIA PESTIS</i> НА МОДЕЛИ БАКТЕРИЕМИИ <i>EX VIVO</i> <i>Кравцов А.Л., Гончарова А.Ю., Бугоркова С.А., Клюева С.Н., Кожевников В.А.</i>	240
ФЕРМЕНТАТИВНАЯ ПРЕДОБРАБОТКА КЛЕТОК ДРОЖЖЕЙ ДЛЯ ВЫДЕЛЕНИЯ ГЕНОМНОЙ ДНК: ПОЛУЧЕНИЕ РЕКОМБИНАНТНОГО ФЕРМЕНТА ЛИТИКАЗЫ <i>Пика М.И., Черкашина А.С., Акимкин В.Г.</i>	241
УГЛЕВОДЫ, ВЫЯВЛЯЕМЫЕ ПРИ MALDI-TOF-МАСС-СПЕКТРОМЕТРИИ КЛЕТОК <i>CANDIDA ALBICANS</i> , КАК ПЕРСПЕКТИВНЫЕ МАРКЕРЫ СВОЙСТВ ВОЗБУДИТЕЛЯ КАНДИДОЗА <i>Рябинин И.А., Ремнева Н.П., Тебенькова Л.А.</i>	242
СТРАТЕГИЯ ПРОГНОЗИРОВАНИЯ ТЕЧЕНИЯ COVID-19 НА ДОГОСПИТАЛЬНОМ ЭТАПЕ: ОПЫТ ПАНДЕМИИ <i>Санькова М.В., Полуэктова В.Б.</i>	243
РАЗРАБОТКА СИСТЕМ ДЕТЕКЦИИ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ КИШЕЧНЫХ ИНФЕКЦИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ CRISPR/Cas12a-СИСТЕМЫ И НОВЫХ ДНК-ЗОНДОВ <i>Сафенкова И.В., Бызова Н.А., Жердев А.В., Дзантиев Б.Б.</i>	244
ОПЫТ ПРОВЕДЕНИЯ ТРЕНИРОВОЧНЫХ ЗАНЯТИЙ ПО ЛИКВИДАЦИИ АВАРИЙ В КЛИНИКО-ДИАГНОСТИЧЕСКИХ ЛАБОРАТОРИЯХ <i>Ситникова А.Л., Зинич Л.С., Василенко К.А., Тихонов С.Н.</i>	245
ЦИСТАТИН С — ВЫСОКОЧУВСТВИТЕЛЬНЫЙ МАРКЕР КЛИНИЧЕСКОЙ ДИАГНОСТИКИ <i>Ткаченко Н.В.</i>	246

ОПТИМИЗАЦИЯ УСЛОВИЙ ГИБРИДИЗАЦИИ ДНК-БИОЧИПА ДЛЯ ДЕТЕКЦИИ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ <i>Филатова Е.Н., Сахарнов Н.А., Попкова М.И., Уткин О.В.</i>	247
ДЕТЕКЦИЯ ГЕНОВ ХОЛЕРНЫХ ВИБРИОНОВ В РЕАКЦИИ ПЕТЛЕВОЙ ИЗОТЕРМИЧЕСКОЙ АМПЛИФИКАЦИИ (LAMP) <i>Чемисова О.С., Цырулина О.А., Трухачев А.Л., Носков А.К.</i>	248
К ВОПРОСУ О БИОБЕЗОПАСНОСТИ ШТАММОВ-ПРОДУЦЕНТОВ БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ ВЕЩЕСТВ <i>Шейна Н.И., Буданова Е.В.</i>	249
ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ И ПРОГНОЗИРОВАНИЕ В УСЛОВИЯХ ЦИФРОВОЙ ТРАНСФОРМАЦИИ	
МЕТОДИКА РАСЧЁТА ЭКОНОМИЧЕСКОГО УЩЕРБА ОТ COVID-19 В СФЕРЕ ЗДРАВООХРАНЕНИЯ <i>Воронин Е.М., Мельниченко Ю.Р., Приваленко А.А., Герасимов А.Н., Лаврухина Е.В., Береговых Р.М., Акимкин В.Г.</i>	251
АНАЛИТИЧЕСКАЯ ПЛАТФОРМА EPIDSMART И ОПЫТ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В ПАНДЕМИЮ COVID-19 <i>Гасанов Г.А., Дубоделов Д.В., Углева С.В., Акимкин В.Г.</i>	252
МЕТОДИЧЕСКИЙ ПОДХОД К СИСТЕМНОЙ ОРГАНИЗАЦИИ ЛЕЧЕБНО-ДИАГНОСТИЧЕСКИХ ПРОЦЕССОВ: ВОВЛЕЧЕНИЕ ПЕРСОНАЛА, МОДЕЛИРОВАНИЕ, ОПТИМИЗАЦИЯ <i>Дроздова Н.Е., Пермиков А.Ю., Фоменко Н.С., Курилин Б.Л., Самарин А.Р., Куликова Я.В., Шаповал А.В., Дроздова В.И.</i>	253
ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКАЯ СИТУАЦИЯ ПО ТУБЕРКУЛЁЗУ В ОМСКОЙ ОБЛАСТИ <i>Зимогляд А.А., Чеботарева В.А.</i>	255
ОПЫТ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ПЛАТФОРМЫ EPIDSMART В ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОМ НАДЗОРЕ ЗА ВИРУСНЫМИ ГЕПАТИТАМИ <i>Корабельникова М.И., Дубоделов Д.В., Садофьев П.В., Чекрыжов В.В., Кудрявцева Е.Н., Клушкина В.В., Власенко Н.В., Панасюк Я.В., Родионова З.С., Кузин С.Н.</i>	256
ПРЕДИКТОРЫ ЛЕТАЛЬНОСТИ ПАЦИЕНТОВ С УСТАНОВЛЕННЫМ ДИАГНОЗОМ СЕПСИС <i>Крупин М.Г., Ильина М.В., Комарова А.Г., Борисова Д.А., Плоскирева А.А.</i>	257
К ВОПРОСУ ОЦЕНКИ СОСТОЯНИЯ ВЕГЕТАТИВНОЙ НЕРВНОЙ СИСТЕМЫ У ПОДРОСТКОВ НА ФОНЕ ПОСТКОВИДНОГО СИНДРОМА <i>Махмутов Р.Ф., Пошехонова Ю.В., Лихобабина О.А.</i>	258
ПОДХОДЫ К МЕТОДИКЕ ОЦЕНКИ ЭКОНОМИЧЕСКОГО УЩЕРБА, ПРИЧИНЯЕМОГО ГЕНЕРАЛИЗОВАННОЙ ФОРМОЙ МЕНИНГОКОККОВОЙ ИНФЕКЦИИ <i>Мельниченко Ю.Р., Королева И.С., Приваленко А.А., Королева М.А., Воронин Е.М., Герасимов А.Н.</i>	260
ЗООНОЗНЫЕ ОЧАГИ БЕШЕНСТВА В ВОЛГОГРАДСКОЙ ОБЛАСТИ (2019–2023 гг.) <i>Столярова Е.Р.</i>	261
ВЫЯВЛЕНИЕ ОПОРТУНИСТИЧЕСКИХ ИНФЕКЦИЙ И СОПУТСТВУЮЩИХ ЗАБОЛЕВАНИЙ, ОПРЕДЕЛЯЮЩИХ ИСХОД COVID-19, У ПАЦИЕНТОВ С ВИЧ-ИНФЕКЦИЕЙ НА СТАДИИ ВТОРИЧНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ <i>Цыганкова А.Э., Герасимов А.Н., Приваленко А.А., Волчкова Е.В., Чуланов В.П.</i>	262
ХАРАКТЕРИСТИКА СИТУАЦИИ ПО БРУЦЕЛЛЕЗУ В ОМСКОЙ ОБЛАСТИ (2014–2023 гг.) <i>Чеботарева В.А., Зимогляд А.А.</i>	264

Table of Contents

EPIDEMIOLOGICAL SURVEILLANCE OF INFECTIOUS DISEASES BASED ON MOLECULAR GENETIC DIAGNOSTIC METHODS

PHENUIVIRIDAE AND FLAVI-LIKE VIRUSES IN TAIGA TICKS OF TRANS-BAIKAL REGION <i>Adelshin R.V., Lopatovskaya K.V., Babash V.A., Bondaryuk A.N., Andaev E.I.</i>	34
FULL-GENOME SEQUENCING OF THE RABIES VIRUS ISOLATED IN THE REPUBLIC OF KHAKASSIA IN 2015–2017 <i>Adelshin R.V., Baklykova A.A., Babash V.A., Bondaryuk A.N., Andaev E.I.</i>	35
ALLELIC TYPING OF THE <i>BORDETELLA PERTUSSIS</i> PERTUSSIS TOXIN PROMOTER IN CLINICAL SAMPLES <i>Andrievskaya I.Yu., Pimenova A.S., Gadua N.T., Chagina I.A., Borisova O.Yu.</i>	36
STUDY OF THE DIVERSITY OF WEST NILE VIRUS ISOLATES OF THE SECOND LINEAGE ON THE TERRITORY OF THE RUSSIA <i>Antonov A.S., Ustinov D.V., Izhberdeeva M.P., Guseva A.N., Shpak I.M., Galkina A.Yu., Putintseva E.V.</i>	37
OPTIMIZATION OF REAL-TIME PCR CONDITIONS FOR DOBRAVA AND PUUMALA VIRUSES RNA DETECTION <i>Arbuzova T.V., Sharova A.A., Popova M.R., Gladkikh A.S., Dedkov V.G.</i>	38
THE FIRST RESULTS OF MOLECULAR GENETIC MONITORING OF THE VARICELLA-ZOSTER VIRUS POPULATION IN RUSSIA <i>Afonina N.M., Mikheeva I.V., Nadtoka M.I., Khafizov K.F.</i>	39
DETECTION OF <i>OPISTHORCHIS FELINEUS</i> AND <i>METORCHIS BILIS</i> DNA IN THE TISSUE OF <i>BOREOELONA SIBIRICA</i> MOLLUSK IN THE TYUMEN REGION <i>Bakhtanovskaya I.V., Grigoriev O.V., Belyaeva M.I., Fattakhov R.G., Klimova N.V.</i>	40
LABORATORY DIAGNOSTICS OF RESPIRATORY VIRUSES ACCORDING TO INFECTIOUS HOSPITAL DATA DURING THE COVID-19 PERIOD <i>Balagova L.E., Marzhokhova A.R., Ponezheva J.B., Marzhokhova M.Yu., Nagoeva M.H., Afashagova M.M., Balagova Z.E.</i>	41
GENETIC CHARACTERIZATION OF THE ZIKA VIRUS IDENTIFIED IN GUINEA <i>Bayandin R.B., Makenov M.T., Boumbaly S., Stukolova O.A., Gladysheva A.V., Shipovalov A.V., Skarnovich M.O., Camara O., Toure A.H., Svyatchenko V.A., Shvalov A.N., Ternovoi V.A., Boiro M.Y., Agafonov A.P., Karan L.S.</i>	42
JINGMEN TICK VIRUS IN IXODID TICKS OF GUINEA <i>Bondarenko T.A., Skripnichenko D.D., Boumbali S., Sacko N., Tolno R.F., Conde N., Makenov M.T., Morozkin E.S.</i>	43
MONITORING PATHOGENS OF COMMUNITY-ACQUIRED PNEUMONIA IN CHILDREN BASED ON THE USE OF MOLECULAR-GENETIC TECHNOLOGIES <i>Brunnigina N.F., Makhova M.A., Chernevskaya O.M., Orlova K.A., Barysheva N.N.</i>	44
MULTILOCUS ANALYSIS OF LEPTOSPIRA GENOMES ISOLATED IN SIBERIA AND THE FAR EAST <i>Budaeva S.E., Breneva N.V.</i>	45
DEPENDENCE BETWEEN AGE AND INTENSITY OF ANTI-SARS-CoV-2 IMMUNITY <i>Ivanov A.V., Vaganova A.N.</i>	46

METAGENOMIC ANALYSIS FOR DETECTION AND IDENTIFICATION OF AGENTS OF NATURAL FOCAL INFECTIONS IN SAMPLES OF FIELD MATERIAL <i>Vasilyeva O.V., Ul'shina D.V., Zaitseva O.A., Volynkina A.S., Pisarenko S.V., Siritsa Yu.V., Ghusareva O.A.</i>	47
DOMINANCE OF REASSORTANT ROTAVIRUS A STRAINS OF THE G3P[8] GENOTYPE IN NIZHNY NOVGOROD CARRYING NEW ALLELES OF INTERNAL GENES <i>Velikzhanina E.I., Sashina T.A., Morozova O.V., Kashnikov A.Yu., Epifanova N.V., Novikova N.A., Alekseeva A.E.</i>	48
THE BASIC PREVALENCE OF 26, 53, 67, 70 AND 73 HPV TYPES POSSIBLY ONCOGENIC TO HUMANS AMONG WOMEN IN THE MOSCOW REGION: A PILOT STUDY <i>Vinogradova N.A., Kuleshova O.B., Romanyuk T.N., Domonova E.A.</i>	49
HLA ALLELES IN COHORTS WITH DIFFERENT LEVELS OF ANTI-HBS ANTIBODIES AFTER VACCINATION <i>Vlasenko N.V., Chanyshev M.D., Glushenko A.G., Kuzin S.N., Khafizov K.F.</i>	50
THE DETERMINANT OF ACRB RESISTANCE TO HEAVY METALS IN <i>VIBRIO CHOLERAE</i> <i>Evteev A.V., Vodopyanov S.O., Vodopyanov A.S., Gerasimenko A.A., Yezhova M.I., Menshikova E.A., Pisanov R.V., Kruglikov V.D.</i>	51
COMPARABILITY OF IDENTIFICATION METHODS FOR PATHOGENS OF ACUTE INTESTINAL INFECTIONS IN ROSTOV-ON-DON <i>Voloshina O.A., Kurennaya L.Yu., Saraev K.N., Isperyan V.K., Fedotova E.N.</i>	52
ECONOMIC DAMAGE FROM DISEASES CAUSED BY THE EPSTEIN–BARR VIRUS IN THE RUSSIAN HEALTHCARE SECTOR <i>Voronin E.M., Solomay T.V., Lavrukhnina E.V., Semenenko T.A., Melnichenko Yu.R., Privalenko A.A., Gerasimov A.N., Tutelyan A.V., Akimkin V.G.</i>	53
SEXUALLY TRANSMITTED INFECTIONS AMONG MEN FROM DIFFERENT SOCIAL GROUPS IN MOSCOW IN 2023 <i>Gattsaeva N.D., Makhova T.I., Skachkova T.S., Goloveshkina E.N., Bolshenko N.V.</i>	54
DEVELOPING THE ALGORITHM FOR <i>RABIES LYSSAVIRUS</i> STRAINS CLASSIFICATION <i>Gerasimenko A.A., Vodop'yanov A.S.</i>	55
THE OCCURRENCE OF COLD-SHOCK GENE <i>CSH1</i> IN <i>VIBRIO CHOLERAE</i> STRAINS ISOLATED IN THE RUSSIAN FEDERATION IN 2023 <i>Gerasimenko A.A., Vodop'yanov S.O., Vodop'yanov A.S.</i>	56
MOLECULAR GENETIC TYPING OF TULAREMIA CAUSAL STRAINS ISOLATED IN THE TERRITORY OF STAVROPOL REGION <i>Ghusareva O.A., Zaitseva O.A., Siritsa Yu.V., Ulshina D.V., Vasilyeva O.V., Volynkina A.S.</i>	57
THE GENETIC DIVERSITY OF <i>SALMONELLA ENTERICA</i> ISOLATED IN DONETSK PEOPLE REPUBLIC IN 2022–2023 <i>Gorokh A.M., Gerasimenko A.A., Pisanov R.V., Vodopyanov A.S.</i>	58
DETECTION OF CAUSES OF URINARY TRACT INFECTIONS BASED ON REAL-TIME PCR <i>Gorshkova T.G., Gromova A.V., Lazareva A.V., Novikova I.E., Fisenko A.P., Skachkova T.S.</i>	59
INFECTION OF WILD SMALL MAMMALS WITH PATHOGENS OF NATURAL FOCAL INFECTIONS IN THE CITY OF ST. PETERSBURG <i>Grechishkina D.I., Lunina G.A., Baimova R.R., Lyzenko I.S., Ryabiko E.G., Karmokov I.A., Khalilov E.S., Tokarevich N.K.</i>	60

DESIGN OF PRIMERS FOR PCR INDICATION OF VIRAL FISH DISEASES <i>Gromova E.A., Dodonova E.A., Osyenin K.A.</i>	61
A FORGOTTEN EPIDEMIOLOGICAL TYPE OF HUMAN DISEASE WITH TULAREMIA <i>Demidova T.N., Mikhailova T.V., Gurina E.A., Sheenkov N.V., Trankvilevsky D.V.</i>	62
THE USE OF THE SOLAR PLATFORM IN THE SYSTEM OF EPIDEMIOLOGICAL SURVEILLANCE OF INFECTIOUS DISEASES <i>Dubodelov D.V., Korabelnikova M.I., Gasanov G.A., Sycheva N.V., Muradova A.A., Rodionova Z.S.</i>	64
ASSESSMENT GENETIC DIVERSITY SARS-CoV-2 IN INFECTIOUS DISEASES HOSPITALS FOR THE TREATMENT COVID-19 PATIENTS IN DIFFERENT WAVES OF THE PANDEMIC <i>Egorov I.A., Smirnova S.S.</i>	65
GENETIC CHARACTERISTICS OF INFLUENZA A(H3N2) VIRUSES CIRCULATING IN THE SEASON OF 2023–2024 IN RUSSIA <i>Elkina M.A., Artamonova A.A., Yatsyshina S.B., Berseneva A.A., Valdokhina A.V., Bulanenko V.P.</i>	66
FEATURES OF GENOMES OF STRAINS OF THE MAJOR LINEAGES OF <i>BACILLUS ANTHRACIS</i> <i>Eremenko E.I., Pechkovskii G.A., Ryazanova A.G., Pisarenko S.V., Kovalev D.A., Aksenova L.Yu., Semenova O.V., Kulichenko A.N.</i>	67
GENETIC CHARACTERIZATION OF THE HEPATITIS B VIRUS CIRCULATING AMONG HIV-INFECTED PERSONS IN THE ALTAI REPUBLIC <i>Zheleznova A.S., Svirin K.A., Antonets M.E., Shcherbakov D.N., Kartashov M.Yu.</i>	68
THREAT OF AVIAN FLU PANDEMIC: MECHANISMS FOR FORMING A POPULATION GENE POOL OF THE VIRUS <i>Zhirnov O.P., Lvov D.K.</i>	69
DETECTION OF CRISPR-Cas SYSTEM GENES IN NON-TOXIGENIC STRAINS OF <i>VIBRIO CHOLERAE</i> SEROGROUP O1 BIOTYPE EL TOR <i>Zadnova S.P., Cheldyshova N.B., Sergutin D.A., Plekhanov N.A., Erokhin P.S.</i>	71
MOLECULAR GENETIC MONITORING OF SARS-CoV-2 AND SCIENTIFIC SUBSTANTIATION OF THE EFFECTIVENESS OF ANTI-EPIDEMIC MEASURES IN COVID-19 FOCI IN DORMITORIES IN MOSCOW <i>Zadoroshnyy A.V., Pshenichnaya N.Yu.</i>	72
VIRUSES IN FOOD PRODUCTS — TRENDS, RESEARCH FEATURES AND PREVALENCE <i>Zaiko E.V., Satabaeva D.M.</i>	73
DEVELOPMENT OF A SET OF REAGENTS FOR THE QUALITATIVE DETERMINATION OF MEASLES VIRUS RNA BY PCR <i>Zamotaeva T.L., Cherkashin E.A.</i>	74
DETECTION OF ENTEROVIRUS EV-D68 IN PEOPLE WITH ACUTE RESPIRATORY VIRAL INFECTIONS <i>Zverev V.V., Selivanova S.G., Ponomareva N.V., Golitsyna L.N., Novikova N.A.</i>	75
MEASLES HERD IMMUNITY IN THE NORTH-WESTERN RUSSIAN FEDERAL DISTRICT POPULATION <i>Ivanov A.V., Vaganova A.N., Semenova E.V.</i>	76
FEATURES OF THE INCIDENCE OF COVID-19 IN THE MOSCOW REGION <i>Kaira A.N., Murzina A.A.</i>	77
MONITORING OF SINDBIS VIRUS IN THE EUROPEAN RUSSIA IN 2023 <i>Kaisarov I.D., Baturin A.A., Bondareva O.S., Alekhina V.A., Boroday N.V., Putintseva E.V.</i>	78

ESCHERICHIA COLI PATHOGROUP IN MONKEYS WITH TRICHOCEPHALOSIS <i>Kalashnikova V.A., Egorova T.P., Demerchyan A.V., Lenshina Ya.I., Arshba I.M.</i>	79
DEVELOPMENT OF DIAGNOSTIC METHOD FOR MAMMARENAVIRUS MACHUPOENSE BASED ON ISOTHERMAL REAL-TIME RPA <i>Kapitonova M.A., Shabalina A.V., Dedkov V.G., Dolgova A.S.</i>	80
PHYLOGENETIC ANALYSIS OF YERSINIA PESTIS STRAINS ISOLATED IN THE NORTH ARAL AND ARAL-KARAKUM NATURAL PLAGUE FOCI <i>Karapetyan L.A., Naryshkina E.A., Eroshenko G.A.</i>	81
PREVALENCE OF IXODIC TICKS COLLECTED IN THE PSKOV OBLAST IN RELATION TO RICKETTSIA SPP. <i>Karmokov I.A., Lunina G.A., Riabiko E.G., Lyzenko I.S., Baimova R.R., Khalilov E.S., Grechishkina D.I., Tokarevich N.K.</i>	82
PREVALENCE AND GENETIC DIVERSITY OF ALONGSHAN VIRUS IN THE SOUTH OF EASTERN SIBERIA <i>Kartashov M.Yu., Krivosheina E.I., Kurushina V.Yu., Ternovoi V.A.</i>	83
GENETIC VARIANTS OF HIV-1 IN THE REPUBLIC OF SAKHA (YAKUTIA) <i>Kotova V.O., Balakhontseva L.A., Bazykina E.A., Trotsenko O.E.</i>	84
GENETIC DIVERSITY OF HEPATITIS B AND C VIRUSES AMONG THE POPULATION OF THE KHABAROVSK TERRITORY <i>Kotova V.O., Balakhontseva L.A., Bazykina E.A., Trotsenko O.E.</i>	85
HUMAN PAPILLOMAVIRUS POPULATION STRUCTURE IN HIGH-GRADE SQUAMOUS INTRAEPITHELIAL LESIONS <i>Kuleshova O.B., Domonova E.A., Minkina G.N.</i>	86
DEVELOPMENT OF A METHOD FOR DETERMINING THE TYPE OF ICE SXT ELEMENT IN VIBRIO CHOLERAЕ O1 SEROGROUP BIOVARA EL TOR STRAINS BASED ON THE IDENTIFICATION OF ANTIPHAGE GENES <i>Kuratashvili A.Yu., Cheldyshova N.B., Plekhanov N.A., Varshavskaya Yu.S., Zadnova S.P.</i>	87
EPIDEMIOLOGICAL AND IMMUNOLOGICAL EFFECTIVENESS OF SINGLE-DOSE IMMUNIZATION HEPATITIS A IN THE REPUBLIC OF TYVA 11 YEARS AFTER THE INTRODUCTION OF MASS VACCINATION <i>Lopatukhina M.A., Mobarhan F.A., Ilchenko L.Yu., Isaeva O.V., Karlsen A.A., Potemkin I.A., Kichatova V.S., Saryglar A.A., Ochur S.S., Salchak L.K., Dazhikai A.D., Kyuregyan K.K., Mikhailov M.I.</i>	88
PREVALENCE OF SEROLOGICAL MARKERS OF HEPATITIS A AMONG MIGRANTS FROM HYPERENDEMIC REGIONS <i>Lopatukhina M.A., Potemkin I.A., Kichatova V.S., Yuzlibaeva L.R., Patyashina M.A., Kyuregyan K.K., Mikhailov M.I.</i>	91
APPLICATION OF PHYLOGENETIC ANALYSIS FOR EPIDEMIOLOGICAL INVESTIGATION OF THE BRUCELLOSIS OUTBREAK IN THE REPUBLIC OF BURYATIA IN 2023 <i>Talikina T.O., Lyashchenko S.M., Bondaryuk A.N., Kulikalova E.S., Balakhonov S.V.</i>	93
DETECTION FREQUENCY OF MACROLIDE RESISTANCE MYCOPLASMA PNEUMONIAE BEFORE AND AFTER THE COVID-19 PANDEMIC <i>Mamoshina M.V., Yatsyshina S.B.</i>	94
DEVELOPMENT OF A METHOD FOR DETECTING WEST NILE VIRUS RNA BASED ON LAMP TECHNOLOGY <i>Mironova A.V., Bondareva O.S., Tkachenko G.A., Baturin A.A.</i>	95

COMPARATIVE ANALYSIS OF REVERSE TRANSCRIPTASE ACTIVITY UNDER DIFFERENT PURIFICATION CONDITIONS <i>Mikheeva O.O., Shemetova A.F., Zamotaeva T.L., Cherkashin E.A., Cherkashina A.S., Akimkin V.G.</i>	96
ANALYSIS OF TICKS INFECTED WITH PATHOGENS IN AMUR REGION <i>Murmilo V.S., Burdinskaya E.N.</i>	97
APPROACHES TO STUDYING THE EPIDEMIC PROCESS OF NATURALLY FOCAL INFECTIONS <i>Nafeev A.A., Salina G.V., Zhukova E.Yu.</i>	98
MOLECULAR GENETIC DIAGNOSIS IN PATIENTS WITH CHRONIC HEPATITIS B <i>Nguyen T.H., Kyuregyan K.K., Ilchenko L.Yu., Melnikova L.I.</i>	99
FREQUENCY OF OCCURRENCE OF DOUBLE ONCOGENIC SUBSTITUTION 1762A/1764T IN ISOLATES OF THE HEPATITIS B VIRUS CIRCULATING IN MOSCOW <i>Panasjuk Ya.V., Vlasenko N.V., Kisteneva L.B., Khlopova I.N., Abdurakhmanov D.T., Ponezheva Zh.B., Makashova V.V., Omarova Kh.G., Kuzin S.N., Akimkin V.G.</i>	100
PREVALENCE OF STIs IN THE GROUP OF WOMEN WITH DIFFERENT HIV-STATUS IN TWO REGIONS OF THE RUSSIAN FEDERATION <i>Perevezentseva M.A., Skachkova T.S., Domonova E.A., Romanyuk T.H., Popova A.A., Samarina A.B., Shamayeva H.C., Martirosyan M.M., Belotserkovtseva L.D., Maier Yu.I., Konareva I.G.</i>	101
DETECTION OF AN RNA ISOLATE RELATED TO THE HOKKAIDO VIRUS IN THE KRASNOYARSK TERRITORY <i>Popova Yu.V., Blinova E.A., Gritskova E.V., Kurashova S.S., Egorova M.S., Dzagurova T.K.</i>	103
ASSESSMENT OF THE PREVALENCE OF <i>BETAPOLYOMAVIRUS HOMINIS</i> AND <i>BETAPOLYOMAVIRUS SECUHOMINIS</i> AMONG HIV-INFECTED PEOPLE <i>Prilepskaya D.R., Domonova E.A., Popova A.A., Goliusova M.D.</i>	104
SEROPREVALENCE OF TICK-BORNE ENCEPHALITIS VIRUS AMONG POPULATION OF RUSSIA AND KYRGYZSTAN <i>Pritvorova L.N., Alatoritseva G.I., Nesterenko L.N., Kabargina V.Yu., Gogina S.S., Oksanich A.S., Nurmatov Z.Sh., Kasymov O.T., Svitich O.A.</i>	105
INFESTATION OF THE IXODOFAUNA OF THE KALININGRAD PENINSULA <i>Rakov A.V., Volchev E.G., Petremgvdlishvili K., Chekanova T.A.</i>	106
MOLECULAR GENETIC MONITORING OF INFECTIOUS AGENTS USING THE VGARus PLATFORM <i>Roev G.V., Agletdinov M.R., Nadtoka M.I., Khafizov K.F., Akimkin V.G.</i>	107
THE DEVELOPMENT OF A METHOD FOR DETERMINING THE UNITS OF POLYMERASE ACTIVITY USING FLUORESCENCE DETECTION IN REAL TIME <i>Rumyantseva N.P., Cherkashina A.S., Akimkin V.G.</i>	108
THE PRODUCTION OF RECOMBINANT SARS-CoV-2 EPITOPE PROTEINS <i>Rumyantseva N.P., Mikheeva O.O., Cherkashina A.S., Akimkin V.G.</i>	109
NEW GENETIC VARIANTS OF CHOLERA AGENT AND METHOD FOR THEIR IDENTIFICATION <i>Rybal'chenko D.A., Plekhanov N.A., Schelkanova E.Yu., Smirnova N.I.</i>	110
RESULTS OF MOLECULAR GENETIC MONITORING OF ENTEROVIRUSES IN THE FAR EAST AND SIBERIA IN 2023 <i>Sapega E.Yu., Butakova L.V., Trotsenko O.E.</i>	111
DETECTION OF <i>SALMONELLA ENTERICA</i> BACTERIA BY A COMBINATION OF RECOMBINASE POLYMERASE AMPLIFICATION AND IMMUNOASSAY OF ANTIGEN LABELED DNA <i>Serchenya T.S., Akhremchuk E.V., Valentovich L.N., Lapina V.S., Sviridov O.V.</i>	112

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF <i>YERSINIA PESTIS</i> STRAINS FROM THE ILIYSKIY INTERMOUNTAIN FOCUS BY SNP ANALYSIS <i>Sidorin A.S., Naryshkina E.A., Eroshenko G.A.</i>	113
PLASMID DNA TYPING OF <i>COXIELLA BURNETII</i> ISOLATES <i>Siritsa Yu.V., Zaitseva O.A., Gnusareva O.A., Ulshina D.V., Volynkina A.S., Vasilyeva O.V., Mikhailova M.E.</i>	114
EVALUATION OF THE EFFECTIVENESS OF THE HEPATITIS VACCINATION PROGRAM IN THE RUSSIAN FEDERATION <i>Solov'yov D.V., Rodionova Z.S., Korabelnikova M.I., Vlasenko N.V., Panasyuk Ya.V., Klushkina V.V., Kudryavtseva E.N., Dubodelov D.V., Semenenko T.A., Kuzin S.N., Akimkin V.G.</i>	115
TRENDS IN THE INCIDENCE OF CHRONIC HEPATITIS B IN VARIOUS AGE GROUPS OF THE POPULATION OF MOSCOW FROM 2001 TO 2022 <i>Solov'yov D.V., Semenenko T.A., Kuzin S.N.</i>	116
SIMULTANEOUS DETECTION OF B0/W148 AND 94-32 CLUSTERS OF BEIJING GENOTYPE OF <i>MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS</i> <i>Terentieva D.R., Vyazovaya A.A., Mokrousov I.V.</i>	117
DIAGNOSIS OF RESPIRATORY INFECTIONS IN CHILDREN WITH PERTUSSIS <i>Trushakova S.V., Popova O.P., Krasnoslobotsev K.G., Mukasheva E.A., Burtseva E.I.</i>	118
ASSESSMENT OF THE SPECIFICITY OF 16S rRNA GENE FRAGMENTS IN IDENTIFICATION OF BACTERIAL INFECTIONS IN CLINICAL AND FIELD MATERIAL <i>Ul'shina D.V., Vasilyeva O.V., Zaitseva O.A., Volynkina A.S., Pisarenko S.V., Siritsa Yu.V.</i>	120
METHOD FOR ANALYSIS OF SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISMS FOR DIFFERENTIATION OF <i>BACILLUS ANTHRACIS</i> STRAINS <i>Fakhrutdinov N.A., Gromova E.A., Zainullin L.I.</i>	121
GENETIC MARKERS FOR PCR DIAGNOSIS OF CLASSICAL SWINE FEVER <i>Khammadov N.I., Gorbunova M.E., Salmanova G.R.</i>	122
SEROLOGICAL MONITORING OF POPULATION IMMUNITY TO HFRS AND STUDYING THE INFECTION OF SMALL MAMMALS BY HANTAVIRUSES IN A NUMBER OF ENTITIES OF THE RUSSIAN FEDERATION IN 2023 <i>Khusainova R.M., Savitskaya T.A., Trifonov V.A., Serova I.V., Tyurin Yu.A., Isaeva G.Sh.</i>	123
EVOLUTIONARY RELATIONSHIP OF VARIABILITY IN THE NP NUCLEOCAPSID PROTEIN GENE WITH THE HOST RANGE OF INFLUENZA A VIRUSES <i>Chernyshova A.I., Zhirnov O.P.</i>	125
MLVA TYPING OF <i>YERSINIA PESTIS</i> STRAINS FROM THE KARAKUM DESERT FOCUS <i>Shevchenko K.S., Eroshenko G.A.</i>	126
PREVALENCE AND ANTIMICROBIAL RESISTANCE OF <i>LISTERIA MONOCYTOGENES</i> STRAINS IN FOOD PRODUCTS AND THE PRODUCTION ENVIRONMENT OF FOOD ENTERPRISES <i>Yushina Yu.K., Bataeva D.S., Zaiko E.V., Grudistova M.A.</i>	127
GENOMIC RESEARCH TO ENSURE BIOLOGICAL SAFETY AND TECHNOLOGICAL INDEPENDENCE. GENOMIC EPIDEMIOLOGICAL SURVEILLANCE	
COMPARATIVE CHARACTERISTICS OF THE CRISPR-Cas SYSTEMS FOR DETECTING OF THE SARS-CoV-2 VIRUS RNA <i>Akinin A.S., Tyumentsev A.I., Tyumentseva M.A., Akimkin V.G.</i>	128

DEVELOPMENT OF A REAGENT KIT FOR DETECTION OF <i>DENGUE VIRUS</i> BY LOOP-MEDIATED ISOTHERMAL AMPLIFICATION <i>Anisimova D.A., Krasovitev K.V., Petrov V.V.</i>	129
SELECTIVE DNA AMPLIFICATION OF <i>COXIELLA BURNETII</i> FOR WHOLE GENOME SEQUENCING <i>Bezruchko M.V., Polev D.E., Freilikhman O.A.</i>	130
CONSTRUCTION OF PRIMERS FOR WHOLE GENOME SEQUENCING OF SACBROOD VIRUS (<i>IFLAVIRUS SACBROODI</i>) <i>Belik A.A., Merlov E.K., Karnaukhova E.V., Milovankin P.G., Fomenko E.P., Shchelkanov M.Yu.</i>	131
DEVELOPMENT OF A REAGENT KIT FOR DETECTION OF <i>MYCOPLASMA PNEUMONIAE</i> BY LAMP <i>Belikova A.V., Krasovitev K.V., Petrov V.V.</i>	132
GENETIC DIVERSITY OF <i>VIBRIO CHOLERAЕ</i> STRAINS CIRCULATING IN RUSSIA AND THE WORLD <i>Vodopyanov A.S., Kruglikov V.D., Pisanov R.V., Monakhova E.V., Chemisova O.S., Noskov A.K.</i>	133
DIVERSITY OF SEQUENCE TYPES OF DYSBIOTIC <i>KLEBSIELLA PNEUMONIAE</i> <i>Gladysheva N.P.</i>	134
MOLECULAR GENETIC FEATURES OF GROUP B STREPTOCOCCUS STRAINS ISOLATED FROM PREGNANT WOMEN AND NEWBORN CHILDREN <i>Gordeev A.B., Bembeeva B.O., Denisov P.A., Izyumov R.V., Goncharuk O.D., Nechaeva O.V., Pripitnevich T.V.</i>	135
WHOLE-GENOME SEQUENCING AND ANNOTATION OF <i>EXIGUOBACTERIUM</i> STRAIN <i>Gorohov I.A., Goncharov N.E., Polev D.E.</i>	136
HUMAN MICROBIOME IN THE CONTEXT OF BIOSAFETY <i>Ilina E.N.</i>	137
PHYLOGENETIC ANALYSIS OF HBV IN MIGRANTS FROM CENTRAL ASIAN COUNTRIES <i>Karlsen A.A., Asadi Mobarkhan F.A., Yuzlibaeva L.R., Patyashina M.A., Chanyshv M.D., Khafizov K.F., Kyuregyan K.K., Mikhailov M.I.</i>	138
DEVELOPMENT OF THE PRIMER PANELS FOR AMPLICON SEQUENCING OF HUMAN PARAINFLUENZA VIRUSES TYPE 1 AND 2 <i>Mansour O., Fadeev A.V., Korzhanova M., Komissarov A.B.</i>	140
CONSTRUCTION OF PRIMERS FOR WHOLE GENOME SEQUENCING OF ACUTE BEE PARALYSIS VIRUS (<i>APARAVIRUS APISACUTUM</i>) <i>Merlov E.K., Belik A.A., Milovankin P.G., Karnaukhova E.V., Fomenko E.P., Shchelkanov M.Yu.</i>	141
CONSTRUCTION OF PRIMERS FOR WHOLE GENOME SEQUENCING OF SLOW BEE PARALYSIS VIRUS (<i>IFLAVIRUS APISTARDUM</i>) <i>Karnaukhova E.V., Belik A.A., Merlov E.K., Milovankin P.G., Fomenko E.P., Shchelkanov M.Yu.</i>	142
MULTIPLEX PCR COUPLED WITH NGS FOR IDENTIFICATION OF A WIDE RANGE OF VIRAL PATHOGENS CAUSING RESPIRATORY DISEASES <i>Nadtoka M.I., Peresadina A.V., Agletdinov M.R., Roev G.V., Bukharina A.Yu., Khafizov K.F., Akimkin V.G.</i>	143
SARS-CoV-2 — BIOLOGICAL AND MOLECULAR GENETIC FEATURES <i>Subotsina I.A., Semenov V.M., Kupriyanov I.I., Egorov S.K.</i>	144
MOLECULAR DIAGNOSTICS IN CLINICAL RESEARCH	
FEATURES OF TNF α PRODUCTION IN CHILDREN WITH NEW CORONAVIRUS INFECTION <i>Ageeva E.S., Ablaeva R.N., Rymarenko N.V., Dyadyura E.N.</i>	146

DEVELOPMENT OF A SET OF REAGENTS FOR THE QUALITATIVE DETERMINATION OF HEPATOVIRUS A RNA BY PCR <i>Blokhina S.A., Cherkashin E.A.</i>	147
DETERMINATION OF ANTIBIOTIC RESISTANCE MUTATIONS IN MYCOPLASMA GENITALIUM AS PREVENTION OF COMPLICATIONS AND INFECTION SPREAD <i>Bolshenko N.V., Makhova T.I., Gattsaeva N.D., Goloveshkina E.N.</i>	148
DEVELOPMENT OF A REAGENT KIT FOR DETECTION OF SHIGELLA AND ENTEROINVASIVE ESCHERICHIA COLI BY LOOP MEDIATED ISOTHERMAL AMPLIFICATION <i>Borisova E.S., Krasovitev K.V., Vereshchagina N.V., Petrov V.V.</i>	149
SENSITIVITY OF EPIDEMIOLOGICALLY SIGNIFICANT STRAINS OF INFLUENZA VIRUSES TO NEURAMINIDASE INHIBITORS IN RUSSIA <i>Breslav N.V., Kirillova E.S., Mukasheva E.A., Kreпкаia A.S., Burtseva E.I.</i>	150
DEVELOPMENT OF A SET OF REAGENTS FOR THE DETERMINATION OF MUMPS VIRUS RNA BY PCR <i>Dedyaeva E.A., Zamotaeva T.L., Cherkashin E.A.</i>	151
POLYMORPHISM ASSOCIATION Chr.10:88793660C>A WITH CLINICAL MANIFESTATIONS AMONG PATIENTS WITH CORONARY HEART DISEASE <i>Kipen V.N., Zotova O.V., Dobysh O.I., Beymanov A.E., Stelmashok V.I., Koroleva T.S., Lemesh V.A.</i>	152
INFLUENCE OF VAGINAL MICROBIOTA ON THE DEVELOPMENT OF POSTOPERATIVE COMPLICATIONS <i>Zykova T.A., Shevyakova E.A., Nikitina V.P., Zhenilo O.E.</i>	153
MOLECULAR GENETIC RESEARCH METHODS IN IDENTIFYING HUMAN PAPILLOMAVIRUS <i>Ilyin I.I., Mardanly S.G.</i>	154
ANALYSIS OF PSEUDOMONAS AERUGINOSA STRAINS USING THE «PSEUDOMONAS ANALYZER» PROGRAM <i>Kovalevich A.A., Vodopyanov A.S., Pisanov R.V.</i>	155
RESISTANCE GENES OF KLEBSIELLA PNEUMONIAE <i>Kolotova O.N., Kataeva L.V., Stepanova T.F.</i>	156
THE IMPORTANCE OF MOLECULAR GENETICS METHODS IN PREDICTING THE UNILATERAL UROLITHIASIS IN THE RUSSIAN POPULATION <i>Konstantinova O.V., Slominsky P.A., Kalinichenko D.N., Tupitsyna T.V., Sivkov A.V., Apolikhin O.I., Kaprin A.D.</i>	157
WORK OF THE MICROBIOLOGICAL LABORATORY: CURRENT ASPECTS OF IDENTIFICATION MICROBIAL CULTURES <i>Kotelevets E.P.</i>	159
POST-VACCINATION IMMUNE RESPONSE IN MEDICAL PROFESSIONALS <i>Mannanova I.V., Grishaeva A.A., Alakaev R.Z., Thazaplizheva L., Ponezheva Zh.B.</i>	160
THE IMMUNE RESPONSE TO HEPATITIS B VACCINATION <i>Omarova H.G., Mannanova I.V., Alakaev R.Z., Makashova V.V., Ponezheva Zh.B.</i>	161
MULTIPLEX RAPID IMMUNODIAGNOSTICS IN A MICROFLUIDIC CHIP <i>Matveeva A.G., Moscalets A.P., Morozova O.V., Prusakov K.A., Gudkov A.G., Klinov D.V.</i>	162
STUDY OF THE FREQUENCIES OF POLYMORPHIC VARIANTS OF THE PROTEASOME GENES PSMB5, PSMB7 IN TUBERCULOSIS INFECTION <i>Meyer A.V., Tkorenko B.A., Kholodov A.A., Lavryashina M.B.</i>	163

REPRODUCIBILITY OF THE RESULTS OBTAINED BY USING RT-PCR KITS FOR DETECTION HPV 6, 11, 44 FROM RUSSIAN MAMUFACTURERS <i>Nadyseva T.V., Kuleshova O.B., Domonova E.A.</i>	164
GENETIC DIVERSITY OF ENTEROVIRUSES IN HOSPITALIZED CHILDREN WITH ACUTE RESPIRATORY INFECTIONS IN 2023 <i>Nokhova A.R., Derko A.A., Murashkina T.A., Saroyan T.A., Kurskaya O.G.</i>	166
DEVELOPMENT OF A REAGENT KIT FOR DETECTION OF <i>LEGIONELLA PNEUMOPHILA</i> BY LAMP <i>Obukhova E.A., Petrov V.V., Shustova M.I.</i>	167
DEVELOPMENT OF MAMMARENAVIRUS JUNINENSE VIRUS DETECTION PLATFORM BASED ON CRISPR/Cas12a SYSTEM <i>Prokopenko E.S., Kapitonova M.A., Shabalina A.V., Dedkov V.G., Dolgova A.S.</i>	168
ETIOLOGIC STRUCTURE OF RESPIRATORY INFECTIONS IN FAMILIES <i>Rubleva O.V., Nikolaeva S.V., Ploskireva A.A.</i>	169
DIAGNOSTIC VALUE OF IG A ANTIBODY MEASURING IN TICK-BORN SPOTTED FEVER <i>Smirnova N.S., Gancheva P.G., Kondratyev A.V., Grumov D.A., Pantyukhina A.N., Kostarnoy A.V.</i>	170
PREVALENCE OF CARBAPENEMASES IN BACTERIA ISOLATED FROM PATIENTS WITH COLOPROCTOLOGICAL DISEASES <i>Spivak M.V., Chistiakova D.A., Shafikova A.A., Lyagina I.A., Melkumyan A.R.</i>	171
PERSISTENCE OF SARS-CoV-2 IN PATIENTS WITH INFECTIVE ENDOCARDITIS AND COVID-19 <i>Tverdokhlebova D.K., Petrova O.V.</i>	172
DEVELOPMENT OF A REAGENT KIT FOR DNA EXTRACTION OF FUNGI USING LYTCASE <i>Trofimova S.S., Livadina E.V., Cherkashina A.S.</i>	173
STUDY OF THE SPECTRUM AND FREQUENCY OF OCCUPATIONAL HAPLOTYPES OF POLYMORPHIC VARIANTS OF THE <i>GC, VDR, RXR</i> GENES IN PATIENTS WITH PULMONARY TUBERCULOSIS <i>Tkhorenko B.A., Meyer A.V., Kholodov A.A., Lavryashina M.B.</i>	174
THE INFLUENCE OF HBV GENOTYPE AND HLA ALLELES ON THE OUTCOME OF VIRAL HEPATITIS B <i>Chanyshv M.D., Vlasenko N.V., Glushchenko A.G., Makashova V.V., Kuzin S.N., Khafizov K.F.</i>	175
ADVANTAGE OF MULTIPLEX KIT FOR DETECTION OF DIFFERENT TYPES OF HERPES VIRUS BY PCR METHOD <i>Chulikova A.N.</i>	176
THE METHOD OF DETERMINING ENZYMATIC ACTIVITY <i>Shemetova A.F., Cherkashin E.A.</i>	177
PHYLOGENETIC ANALYSIS OF SALMONELLA: SEARCH FOR CONNECTIONS AND DETERMINATION OF SERO-VARIANTS <i>Erdyneev S.V., Mironova L.V., Fedotova I.S., Khunkheeva Zh.Yu., Ponomareva A.S., Arefeva N.A., Raspopina L.A., Rudevich O.G., Davidchuk K.Yu.</i>	179
MOLECULAR DIAGNOSTICS IN THE GENETICS OF MULTIFACTORIAL DISEASES	
ASSOCIATION OF THE rs699-AA GENOTYPE IN AGT GENE WITH HYPERCHOLESTEROLEMIA IN OBESE CHILDREN <i>Bezv A.S., Bokova T.A., Dribnokhodova O.P., Mironov K.O.</i>	180
DEVELOPMENT OF A PREDICTIVE MODEL THE PROGRESSION OF CERVICAL CANCER USING GENETIC FACTORS <i>Vinokurov M.A., Mironov K.O., Akimkin V.G.</i>	181

GENETIC RISK ANALYSIS OF LIVER CIRRHOSIS AND HEPATOCELLULAR CARCINOMA IN PATIENTS WITH CHRONIC HEPATITIS C <i>Gaponova I.I., Mironov K.O., Omarova H.G., Makashova V.V.</i>	182
INVESTIGATION OF ETHNOTERRITORIAL FEATURES OF THE FREQUENCIES OF POLYMORPHIC VARIANTS OF GENES OF XENOBIOTIC BIOTRANSFORMATION ENZYMES <i>Imekina D.O., Ulyanova M.V., Minin A.V., Soboleva O.A., Lavryashina M.B.</i>	183
ANALYSIS OF DNA METHYLATION PROFILE AMONG PATIENTS WITH ISCHEMIC STROKE <i>Kipen V.N., Burakova A.A., Dobysh O.I., Zotova O.V., Bulgak A.G., Lemesh V.A.</i>	184
PHARMACOGENETIC FEATURES OF CARDIOTOXIC EFFECTS AMONG PATIENTS WITH BREAST CANCER <i>Kipen V.N., Dobysh O.I., Koroleva T.S., Kovsh E.V., Lemesh V.A.</i>	185
rs241429 AND rs2740574 POLYMORPHISMS ARE ASSOCIATED WITH RECIST SCORE IN PATIENTS WITH BREAST CANCER <i>Kipen V.N., Dobysh O.I., Khodoronok E.I., Rasolko E.A., Khorau A.O., Lemesh V.A.</i>	186
ASSOCIATION OF THE rs699-AA GENOTYPE (AGT) WITH STRESS CARDIOMYOPATHY DURING EXERCISE IN CHILDREN <i>Koroleva Yu.V., Bokova T.A., Dribnokhodova O.P., Mironov K.O.</i>	188
THE AGE DETERMINATION MODEL BASED ON DNA-METHYLATION LEVELS IN BLOOD CELLS <i>Korchagin V.I., Pozdysheva E.A., Zhivotova V.A., Mironov K.O.</i>	189
CONTRIBUTION OF LONG NON-CODING RNA GENES POLYMORPHIC LOCI TO CHRONIC OBSTRUCTIVE PULMONARY DISEASE <i>Markelov V.A., Akhmadishina L.Z., Larkina A.P., PNASibullin T.R., Korytina G.F.</i>	190
DETERMINATION THE BACTERIAL DNA IN ISCHEMIC STROKE CLOTS <i>Mironov K.O., Gaponova I.I., Korchagin V.I., Kulikova N.G., Krivosheeva N.M., Komarova A.G., Ploskireva A.A., Maleev V.V.</i>	191
COMBINATIONS OF POLYMORPHIC DNA MARKERS OF GENES OF ENZYMES ANTIOXIDANT SYSTEM AND RENIN-ANGIOTENSIN-ALDOSTERONE SYSTEM AS INFORMATIVE PREDICTORS OF MYOCARDIAL INFARCTION <i>Nasibullin T.R., Timasheva Ya.R., Erdman V.V., Tuktarova I.A., Korytina G.F.</i>	192
ASSOCIATION OF <i>MTHFR</i> A1298C AND <i>MTHFR</i> C677T VARIANTS IN THE ANALYSIS OF THE PROBABILITY OF RECURRENT MISCARRIAGE IN WOMEN <i>Perevezentsev O.A., Mamedov I.S., Krapivkin A.I.</i>	193
EPIGENETIC AGING WOMEN WITH INFERTILITY <i>Pozdysheva E.A., Korchagin V.I., Mironov K.O., Ogneva D.A., Rumyantseva T.A.</i>	194
EXPRESSION AND SNP IN TLR GENES ON PATIENTS WITH COPD <i>Salamaikina S.A., Korchagin V.I., Karnaushkina M.A., Mironov K.O.</i>	195
TRANSCRIPTOME ANALYSIS FOR PARKINSON'S DISEASE <i>Slominsky P.A., Shadrina M.I.</i>	196
MOLECULAR DIAGNOSTICS IN ONCOLOGY AND HEMATOLOGY	
STUDYING MOLECULAR GENETIC DIFFERENCES IN PRIMARY TUMOR AND METASTASES OF PAPILLARY THYROID CANCER <i>Asanova E.R., Maksimova P.E., Khabarov O.R., Zima D.V., Zyablitskaya E.Yu.</i>	197
THE SPECTRUM OF GERMLINE <i>BRCA1</i> AND <i>BRCA2</i> MUTATIONS IN THE MOSCOW REGION <i>Dribnokhodova O.P., Bukharina A.Yu., Mironov K.O., Tivanova E.V.</i>	198

DEVELOPMENT OF A TARGETED GENE SEQUENCING PANEL FOR EVALUATING STRUCTURAL FEATURES OF GENES <i>ALK</i> , <i>EGFR</i> , <i>ERBB2</i> , <i>MET</i> ASSOCIATED WITH THE EFFICACY OF IMMUNE CHECKPOINT THERAPY IN NON-SMALL CELL LUNG CANCER <i>Epifanova A.V., Babkin A.V., Antonova E.N., Kuzmin O.V., Kravtsov I.S., Makhlay A.A.</i>	199
MOLECULAR GENETIC DIAGNOSTICS: REGIONAL EXPERIENCE OF THE REPUBLIC OF CRIMEA AND NEW TERRITORIES OF RUSSIA <i>Krutikov E.S., Zyablitskaya E.Yu., Makalish T.P., Khabarov O.R., Amdiev A.A., Aliev K.A., Seferov B.D.</i>	200
A GROUP OF ABERRANTLY EXPRESSED micrRNAs IN THE DEVELOPMENT OF TARGETED THERAPY FOR ccRCC <i>Pronina I.V., Lukina S.S., Burdennyi A.M., Loginov V.I.</i>	201
ANTIMICROBIAL RESISTANCE: CLINICAL PRACTICE AND FOOD SAFETY	
RESISTANCE TO MACROLIDES IN <i>MYCOPLASMA GENITALIUM</i> ISOLATED FROM PREGNANT WOMEN IN SMOLENSK <i>Avchinnikova D.A., Pokusaeva V.N., Eidelshstein I.A.</i>	203
DEVELOPMENT OF PROBIOTIC PREPARATIONS AGAINST LISTERIA <i>Pokhilenko V.D., Dunaytsev I.A., Bataeva Yu.V., Somov A.N., Borzilov A.I., Tekutov A.R., Pereskokova E.S., Kombarova T.I., Korobova O.V.</i>	204
STRUCTURE AND SENSITIVITY OF MICROORGANISMS TO ANTIBACTERIAL DRUGS IN PATIENTS OF RESUSCITATION AND INTENSIVE CARE DEPARTMENTS OF STAVROPOL <i>Baturin V.A., Khalaeva E.A., Podsvirova I.A., Bolatchiev A.D.</i>	205
ANTIBIOTIC RESISTANCE OF <i>bla</i> _{NDM} -POSITIVE STRAINS OF <i>ACINETOBACTER BAUMANNII</i> <i>Gudueva E.N., Chemisova O.S., Noskov A.K.</i>	206
DEVELOPMENT OF MEDICINES FOR FARM ANIMALS AND POULTRY, FOR BRICS COUNTRIES, BASED ON THE UNIVERSAL PLATFORM OF NATURAL IMMUNOACTIVE PARTICLES <i>Zhemchugov V.E., Vasin S.M.</i>	207
LONG-TERM MONITORING OF <i>M. PNEUMONIAE</i> SENSITIVITY TO MACROLIDES IN PATIENTS OF ORGANIZED GROUPS IN SMOLENSK IN 2006–2024 <i>Kornyushina V.M., Edelstein I.A., Romanov A.V., Pleskachevskaia T.A., Ivanova O.V.</i>	208
ANTIBIOTIC RESISTANCE PROFILE OF FOODBORNE <i>SALMONELLA ENTERICA</i> ISOLATED IN EASTERN EUROPE, TRANSCAUCASIA AND CENTRAL ASIA <i>Kulikova N.G., Bityumina L.A., Mikhaylova Yu.V., Melikyan L.A., Mnatsakanyan R.T., Galstyan L.A., Dovnar D.A., Mareyko A.M., Surko E.S., Maxutova G.T., Yessenova Z.A., Amankulova G.E., Rysypaev A.B., Djumakanova A.B., Martyusheva I.B., Karpenko A.E., Manzeniuk I.N., Akimkin V.G.</i>	209
SENSITIVITY TO ANTIBACTERIAL DRUGS OF HOSPITAL STRAINS OF BACTERIA <i>Mankevich R.N., Klyuiko N.L.</i>	211
STUDYING THE SENSITIVITY PROFILE OF FOOD ISOLATES <i>STAPHYLOCOCCUS AUREUS</i> ISOLATED IN THE TERRITORY OF THE EETCA COUNTRIES IN 2017–2022 <i>Martyusheva I.B., Kulikova N.G., Bityumina L.A., Mikhailova Yu.V., Melikyan L.A., Mnatsakanyan R.T., Galstyan L.A., Dovnar D.A., Mareyko A.M., Surko E.S., Maksutova G.T., Yessenova Z.A., Amankulova G.E., Rysypaev A.B., Dzhumakanova A.B., Kayumova M.U., Ruziev M.M., Muminov M.O., Shelenkov A.A., Manzenyuk I.N., Akimkin V.G.</i>	212
VALIDATION AND VERIFICATION OF MOLECULAR METHODS FOR FOOD RESEARCH AS A GUARANTEE OF RELIABLE RESULTS <i>Makhova A.A., Grudistova M.A.</i>	214

PHENOTYPIC AND GENOTYPIC CHARACTERISTICS OF ANTIBIOTIC RESISTANCE <i>Orlova O.A., Abramov Yu.E.</i>	215
TETRACYCLINE BINDING TO RECOMBINANT PROTEIN TetR — AN ANALOG OF THE REPRESSOR-RECEPTOR IN THE MOLECULAR SYSTEM OF BACTERIAL RESISTANCE TO THE ANTIBIOTIC <i>Serchenya T.S., Lapina V.S., Sviridov O.V.</i>	216
ANALYSIS OF SEEDING AND ANTIBIOTIC RESISTANCE IN INTENSIVE CARE UNITS OF THE CITY HOSPITAL No. 1 NAMED AFTER N.I. PIROGOV <i>Stenina S.I., Kositchenkov A.A., Kuznetsov V.V., Oleinik O.I.</i>	217
ANTIMICROBIAL RESISTANCE IN VETERINARY PRACTICE <i>Daraskich I.A., Safar zade Hemid Rafiq oglu, Abaimova E.B., Subotsina I.A.</i>	218
AZITHROMYCIN RESISTANCE GENES OF MULTIDRUG RESISTANT <i>SALMONELLA</i> <i>Suzhaeva L.V., Nguyen Q.T., Saitova A.T., Polev D.E., Egorova S.A.</i>	219
INFECTIONS RELATED TO THE PROVISION OF MEDICAL CARE IN THE INTENSIVE CARE UNIT AFTER THE COVID-19 PANDEMIC <i>Tkhakokhova G.M., Rodionov E.P., Ploskireva A.A.</i>	220
MOLECULAR BIOLOGICAL DIAGNOSTIC METHODS IN MEDICAL PRACTICE	
MYCOPLASMA PNEUMONIAE: DIAGNOSIS OF ANTIBIOTIC RESISTANCE <i>Baturin V.A., Bolatchiev A.D.</i>	222
DEVELOPMENT OF NUTRIENT MEDIUM FOR SULFATE-REDUCING BACTERIA OF THE GENUS <i>DESULFOVIBRIO</i> SPP. <i>Bityumina L.A., Kulikova N.G., Ploskireva A.A., Gorelov A.V.</i>	223
GENETIC DIVERSITY OF ADENOVIRUS SEROTYPES AMONG THE PATIENTS OF CITY CHILDREN INFECTIOUS DISEASES HOSPITAL No. 3 AND CITY INFECTIOUS DISEASES HOSPITAL No. 1 AT NOVOSIBIRSK <i>Demina D.S., Berdieva S.B., Osipov I.D., Maslov D.E., Komissarova T.V., Makukha V.V., Pozdnyakova L.L., Ulyanova Ya.S., Tomilova Yu.E., Agletdinov E.F., Netesov S.V.</i>	224
FREQUENCY OF HEPATOTROPIC VIRUSES IN ATHLETES <i>Kozhanova T.V., Soboleva N.V., Ilchenko L.Yu., Morozov I.A., Melnikova I.I., Gordeychuk I.V.</i>	225
CORRELATIONS BETWEEN microRNA AND EXPERIMENTAL LIVER FIBROSIS <i>Lebedeva E.I., Shchastny A.T., Babenka A.S.</i>	226
DIAGNOSIS OF CAMPYLOBACTERIOSIS IN CHILDREN <i>Mankevich R.N., Luksha I.V., Stoyanovskaya E.V., Klyuiko N.L.</i>	227
STUDY OF INTESTINAL MICROBIOME COMPOSITION IN ENDOMETRIOSIS <i>Pronina V.A., Gordeev A.B., Zhigalova K.N., Muravieva V.V., Skorobogatiy A.V., Priputnevich T.V.</i>	228
VALIDATION OF PCR KIT FOR THE QUANTITATIVE DETERMINATION OF <i>BETAPOLIOMAVIRUS</i> <i>HOMINIS</i> (BKPyV) DNA REGARDING THE WHO INTERNATIONAL STANDARD <i>Silveystrova O.Yu., Domonova E.A.</i>	229
CHARACTERISTICS OF THE INCIDENCE AND CLINICAL FEATURES OF MEASLES IN THE REPUBLIC OF DAGESTAN <i>Tagirova Z.G., Ninalalov M.A., Ponezheva J.B., Muzyka A.D., Shabalina S.V.</i>	230

RESULTS OF LABORATORY STUDIES OF LISTERIOSIS MENINGOENCEPHALITIS
IN PATIENTS WHO HAVE UNDERGONE COVID-19

Tagirova Z.G., Nagibina M.V., Ponezheva Zh.B., Shabalina S.V., Smirnova T.Yu. 232

EVALUATION OF THE APPLICATION OF RECOMBINANT P41 PROTEIN BY *BORRELIA BURGENDORFERI S.L.*

Filatov P.V., Ersh A.V., Ushkalenko N.D., Poltavchenko A.G., Shanshin D.V. 233

METHODOLOGICAL ISSUES OF MOLECULAR DIAGNOSTICS

THE IMPACT OF THE COLLOIDAL GOLD NANOPARTICLES SIZE ON THE ANALYTICAL
CHARACTERISTICS OF THE IMMUNOCHROMATOGRAPHIC ANALYSIS METHOD
FOR ANTIBODIES TO HEPATITIS E VIRUS DETECTION

*Alatortseva G.I., Nesterenko L.N., Amiantova I.I., Pritvorova L.N.,
Dotsenko V.V., Zverev V.V., Svitich O.A.* 235

BORDETELLA PROTEIN PROFILES IN CULTIVATION OF CROPS ON DIFFERENT NUTRIENT MEDIA

Vidmanova M.V., Lyamin A.V., Ismatullin D.D., Shestitko E.Yu., Zhestkov A.V. 236

NANOZYME ENHANCEMENT IN IMMUNOCHROMATOGRAPHIC TEST SYSTEMS

Zherdev A.V., Hendrickson O.D., Panferov V.G., Safenkova I.V., Dzantiev B.B. 237

ASSESSING THE FEASIBILITY OF CONDUCTING MASS STUDIES ON THE COVID-19 MODEL

*Karimova T.V., Pryadkina E.N., Chernyshova T.V., Gontarev D.V., Gursky M.A.,
Popov A.V., Semenova E.V., Parakhina A.I., Parakhina L.I.* 238

EFFECT OF *YERSINIA PESTIS* EV NIEG AND ITS ISOGENIC DERIVATIVES ON THE MEMBRANE
OF ERYTHROCYTE BLOOD OF GUINEA PIGS

Klyueva S.N., Bugorkova S.A., Erokhin P.S., Goncharova A.Yu., Kravtsov A.L. 239

DAMAGE OF ANTI-PLAGUE VACCINATED GUINEA PIG BLOOD GRANULOCYTES
BY *YERSINIA PESTIS* ANTIGENS IN AN *EX VIVO* MODEL OF BACTEREMIA

Kravtsov A.L., Goncharova A.Yu., Bugorkova S.A., Klyueva S.N., Kozhevnikov V.A. 240

ENZYMATIC PRE-TREATMENT OF YEAST CELLS FOR ISOLATION OF GENOMIC DNA:
PRODUCTION A RECOMBINANT ENZYME LYTICASE

Pika M.I., Cherkashina A.S., Akimkin V.G. 241

CARBOHYDRATES DETECTED BY MALDI-TOF-MASS-SPECTROMETRY
OF *CANDIDA ALBICANS* CELLS AS PROMISING MARKERS
OF THE PROPERTIES OF THE CANDIDIASIS CAUSATIVE AGENT

Ryabinin I.A., Ryemneva N.P., Tebenkova L.A. 242

STRATEGY FOR PREDICTING THE COVID-19 COURSE AT THE PREHOSPITAL STAGE:
PANDEMIC EXPERIENCE

Sankova M.V., Poluektova V.B. 243

DEVELOPMENT OF SYSTEMS FOR DETECTING AGENTS OF INTESTINAL INFECTIONS USING
CRISPR/Cas12a SYSTEM AND NOVEL DNA PROBES

Safenkova I.V., Byzova N.A., Zherdev A.V., Dzantiev B.B. 244

EXPERIENCE IN CONDUCTING TRAININGS ON ACCIDENT RESPONSE IN CLINICAL DIAGNOSTIC
LABORATORIES

Sitnikova A.L., Zinich L.S., Vasilenko K.A., Tikhonov S.N. 245

CYSTATIN C IS A HIGHLY SENSITIVE MARKER OF CLINICAL DIAGNOSIS

Tkachenko N.V. 246

OPTIMIZATION OF CONDITIONS FOR HYBRIDIZATION OF DNA BIOCHIPS FOR DETECTION OF BACTERIAL CAUSES OF COMMUNITY-ACQUIRED PNEUMONIAE <i>Filatova E.N., Sakharnov N.A., Popkova M.I., Utkin O.V.</i>	247
DETECTION OF <i>CHOLERA VIBRIO</i> GENES IN THE LOOP ISOTHERMAL AMPLIFICATION REACTION (LAMP) <i>Chemisova O.S., Tsyulina O.A., Trukhachev A.L., Noskov A.K.</i>	248
ON THE ISSUE OF THE BIOSAFETY OF MICROBIAL STRAINS PRODUCING BIOLOGICALLY ACTIVE SUBSTANCES <i>Sheina N.I., Budanova E.V.</i>	249
EPIDEMIOLOGICAL ANALYSIS AND FORECASTING IN THE CONTEXT OF DIGITAL TRANSFORMATION	
METHODOLOGY FOR CALCULATING ECONOMIC DAMAGE FROM COVID-19 IN THE HEALTHCARE SECTOR <i>Voronin E.M., Melnichenko Yu.R., Privalenko A.A., Gerasimov A.N., Lavrukhnina E.V., Beregovikh R.M., Akimkin V.G.</i>	251
EPIDSMART ANALYTICAL PLATFORM AND EXPERIENCE OF USE DURING THE COVID-19 PANDEMIC <i>Gasarov G.A., Dubodelov D.V., Ugleva S.V., Akimkin V.G.</i>	252
METHODOLOGICAL APPROACH TO THE SYSTEMATIC ORGANIZATION OF MEDICAL AND DIAGNOSTIC PROCESSES: STAFF INVOLVEMENT, MODELING, OPTIMIZATION <i>Drozdova N.E., Perminov A.Yu., Fomenko N.S., Kurilin B.L., Samarin A.R., Kulikova Ya.V., Shapoval A.V., Drozdova V.I.</i>	253
EPIDEMIOLOGICAL SITUATION OF TUBERCULOSIS IN THE OMSK REGION <i>Zimoglyad A.A., Chebotareva V.A.</i>	255
EXPERIENCE OF USING THE EPID-SMART PLATFORM IN EPIDEMIOLOGICAL SURVEILLANCE OF VIRAL HEPATITIS <i>Korabelnikova M.I., Dubodelov D.V., Sadof'ev P.V., Chekryzhov V.V., Kudryavtseva E.N., Klushkina V.V., Vlasenko N.V., Panasyuk Ya.V., Rodionova Z.S., Kuzin S.N.</i>	256
PREDICTORS OF MORTALITY IN PATIENTS DIAGNOSED WITH SEPSIS <i>Krupin M.G., Ilyina M.V., Komarova A.G., Borisova D.A., Ploskireva A.A.</i>	257
ON THE ISSUE OF ASSESSING THE STATE OF THE AUTONOMIC NERVOUS SYSTEM IN ADOLESCENTS AGAINST THE BACKGROUND OF POSTCOVID SYNDROME <i>Makhmutov R.F., Poshekhnova Yu.V., Likhobabina O.A.</i>	258
AN APPROACH TO THE METHODOLOGY FOR ASSESSING THE ECONOMIC DAMAGE CAUSED BY A GENERALIZED FORM OF MENINGOCOCCAL INFECTION <i>Melnichenko Yu.R., Koroleva I.S., Privalenko A.A., Koroleva M.A., Voronin E.M., Gerasimov A.N.</i>	260
ZOONOTIC FOCI OF RABIES IN THE VOLGOGRAD REGION (2019–2023) <i>Stolyarova E.R.</i>	261
IDENTIFICATION OF OPPORTUNISTIC INFECTIONS AND COMORBIDITIES INFLUENCING THE PROGNOSIS OF COVID-19 IN PATIENTS WITH ADVANCED HIV INFECTION <i>Tsygankova A.E., Gerasimov A.N., Privalenko A.A., Volchkova E.V., Chulanov V.P.</i>	262
CHARACTERISTICS OF THE SITUATION ON BRUCELLOSIS IN THE OMSK REGION (2014–2023) <i>Chebotareva V.A., Zimoglyad A.A.</i>	264

Эпидемиологический надзор за инфекционными болезнями на основе молекулярно-генетических методов диагностики

PHENUIVIRIDAE И FLAVI-LIKE ВИРУСЫ В ТАЁЖНЫХ КЛЕЩАХ ЗАБАЙКАЛЬСКОГО КРАЯ

Адельшин Р.В.^{1, 2*}, Лопатовская К.В.¹, Бабаш В.А.¹, Бондарюк А.Н.¹, Андаев Е.И.¹

¹Иркутский научно-исследовательский противочумный институт Сибири и Дальнего Востока, Иркутск, Россия

²Иркутский государственный университет, Иркутск, Россия

Ключевые слова: *Забайкальский край, Ixodes persulcatus, Phenuiviridae, Flavi-like вирусы*

PHENUIVIRIDAE AND FLAVI-LIKE VIRUSES IN TAIGA TICKS OF TRANS-BAIKAL REGION

Adelshin R.V.^{1, 2*}, Lopatovskaya K.V.¹, Babash V.A.¹, Bondaryuk A.N.¹, Andaev E.I.¹

¹Irkutsk Research Anti-Plague Institute of Siberia and Far East, Irkutsk, Russia

²Irkutsk State University, Irkutsk, Russia

Keywords: *Trans-Baikal region, Ixodes persulcatus, Phenuiviridae, Flavi-like viruses*

***Адрес для корреспонденции:** adelshin@gmail.com

Забайкальский край входит в группу субъектов РФ со средним уровнем заболеваемости клещевым вирусным энцефалитом (КВЭ). Впервые проведены исследования клещей *Ixodes persulcatus*, собранных на территории национального парка «Алханай» на наличие вирусов семейства *Phenuiviridae* и Flavi-like вирусов. В результате исследования 80 суспензий таёжного клеща (2023 г.) в одном образце выявлен фрагмент гена *VP1a* вируса *Alongshan* (группа *Jingmenvirus*, Flavi-like вирусы). Этот вирус впервые был выделен в Китае в 2017 г. из образцов крови пациентов с клиническими проявлениями, сходными с КВЭ. Фрагмент гена *VP1a* кластеризуется с последовательностями вируса *Alongshan* из клещей разных регионов Сибири. В одной суспензии обнаружен фрагмент гена РНК-зависимой РНК-полимеразы, который имеет 100% сходство с *Onega tick phlebovirus* (сем. *Phenuiviridae*) из *I. persulcatus* (КНР). Также получены 7 последовательностей этого же фрагмента гена вируса, который относится к роду *Ixovirus* семейства *Phenuiviridae*. Наиболее близкой (73%

идентичности) к этой группе последовательностей является *Bunyavirales* sp. (клещи летучих мышей, КНР).

Таким образом, проведённое на небольшой выборке образцов исследование демонстрирует наличие потенциально опасных для человека и животных патогенов семейства *Phenuiviridae* и Flavi-like вирусов на территории Забайкальского края.

ПОЛНОГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ ВИРУСА БЕШЕНСТВА, ИЗОЛИРОВАННОГО НА ТЕРРИТОРИИ РЕСПУБЛИКИ ХАКАСИЯ В 2015–2017 гг.

Адельшин Р.В.^{1,2*}, Баклыкова А.А.², Бабаш В.А.¹, Бондарюк А.Н.¹, Андаев Е.И.¹

¹Иркутский научно-исследовательский противочумный институт Сибири и Дальнего Востока, Иркутск, Россия

²Иркутский государственный университет, Иркутск, Россия

Ключевые слова: вирус бешенства, полногеномное секвенирование, Республика Хакасия

FULL-GENOME SEQUENCING OF THE RABIES VIRUS ISOLATED IN THE REPUBLIC OF KHAKASSIA IN 2015–2017

Adelshin R.V.^{1,2*}, Baklykova A.A.², Babash V.A.¹, Bondaryuk A.N.¹, Andaev E.I.¹

¹Irkutsk Research Anti-Plague Institute of Siberia and Far East, Irkutsk, Russia

²Irkutsk State University, Irkutsk, Russia

Keywords: rabies virus, full-genome sequencing, Republic of Khakassia

***Адрес для корреспонденции:** adelshin@gmail.com

В России сохраняется эпизоотическое неблагополучие по бешенству. С 1975 по 2022 г. на территории России зарегистрировано 522 случая гидрофобии у людей и 129 тыс. случаев бешенства у животных. На платформах Oxford Nanopore и ABI 3500xL проведено полногеномное секвенирование вируса бешенства, изолированного от 7 диких и домашних животных в Республике Хакасия с 2015 по 2017 г. На филогенетическом древе последовательности образуют единый кластер, наиболее близкими являются последовательности вируса бешенства, изолированного в регионе Внутренняя Монголия (КНР). Это можно объяснить отсутствием в базе данных GenBank полных геномов вируса бешенства, изолированного на территории Сибири. В результате филогенетического анализа последовательностей гена нуклеокапсида (N) определено, что кластер из Республики Хакасия распадается на 2 клады, которые объединяются с последовательностями вируса бешенства, изолированного от диких и домашних животных в Красноярском крае в 2017–2021 гг.

АЛЛЕЛЬНОЕ ТИПИРОВАНИЕ *PTXP BORDETELLA PERTUSSIS* В КЛИНИЧЕСКИХ ОБРАЗЦАХ

Андриевская И.Ю.*, Пименова А.С., Гадуа Н.Т., Чагина И.А., Борисова О.Ю.

Московский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Г.Н. Габричевского, Москва, Россия

Ключевые слова: *Bordetella pertussis*, *ptxP3*

ALLELIC TYPING OF THE *BORDETELLA PERTUSSIS* PERTUSSIS TOXIN PROMOTER IN CLINICAL SAMPLES

Andrievskaya I.Yu.*, Pimenova A.S., Gadua N.T., Chagina I.A., Borisova O.Yu.

G.N. Gabrichevsky Institute for Epidemiology and Microbiology, Moscow, Russia

Keywords: *Bordetella pertussis*, *ptxP3*

*Адрес для корреспонденции: andrievskaya.iri@mail.ru

Актуальность. Актуальность коклюша обусловлена ростом заболеваемости, регистрацией тяжёлых клинических форм этой инфекции, особенно у детей до 1 года, а также регистрацией летальных исходов. За 12 мес 2023 г. в России зарегистрировано 52 727 случаев коклюша, показатель заболеваемости составил 36,1 на 100 тыс. населения, что превышает уровень среднемноголетней заболеваемости в 7,5 раза.

Цель исследования — проведение генотипирования промотора коклюшного токсина *ptxP Bordetella pertussis* в мазках с задней стенки ротоглотки от больных коклюшем.

Материалы и методы. Исследовано 52 мазка с задней стенки ротоглотки, полученных от больных коклюшем в 2023 г. из 16 регионов РФ. Последовательности нуклеотидов определяли на автоматическом секвенаторе «Applied Biosystems 3500» («Thermo Fisher Scientific Inc.»). Для выравнивания и анализа нуклеотидных последовательностей *ptxP* использовали программный пакет MEGA11 и базу данных <https://bigsd.bpasteur.fr/bordetella>.

Результаты. Секвенирование показало, что 100% клинических образцов содержали аллель *ptxP3*. Данный аллель гена имеет мутацию в положении –65 нуклеотидной последовательности, затрагивающую область, отвечающую за связывание с VvgA-димером, входящим в глобальную регуляторную систему, что приводит к увеличению продукции коклюшного токсина.

Заключение. Доминирование аллеля *ptxP3* подтверждает глобальную тенденцию, что штаммы, несущие *ptxP3*, представляют собой генетическую линию с преимуществом перед другими штаммами, несущими другие аллели промотора коклюшного токсина.

ИЗУЧЕНИЕ РАЗНООБРАЗИЯ ИЗОЛЯТОВ ВИРУСА ЗАПАДНОГО НИЛА ВТОРОГО ГЕНОТИПА НА ТЕРРИТОРИИ РОССИИ

Антонов А.С.*, Устинов Д.В., Ижбердеева М.П., Гусева А.Н., Шпак И.М., Галкина А.Ю., Путинцева Е.В.

Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт, Волгоград, Россия

Ключевые слова: вирус Западного Нила, филогенетический анализ

STUDY OF THE DIVERSITY OF WEST NILE VIRUS ISOLATES OF THE SECOND LINEAGE ON THE TERRITORY OF THE RUSSIA

Antonov A.S.*, Ustinov D.V., Izhberdeeva M.P., Guseva A.N., Shpak I.M., Galkina A.Yu., Putintseva E.V.

Volgograd Plague Control Research Institute, Volgograd, Russia

Keywords: West Nile virus, phylogenetic analysis

*Адрес для корреспонденции: libertad985@gmail.com

Целью данной работы являлось изучение разнообразия изолятов вируса Западного Нила (ВЗН), циркулирующих на территории России, с помощью высокопроизводительного секвенирования.

Материалы и методы. Создание библиотек выполняли в соответствии с протоколом независимой от последовательности однопраймерной амплификации (SISPA). Секвенирование проводили на приборе «Illumina MiSeq».

Результаты. Разработана система номенклатуры для 2-го генотипа, в которой каждой кладе присвоен уникальный буквенно-цифровой код. Оценивали кладу как минимум по двум критериям: 1) наличие общего предка и монофилии и парафилии в структуре данных; 2) наличие хотя бы одного эволюционного события. Филогенетический анализ показал, что популяция 2-го генотипа ВЗН представлена 4 крупными кладами (ABV 2.1; ABV 2.2; ABV 2.6; ABV 2.8). С 2021 г. отмечено доминирующее распространение субварианта ABV 2.1, изоляты которого были найдены в Северо-Кавказском, Южном, Приволжском и Центральном федеральных округах. Кроме того, в 2023 г. впервые обнаружен геновариант ABV 2.8 в Краснодарском крае, имеющий общего предка с изолятами, выявленными в Румынии и Венгрии.

Выводы. В результате биоинформатического анализа установлена генетическая неоднородность популяции ВЗН, циркулирующего в России. На основании филогенетического анализа разработана и применена система номенклатуры для обозначения субвариантов ВЗН 2-го генотипа.

ОПТИМИЗАЦИЯ УСЛОВИЙ ПЦР В РЕЖИМЕ РЕАЛЬНОГО ВРЕМЕНИ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ РНК ВИРУСОВ ДОБРАВА И ПУУМАЛА

Арбузова Т.В.*, Шарова А.А., Попова М.Р., Гладких А.С., Дедков В.Г.

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

Ключевые слова: ПЦР, олигонуклеотиды, хантавирусы

OPTIMIZATION OF REAL-TIME PCR CONDITIONS FOR DOBRAVA AND PUUMALA VIRUSES RNA DETECTION

Arbuzova T.V.*, Sharova A.A., Popova M.R., Gladkikh A.S., Dedkov V.G.

Saint-Petersburg Pasteur Institute, Saint Petersburg, Russia

Keywords: PCR, oligonucleotides, hantavirus

*Адрес для корреспонденции: arbuzova@pasteurorg.ru

На территории России циркулируют вирусы Пуумала, Хантаан, Амур, Сеул и Добрава, являющиеся возбудителями геморрагической лихорадки с почечным синдромом (ГЛПС). Проведение молекулярно-генетического мониторинга необходимо для эффективного осуществления эпизоотологического надзора и лабораторной диагностики ГЛПС.

Целью исследования являлось оптимизация условий ПЦР-РВ для выявления РНК вирусов Добрава и Пуумала для разработки тест-системы.

Материалы и методы. Для подбора и синтеза праймеров и гибридизационно-флуоресцентных зондов в базе данных NCBI BLAST были выбраны консервативные участки геномов М-сегмента вируса Добрава и S-сегмента вируса Пуумала. В основу диагностических зондов заложены флуорофоры с регистрацией по каналам детекции (HEX, ROX). Апробация олигонуклеотидов и оптимизация условий ПЦР проводились на рекомбинантных положительных контрольных образцах, включающих диагностическую область-мишень и фланкирующие последовательности нуклеотидов. Для проведения ПЦР использовали набор «БиоМастер ОТ-ПЦР-РВ». Оптимальную концентрацию олигонуклеотидов, температуру и время отжига подбирали эмпирически, путём последовательных постановок со сравнением смесей с разной концентрацией праймеров и зондов при температурах отжига (55/57/60°C) и времени отжига (20/25/30 с) на приборах «CFX96» и «Rotor Gene Q».

Результаты. По итогам постановок выбрана оптимальная температура отжига — 55°, время отжига — 25 с и концентрация — 5 пкмоль/мкл праймеров и 3 пкмоль/мкл зондов в конечной смеси. В результате подобраны наиболее подходящие условия для проведения ПЦР-РВ, что является начальным этапом в разработке тест-системы для выявления РНК вирусов Добрава и Пуумала.

ПЕРВЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО МОНИТОРИНГА ПОПУЛЯЦИИ ВИРУСА *VARICELLA-ZOSTER* В РОССИИ

Афони́на Н.М., Михеева И.В.*, Надтока М.И., Хафизов К.Ф.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: вирус *Varicella-Zoster*, ветряная оспа, опоясывающий лишай, молекулярно-генетический мониторинг

THE FIRST RESULTS OF MOLECULAR GENETIC MONITORING OF THE *VARICELLA-ZOSTER* VIRUS POPULATION IN RUSSIA

Afonina N.M., Mikheeva I.V.*, Nadtoka M.I., Khafizov K.F.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *Varicella-Zoster virus*, chickenpox, shingles, molecular genetic monitoring

*Адрес для корреспонденции: irina_mikheeva@mail.ru

Молекулярно-генетический мониторинг возбудителя — одно из направлений совершенствования эпидемиологического надзора за инфекциями, позволяющее оценить генетическое разнообразие возбудителей, их распространённость и актуальность. Вирус *Varicella-Zoster* (VZV) — этиологический агент ветряной оспы (ВО) и опоясывающего лишая (ОЛ). Молекулярно-генетические исследования VZV в России ранее практически не проводились.

С помощью методики, разработанной в лаборатории геномных исследований ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, исследованы 90 образцов VZV, собранных в 2022–2023 гг. от больных ВО (75) и ОЛ (15) в Москве (61), Московской области (9) и Ставропольском крае (5).

Установлено, что большинство образцов от больных ВО относились к трем кладам: 17 (22,67%) — к 1-й кладе, 42 (56%) — к 3-й кладе, 13 (17,33%) — к 5-й кладе. Единичные случаи инфекции были вызваны VZV 2-й, 4-й и 9-й клад (по 1,4%). 66,7% VZV от больных ОЛ были отнесены к 3-й кладе, 20% — к 1-й кладе и 13,3% — к 5-й кладе. Таким образом, показано генетическое разнообразие возбудителей как острой, так и рецидивирующей формы инфекции. При этом распределение по кладам образцов от больных ВО и ОЛ в основном совпало. Отмечено, что генотипическая структура VZV у больных ОЛ, средний возраст которых составил 67,8 года и которые, вероятнее всего, были инфицированы VZV в детстве, оказалась подобной современной структуре возбудителя ВО.

ОБНАРУЖЕНИЕ ДНК *OPISTHORCHIS FELINEUS* И *METORCHIS BILIS* В ТКАНЯХ МОЛЛЮСКОВ *BOREOELONA SIBIRICA* В ТЮМЕНСКОЙ ОБЛАСТИ

Бакштановская И.В.*, Григорьев О.В., Беляева М.И., Фаттахов Р.Г., Климова Н.В.

Тюменский научно-исследовательский институт краевой инфекционной патологии, Тюмень, Россия

Ключевые слова: *Opisthorchis felineus*, *Metorchis bilis*, моллюски, полимеразная цепная реакция

DETECTION OF *OPISTHORCHIS FELINEUS* AND *METORCHIS BILIS* DNA IN THE TISSUE OF *BOREOELONA SIBIRICA* MOLLUSK IN THE TYUMEN REGION

Bakshtanovskaya I.V., Grigoriev O.V., Belyaeva M.I., Fattakhov R.G., Klimova N.V.

Tyumen Regional Infection Pathology Research Institute, Tyumen, Russia

Keywords: *Opisthorchis felineus*, *Metorchis bilis*, mollusk, PCR

*Адрес для корреспонденции: bakshtanovskayaiv@tniikip.rospotrebnadzor.ru

Цель работы — определить возможность использования ПЦР для выявления ДНК описторхид в тканях их первых промежуточных хозяев.

Материалы и методы. Для видовой идентификации *Opisthorchis felineus* и *Metorchis bilis* методом ПЦР с электрофоретической детекцией использовали описанные в литературе видоспецифичные праймеры, комплементарные районам рибосомального ITS2, апробированные в наших предыдущих исследованиях. Анализировали образцы гепатопанкреаса и ноги моллюсков *Boreoelona sibirica*, собранных на территории Тюменской области.

Результаты и обсуждение. Исследованы 30 особей моллюсков, у 6 (20%) из них визуально обнаружены церкарии и напоминающие их структуры в печени, не подлежащие видовой идентификации. Исследование методом ПЦР не выявило ДНК описторхид у 22 особей (в том числе у 2 с визуально обнаруженными церкариями; вероятно, они относятся к трематодам других видов). Ещё у 2 (6,7%) особей обнаружена ДНК *O. felineus*, у 6 (20%) — ДНК *M. bilis*. При этом ДНК возбудителя удалось обнаружить в образцах от 3 моллюсков с отсутствием визуальных подтверждений инвазии. Полученные данные позволяют использовать указанный метод для выявления инвазии описторхидами их первых промежуточных хозяев и видовой идентификации паразита, что позволит с большей точностью оценивать потенциал напряжённости природного очага описторхоза.

ЛАБОРАТОРНАЯ ДИАГНОСТИКА РЕСПИРАТОРНЫХ ВИРУСОВ ПО ДАННЫМ ИНФЕКЦИОННОГО СТАЦИОНАРА В ПЕРИОД COVID-19

Балагова Л.Э.^{1*}, Маржохова А.Р.², Понежева Ж.Б.², Маржохова М.Ю.¹, Нагоева М.Х.¹, Афашагова М.М.¹, Балагова З.Э.¹

¹Кабардино-Балкарский государственный университет имени Х.М. Бербекова, Нальчик, Россия

²Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: полимеразная цепная реакция, COVID-19, острые респираторные вирусные инфекции

LABORATORY DIAGNOSTICS OF RESPIRATORY VIRUSES ACCORDING TO INFECTIOUS HOSPITAL DATA DURING THE COVID-19 PERIOD

Balagova L.E.^{1*}, Marzhokhova A.R.², Ponezheva J.B.², Marzhokhova M.Yu.¹, Nagoeva M.H.¹, Afashagova M.M.¹, Balagova Z.E.¹

¹Kabardino-Balkarian State University named after H.M. Berbekov, Nalchik, Russia

²Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: polymerase chain reaction, COVID-19, acute respiratory viral infections

*Адрес для корреспонденции: lbalagova@yandex.ru

Острые респираторные вирусы — распространённая группа заболеваний, сопровождающихся поражением респираторного тракта. Верификация диагноза методом ПЦР позволяет определить тактику лечения сразу после госпитализации.

Цель — исследовать этиологический пейзаж респираторных вирусов с использованием метода ПЦР у госпитализированных пациентов инфекционного стационара в 2022–2023 гг. и за 2 мес 2024 г.

Провели ретроспективный анализ ПЦР-исследований 286 пациентов инфекционного стационара в г. Нальчик, госпитализированных в 2022–2023 гг. и за 2 мес 2024 г. С помощью мультиплексного ПЦР определяли РНК/ДНК: вирусов гриппа А и В, SARS-CoV-2, аденовирусной инфекции (АДВ), респираторно-синтициального вируса (РСВ), метапневмовируса, бокавируса, парагриппа 1–4-го типа.

При поступлении в стационар вирусная этиология была подтверждена в 85,7% случаев. Наиболее часто выявлялись вирусные агенты: SARS-CoV-2 (108 случаев; 44,1%), грипп А (42 случая; 17,1%), АДВ (32 случая; 13,1%), грипп В (29 случаев; 11,8%), РСВ (30 случаев; 12,2%). Частота остальных вирусных инфекции составила менее 5%. Сезонные вспышки были отмечены для гриппа А и В (зимой), АДВ и РСВ (осенью).

Были зарегистрированы 32 случая микст-инфекции. Чаще это были коинфекции COVID-19 и грипп А (6 случаев), АДВ и РСВ (4 случая).

ПЦР-анализом подтверждена вирусная этиология заболевания у 85,7% пациентов, что обеспечило своевременное лечение больных. Это выгодно и подтверждает, что ПЦР — необходимый метод обследования таких больных.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИЗАЦИЯ ВИРУСА ЗИКА, ВЫЯВЛЕННОГО В ГВИНЕЕ

**Баяндин Р.Б.^{1*}, Макенов М.Т.², Бомбали С.³, Стуколова О.А.², Гладышева А.В.¹,
Шиповалов А.В.¹, Скарнович М.О.¹, Камара У.⁴, Туре А.Х.⁵, Святчено В.А.¹,
Швалов А.Н.¹, Терновой В.А.¹, Буаро М.Й.⁵, Агафонов А.П.¹, Карань Л.С.²**

¹Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор», Кольцово, Россия

²Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

³Центр вирусологических исследований/лаборатория вирусных геморрагических лихорадок, Конакри, Республика Гвинея

⁴Региональный госпиталь Фараны, Фарана, Республика Гвинея

⁵Научно-исследовательский институт прикладной биологии Гвинеи, Киндиа, Республика Гвинея

Ключевые слова: вирус Зика, изоляция, генетический анализ

GENETIC CHARACTERIZATION OF THE ZIKA VIRUS IDENTIFIED IN GUINEA

**Bayandin R.B.^{1*}, Makenov M.T.², Boumbaly S.³, Stukolova O.A.², Gladysheva A.V.¹,
Shipovalov A.V.¹, Skarnovich M.O.¹, Camara O.⁴, Toure A.H.⁵, Svyatchenko V.A.¹,
Shvalov A.N.¹, Ternovoi V.A.¹, Boiro M.Y.⁵, Agafonov A.P.¹, Karan L.S.²**

¹State Research Center of Virology and Biotechnology «Vector», Koltsovo, Russia

²Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

³Virology Research Center/Laboratory of Viral Hemorrhagic Fevers, Conakry, Guinea

⁴Regional Hospital Faranah, Faranah, Guinea

⁵Research Institute of Applied Biology of Guinea, Kindia, Guinea

Keywords: Zika virus, isolation, genetic analysis

***Адрес для корреспонденции:** bayandin_rb@vector.nsc.ru

В 2018 г. в сыворотке 27-летней беременной женщины с лихорадкой были обнаружены IgM и РНК вируса Зика (ЗИКВ). ЗИКВ выращен и секвенирован. Штамм Faranah/18 относится к африканской линии. Ранее показано, что распространение ЗИКВ во время пандемии связано с появлением 7 мутаций у азиатских штаммов: С-Т106А, рrM-V123А, рrM-S139N, E-V763M, NS1-A982V, NS5-M2634V, NS5-M3392V. У штамма Faranah/18 отсутствовали мутации рrM-S139N и E-V763M, имелись 4 мутации (С-Т106А, рrM-V123А, NS1-A982V, NS5-M3392V) и характерная для африканских штаммов рrM-

E143K, увеличивающая вирусную нагрузку и отвечающая за проникновение в клетку. Известно, что африканские штаммы значительно более агрессивны, но остаётся неясным, почему это не привело к пандемии, вызванной африканскими штаммами.

ВИРУС ДЖИНГМЕН В ИКСОДОВЫХ КЛЕЩАХ ГВИНЕИ

Бондаренко Т.А.^{1*}, Скрипниченко Д.Д.¹, Boumbali S.², Sacko N.³, Tolno R.F.³, Conde N.³, Макенов М.Т.¹, Морозкин Е.С.¹

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Центр вирусологических исследований/лаборатория вирусных геморрагических лихорадок, Конакри, Республика Гвинея

³Международный центр исследования тропических инфекций в Гвинеи, Нзереборе, Республика Гвинея

Ключевые слова: арбовирусы, иксодовые клещи, вирус Джингмен, *Rhipicephalus microplus*

JINGMEN TICK VIRUS IN IXODID TICKS OF GUINEA

Bondarenko T.A.^{1*}, Skripnichenko D.D.¹, Boumbali S.², Sacko N.³, Tolno R.F.³, Conde N.³, Makenov M.T.¹, Morozkin E.S.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Virology Research Center/Laboratory of Viral Hemorrhagic Fevers, Conakry, Guinea

³International Center for Research of Tropical Infections in Guinea, N'Zerekore, Guinea

Keywords: arboviruses, ixodid ticks, Jingmen tick virus, *Rhipicephalus microplus*

***Адрес для корреспонденции:** t.bondarenko@yandex.ru

В работе рассмотрена распространённость вируса Джингмен (*Jingmen tick virus*, JMTV) в иксодовых клещах Республики Гвинея.

Сборы клещей в Гвинеи проводили в 2021–2022 гг. Всего было исследовано 779 клещей. Выборка включала *Amblyomma variegatum*, *Rhipicephalus microplus*, *Rh. geigy*, *Rh. sanguineus*, *Hyalomma truncatum*, *Haemaphysalis leachi*. ПЦР-скрининг проводили с помощью праймеров, фланкирующих ген *NSP1*. Для положительных образцов секвенировали фрагмент гена *NSP2* (~833 nt). Выборочно получены полногеномные последовательности.

Всего было выявлено 70 положительных образцов. РНК JMTV обнаружена в 3 видах клещей: *A. variegatum*, *Rh. microplus*, *Rh. geigy* с частотой 7,1, 32,2 и 17,4% соответственно. Филогенетический анализ показал, что выявленные сиквенсы ближе всего к *Kindia tick virus* из префектуры Киндия. Сравнение фрагментов гена *NSP2* показало циркулирование как минимум 9 разных генотипов. Одновременное присутствие вирусной РНК разных генотипов было

выявлено в клещах, снятых с одного и того же животного, а также в одном и том же клеще. Анализ 6 полногеномных сиквенсов JMTV не выявил реассортации.

МОНИТОРИНГ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ У ДЕТЕЙ НА ОСНОВЕ ПРИМЕНЕНИЯ МОЛЕКУЛЯРНО- ГЕНЕТИЧЕСКИХ ТЕХНОЛОГИЙ

Бруснигина Н.Ф.*, Махова М.А., Черневская О.М., Орлова К.А., Барышева Н.Н.

Нижегородский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии
имени академика И.Н. Блохиной, Нижний Новгород, Россия

Ключевые слова: внебольничная пневмония, этиология, дети, полимеразная цепная реакция

MONITORING PATHOGENS OF COMMUNITY-ACQUIRED PNEUMONIA IN CHILDREN BASED ON THE USE OF MOLECULAR-GENETIC TECHNOLOGIES

Brusnigina N.F.*, Makhova M.A., Chernevskaya O.M., Orlova K.A., Barysheva N.N.

Academician I.N. Blokhina Nizhny Novgorod Scientific Research Institute of Epidemiology and
Microbiology, Nizhniy Novgorod, Russia

Keywords: *community-acquired pneumonia, etiology, children, PCR*

***Адрес для корреспонденции:** nfbrusnigina@yandex.ru

Внебольничная пневмония — одна из актуальных проблем современной медицины, имеющая большое социально-экономическое значение.

Цель работы — совершенствование мониторинга бактериальных и вирусных возбудителей внебольничной пневмонии у детей.

Материалы и методы. В 2021–2023 гг. обследовано 579 детей в возрасте 0–17 лет с диагнозом «внебольничная пневмония». В работе использованы ПЦР, ПЦР-РВ.

Результаты. В этиологической структуре пневмонии лидировал во всех возрастных группах детей пневмококк (78,2%). Второе ранговое положение заняли *Mycoplasma pneumoniae*, особенно в группе детей в возрасте 7–17 лет (43%). Частота обнаружения *Haemophilus influenzae* составила 22,2%. Из вирусных возбудителей в 2021 г. доминировал вирус SARS-CoV-2 (геновариант Delta) (25,1%), в 2022 и 2023 гг. преимущественно выявлялись риновирусы (8,5 и 9,0%). Установлена высокая частота (57,8%) встречаемости сочетанного инфицирования: как бактериального (59,0%), так и бактериально-вирусного (41,0%).

Выводы. Применение молекулярно-генетических технологий гарантирует высокое качество этиологической диагностики внебольничной пневмонии и, как следствие, назначение эффективной этиотропной терапии.

МУЛЬТИЛОКУСНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНОМОВ ЛЕПТОСПИР, ВЫДЕЛЕННЫХ В СИБИРИ И НА ДАЛЬНЕМ ВОСТОКЕ

Будаева С.Е.*, Бренёва Н.В.

Иркутский научно-исследовательский противочумный институт Сибири и Дальнего Востока, Иркутск, Россия

Ключевые слова: лептоспиры, мультилокусное сиквенс-типирование, MLST, гены «домашнего хозяйства»

MULTILOCUS ANALYSIS OF LEPTOSPIRA GENOMES ISOLATED IN SIBERIA AND THE FAR EAST

Budaeva S.E.*, Breneva N.V.

Irkutsk Research Anti-Plague Institute of Siberia and the Far East, Irkutsk, Russia

Keywords: leptospirosis, multilocus sequence typing, MLST, housekeeping genes

*Адрес для корреспонденции: inst.4ever.youu@yandex.ru

Цель работы — мультилокусный анализ геномов лептоспир.

Материалы и методы. Типированы 13 генов «домашнего хозяйства», вирулентности и *rrs2* по 3 схемам MLST на сайте <http://pubmlst.org/leptospira> у 7 штаммов *Leptospira* spp., изолированных на территории Сибири и Дальнего Востока.

Результаты и обсуждение. У 4 штаммов серогруппы *Grippotyphosa* из Приморского края, Хабаровска и Иркутской области сиквенс-типы по трём схемам одинаковы: 110, 100 и 94. У штаммов серогруппы *Javanica* выявлены особенности аллельного профиля по схемам № 2–3, которые совпали у выделенных в г. Иркутске штаммов и имели отличия со штаммом из Приморья. По схеме № 2 присвоены новые аллели генов: *LipL41* — 93 и 94, *adk* — 111, *icdA* — 99, по схеме № 3: *secY* — 61 и 48, *LipL41* — 52 и 53.

Выводы. При углублённом анализе в Иркутске и Приморском крае выявлены уникальные генотипы лептоспир. Вторая и третья схема MLST, в отличие от первой, позволили выявить отличия между штаммами серогруппы *Javanica*. Штаммы серогруппы *Grippotyphosa* показывают однотипность MLST-профиля.

ВЗАИМОСВЯЗЬ МЕЖДУ ВОЗРАСТОМ И НАПРЯЖЁННОСТЬЮ ИММУНИТЕТА К SARS-CoV-2

Иванов А.В.^{1, 2*}, Ваганова А.Н.^{2, 3}

¹Северо-Западный центр доказательной медицины, Санкт-Петербург, Россия

²Клиника высоких медицинских технологий имени Н.И. Пирогова Санкт-Петербургского государственного университета, Санкт-Петербург, Россия

³Институт трансляционной биомедицины Санкт-Петербургского государственного университета, Санкт-Петербург, Россия

Ключевые слова: SARS-CoV-2, иммунитет, COVID-19

DEPENDENCE BETWEEN AGE AND INTENSITY OF ANTI-SARS-CoV-2 IMMUNITY

Ivanov A.V.^{1, 2*}, Vaganova A.N.^{2, 3}

¹North-West Centre for Evidence-Based Medicine, Saint Petersburg, Russia

²Saint-Petersburg State University Hospital, Saint Petersburg, Russia

³Institute of Translational Biomedicine, Saint Petersburg State University, Saint Petersburg, Russia

Keywords: SARS-CoV-2, immunity, COVID-19

*Адрес для корреспонденции: andrey.v.ivanov@spbu.ru

Цель исследования — оценка особенностей поствакцинарного и постинфекционного иммунитета к SARS-CoV-2 у лиц различных возрастных групп.

Материалы и методы. Данные об уровне антител класса IgG к SARS-CoV-2 были получены с использованием тест-системы «SARS-CoV-2 IgG II Quant» («Abbott») при обследовании взрослых пациентов, ранее прошедших вакцинацию ($n = 2317$) или перенёвших COVID-19 ($n = 3245$), обратившихся в медицинские центры АО «СЗЦДМ» в 2021–2023 гг.

Результаты и обсуждение. Среди пациентов, перенёвших COVID-19, были отмечены более высокие уровни IgG у пожилых лиц (950 ВАУ/мл, 65–85 лет), чем у лиц среднего и молодого возраста (514 ВАУ/мл, 45–64 года, и 289 ВАУ/мл, 18–44 года соответственно; $p < 0,01$), а также более высокие уровни IgG у лиц среднего возраста по сравнению с лицами молодого возраста ($p < 0,01$). Среди вакцинированных лиц уровень IgG был повышен у лиц пожилого возраста (1298 ВАУ/мл) по сравнению с лицами среднего возраста (751 ВАУ/мл; $p < 0,05$).

Выводы. Проведённое исследование показало различия выраженности иммунного ответа, которые могут быть связаны с возрастными особенностями иммунитета против SARS-CoV-2, проявляющимися в первую очередь при развитии заболевания.

Работа выполнена при поддержке СПбГУ, шифр проекта 95444211.

МЕТАГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ ДЛЯ ДЕТЕКЦИИ И ИДЕНТИФИКАЦИИ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ПРИРОДНО-ОЧАГОВЫХ ИНФЕКЦИЙ В ОБРАЗЦАХ ПОЛЕВОГО МАТЕРИАЛА

Васильева О.В.*, Ульшина Д.В., Зайцева О.А., Волюнкина А.С., Писаренко С.В., Сирица Ю.В., Гнусарева О.А.

Ставропольский противочумный институт, Ставрополь, Россия

Ключевые слова: *метагеном, природно-очаговые инфекции*

METAGENOMIC ANALYSIS FOR DETECTION AND IDENTIFICATION OF AGENTS OF NATURAL FOCAL INFECTIONS IN SAMPLES OF FIELD MATERIAL

Vasilyeva O.V.*, Ul'shina D.V., Zaitseva O.A., Volynkina A.S., Pisarenko S.V., Siritsa Yu.V., Gnusareva O.A.

Stavropol Plague Control Research Institute, Stavropol, Russia

Keywords: *metagenome, natural focal infections*

***Адрес для корреспонденции:** ksusha.vasilieva@gmail.com

Одно из актуальных направлений совершенствования лабораторной диагностики возбудителей природно-очаговых инфекций (ПОИ) — внедрение в практику современных методов лабораторной диагностики.

Цель — определить возможность детекции и идентификации возбудителей ПОИ бактериальной этиологии методом метагеномного секвенирования гена 16S рРНК в образцах полевого материала.

Материалы и методы. Исследовано 13 пулов иксодовых клещей с различной нагрузкой ДНК *Borrelia burgdorferi* s.l., *Rickettsia* spp., *Francisella tularensis*, *Anaplasma phagocytophilum*. Амплификацию фрагментов гена 16S рРНК осуществляли с помощью праймеров Abellan-Schneyder (2021). Секвенирование — с использованием секвенатора «Ion GeneStudio S5 Plus» («Thermo Fisher Scientific Inc.»).

Результаты. Показана эффективность применения метагеномного анализа для детекции маркеров возбудителей ПОИ в пробах иксодовых клещей. Для *Rickettsia* spp., *Borrelia* spp., *Francisella* spp. подтверждена идентификация до рода; для *F. tularensis*, *R. aeschlimanii* и *B. valaisiana* — до вида. Отсутствие *A. phagocytophilum* в пробах, вероятно, связано с низким содержанием патогена в материале.

Таким образом, использование метагеномного секвенирования гена 16S рРНК для детекции и идентификации возбудителей ПОИ в полевом материале представляется перспективным для дальнейшего исследования направлением.

ДОМИНИРОВАНИЕ В НИЖНЕМ НОВГОРОДЕ РЕАССОРТАНТНЫХ ШТАММОВ ROTAVIRUS A ГЕНОТИПА G3P[8], НЕСУЩИХ НОВЫЕ АЛЛЕЛИ ВНУТРЕННИХ ГЕНОВ

Великжанина Е.И.^{1,2*}, Сашина Т.А.¹, Морозова О.В.¹, Кашников А.Ю.¹,
Епифанова Н.В.¹, Новикова Н.А.¹, Алексеева А.Е.¹

¹Нижегородский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени академика И.Н. Блохиной Роспотребнадзора, Нижний Новгород, Россия

²Национальный исследовательский Нижегородский государственный университет имени Н.И. Лобачевского, Нижний Новгород, Россия

Ключевые слова: ротавирус А, реассортанты

DOMINANCE OF REASSORTANT ROTAVIRUS A STRAINS OF THE G3P[8] GENOTYPE IN NIZHNY NOVGOROD CARRYING NEW ALLELES OF INTERNAL GENES

Velikzhanina E.I.^{1,2*}, Sashina T.A.¹, Morozova O.V.¹, Kashnikov A.Yu.¹, Epifanova N.V.¹,
Novikova N.A.¹, Alekseeva A.E.¹

¹Nizhny Novgorod Scientific and Research Institute of Epidemiology and Microbiology named after Academician I.N. Blokhina, Nizhny Novgorod, Russia

²Lobachevsky State University of Nizhny Novgorod, Nizhny Novgorod, Russia

Keywords: rotavirus A, reassortants

*Адрес для корреспонденции: www.e_velikzhanina@mail.ru

В 2017 г. в Нижнем Новгороде были впервые обнаружены двойные межгрупповые реассортантные ротавирусы (РВ) с генотипом G3P[8]-I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-N2. К 2021–2022 гг. доля их в нижегородской популяции возросла до 53%.

Цель: молекулярно-генетическая характеристика реассортантных штаммов РВ генотипа G3P[8].

Материалы и методы. Исследовали образцы стула детей, госпитализированных с диагнозом «острая кишечная инфекция» в инфекционный стационар Нижнего Новгорода в 2021–2023 гг. Для каждого гена отобранных штаммов на приборах «Нанофор 05» («Синтол») и MiSeq («Illumina») был секвенирован фрагмент кДНК длиной 590–1566 п.н. С помощью BLAST-анализа выполняли поиск родственных последовательностей. Филогенетический анализ проводили в программе MEGA X.

Результаты. Долевой вклад РВ генотипа G3P[8] в 2022–2023 гг. составил 86,1%. Из них реассортантное происхождение имели 83,8%. Для 11 таких штаммов определен полный генотип: G3P[8]-I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-N2. В ходе филогенетического анализа установлено, что реассортантные G3P[8] в течение 5 лет циркуляции в Нижнем Новгороде приобрели от локальных РВ генотипа G2P[4] новые аллели 8 генов (VP1–VP4, VP6, NSP1–NSP3).

БАЗОВАЯ РАСПРОСТРАНЁННОСТЬ 26, 53, 67, 70 И 73-го ТИПОВ ВПЧ, ВОЗМОЖНО ОНКОГЕННЫХ ДЛЯ ЧЕЛОВЕКА, СРЕДИ ЖЕНЩИН МОСКОВСКОГО РЕГИОНА: ПИЛОТНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

Виноградова Н.А.*, Кулешова О.Б., Романюк Т.Н., Домонова Э.А.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: ВПЧ, возможно онкогенные, базовая распространённость

THE BASIC PREVALENCE OF 26, 53, 67, 70 AND 73 HPV TYPES POSSIBLY ONCOGENIC TO HUMANS AMONG WOMEN IN THE MOSCOW REGION: A PILOT STUDY

Vinogradova N.A.*, Kuleshova O.B., Romanyuk T.N., Domonova E.A.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: HPV, possibly oncogenic, basic prevalence

***Адрес для корреспонденции:** pillof@yandex.ru

Введение. Вирус папилломы человека (ВПЧ) возможно онкогенных типов способен вызывать выраженную цервикальную интраэпителиальную неоплазию (NILM). Сведений по распространённости и структуре популяции вируса данных типов среди населения представлено недостаточно.

Цель исследования — оценить базовую распространённость ВПЧ 26, 53, 67, 70, 73-го типов среди женщин Московского региона.

Материалы и методы. Ретроспективно исследованы 293 образца соскоба со слизистой оболочки цервикального канала (экзо- и эндоцервикс) без цитологических признаков NILM. Образцы получены от женщин (Me = 37 лет, IQR: 30–41 лет), проживающих в Москве и Московской области. Количественное определение ДНК ВПЧ 5 типов (26, 53, 67, 70, 73-го) проводили методом ПЦР-РВ с использованием методик, разработанных в ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора.

Результаты. У 31/293 (10,6%; 95% ДИ 7,5–14,6) женщин выявлен ВПЧ возможно онкогенных типов. Частота встречаемости варьировала в зависимости от изучаемого типа и составила в порядке уменьшения: тип 73 — 4,4% (95% ДИ 2,6–7,45), 53 — 3,75% (95% ДИ 2,1–6,6), 70 — 1,71% (95% ДИ 0,73–3,9), 67 — 1% (95% ДИ 0,3–2,9), 26 — 0,3% (95% ДИ 0,06–1,9). В 2/31 (6,5%; 95% ДИ 1,8–20,7) случаях выявлено сочетанное инфицирование ВПЧ двумя возможно онкогенными типами: 53-й и 67-й, 53-й и 70-й.

Заключение. Базовая распространённость ВПЧ 5 возможно онкогенных типов у женщин в Московском регионе составила 10,6% (95% ДИ 7,5–14,6), среди которых наиболее распространёнными являлись типы 73 и 53. Даль-

нейшее проведение расширенного исследования актуально для накопления эпидемиологических данных, необходимых для изучения распространённости ВПЧ возможно онкогенных типов среди населения, а также понимания его роли в развитии злокачественной патологии.

АЛЛЕЛИ HLA В КОГОРТАХ С РАЗЛИЧНЫМ УРОВНЕМ АНТИТЕЛ АНТИ-HBS ПОСЛЕ ВАКЦИНАЦИИ

Власенко Н.В.^{1*}, Чанышев М.Д.¹, Глущенко А.Г.^{1,2}, Кузин С.Н.¹, Хафизов К.Ф.¹

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Московский физико-технический институт, Москва, Россия

Ключевые слова: *HLA, anti-HBS*

HLA ALLELES IN COHORTS WITH DIFFERENT LEVELS OF ANTI-HBS ANTIBODIES AFTER VACCINATION

Vlasenko N.V.^{1*}, Chanyshev M.D.¹, Glushenko A.G.^{1,2}, Kuzin S.N.¹, Khafizov K.F.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Moscow Institute of Physics and Technology, Moscow, Russia

Keywords: *HLA, anti-HBS*

*Адрес для корреспонденции: vlasenko@cmd.su

Известно, что после завершённого курса вакцинопрофилактики против гепатита В у 5–10% лиц отсутствуют антитела против возбудителя или их концентрация не превышает 10 МЕ/л. Данный эффект может быть связан и определенными аллелями генов *HLA*.

Цель настоящей работы — определение возможной взаимосвязи между аллелями генов *HLA* и напряжённостью поствакцинального иммунитета против гепатита В.

Материалы и методы. В рамках текущей работы нами было выполнено типирование аллелей генов *HLA-A/B/C/DPB1/DQB1/DRB1* при помощи NGS. Исследуемая группа представлена условно здоровыми лицами ($n = 342$) с завершённым курсом вакцинопрофилактики против гепатита В и отрицательными результатами ИФА на анти-HBс. Определена концентрация анти-HBs в исследуемых образцах, в зависимости от которой выделены подгруппы с концентрацией анти-HBs < 10 МЕ/л ($n = 100$), 10–100 МЕ/л ($n = 108$) и > 100 МЕ/л ($n = 134$). Статистический анализ проведён с использованием критерия χ^2 и поправки FDR, $p < 0,05$.

В числе прочих результатов было установлено, что аллель *B*38:01:01* (ОШ = 14,33; $p = 0,01$) характерна для группы с концентрацией анти-HBs

> 100 Ме/л, но не для 10–100 Ме/л. В отношении суммы всех респондентов (≥ 10 Ме/л) в сравнении с нонреспондентами выявлена взаимосвязь с аллелью риска отсутствия иммунного ответа DQB1*05:01:01 (ОШ = 0,48; $p = 0,048$). Полученные результаты подтверждаются рядом схожих исследований, однако требуется дополнительная серия экспериментов для определения данных аллелей генов в качестве маркеров исходов вакцинации против гепатита В.

Работа выполнена в рамках гранта ЦНИИЭ (ЕГИСУ НИОКТР N124021200041-3).

ДЕТЕРМИНАНТА УСТОЙЧИВОСТИ К ТЯЖЁЛЫМ МЕТАЛЛАМ ACRB У *VIBRIO CHOLERAE*

Евтеев А.В.*, **Водопьянов С.О.**, **Водопьянов А.С.**, **Герасименко А.А.**, **Ежова М.И.**, **Меньшикова Е.А.**, **Писанов Р.В.**, **Кругликов В.Д.**

Ростовский-на-Дону противочумный институт, Ростов-на-Дону, Россия

Ключевые слова: *Vibrio cholerae*, ген *acrB*, тяжёлые металлы, устойчивость

THE DETERMINANT OF ACRB RESISTANCE TO HEAVY METALS IN *VIBRIO CHOLERAE*

Evteev A.V.*, **Vodopyanov S.O.**, **Vodopyanov A.S.**, **Gerasimenko A.A.**, **Yezhova M.I.**, **Menshikova E.A.**, **Pisanov R.V.**, **Kruglikov V.D.**

Rostov-on-Don Anti-Plague Institute, Rostov-on-Don, Russia

Keywords: *Vibrio cholerae*, *acrB* gene, heavy metals, sustainability

***Адрес для корреспонденции:** evteev_av@antiplague.ru

Цель работы — поиск детерминанты устойчивости к мышьяку *acrB* у *Vibrio cholerae*, циркулирующих на территории России в 2023 г.

Материалы и методы. Изучены полногеномные сиквенсы 3 токсигенных и 54 нетоксигенных штаммов *V. cholerae* O1 El Tor, выделенных на территории России в 2023 г.

Результаты и обсуждение. Детерминанта устойчивости к тяжёлым металлам ACR3 отсутствовала в геномах трех токсигенных и присутствовала в геномах всех изученных 54 нетоксигенных штаммов *V. cholerae* O1 El Tor. Ген *acrB*, детерминирующий продукцию ACR3, обладал высокой гетерогенностью. С помощью биоинформационного анализа авторскими скриптами *in silico* идентифицированы 9 типов нуклеотидной последовательности *acrB* и 7 типов протеина ACR3, содержащие до 12 замен аминокислот.

Выводы. Продукт генов семейства *acrB* — протеин ACR3 опосредует фенотип множественной устойчивости не только к мышьяку, но и к многим тяжёлым металлам, красителям, детергентам, четвертичным аммонийным

производным, ароматическим углеводам и производным фенола. Наличие *acrB* в геномах нетоксигенных штаммов *V. cholerae* O1 El Tor может сообщать селективное преимущество при нахождении в водоёмах.

СОПОСТАВИМОСТЬ МЕТОДОВ ИДЕНТИФИКАЦИИ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ОСТРЫХ КИШЕЧНЫХ ИНФЕКЦИЙ В РОСТОВЕ-НА-ДОНУ

Волошина О.А.*, Куренная Л.Ю., Сараев К.Н., Исперян В.К., Федотова Е.Н.

Клинико-диагностический центр «Здоровье», Ростов-на-Дону, Россия

Ключевые слова: микробиологическая и ПЦР-диагностика, острые кишечные инфекции

COMPARABILITY OF IDENTIFICATION METHODS FOR PATHOGENS OF ACUTE INTESTINAL INFECTIONS IN ROSTOV-ON-DON

Voloshina O.A.*, Kurennaya L.Yu., Saraev K.N., Isperyan V.K., Fedotova E.N.

Clinical Diagnostic Center "Zdorovie", Rostov-on-Don, Russia

Keywords: microbiological, PCR-diagnostic, acute intestinal infections

*Адрес для корреспонденции: dr_voloshina@mail.ru

Цель: сопоставить методы микробиологической (МБ) и ПЦР-идентификации возбудителей острых кишечных инфекций (ОКИ) при их совместном использовании.

Материалы и методы. Выявление патогенов проводили путём рутинного посева с идентификацией на масспектрометре Microflex и ПЦР.

Результаты. Из 1186 проб при МБ-исследовании выявлено только 3,9% возбудителей ОКИ: идентифицированных как *Salmonella enteritidis* и другие виды — 2,5%, патогенные *Escherichia coli* (энтеропатогенные кишечные палочки и др.) — 1,4%. В ПЦР верифицировано 22% возбудителей 3 групп: 1) бактерии: *Campylobacter* — 2,9%, *Salmonella* — 2,3%, *Shigella*/энтероинвазивные кишечные палочки — 0,6%; 2) вирусы: норовирус — 7,0%, ротавирус — 4,0%, астровирус — 2,4%, энтеровирус — 1,6%, аденовирус — 0,4%; 3) микст: вирусно-вирусная — у 0,8% (норо- + астровирус и норо- + ротавирус — 0,25%, энтеро- + ротавирус, энтеро- + норовирус — 0,17%), вирусно-бактериальная — у 0,6% пациентов включала кампило- + ротавирус, *Shigella*/энтероинвазивные кишечные палочки + норовирус (по 0,16%), в 0,08% — кампило- + рота- + норовирус, *Shigella* + энтеровирус, сальмонелла + норовирус.

Выводы. Полученные данные указывают на необходимость использования двух методов идентификации возбудителей ОКИ. ПЦР увеличивает расшифровку диарейных заболеваний в 3,5 раза, тогда как МБ-идентификация

обеспечивает типирование патогена с чувствительностью к антимикробным препаратам, что позволяет откорректировать этиотропную терапию ОКИ.

ЭКОНОМИЧЕСКИЙ УЩЕРБ ОТ ЗАБОЛЕВАНИЙ, ВЫЗЫВАЕМЫХ ВИРУСОМ ЭПШТЕЙНА–БАРР, В СФЕРЕ ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РОССИИ

Воронин Е.М.*, Соломай Т.В., Лаврухина Е.В., Семенов Т.А., Мельниченко Ю.Р.,
Приваленко А.А., Герасимов А.Н., Тутельян А.В., Акимкин В.Г.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: вирус Эпштейна–Барр, экономический ущерб, здравоохранение

ECONOMIC DAMAGE FROM DISEASES CAUSED BY THE EPSTEIN– BARR VIRUS IN THE RUSSIAN HEALTHCARE SECTOR

Voronin E.M.*, Solomay T.V., Lavrukhhina E.V., Semenenko T.A., Melnichenko Yu.R.,
Privalenko A.A., Gerasimov A.N., Tutelyan A.V., Akimkin V.G.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: Epstein–Barr virus, economic damage, healthcare

*Адрес для корреспонденции: emvoronin@yandex.ru

Актуальность. Вирус Эпштейна–Барр (ВЭБ) крайне широко распространён во всём мире и является этиологической причиной или триггером целого ряда инфекционных и соматических заболеваний. Традиционно экономический ущерб (ЭУ) от ВЭБ оценивается как потери, связанные с инфекционным мононуклеозом. При оценке ЭУ от ВЭБ целесообразно рассмотреть вопрос о замене позиции «Инфекционный мононуклеоз» на «Заболевания, вызываемые вирусом Эпштейна–Барр».

Цель работы: разработать обновлённую методику оценки ЭУ для более полных, точных и структурированных расчётов ЭУ от ВЭБ в России.

Материалы и методы. Официальные статистические данные о количестве случаев ряда инфекционных и соматических заболеваний. Данные обработаны с использованием пакета статистических программ MS Office. Программа для ЭВМ написана на языке Python.

Результаты. Разработана методика оценки величины ЭУ и создана база данных (БД) для его расчета. Разработанная программа для ЭВМ (ПО) для расчёта ЭУ от ВЭБ позволяет выполнять необходимые расчеты в кратчайшие сроки. Впервые в России рассчитана величина ЭУ от ВЭБ как причины ряда инфекционных и соматических заболеваний.

Выводы. Рассчитанная величина ЭУ от ВЭБ позволяет в целях совершенствования системы эпидемиологического надзора ставить вопрос о необходимости поиска способов специфического контроля распространения ВЭБ, включая возможность разработки отечественной эффективной и безопасной вакцины против ВЭБ.

ЧАСТОТА ВЫЯВЛЕНИЯ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНФЕКЦИЙ, ПЕРЕДАВАЕМЫХ ПОЛОВЫМ ПУТЁМ, СРЕДИ МУЖЧИН ИЗ РАЗНЫХ СОЦИАЛЬНЫХ ГРУПП В МОСКВЕ В 2023 г.

Гатцаева Н.Д.*, Махова Т.И., Скачкова Т.С., Головешкина Е.Н., Большенко Н.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: ИППП, мужчины, ПЦР

SEXUALLY TRANSMITTED INFECTIONS AMONG MEN FROM DIFFERENT SOCIAL GROUPS IN MOSCOW IN 2023

Gattsaeva N.D.*, Makhova T.I., Skachkova T.S., Goloveshkina E.N., Bolshenko N.V.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: STIs, men, PCR

*Адрес для корреспонденции: gatsaeva@cmd.su

Введение. Инфекции, передаваемые половым путём (ИППП), являются социально значимыми заболеваниями. Среди мужского населения в последние годы регистрируются большое число случаев ИППП, что приводит к необходимости оценки эпидемиологической обстановки и организации своевременных профилактических мероприятий.

Цель работы — оценить частоту выявления возбудителей ИППП среди мужчин из разных социальных групп населения в Москве в 2023 г.

Материалы и методы. В исследование был включён 81 пациент мужского пола (14 гетеросексуалов, 49 гомосексуалов и 18 бисексуалов), обратившийся в 2023 г. с лечебной или профилактической целью в Центральную медицинскую клинику СМД ЦНИИ эпидемиологии. Забор биологического материала для исследования на наличие ДНК возбудителей ИППП проводился врачом-дерматовенерологом из ротоглотки, уретры, прямой кишки, при наличии жалоб и/или клинических проявлений воспаления — из конъюнктивы и с эрозии. Экстракцию ДНК проводили с помощью набора реагентов «ДНК сорб-АМ». Для ПЦР-амплификации очищенной ДНК использовали: «АмплиСенс *N. gonorrhoeae/C. trachomatis/M. genitalium/T. vaginalis*-МУЛЬТИПРАЙМ-FL», «Ам-

плиСенс HSV I, II-FL», «АмплиСенс *Treponema pallidum*-FL» (производства ЦНИИ Эпидемиологии).

Результаты. Средний возраст пациентов составил $34,0 \pm 8,5$ года. В обследованной группе у 47% мужчин были выявлены возбудители ИППП: ДНК *Neisseria gonorrhoeae* — у 9 (11,1%), *Chlamydia trachomatis* — у 7 (8,6%), *Mycoplasma genitalium* — у 11 (13,6%), *Trichomonas vaginalis* — у 1 (1,2%), *Treponema pallidum* — у 5 (6,2%), *Herpes simplex virus I* — у 5 (6,2%), *Herpes simplex virus II* — у 7 (8,6%).

ИППП в 5,8 раза чаще встречались в экстрагенитальных локусах. Всего ДНК возбудителей ИППП были выявлены в 14 (17,3%) образцах уретры, 44 (54,3%) — прямой кишки, 22 (27,2%) — ротоглотки, 8 (9,9%) — конъюнктивы, 8 (9,9%) — эрозии.

Выводы. Полученные результаты свидетельствуют о необходимости совершенствования профилактических и противоэпидемических мероприятий ИППП у мужчин не только гомо- и бисексуальной, но и гетеросексуальной ориентации.

РАЗРАБОТКА АЛГОРИТМА КЛАССИФИКАЦИИ ШТАММОВ ВИРУСА БЕШЕНСТВА

Герасименко А.А.*, Водопьянов А.С.

Ростовский-на-Дону противочумный институт, Ростов-на-Дону, Россия

Ключевые слова: *Rabies lyssavirus*, *N*-ген, классификация, типирование

DEVELOPING THE ALGORITHM FOR RABIES LYSSAVIRUS STRAINS CLASSIFICATION

Gerasimenko A.A.*, Vodop'yanov A.S.

Rostov-on-Don Antiplague Scientific Research Institute, Rostov-on-Don, Russia

Keywords: *Rabies lyssavirus*, *N* gene, classification, typing

***Адрес для корреспонденции:** gerasimenko_aa@antiplague.ru

Цель работы — изучение генетического разнообразия вируса бешенства с классификацией штаммов по различию в наборе мутаций *N*-гена, поиск маркерных мутаций для различных генетических линий.

Материалы и методы. Из базы данных NCBI взяты 1100 последовательностей штаммов *Rabies lyssavirus*, изолированных в 85 странах. Выравнивание на референс выполнено с помощью пакета mafft, далее авторским скриптом вычислены нуклеотидные мутации (SNP). По матрице SNP библи-

отекой языка Python networkx построено «минимальное связывающее дерево». Визуализация полученного дерева проведена в программе «Cytoscape». Штаммы разделены на кластеры по порогу отличия между ними в 68 SNP и более (5% *N*-гена). На языке Python написана программа RabiesAnalyzer, позволяющая классифицировать штамм по загруженной последовательности генома или *N*-гена.

Результаты и обсуждение. Штаммы были разбиты на 10 крупных кластеров (с субкластеризацией по 47 группам) по нуклеотидным мутациям внутри *N*-гена. Найдены уникальные мутации для большинства групп штаммов. Написана программа, определяющая по загруженной последовательности группу, коррелирующую с наличием определённых мутаций и показывающую возможную географическую распространённость выделенного изолята. Программа доступна на сайте <http://antiplague.ru/rabies-analyzer>.

Выводы. Предложен алгоритм и программа для классификации штаммов по наличию набора специфических мутаций в *N*-гене с привязкой по географической распространённости изолятов, найдены маркерные мутации для групп разделённых штаммов.

ВСТРЕЧАЕМОСТЬ ГЕНА ХОЛОДОВОГО ШОКА *CSH1* У ШТАММОВ *VIBRIO CHOLERAЕ*, ВЫДЕЛЕННЫХ В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ В 2023 г.

Герасименко А.А.*, Водопьянов С.О., Водопьянов А.С.

Ростовский-на-Дону противочумный институт, Ростов-на-Дону, Россия

Ключевые слова: *холодовой шок, csh1, типирование, Vibrio cholerae*

THE OCCURRENCE OF COLD-SHOCK GENE *CSH1* IN *VIBRIO CHOLERAЕ* STRAINS ISOLATED IN THE RUSSIAN FEDERATION IN 2023

Gerasimenko A.A.*, Vodop'yanov S.O., Vodop'yanov A.S.

Rostov-on-Don Antiplague Scientific Research Institute, Rostov-on-Don, Russia

Keywords: *cold-shock, csh1, typing, Vibrio cholerae*

***Адрес для корреспонденции:** gerasimenko_aa@antiplague.ru

Цель работы — изучить частоту встречаемости и тип гена холодового шока *csh1* у штаммов *Vibrio cholerae*, выделенных на территории России в 2023 г.

Материалы и методы. Взяты 54 генома нетоксигенных штаммов *V. cholerae*, секвенированные в ходе мониторинга за холерой в 2023 г. (Забайкальский и Приморский края, республики Крым и Калмыкия, Воронежская, Иркутская, Ростовская, Свердловская и Ярославская области, Донецкая Народная Респу-

блика). С помощью авторской программы Fragment Extractor v. 4.0 выявлены последовательности гена холодового шока *csh1*. Далее авторским скриптом найдены мутации, характерные для разных типов гена *csh1*.

Результаты и обсуждение. Установлено, что 39 из 54 изученных штаммов содержали ген холодового шока *csh1*. При этом 30 штаммов относились к референс-типу *csh1*, а 9 — к типу 1 (нуклеотидные замены A38T, A70T). Примечательно, что штаммы, выделенные в «холодных» регионах России (4 штамма из Иркутской области, 1 штамм из Приморского края и 1 штамм из Свердловской области), относились к типу 1. Штамм из Забайкальского края имел референс-тип гена *csh1*.

Выводы. Установлено, что 39 (72,2%) из 54 штаммов *V. cholerae*, выделенных на территории России в 2023 г., содержали ген холодового шока *csh1*. Из них 30 (76,9%) относились к референс-типу, а 9 (23,1%) — к типу 1.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОЕ ТИПИРОВАНИЕ ШТАММОВ ВОЗБУДИТЕЛЯ ТУЛЯРЕМИИ, ВЫДЕЛЕННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ СТАВРОПОЛЬСКОГО КРАЯ

Гнусарева О.А.*, Зайцева О.А., Сирица Ю.В., Ульшина Д.В., Васильева О.В., Вольнкина А.С.

Ставропольский противочумный институт, Ставрополь, Россия

Ключевые слова: туляремия, Ставропольский край

MOLECULAR GENETIC TYPING OF TULAREMIA CAUSAL STRAINS ISOLATED IN THE TERRITORY OF STAVROPOL REGION

Gnusareva O.A.*, Zaitseva O.A., Siritsa Yu.V., Ulshina D.V., Vasilyeva O.V., Volynkina A.S.

Stavropol Plague Control Research Institute, Stavropol, Russia

Keywords: tularemia, Stavropol region

*Адрес для корреспонденции: gnusarevao@mail.ru

На территории Ставропольского края (СК) туляремия является актуальной проблемой в системе обеспечения санитарно-эпидемиологического благополучия населения. Молекулярно-генетическое типирование штаммов является важным инструментом эпидемиологического расследования вспышек.

Цель работы — молекулярно-генетическое исследование штаммов туляремии, изолированных в 2023 г.

Материалы и методы. Молекулярно-генетическое типирование проводили для 14 штаммов возбудителя туляремии методами MLVA-25 и полногеномного секвенирования.

Результаты. По результатам молекулярно-генетического типирования выделенные штаммы отнесли к 5 MLVA-генотипам, отличающимся по числу тандемных повторов в FT-M3- и FT-M6-локусах. На основе полногеномного секвенирования установлена принадлежность изучаемых штаммов к 3 CanSNP-типам (B.79, B.170, B.203).

К первому MLVA-генотипу относятся штаммы, выделенные в Шпаковском и Александровском районах, ко второму — в Петровском районе, к третьему — в Шпаковском и Грачевском районах, к четвертому — в Кочубеевском районе, к пятому — в г. Ставрополе и Грачевском районе СК.

К CanSNP-типу B.79 отнесены штаммы, выделенные на территории Шпаковского и Кочубеевского районов, к B.170 — выделенные в Александровском, Петровском, Грачевском районах, B.203 — в Ставрополе.

Данные MLVA-генотипы и CanSNP-типы выявляли на территории СК в предыдущие годы.

Полученные результаты свидетельствуют о разнообразии возбудителя туляремии на территории СК. В ходе работы новые генотипы не выявили.

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ШТАММОВ *SALMONELLA ENTERICA*, ВЫДЕЛЕННЫХ В ДОНЕЦКОЙ НАРОДНОЙ РЕСПУБЛИКЕ В 2022–2023 гг.

Горох А.М.*, Герасименко А.А., Писанов Р.В., Водопьянов А.С.

Ростовский-на-Дону противочумный институт, Ростов-на-Дону, Россия

Ключевые слова: *сальмонелла, генотипирование, INDEL, SNP-анализ, минимальное связующее дерево*

THE GENETIC DIVERSITY OF *SALMONELLA ENTERICA* ISOLATED IN DONETSK PEOPLE REPUBLIC IN 2022–2023

Gorokh A.M.*, Gerasimenko A.A., Pisanov R.V., Vodopyanov A.S.

Rostov-on-Don Scientific Research Anti-Plague Institute of Rospotrebnadzor, Rostov-on-Don, Russia

Keywords: *Salmonella, genotyping, INDEL, SNP analysis, minimal binding tree*

***Адрес для корреспонденции:** gorokh_am@antiplague.ru

Цель работы — изучение генетических особенностей штаммов *Salmonella enterica*, выделенных в Донецкой Народной Республике в 2022–2023 гг. из клинического материала, продуктов питания и водной среды.

Материалы и методы. В работе применены методы полногеномного секвенирования с использованием биоинформационного анализа автор-

скими и сторонними программами. В ходе работы изучено 29 штаммов *S. enterica*.

Результаты и обсуждение. Среди изученных 29 штаммов 22 относились к серотипу *Enteritidis*, 3 — к *Muenchen*, 2 — к *Saintpaul*, 2 — к *Agona*. Проведённый INDEL-анализ позволил выявить уникальные типы для каждого серотипа, а также разделить штаммы *Salmonella Enteritidis* на 2 группы. По плазмидному профилю штаммы *Salmonella Enteritidis* были разделены на 9 типов. SNP-анализ выделенных штаммов с построением филогенетического дерева разделил их на 4 крупных кластера.

Выводы. В результате исследования была дана генетическая характеристика 29 штаммов, выделенных из клинического материала, пищевых продуктов и водоёмов в Донецкой Народной Республике в 2022–2023 гг. Выявлена высокая генетическая гетерогенность культур *S. enterica*, что свидетельствует о нескольких источниках инфицирования, обусловивших вспышки острой кишечной инфекции, а также о разном патогенетическом потенциале водных и клинических штаммов.

ВЫЯВЛЕНИЕ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНФЕКЦИЙ МОЧЕВЫВОДЯЩИХ ПУТЕЙ НА ОСНОВЕ ПЦР В РЕЖИМЕ РЕАЛЬНОГО ВРЕМЕНИ

Горшкова Т.Г.^{1*}, Громова А.В.¹, Лазарева А.В.², Новикова И.Е.², Фисенко А.П.², Скачкова Т.С.¹

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Национальный медицинский исследовательский центр здоровья детей, Москва, Россия

Ключевые слова: инфекции мочевыводящих путей, ПЦР

DETECTION OF CAUSES OF URINARY TRACT INFECTIONS BASED ON REAL-TIME PCR

Gorshkova T.G.^{1*}, Gromova A.V.¹, Lazareva A.V.², Novikova I.E.², Fisenko A.P.², Skachkova T.S.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²National Medical Research Center for Children's Health, Moscow, Russia

Keywords: urinary tract infections, PCR

*Адрес для корреспонденции: gorshkova@cmd.su

Инфекция мочевыводящих путей (ИМП) — воспалительный процесс уротелия в различных отделах мочевого тракта, возникающий в ответ на появление патогенных микроорганизмов в мочевыводящих путях. Распространённость

ИМП в детском возрасте составляет около 18 случаев на 1000 детского населения.

Цель — изучить частоту выявления возбудителей инфекций мочевыводящих путей (ИМП) у детей.

Материалы и методы. Был проведён анализ образцов мочи от 482 детей в возрасте 0–18 лет. Для экстракции ДНК использовали комплект реагентов «РИБО-преп» (ЦНИИ Эпидемиологии). Для амплификации был использован набор реагентов, предназначенный для количественного определения ДНК бактерий, вызывающих инфекции мочевыводящих путей, — «АмплиСенс ИМП-монитор-FL».

Результаты. Чаще всего у детей была выявлена ДНК энтеробактерий (99,8%), в том числе ДНК *Escherichia coli* — у 266 (55,2%), ДНК *Proteus* spp. — у 22 (4,6%), ДНК *Klebsiella pneumoniae* — у 376 (78%). Также часто была выявлена ДНК энтерококков — у 367 (76,1%). Реже встречались ДНК стрептококков — у 149 (30,9%), ДНК стафилококков — у 119 (24,7%), ДНК *Streptococcus agalactiae* — у 10 (2,1%) и ДНК *Pseudomonas aeruginosa* — у 32 (6,6%).

Выводы. Среди возбудителей ИМП чаще всего были выявлены ДНК *K. pneumoniae* (78%), ДНК энтерококков (76,1%) и ДНК *E. coli* (55,2%).

ИНФИЦИРОВАННОСТЬ ДИКИХ МЕЛКИХ МЛЕКОПИТАЮЩИХ ВОЗБУДИТЕЛЯМИ ПРИРОДНО-ОЧАГОВЫХ ИНФЕКЦИЙ В САНКТ-ПЕТЕРБУРГЕ

Гречишкина Д.И.*, Лунина Г.А., Баимова Р.Р., Лызенко И.С., Рябико Е.Г.,
Кармоков И.А., Халилов Э.С., Токаревич Н.К.

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

Ключевые слова: природно-очаговые инфекции, мелкие млекопитающие

INFECTION OF WILD SMALL MAMMALS WITH PATHOGENS OF NATURAL FOCAL INFECTIONS IN THE CITY OF ST. PETERSBURG

Grechishkina D.I.*, Lunina G.A., Baimova R.R., Lyzenko I.S., Ryabiko E.G.,
Karmokov I.A., Khalilov E.S., Tokarevich N.K.

Saint-Petersburg Pasteur Institute, Saint Petersburg, Russia

Keywords: natural focal infections, small mammals

*Адрес для корреспонденции: grechishkina@pasteurorg.ru

Цель — определить уровень инфицированности возбудителями иксодовых клещевых боррелиозов (ИКБ), моноцитарного эрлихиоза человека (МЭЧ)

и гранулоцитарного анаплазмоза человека (ГАЧ) диких мелких млекопитающих, собранных на территории г. Санкт-Петербурга.

Материалы и методы. Исследовано 154 мелких млекопитающих, отловленных с помощью ловушек Геро в 2023 г. в местах массового отдыха на территории Курортного района Санкт-Петербурга. Животные принадлежали к нескольким видам: *Myodes glareolus* (81,8%); *Apodemus flavicollis* (16,2%); *Sorex araneus* (1,3%); *A. agrarius* (0,6%).

Выделение нуклеиновых кислот производили из печени, селезёнки и сердца с помощью комплекта реагентов «РИБО-преп». ДНК патогенов выявляли методом ПЦР в реальном времени с помощью набора реагентов «АмплиСенс TBEV, *B. burgdorferi* sl, *A. phagocytophilum*, *E. chaffeensis*/E. *muris-FL*» согласно инструкции производителя.

Результаты. Генетические маркеры возбудителей ИКБ были обнаружены в 6 (4,8%) особях: в селезёнке и печени у 5 *M. glareolus* и в печени у 1 *A. flavicollis*. ДНК *A. phagocytophilum* была обнаружена в селезёнке и сердце 1 (0,6%) грызуна (*M. glareolus*). ДНК возбудителей МЭЧ не обнаружено.

Выводы. Полученные данные свидетельствуют о наличии природных очагов ИКБ и ГАЧ в местах массового отдыха Курортного района г. Санкт-Петербурга.

РАЗРАБОТКА ПРАЙМЕРОВ ДЛЯ ПЦР-ИНДИКАЦИИ ВИРУСНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ РЫБ

Громова Е.А.*, Додонова Е.А., Осянин К.А.

Федеральный центр токсикологической, радиационной и биологической безопасности, Казань, Россия

Ключевые слова: ИНГТ, ВГС, ИАЛ, ПЦР-РВ

DESIGN OF PRIMERS FOR PCR INDICATION OF VIRAL FISH DISEASES

Gromova E.A.*, Dodonova E.A., Osyenin K.A.

Federal Center for Toxicological, Radiation and Biological Safety, Kazan, Russia

Keywords: IHN, VGS, ISA, RT-PCR

*Адрес для корреспонденции: elizaveta-real@mail.ru

Рыбная отрасль является важным сектором производства в России. В связи с этим актуальность проведения диагностических мероприятий по предотвращению распространения вирусных инфекций у рыб, в частности лососевых, не вызывает сомнений.

Цель работы — разработка праймеров и зондов для выявления РНК вирусов некроза гемопоэтической ткани (ИНГТ), вирусной геморрагической

септицемии (ВГС) и инфекционной анемии лососёвых (ИАЛ) методом ОТ-ПЦР в режиме реального времени.

Материалы и методы. Биоинформационный анализ и дизайн праймеров проводили с использованием алгоритма BLASTn и программы Vector NTI 9.1.0.

Результаты. В результате биоинформационного анализа нуклеотидных последовательностей геномов исследуемых вирусов, представленных в базе данных GenBank (GB), нами были определены следующие локусы и гены, пригодные для индикации вирусов: ИНГТ — ген G (GB: MN475923.1), ВГС — нуклеокапсид (N) (GB: MN038344.1: 168-1382) и ИАЛ — 8-й сегмент данного вируса (GB: KX823925.1). В пределах данных локусов произведён подбор и дизайн праймеров и зондов с учётом возможности мультиплексной амплификации данных локусов в одной реакции. Температура отжига подобранных синтетических олигонуклеотидов составила 56°C. Также при помощи утилиты BLASTn была подтверждена специфичность подобранных праймеров и зондов.

Выводы. Разработанная система праймеров может использоваться для выявления вирусных заболеваний лососёвых рыб методом ОТ-ПЦР при мониторинговых исследованиях проб на объектах аквакультуры.

ЗАБЫТЫЙ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЙ ТИП ЗАБОЛЕВАНИЯ ЛЮДЕЙ ТУЛЯРЕМИЕЙ

Демидова Т.Н.^{1*}, Михайлова Т.В.¹, Гурина Е.А.¹, Шеенков Н.В.¹, Транквилевский Д.В.²

¹Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почётного академика Н.Ф. Гамалеи, Москва, Россия

²Федеральный центр гигиены и эпидемиологии, Москва, Россия

Ключевые слова: туляремия, эпидемиология, траншейные вспышки

A FORGOTTEN EPIDEMIOLOGICAL TYPE OF HUMAN DISEASE WITH TULAREMIA

Demidova T.N.^{1*}, Mikhailova T.V.¹, Gurina E.A.¹, Sheenkov N.V.¹, Trankvilevsky D.V.²

¹N.F. Gamaleya National Research Center for Epidemiology and Microbiology, Moscow, Russia

²Federal Center for Hygiene and Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: tularemia, epidemiology, trench outbreaks

*Адрес для корреспонденции: tanide2012@yandex.ru

Туляремия — природно-очаговая зоонозная бактериальная инфекция. Возбудитель *Francisella tularensis* циркулирует среди большого круга диких животных. Длительное время сохраняется во внешней среде, особенно при низких температурах.

Туляремия отличается от других зоонозов множественностью путей и факторов заражения. Особенностью этой инфекции является практически 100% восприимчивость человека к возбудителю *F. tularensis*. Она не контагиозна и не требует карантинных мероприятий. По условиям заражения и факторам передачи возбудителя эпидемиологические типы заболевания туляремией подразделили на 9 групп: сельскохозяйственный, бытовой, продуктовый, производственный, водный, траншейный, трансмиссивный, промысловый, охотничье-пищевой. Первые 6 типов тесно связаны с мелкими млекопитающими (ММ). В прошлом веке заражения людей от ММ называли «мышинными» вспышками. К сожалению, о траншейном эпидемиологическом типе заболевания людей туляремией забыли. Этот тип возник во фронтовых условиях, когда для размещения войск в период военных действий использовали окопы, блиндажи, траншеи, землянки и др. Вспышки туляремии возникали в результате массового заселения этих укрытий грызунами. Заболеваемость туляремией при траншейных вспышках носит выраженный очаговый характер. Заражение людей происходит в определённых траншеях. При покидании людьми этих укрытий заражения прекращались, а при использовании этих же траншей другими людьми они возникали вновь. Такую картину наблюдали в Косово, а в настоящее время на территории Донецкой Народной Республики.

Пути заражения при траншейных вспышках разнообразны. Чаще всего имел место аспирационный путь заражения, связанный с образованием пыли при использовании для подстилки соломы, контаминированной инфицированными ММ. При этом преобладала легочная форма туляремии. Также отмечали заражения алиментарным путем при употреблении пищевых продуктов и воды, загрязненных инфицированными ММ. В этих случаях развивались ангинозно-бубонная и абдоминальная формы туляремии.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ПЛАТФОРМЫ SOLAR В СИСТЕМЕ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО НАДЗОРА ЗА ИНФЕКЦИОННЫМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ

Дубоделов Д.В.*, Корабельникова М.И., Гасанов Г.А., Сычева Н.В., Мурадова А.А.,
Родионова З.С.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: платформа SOLAR, эпидемиологический надзор

THE USE OF THE SOLAR PLATFORM IN THE SYSTEM OF EPIDEMIOLOGICAL SURVEILLANCE OF INFECTIOUS DISEASES

Dubodelov D.V.*, Korabelnikova M.I., Gasanov G.A., Sycheva N.V., Muradova A.A.,
Rodionova Z.S.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: SOLAR platform, epidemiological surveillance

*Адрес для корреспонденции: dubodelov@cmd.su

Противостояние пандемии новой коронавирусной инфекции (COVID-19) ускорило процессы информатизации в системе эпидемиологического надзора. Стала очевидной необходимость разработки информационно-аналитических платформ для осуществления молекулярно-генетического мониторинга за SARS-CoV-2, оперативного анализа эпидемиологической обстановки, а также системы оперативного информирования граждан о результатах ПЦР-исследований и выявления антител к возбудителю. Для реализации последней задачи в ЦНИИ Эпидемиологии была разработана и внедрена платформа SOLAR (System of laboratory aggregation results) позволяющая организациям передавать результаты исследования на наличие возбудителя новой коронавирусной инфекции (COVID-19) на Единый портал государственных и муниципальных услуг. Граждане получили возможность оперативно получать доступ к информации о результатах лабораторных исследований, что вместе с большим количеством информационных материалов, размещаемых на официальных интернет-сайтах, дало возможность повысить вовлеченность населения в борьбу с новой инфекцией.

Реализация оперативного информирования граждан о результатах исследований на возбудители социально значимых инфекций с использованием платформы SOLAR позволила бы, на наш взгляд, снабдить население необходимыми знаниями для предотвращения заражения окружающих, эффективного и своевременного лечения и профилактики осложнений.

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ SARS-CoV-2 В ИНФЕКЦИОННЫХ ГОСПИТАЛЯХ ДЛЯ ЛЕЧЕНИЯ БОЛЬНЫХ COVID-19 В РАЗНЫЕ ВОЛНЫ ПАНДЕМИИ

Егоров И.А.^{1*}, Смирнова С.С.^{1,2}

¹Федеральный научно-исследовательский институт вирусных инфекций «Виром», Екатеринбург, Россия

²Уральский государственный медицинский университет, Екатеринбург, Россия

Ключевые слова: SARS-CoV-2, инфекционные госпитали, молекулярно-генетические методы, генетическое разнообразие

ASSESSMENT GENETIC DIVERSITY SARS-CoV-2 IN INFECTIOUS DISEASES HOSPITALS FOR THE TREATMENT COVID-19 PATIENTS IN DIFFERENT WAVES OF THE PANDEMIC

Egorov I.A.^{1*}, Smirnova S.S.^{1,2}

¹Federal Research Institute of Viral Infections «Virome», Yekaterinburg, Russia

²Ural State Medical University, Yekaterinburg, Russia

Keywords: SARS-CoV-2, infectious diseases hospital, molecular genetic methods, genetic diversity

*Адрес для корреспонденции: egorov_ia@niivirom.ru

Организация работы в инфекционных госпиталях для больных COVID-19 характеризуется формированием искусственной закрытой экосистемы, в которой создаются высокие риски контаминации объектов окружающей среды (ООС) SARS-CoV-2 и его внутрибольничной циркуляции.

Цель работы — провести оценку генетического разнообразия SARS-CoV-2 в инфекционных госпиталях для лечения больных COVID-19.

Материалы и методы. Изучено 11 изолятов SARS-CoV-2, выделенных в 4-ю (2021 г.), 6-ю (2022 г.) и 7-ю (2023 г.) волны пандемии COVID-19 с ООС, СИЗ работников и биоматериала пациентов инфекционных госпиталей. Выявление РНК SARS-CoV-2 осуществляли с помощью ОТ-ПЦР. Нуклеотидные последовательности определяли по Сэнгеру. Филогенетический анализ проводили с применением модели Тамуры (метод ближайших соседей) в программе MEGA.

Результаты. Изученные изоляты SARS-CoV-2 относились к 2 геновариантам: *Delta* — 18,2% и *Omicron* — 81,8% (линии BA.4/BA.5 — 77,8% и BA.2.75 — 22,2%). Изоляты геноварианта *Delta* B.1.617.1, выделенные с наружной поверхности электроотсоса и наружной поверхности комбинезона медицинской сестры, имели филогенетическую связь. Изоляты геноварианта *Omicron* сгруппировались в два крупных кластера линий BA.4/BA.5 и BA.2.75 («Кентавр»). *Omicron*-вариант линии BA.4/BA.5, выделенный с винтов кислородной разводки и линии BA.2.75 («Кентавр»), присутствовавший на выключателях электроосвещения,

продемонстрировали высокую степень гомологии с аналогичными линиями SARS-CoV-2, выделенными из биоматериала пациентов.

Таким образом, спектр циркулирующих в инфекционных госпиталях генотипов SARS-CoV-2 соответствовал эпидемиологической ситуации. Филогенетический анализ изолятов SARS-CoV-2 помог установить эпидемиологические цепочки распространения вируса в инфекционных госпиталях.

Источник финансирования: НИОКТР Рег. № 121040500099-5.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ВИРУСОВ ГРИППА А(Н3N2), ЦИРКУЛИРОВАВШИХ В СЕЗОНЕ 2023–2024 гг. В РОССИИ

Елькина М.А.*, Артамонова А.А., Яцышина С.Б., Берсенева А.А., Валдохина А.В., Буланенко В.П.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: вирус гриппа А(Н3N2), секвенирование, мутация

GENETIC CHARACTERISTICS OF INFLUENZA A(H3N2) VIRUSES CIRCULATING IN THE SEASON OF 2023–2024 IN RUSSIA

Elkina M.A.*, Artamonova A.A., Yatsyshina S.B., Berseneva A.A., Valdokhina A.V., Bulanenko V.P.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: Influenza A(H3N2) viruses, sequencing, mutation

*Адрес для корреспонденции: melkina@cmd.su

Цель работы — изучить молекулярно-генетические особенности вирусов гриппа А(Н3N2), циркулировавших в сезоне 2023–2024 гг.

Материалы и методы. Секвенированы фрагменты генома (гены гемагглютинаина (НА) и нейраминидазы (НА)) 439 вирусов гриппа А(Н3N2) по методике Сэнгера из биоматериала, направлявшегося в Референс-центре ЦНИИЭ Роспотребнадзора из регионов России. Определена генетическая группа каждого вируса и проведена оценка на наличие мутаций в НА и NA.

Результаты и обсуждение. Вирусы гриппа А составили 96,6% исследованных вирусов гриппа, из которых 98,2% — А(Н3N2). Все вирусы гриппа А(Н3N2) относились к генетической группе 3С.2а1b.2а.2а.3а.1, в которой выделены подгруппы J, J.1, J.2, J.3 и J.4. Преобладала подгруппа J.2 (78,3%), к подгруппам J, J.1, J.3 и J.4 относились 10,8; 9,3; 0,5 и 0,2% вирусов соответственно. Гомология исследованных вирусов по гену НА с вакцинным штаммом A/Darwin/9/2021 (генетическая группа 3С.2а1b.2а.2а) — 97,9–98,8%. Относительно вакцинного штамма в НА вирусов

2023–2024 гг. с разной частотой (%) встречались 9 аминокислотных (АК) замен, приводящих к потере/появлению потенциально сайта N-гликозилирования (T10M (1,5%), S281N (0,3%); в АГ-сайтах: А — N122D/I (81%), S124N (0,3%), T135A (входит в рецепторсвязывающий сайт) (5,5%), S144N (0,6%), S145N (7,1%); Е (N63S) (0,6%); D — N96S (100%). Изменения в АГ-сайтах А и В обуславливают наиболее значимые изменения антигенных свойств вирусов. Мутация T156N в HA2, выявленная у 1 вируса, ассоциирована с более тяжёлым течением заболевания, индуцированного у мышей. У 1 вируса обнаружена мутация I222V в NA, умеренно снижающая чувствительность к осельтамивиру.

Выводы. Вирусы гриппа А(H3N2) сезона 2023–2024 гг. претерпели изменения в АГ-сайтах HA, в связи с чем наблюдалось значительное снижение нейтрализующей активности поствакцинальных сывороток в отношении некоторых современных вирусов генетической группы 3С.2a1b.2a.2a.3a.1, что побудило ВОЗ изменить данный компонент в составе рекомендованных для Северного полушария вакцин на сезон 2024–2025 гг.¹

ОСОБЕННОСТИ ГЕНОМОВ ШТАММОВ ОСНОВНЫХ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ЛИНИЙ *BACILLUS ANTHRACIS*

Еременко Е.И.*, Рязанова А.Г., Печковский Г.А., Писаренко С.В., Ковалев Д.А., Аксенова Л.Ю., Семенова О.В., Куличенко А.Н.

Ставропольский противочумный институт, Ставрополь, Россия

Ключевые слова: *Bacillus anthracis*, гены вирулентности, прорастания спор, споруляции

FEATURES OF GENOMES OF STRAINS OF THE MAJOR LINEAGES OF *BACILLUS ANTHRACIS*

Eremenko E.I.*, Pechkovskii G.A., Ryazanova A.G., Pisarenko S.V., Kovalev D.A., Aksenova L.Yu., Semenova O.V., Kulichenko A.N.

Stavropol Research Anti-Plague Institute, Stavropol, Russia

Keywords: *Bacillus anthracis*, genes of virulence, spore germination, sporulation

*Адрес для корреспонденции: ejer@mail.ru

Цель работы — характеристика особенностей геномов разных генетических линий *Bacillus anthracis*, потенциально влияющих на их распространённость.

Материалы и методы. Изучение полногеномных последовательностей выборки штаммов *B. anthracis* и штамма CI *B. cereus biovar anthracis* проводили *in silico*, используя биоинформационные программы и базы данных.

¹URL: <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/vaccines/who-recommendations>

Результаты и обсуждение. Вариабельность генов вирулентности, прорастания спор и споруляции определялась SNP, VNTR, инделами и псевдогенами. Их количество у штаммов линий В было в 2,7–32, линии С — в 1,6–42 и *B. cereus biovar anthracis* — 20–2841 раз больше, чем у штаммов *B. anthracis* линии А. Значимые замены в генах приводили к изменению аминокислотной последовательности белков также значительно чаще у штаммов *B. anthracis* линий В, С.

Молекулярное типирование на основе анализа SNP генов факторов патогенности (MVLST) разделяло штаммы на три главные генетические линии.

Идентифицированы неописанные VNTR в пределах гена *gerHA* с единицей повтора 78 и 117 п.н., дифференцирующие генетические линии.

Выводы. Большее количество несинонимичных SNP в генах предполагает ограниченные адаптационные возможности у штаммов *B. anthracis* основных генетических линий В, С и *B. cereus biovar anthracis* и может объяснить их меньшую распространенность. MVLST может быть дополнительным методом молекулярного типирования *B. anthracis*.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИЗАЦИЯ ВИРУСА ГЕПАТИТА В, ЦИРКУЛИРУЮЩЕГО СРЕДИ ВИЧ-ИНФИЦИРОВАННЫХ ЛИЦ В РЕСПУБЛИКЕ АЛТАЙ

Железнова А.С., Свирина К.А., Антоненко М.Е., Щербаков Д.Н., Карташов М.Ю.*

Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор», Кольцово, Россия

Ключевые слова: вирус гепатита В, ВИЧ-инфицированные

GENETIC CHARACTERIZATION OF THE HEPATITIS B VIRUS CIRCULATING AMONG HIV-INFECTED PERSONS IN THE ALTAI REPUBLIC

Zheleznova A.S., Svirin K.A., Antonets M.E., Shcherbakov D.N., Kartashov M.Yu.*

Federal Research Institute of Viral Infections "Vector", Koltsovo, Russia

Keywords: hepatitis B virus, HIV-infected persons

*Адрес для корреспонденции: mikkartash@yandex.ru

Цель работы — молекулярно-генетическая характеристика генетических вариантов вируса гепатита В (ВГВ), выявленных среди ВИЧ-положительных пациентов в Республике Алтай.

Материалы и методы. В ходе исследования было определено и проанализировано 26 полногеномных последовательностей изолятов ВГВ от ВИЧ-инфицированных пациентов. Полученные последовательности депонированы в международную базу GenBank под номерами PP393566–PP393591.

Результаты и обсуждение. Все выявленные изоляты ВГВ из Республики Алтай относятся к генотипу D, доминирующему в России. Распределение субгенотипов в изучаемой выборке имеет следующие особенности: D3 — 50,0% (13/26; 95% ДИ 32,1–67,9), D1 — 42,3% (11/26; 95% ДИ 25,5–61,1), D2 — 7,7% (2/6; 95% ДИ 2,2–24,1). Мутации лекарственной устойчивости, вакцинно-ускользающие мутации и мутации, снижающие экспрессию НВеAg, среди выявленных изолятов не обнаружены.

Заключение. Генетическое разнообразие вариантов ВГВ среди ВИЧ-инфицированных Республики Алтай аналогично разнообразию, наблюдаемому в общей популяции. Актуализация данных по генотипическому разнообразию ВГВ позволяет отслеживать пути передачи, появление и распространение новых вариантов вирусов, в том числе с мутациями лекарственной устойчивости или «иммунологического ускользания».

Исследование проведено в рамках ГЗ-2/22 ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора (№ 122040600156-3 в ЕГИСУ НИОКТР).

УГРОЗА ПАНДЕМИИ ПТИЧЬЕГО ГРИППА: МЕХАНИЗМЫ ФОРМИРОВАНИЯ ПОПУЛЯЦИОННОГО ГЕНОФОНДА ВИРУСА

Жирнов О.П.^{1,2*}, Львов Д.К.¹

¹Институт вирусологии имени Д.И. Ивановского Национального исследовательского центра эпидемиологии и микробиологии имени почётного академика Н.Ф. Гамалеи, Москва, Россия

²Русско-немецкая академия медико-социальных и биотехнологических наук, Москва, Россия

Ключевые слова: пандемия, птичий грипп, генофонд

THREAT OF AVIAN FLU PANDEMIC: MECHANISMS FOR FORMING A POPULATION GENE POOL OF THE VIRUS

Zhirnov O.P.^{1,2*}, Lvov D.K.¹

¹D.I. Ivanovsky Institute of Virology of the National Research Center for Epidemiology and Microbiology named after Honorary Academician N.F. Gamaleya, Moscow, Russia

²Russian-German Academy of Medical, Social and Biotechnological Sciences, Moscow, Russia

Keywords: pandemic, avian flu, gene pool

***Адрес для корреспонденции:** zhirnov@inbox.ru

Каждый биологический вид, включая вирусы, обладает своим единым защищённым популяционным генофондом (ПГФ), формирование которого происходит непрерывно на протяжении миллионов лет в результате взаимодействия популяций вида в меняющихся условиях среды обитания. Наибольшее значение в рамках обсуждаемой проблемы имеют генетические

варианты и динамика их возникновения у одного из 9 родов *Alphainfluenza* семейства *Orthomyxoviridae*, имеющего высоковариабельный геном одноцепочечной РНК. Проведенный в предшествующие годы в СССР генетический мониторинг выявил широкое распространение природных очагов 15 из 18 известных антигенных субтипов вируса с различными комбинациями генов, кодирующих белки НА (гемагглютинин) и NA (нейраминидаза). Длительное взаимодействие вирусных ПГФ и их основных хозяев — птиц обуславливает циркуляцию в природе низковирулентных (НВ) генетических фенотипов с фекально-оральным путём передачи через воду водоёмов, где месяцами сохраняется жизнеспособность вируса. Проникновение НВ-вирусов в обширные популяции сельскохозяйственных птиц приводит к возникновению высоковирулентных (ВВ) вариантов вируса за счёт генетических изменений в структуре аргининсодержащего сайта протеолитической активации в белке НА, вызывающих пантропную генерализованную форму инфекции с летальностью у сельскохозяйственных птиц до 90%, а у людей — до 50–60%. Изолированные в природе вирусы субтипа Н5 на Алтае и Приморском крае, возможно, в период осенних миграций птиц проникли в Юго-Восточную Азию и сформировали популяции ВВ-фенотипов вируса, вызвавшего катастрофическую панзоотию (2003 г.), в том числе в России (с 2005 г. по настоящее время). В последние годы регистрируется резкий подъём заболеваемости птиц ВВ-фенотипом вируса Н5N1 (клайд h2.3.4.4b) на всех континентах, сопровождающийся транстаксонным переходом вируса на различных млекопитающих и развитием у них высоколетальной формы инфекции. Изолированные от них штаммы имеют генетические признаки частичной адаптации к человеку в генах *NP*, *PB2*, *HA*, *NA*, играющих главную роль в регуляции круга хозяев. Такая преадаптация вируса несёт реальную угрозу его последующего перехода вируса в популяцию людей и формирования пандемии с катастрофическими последствиями. Для минимизации медицинских и экономических последствий возможной пандемии необходимы восстановление системы генетического мониторинга ПГФ потенциально опасных вирусов птичьего гриппа, прежде всего генотипов *H5* и *H7*, разработка адекватных вакцин, этиотропных и клеточно-направленных химиопрепаратов, иммунохроматографических экспресс-тестов идентификации вирусов для работы в полевых очагах, внедрения метагеномных технологий индикации вирусов и разработки алгоритмов анализа больших баз данных.

ВЫЯВЛЕНИЕ ГЕНОВ CRISPR-CAS-СИСТЕМЫ В НЕТОКСИГЕННЫХ ШТАММАХ *VIBRIO CHOLERAE* O1 СЕРОГРУППЫ БИОВАРА EL TOR

Заднова С.П.*, Челдышова Н.Б., Сергутин Д.А., Плеханов Н.А., Ерохин П.С.

Российский противочумный институт «Микроб», Саратов, Россия

Ключевые слова: *Vibrio cholerae*, устойчивость к диагностическому холерному фагу El Tor, CRISPR-cas-система

DETECTION OF CRISPR-CAS SYSTEM GENES IN NON-TOXIGENIC STRAINS OF *VIBRIO CHOLERAE* SEROGROUP O1 BIOTYPE EL TOR

Zadnova S.P., Cheldyshova N.B., Sergutin D.A., Plekhanov N.A., Erokhin P.S.

Russian Research Anti-Plague Institute «Microbe», Saratov, Russia

Keywords: *Vibrio cholerae*, resistance to diagnostic cholera phage El Tor, CRISPR-cas system

***Адрес для корреспонденции:** svetlanazadnova@mail.ru

Цель работы — изучение чувствительности нетоксигенных штаммов *Vibrio cholerae* O1 El Tor к диагностическому холерному фагу El Tor (ДХФЭ) и выявление генов CRISPR-Cas-системы в их геноме.

Материалы и методы. Чувствительность 28 штаммов, изолированных от больных или из внешней среды на территории России с 1974 по 2020 г., к ДХФЭ изучали методом Грациа. Взаимодействие бактерий с ДХФЭ исследовали полуконтактной атомно-силовой микроскопией (АСМ). Анализ секвенированных ранее полных геномов проводили с использованием алгоритма Blast, программы MEGA X или BioEdit V. 7.0.9.0.

Результаты и обсуждение. Выявлено 12 изолятов (42,9% изученных), устойчивых к ДХФЭ. При проведении АСМ показано, что фаг адсорбируется на поверхности клеток как чувствительного, так и устойчивого штаммов, что может указывать на присутствие интактных рецепторов для данного фага на поверхности изученных изолятов. При молекулярно-генетическом анализе у 10 устойчивых к ДХФЭ штаммов выявлено наличие полной последовательности гена *cas3*. Один чувствительный к фагу штамм содержал *cas3* с мутациями.

Выводы. Одним из возможных механизмов устойчивости нетоксигенных штаммов *V. cholerae* O1 El Tor к ДХФЭ является присутствие CRISPR-Cas-системы.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ SARS-CoV-2 И НАУЧНОЕ ОБОСНОВАНИЕ ЭФФЕКТИВНОСТИ ПРОТИВОЭПИДЕМИЧЕСКИХ МЕРОПРИЯТИЙ В ОЧАГАХ COVID-19 В ОБЩЕЖИТИЯХ МОСКВЫ

Задорожный А.В.*, Пшеничная Н.Ю.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: молекулярно-генетический мониторинг, эффективность противоэпидемических мероприятий

MOLECULAR GENETIC MONITORING OF SARS-CoV-2 AND SCIENTIFIC SUBSTANTIATION OF THE EFFECTIVENESS OF ANTI-EPIDEMIC MEASURES IN COVID-19 FOCI IN DORMITORIES IN MOSCOW

Zadoroshnyy A.V.*, Pshenichnaya N.Yu.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: molecular genetic monitoring, effectiveness of anti-epidemic measures

***Адрес для корреспонденции:** alezanderzadoroshnyy@yandex.ru

Актуальность. Во время распространения SARS-CoV-2 необходимо иметь чёткое представление об эффективности противоэпидемических мероприятий (ПМ) — основном способе борьбы с очаговой заболеваемостью COVID-19.

Цель исследования — молекулярно-генетический мониторинг SARS-CoV-2 и научное обоснование эффективности ПМ.

Материалы и методы. Проведён сравнительный анализ проявлений эпидемического процесса (ЭП) в 15 репрезентативных очагах COVID-19 (в общежитиях Москвы) в зависимости от предпринимаемых ПМ.

Результаты и обсуждение. Применение ПМ в общежитиях способствует снижению RR COVID-19 ($RR = 0,39-0,68$) в 2,14–6,50 раза ($p < 0,00001$) в сравнении с общежитиями, в которых ПМ не носили комплексный характер ($RR = 1,46-2,54$).

Заключение. Таким образом, учитывая роль организованных коллективов в формировании эпидемического благополучия населения г. Москвы, своевременное применение эффективного комплекса ПМ позволит предотвратить формирование очагов COVID-19, сопровождающихся вовлечением в ЭП большого количества лиц, и улучшить общую эпидемическую обстановку в городе.

ВИРУСЫ В ПИЩЕВОЙ ПРОДУКЦИИ — ТЕНДЕНЦИИ, ОСОБЕННОСТИ ИССЛЕДОВАНИЯ И РАСПРОСТРАНЁННОСТЬ

Зайко Е.В.*, Сатабаева Д.М.

Федеральный научный центр пищевых систем имени В.М. Горбатова, Москва, Россия

Ключевые слова: *вирусы, норовирус, пищевая продукция, безопасность*

VIRUSES IN FOOD PRODUCTS — TRENDS, RESEARCH FEATURES AND PREVALENCE

Zaiko E.V.*, Satabaeva D.M.

V.M. Gorbатов Federal Research Center for Food Systems, Moscow, Russia

Keywords: *viruses, food products, safety*

***Адрес для корреспонденции:** e.zaiko@fncps.ru

Вирусные инфекции пищевого происхождения, включая гепатит А и норовирус, считаются основными причинами заболеваний пищевого происхождения. Норовирусы являются причиной большинства заболеваний острым гастроэнтеритом у людей во всем мире.

Цель работы — оценить распространённость вирусов (норовирус, гепатит А) в пищевой продукции.

Материалы и методы. В качестве объектов исследования были взяты 44 образца малины (Центрального региона РФ), 161 образец устриц, выращенных в России, Марокко, ОАЭ, Тунисе, Намибии, Франции.

Результаты и обсуждения. Наибольшая встречаемость норовируса была зафиксирована в образцах устриц и составила 11,8% от исследуемых образцов, на втором месте находилась клубника, где встречаемость норовируса составила 4,5% от исследуемых образцов. При этом норовирус генотипа GII встречался более часто, чем генотип GI. В образцах устриц генотип GII составлял 84,2% среди положительных образцов, а GI — 15,8%. В образцах клубники был обнаружен только генотип GII. Оценка территориальной распространённости положительных образцов показала, что устрицы, контаминированные норовирусом, были выращены на территории России, Туниса, Марокко и Намибии. Из 19 положительных образцов устриц норовирус был обнаружен в 11 образцах, выращенных на территории России (8 из них относились к генотипу GII и 3 — к генотипу GI), в 3 образцах (генотип GII) из Марокко и Туниса и 2 образцах (генотип GII) из Намибии.

Это исследование подчёркивает важность постоянного контроля над распространённостью норовируса в пищевых продуктах.

РАЗРАБОТКА НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ КАЧЕСТВЕННОГО ОПРЕДЕЛЕНИЯ РНК ВИРУСА КОРИ МЕТОДОМ ПЦР

Замотаева Т.Л.*, Черкашин Е.А.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: корь, ПЦР

DEVELOPMENT OF A SET OF REAGENTS FOR THE QUALITATIVE DETERMINATION OF MEASLES VIRUS RNA BY PCR

Zamotaeva T.L.*, Cherkashin E.A.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: measles, polymerase chain reaction

*Адрес для корреспонденции: sazonova@pcr.ms

Корь является высококонтагиозным острым инфекционным заболеванием, которое передаётся воздушно-капельным путём. Возбудителем является РНК-содержащий вирус — *Measles morbillivirus*. Несмотря на наличие эффективной вакцины против вируса кори, в разных странах регулярно возникают вспышки этого заболевания. К основным причинам роста заболеваемости в мире можно отнести снижение охватов плановой иммунизации против кори детей и взрослых, рост числа отказов от прививок, а также миграционные процессы. Применяемые сегодня ИФА-тесты на антитела к вирусу из-за серологического окна не позволяют на ранних стадиях заболевания (1–5-й день) определить наличие вируса у пациента, поэтому разработка ПЦР-набора для определения вируса кори является актуальной задачей.

Цель исследования — разработка набора реагентов для качественного определения РНК вируса кори методом ПЦР.

Материалы и методы. При разработке набора были использованы образцы биоматериала от пациентов с подтверждённым диагнозом «корь». Для амплификации была выбрана область гена *N*, специфичная для всех циркулирующих генотипов вируса кори. Детекцию флуоресцентного сигнала проводили в режиме реального времени с использованием TaqMan-зондов. Наличие внутреннего контрольного образца позволило контролировать все этапы ПЦР-исследования.

Результаты. Разработан набор реагентов для качественного определения РНК вируса кори методом ПЦР, проведена оценка его диагностических характеристик. Предел обнаружения набора для мочи и мазков из носо- и ротоглотки составляет 1000 ГЭ/мл.

ОБНАРУЖЕНИЕ ЭНТЕРОВИРУСА EV-D68 У ПАЦИЕНТОВ С ОРВИ

Зверев В.В.*, Селиванова С.Г., Пономарева Н.В., Голицына Л.Н., Новикова Н.А.

Нижегородский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени академика И.Н. Блохиной Роспотребнадзора, Нижний Новгород, Россия

Ключевые слова: *энтеровирус D68, полимеразная цепная реакция*

DETECTION OF ENTEROVIRUS EV-D68 IN PEOPLE WITH ACUTE RESPIRATORY VIRAL INFECTIONS

Zverev V.V.*, Selivanova S.G., Ponomareva N.V., Golitsyna L.N., Novikova N.A.

Blokhina Scientific Research Institute of Epidemiology and Microbiology of Nizhny Novgorod, Nizhny Novgorod, Russia

Keywords: *enterovirus D68, polymerase chain reaction*

*Адрес для корреспонденции: mevirfc@rambler.ru

Энтеровирус D68 (EV-D68) характеризуется кислоточувствительностью, способностью к репродукции при низкой температуре (33°C) и преимущественному инфицированию дыхательных путей. Наиболее часто EV-D68 вызывает ОРВИ, пневмонию, также известны случаи острого вялого паралича, в том числе с летальным исходом.

Цель исследования — обнаружение и молекулярно-генетическая характеристика EV-D68 у пациентов с ОРВИ.

Материалы и методы. С июля по октябрь 2022 г. проводился скрининг по обнаружению EV-D68: исследование включало определение РНК энтеровирусов в носоглоточных образцах ($n = 2913$) методом ПЦР, с последующим секвенированием области VP1 генома и генотипированием положительных образцов.

Результаты. Энтеровирусы были обнаружены в 2,16% образцов (63/2913), среди которых 25,4% (16/63) были положительными на EV-D68, частота обнаружения вируса составила 0,55%. Большинство штаммов ($n = 12$; 75%) вируса было выявлено у взрослых. Филогенетический анализ показал, что все выявленные изоляты EV-D68 относятся к субгенотипу В3. Циркуляция EV-D68 этого генотипа в последние годы фиксировалась в Европе и Северной Америке.

Полученные в ходе работы результаты свидетельствуют о наличии циркуляции вируса EV-D68 среди населения России (Нижний Новгород). Учитывая способность вируса вызывать масштабные вспышки инфекции и неврологические заболевания, мониторинг циркуляции и генетического разнообразия EV-D68 является важной составляющей эпидемиологического надзора за энтеровирусными инфекциями.

УРОВЕНЬ КОЛЛЕКТИВНОГО ИММУНИТЕТА К ВИРУСУ КОРИ У ЖИТЕЛЕЙ СЕВЕРО-ЗАПАДНОГО ФЕДЕРАЛЬНОГО ОКРУГА РОССИИ

Иванов А.В.^{1,2*}, Ваганова А.Н.³, Семенова Е.В.⁴

¹Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет, Санкт-Петербург, Россия

²Северо-Западный центр доказательной медицины, Санкт-Петербург, Россия

³Клиника высоких медицинских технологий имени Н.И. Пирогова Санкт-Петербургского государственного университета, Санкт-Петербург, Россия

⁴Петербургский институт ядерной физики имени Б.П. Константинова НИЦ «Курчатовский институт», Санкт-Петербург, Россия

Ключевые слова: корь, иммунитет, популяционный иммунитет, IgG

MEASLES HERD IMMUNITY IN THE NORTH-WESTERN RUSSIAN FEDERAL DISTRICT POPULATION

Ivanov A.V.^{1,2*}, Vaganova A.N.³, Semenova E.V.⁴

¹Saint-Petersburg State Pediatric Medical University, Saint Petersburg, Russia

²North-West Centre for Evidence-Based Medicine JSC, Saint Petersburg, Russia

³Saint-Petersburg State University Hospital, Saint Petersburg, Russia

⁴B.P. Konstantinov Petersburg Nuclear Physics Institute, Saint Petersburg, Russia

Keywords: measles, immunity, herd immunity, IgG

*Адрес для корреспонденции: gostyatin@gmail.com

Цель исследования — оценка напряжённости иммунитета к вирусу кори среди жителей Северо-Западного федерального округа РФ.

Материалы и методы. Данные об уровне антител класса IgG к вирусу кори были получены с использованием тест-системы «ВектоКорь-IgG» (ЗАО «Вектор-Бест») среди пациентов, обратившихся в медицинские центры АО «СЗЦДМ» в Санкт-Петербурге, Ленинградской, Новгородской и Калининградской областях в 2023 г. (1307 мужчин, 3403 женщины, возраст от 1 года до 95 лет, средний возраст 43,5 года). Минимальным положительным уровнем антител считался уровень 0,18 международных единиц (МЕ)/мл.

Результаты и обсуждение. Средний показатель уровня антител в исследуемой группе составил 0,95 МЕ/мл, что превышает уровень минимального положительного значения. В то же время доля случаев, в которых уровень антител в сыворотке не достигал значения 18 МЕ/мл, составила 29,8%.

Выводы. Проведённое исследование показало, что среди населения Северо-Западного федерального округа высок процент лиц, не имеющих антител к вирусу кори, что создаёт предпосылки для распространения заболевания.

ОСОБЕННОСТИ ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ COVID-19 НА ТЕРРИТОРИИ МОСКОВСКОЙ ОБЛАСТИ

Каира А.Н.^{1,2}, Мурзина А.А.^{1*}

¹Научно-исследовательский институт вакцин и сывороток имени И.И. Мечникова, Москва, Россия

²Российская медицинская академия непрерывного профессионального образования, Москва, Россия

Ключевые слова: *эпидемиологический анализ, заболеваемость, COVID-19*

FEATURES OF THE INCIDENCE OF COVID-19 IN THE MOSCOW REGION

Kaira A.N.^{1,2}, Murzina A.A.^{1*}

¹Mechnikov Research Institute for Vaccines and Sera, Moscow, Russia

²Russian Medical Academy of Continuous Professional Education, Moscow, Russia

Keywords: *epidemiological analysis, morbidity, COVID-19*

***Адрес для корреспонденции:** alena_11_08@mail.ru

Актуальность. Несмотря на то что ВОЗ объявила об окончании пандемии COVID-19, остаются рекомендации продолжить эпиднадзор за этой инфекцией. Особый интерес представляет Московская область (МО), являющаяся вторым урбанистическим и экономически развитым субъектом в РФ, пострадавшим от коронавирусной инфекции.

Цель — установить особенности эпидемического процесса COVID-19 на территории МО для оптимизации эпиднадзора за этой инфекцией.

Материалы. Официальные статистические данные Роспотребнадзора (Госдоклады и Ф. № 2 за 2021–2023 гг.).

Результаты. Динамика заболеваемости COVID-19 в МО характеризовалась тенденцией роста в 3,3 раза с 2020 по 2022 г. и снижением в 15,3 раза к 2023 г., наличием эпидемических периодов подъема и спада заболеваемости различной продолжительности (3–8 мес) и интенсивности. Отмечены подъёмы COVID-19 в 2020–2021 гг. в осенне-зимний период (сентябрь–декабрь), в 2022–2023 гг. в зимний период (январь–февраль), а также в 2021 г. с мая по июль более чем 2,9 раза, связанный с новым вариантом вируса Дельта, в 2022 г. с июня по август в 10,2 раза, обусловленный штаммом Омикрон. Отличительной чертой COVID-19 явилось преимущественное поражение взрослого населения, особенно возрастных групп 50–65 лет и старше (средний показатель заболеваемости — 6337,0 на 100 тыс. данной возрастной группы). За 2020–2023 гг. заболеваемость детей от 0 до 14 лет выросла более чем в 6 раз, а у детей до 1 года более чем в 15,3 раза. Оценка охвата прививками населения МО против COVID-19 на декабрь 2022 г. показала, что рекомендуемый уровень (80% и выше) не достиг-

нут. Охват прививками составил только 56,9%, а коэффициент корреляции между заболеваемостью и вакцинированными против COVID-19 — 0,38%, что свидетельствует о незначительном влиянии вакцинации на заболеваемость.

Выводы. Таким образом, в динамике заболеваемости COVID-19 отсутствует строгая периодичность, обусловленная сезонностью. Наиболее уязвимыми возрастными группами явилось взрослое население от 50 и старше лет. К 2023 г. наметилась тенденция увеличения заболеваемости среди детей. Уровень охвата прививками населения МО не обеспечивает надлежащую защиту. Выявленные особенности требуют усиления эпиднадзора за данной инфекцией.

МОНИТОРИНГ ВИРУСА СИНДБИС НА ТЕРРИТОРИИ ЕВРОПЕЙСКОЙ ЧАСТИ РОССИИ В 2023 г.

Кайсаров И.Д.*, Батурин А.А., Бондарева О.С., Алёхина В.А., Бородай Н.В.,
Путинцева Е.В.

Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт, Волгоград, Россия

Ключевые слова: вирус Синдбис, ОТ-ПЦР

MONITORING OF SINDBIS VIRUS IN THE EUROPEAN RUSSIA IN 2023

Kaisarov I.D.*, Baturin A.A., Bondareva O.S., Alekhina V.A., Boroday N.V.,
Putintseva E.V.

Volgograd Plague Control Research Institute, Volgograd, Russian Federation

Keywords: *Sindbis virus*, RT-PCR

*Адрес для корреспонденции: kaisarov.il@yandex.ru

Вирус Синдбис (SINV) относится к семейству *Togaviridae*, роду *Alphavirus*. Резервуарами вируса являются птицы, а основными переносчиками — комары родов *Culex* и *Aedes*. Известны как спорадические случаи заболевания, так и крупные вспышки с сотнями пострадавших. В РФ SINV был обнаружен на территории европейской части и в Алтайском крае, однако регулярный мониторинг вируса не проводился.

Цель — выявление РНК SINV в пробах клинического и полевого материала, собранных на территории европейской части России.

Материалы и методы. Выявление РНК SINV в материале с территорий Астраханской, Владимирской, Волгоградской, Ивановской, Нижегородской, Ростовской, Саратовской, Ярославской областей, республик Ингушетия, Кабардино-Балкария, Калмыкия, Марий Эл, Мордовия, Северная Осетия — Алания, Чечня, Чувашия проводили методом ОТ-ПЦР в реальном времени с экспериментальным набором олигонуклеотидов, специфичных к локусу NS1.

Результаты. Проанализировано 1270 образцов биологического материала, из которых 32 пробы органов птиц, 833 пула комаров и 405 проб крови от лихорадящих пациентов. РНК SINV обнаружена в пуле комаров *Culex modestus*, отловленных на территории тростниковых зарослей водоема Лесобаза в Красноармейском районе г. Волгограда. В клиническом материале РНК SINV не обнаружена.

Таким образом, подтверждена циркуляция SINV в Волгоградской области в 2023 г., что свидетельствует об актуальности проведения мониторинга за данным патогеном в регионах юга России.

ПАТОГРУППЫ *ESCHERICHIA COLI* ПРИ ТРИХОЦЕФАЛЁЗЕ У ОБЕЗЬЯН

Калашникова В.А.*, Егорова Т.П., Демерчян А.В., Леншина Я.И., Аршба И.М.

ККМП НИЦ «Курчатовский институт», Сочи, Россия

Ключевые слова: *патогруппы Escherichia coli, трихоцефалёз*

***ESCHERICHIA COLI* PATHOGROUP IN MONKEYS WITH TRICHOCEPHALOSIS**

Kalashnikova V.A.*, Egorova T.P., Demerchyan A.V., Lenshina Ya.I., Arshba I.M.

КСМР NRC «Kurchatov Institute», Sochi, Russia

Keywords: *Escherichia coli pathogroups, trichocephalosis*

***Адрес для корреспонденции:** vikky.aw@gmail.com

Актуальность. Кишечные заболевания у обезьян занимают ведущее место в структуре заболеваемости.

Цель работы — изучить структуру и концентрацию патогрупп *Escherichia coli* у обезьян на фоне гельминтозной инвазии.

Материалы и методы. Обследованы 133 обезьяны, инвазированные трихоцефалами: 34 — клинически здоровые, 5 — больных кишечными заболеваниями, 94 — погибших с кишечной патологией. Материал исследования — пробы фекалий (у живых обезьян) и кишечное содержимое (у погибших). Выделение ДНК из проб проводили с использованием набора «ДНК-сорб-В» (ЦНИИ Эпидемиологии). Определение патогрупп *E.coli* осуществляли методом ПЦР-РВ, используя набор «АмплиСенс Эшерихиозы-FL» (ЦНИИ Эпидемиологии). Анализ результатов проводили на приборе «Rotor-Gene 6000».

Результаты. В результате исследования в 91% проб обнаружены ЕИЕС, в 20% — ЕРЕС, в 0,8% — ЕАгЕС и ЕТЕС, ЕНЕС в образцах не обнаружены. ЕРЕС были выявлены только в присутствии ЕИЕС. В 9% исследуемых проб

патогруппы *E. coli* не обнаружены. В 67% ЕРЕС детектированы преимущественно в низкой концентрации, а ЕЕС в одинаковом проценте отмечены в низкой и умеренной концентрации (45 и 44% соответственно), ЕТЕС — в высокой, ЕАgЕС — в умеренной концентрации. В кишечнике обезьян патогруппы *E. coli* обнаружены в высокой концентрации, а в фекалиях — в низкой.

Выводы. Выявлены патогруппы *E. coli* у обезьян. У 91% животных обнаружены ЕЕС. Патогруппы *E. coli* чаще выявлены в низкой и умеренной концентрациях, при этом в фекалиях они чаще детектированы в низкой концентрации, а в кишечнике — в высокой.

РАЗРАБОТКА МЕТОДА ДИАГНОСТИКИ ВИРУСА МАММАРЕНАВИРУС МАСЧУПОЕНСЕ НА ОСНОВЕ ИЗОТЕРМИЧЕСКОЙ РЕКОМБИНАЗНОЙ ПОЛИМЕРАЗНОЙ АМПЛИФИКАЦИИ В РЕАЛЬНОМ ВРЕМЕНИ

Капитонова М.А.^{1,2*}, Шабалина А.В.¹, Дедков В.Г.^{1,3}, Долгова А.С.¹

¹Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

³Институт медицинской паразитологии и тропической медицины имени Е.И. Марциновского, Москва, Россия

Ключевые слова: *Mammarenavirus machupoense*, RPA в реальном времени

DEVELOPMENT OF DIAGNOSTIC METHOD FOR MAMMARENAVIRUS MACHUPOENSE VIRUS BASED ON ISOTHERMAL REAL-TIME RPA

Kapitonova M.A.^{1,2*}, Shabalina A.V.¹, Dedkov V.G.^{1,3}, Dolgova A.S.¹

¹Saint-Petersburg Pasteur Institute, Saint Petersburg, Russia

²Saint-Petersburg University, Saint Petersburg, Russia

³Martsinovsky Institute of Medical Parasitology, Tropical and Vector borne Diseases, Moscow, Russia

Keywords: *Mammarenavirus machupoense*, real-time RPA

***Адрес для корреспонденции:** kapitonova.marin@gmail.com

РНК-содержащий вирус *Mammarenavirus machupoense* (MACV) является зоонозом, вызывающим Боливийскую геморрагическую лихорадку.

Целью исследования является разработка системы диагностики MACV на основе рекомбиназной полимеразной амплификации с обратной транскрипцией в режиме реального времени (RT-RPA ехo).

Материалы и методы. В работе использовался набор «TwistAmp eho kit» («TwistDx»), обратная транскриптаза M-MuLV (NEB), праймеры и зонды от «ДНК-Синтез». Зонды модифицированы FAM, BHQ1, dSpacer и C3-Spacer. В качестве матриц выступали РНК фрагменты участка генома вируса. Анализ проводился на «CFX96 Touch» («Bio-Rad»), по протоколу: 20 циклов по 60 с при +40°C.

Основными результатами работы являются подбор наиболее оптимальной пары праймеров и флуоресцентного зонда, оптимизация протокола, подбор концентрации M-MuLV. Система протестирована на фрагменте вируса. Лимит детекции системы составил 50 копий РНК на одну реакцию. Общее время анализа оставило 20 мин.

Работа выполнена при поддержке государственной программы Российской Федерации «Обеспечение химической и биологической безопасности Российской Федерации».

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ШТАММОВ *YERSINIA PESTIS*, ВЫДЕЛЕННЫХ В СЕВЕРО-ПРИАРАЛЬСКОМ И ПРИАРАЛЬСКО-КАРАКУМСКОМ ПРИРОДНЫХ ОЧАГАХ ЧУМЫ

Карапетян Л.А.*, Нарышкина Е.А., Ерошенко Г.А.

Российский противочумный институт «Микроб», Саратов, Россия

Ключевые слова: чума, штаммы, типирование

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF *YERSINIA PESTIS* STRAINS ISOLATED IN THE NORTH ARAL AND ARAL-KARAKUM NATURAL PLAGUE FOCI

Karapetyan L.A.*, Naryshkina E.A., Eroshenko G.A.

Russian Research Anti-Plague Institute "Microbe", Saratov, Russia

Keywords: *plague, strains, typing*

***Адрес для корреспонденции:** derpmeifter132@gmail.com

Актуальность. Природные очаги чумы Северного Приаралья проявляют постоянную эпизоотическую активность. В результате высыхания Арала и объединения участков поставкальной суши с существующими природными очагами возможно увеличение эпизоотических территорий, что требует уточнения данных по популяционной структуре штаммов *Yersinia pestis* в Северном Приаралье.

Цель работы — установить филогенетические связи штаммов *Y. pestis* из Северного Приаралья со штаммами сопредельных природных очагов.

Материалы и методы. Использованы полногеномные последовательности 40 штаммов *Y. pestis* из Северо-Приаральского и Приаральско-Каракумского очагов чумы и 40 штаммов из сопредельных природных очагов. Построена дендрограмма на основе 2248 полиморфных нуклеотидов алгоритмом Maximum Likelihood.

Результаты и обсуждение. Все исследованные штаммы *Y. pestis* из Северного Приаралья относятся к филогенетической ветви 2.MED1. На дендрограмме эти штаммы вошли в четыре отдельных кластера, один из которых (филогенетический узел MN2) содержит 12 штаммов и входит в центральноазиатскую подветвь ветви 2.MED1, а ещё 28 штаммов трех кластеров (MN3-MN5) относятся к каспийской подветви 2.MED1.

Выводы. Установлены тесные филогенетические связи штаммов *Y. pestis* ветви 2.MED1 из Северного Приаралья со штаммами этой ветви эволюции средневекового биовара из очагов Северного Прикаспия и природных очагов Прибалхашья. Полученные данные составляют основу для установления детальной пространственно-временной структуры филогеографической популяции средневекового биовара *Y. pestis* в Северном Приаралье.

ПРЕВАЛЕНТНОСТЬ ИКСОДОВЫХ КЛЕЩЕЙ, СОБРАННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ ПСКОВСКОЙ ОБЛАСТИ, В ОТНОШЕНИИ *RICKETTSIA* SPP.

Кармоков И.А.*, Лунина Г.А., Рябико Е.Г., Лызенко И.С., Баимова Р.Р., Халилов Э.С., Гречишкина Д.И., Токаревич Н.К.

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

Ключевые слова: иксодовые клещи, *Rickettsia* spp., Псковская область

PREVALENCE OF IXODIC TICKS COLLECTED IN THE PSKOV OBLAST IN RELATION TO *RICKETTSIA* SPP.

Karmokov I.A.*, Lunina G.A., Riabiko E.G., Lyzenko I.S., Baimova R.R., Khalilov E.S., Grechishkina D.I., Tokarevich N.K.

Saint-Petersburg Pasteur Institute, Saint Petersburg, Russia

Keywords: ixodes ticks, *Rickettsia* spp., Pskov Oblast

***Адрес для корреспонденции:** karmokov@pasteurorg.ru

Цель — определить превалентность иксодовых клещей, собранных на территории Псковской области, в отношении возбудителей риккетсиозов группы клещевых пятнистых лихорадок (КПЛ).

Материалы и методы. В 2022–2023 гг. на территории Себежского района Псковской области было собрано на флаг 811 клещей, принадлежавших к 3 видам: *Ixodes ricinus* (95%), *Ixodes persulcatus* (2%) и *Dermacentor reticulatus* (3%). Выделение ДНК производилось с помощью комплекта реагентов для выделения РНК/ДНК «РИБО-преп» (ЦНИИ Эпидемиологии) согласно инструкции производителя. ДНК *Rickettsia* spp. выявляли методом ПЦР с помощью набора реагентов «АмплиСенс *Rickettsia* spp. SFG-FL» (ЦНИИ Эпидемиологии) в режиме реального времени согласно инструкции производителя.

Результаты. Средняя инфицированность клещей *Rickettsia* spp. характеризуется достаточно высокими показателями: генетический маркер был выявлен у 210 (25,9%) клещей, в том числе у 206 *I. ricinus* (26,6%), 1 *I. persulcatus* (9,1%) и 3 (11,1%) *D. reticulatus*.

Выводы. Полученные результаты свидетельствуют о существовании активных природных очагов риккетсиозов группы КПЛ на территории Псковской области.

ВСТРЕЧАЕМОСТЬ И ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ СЕГМЕНТИРОВАННОГО ФЛАВИПОДОБНОГО ВИРУСА АЛОНГШАН НА ЮГЕ ВОСТОЧНОЙ СИБИРИ

Карташов М.Ю.*, Кривошеина Е.И., Курушина В.Ю., Терновой В.А.

Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор», Кольцово, Россия

Ключевые слова: многокомпонентные флавиподобные вирусы, вирус Алонгшан

PREVALENCE AND GENETIC DIVERSITY OF ALONGSHAN VIRUS IN THE SOUTH OF EASTERN SIBERIA

Kartashov M.Yu.*, Krivosheina E.I., Kurushina V.Yu., Ternovoi V.A.

Federal Research Institute of Viral Infections «Vector», Koltsovo, Russia

Keywords: multicomponent flavi-like viruses, ALSV

*Адрес для корреспонденции: mikkartash@yandex.ru

Цель работы – поиск и молекулярно-генетическая характеристика изолятов вируса Алонгшан (ALSV), переносимого клещами на юге Восточной Сибири.

Материалы и методы. В ходе исследования было собрано и проанализировано 1060 индивидуальных проб клещей, отловленных на территории республик Хакасия, Тыва, Бурятия, Иркутской области и Забайкальского края. Детекция РНК ALSV проводилась методом ОТ-ПЦР с последующим определением нуклеотидной последовательности для каждого из 4 сегментов.

Результаты и обсуждение. Инфицированность ALSV клещей *Ixodes persulcatus*, собранных в Республике Хакасия, составила 3,3% (95% ДИ 1,4–7,5); в Иркутской области — 1% (95% ДИ 0,3–3,7); в Тыве — 0,9% (95% ДИ 0,3–3,4); в Забайкалье — 0,7% (95% ДИ 0,2–3,6). Среди клещей *Dermacentor nuttalli* из Республики Бурятия РНК ALSV не обнаружена. Геноварианты ALSV, циркулирующие в клещах *I. persulcatus* на территории юга Восточной Сибири, по всем 4 сегментам группируются с последовательностями, обнаруженными в Китае, и кластеризуются в азиатскую подгруппу, переносимую таёжным клещом. Уровень различия нуклеотидных последовательностей фрагментов генома среди выявленных генетических вариантов ALSV составил 2–3%.

Заключение. В исследовании показано широкое распространение ALSV в клещах вида *I. persulcatus* на территории республик Хакасия и Тыва, Иркутской области и Забайкальского края. Данные актуализируют постоянный мониторинг за изменением ареала распространения флавиподобных вирусов, потенциально опасных для человека.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ВАРИАНТЫ ВИЧ-1 НА ТЕРРИТОРИИ РЕСПУБЛИКИ САХА (ЯКУТИЯ)

Котова В.О.*, Балахонцева Л.А., Базыкина Е.А., Троценко О.Е.

Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии
Роспотребнадзора, Хабаровск, Россия

Ключевые слова: ВИЧ-1, субтипы, рекомбинантные формы

GENETIC VARIANTS OF HIV-1 IN THE REPUBLIC OF SAKHA (YAKUTIA)

Kotova V.O.*, Balakhontseva L.A., Bazykina E.A., Trotsenko O.E.

Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology of Rospotrebnadzor,
Khabarovsk, Russia

Keywords: HIV-1, subtypes, recombinant forms

***Адрес для корреспонденции:** kotova.valeriya@mail.ru

Мониторинг распространения вариантов ВИЧ-1 на территориях РФ — важная составная часть системы эпидемиологического надзора за ВИЧ-инфекцией.

Цель исследования — проведение молекулярно-генетического анализа вариантов ВИЧ-1 на территории Республики Саха (Якутия).

Материалы и методы. Исследовано 123 образца плазмы крови от ВИЧ-позитивных пациентов, проживающих на территории республики. Генотипирование проводили с использованием тест-системы «АмплиСенс HIV-Resist-Seq» (ЦНИИ Эпидемиологии).

Результаты. Установлено, что на территории Республики Саха (Якутия) продолжает доминировать субтип А, который представлен двумя суб-субтипами — А6 (96 из 123; 78,0%) и А7 — (1 из 123; 0,8%). Субтип В определен в 4 (3,3%) образцах. Зафиксировано по 1 случаю инфицирования (0,8%) субтипами С и G. В 20 пробах (16,3%) обнаружены рекомбинантные формы вируса. Так, в 13 (10,6%) случаях определена рекомбинантная форма CRF63_02A1, в 6 (4,9%) — рекомбинантная форма CRF02_AG. В одном случае выявлен рекомбинант CRF01_AE (0,8%).

У ВИЧ-инфицированных пациентов Республики Саха (Якутия), получавших антиретровирусную терапию в 2016–2022 гг., первичные мутации резистентности к какому-либо классу препаратов установлены в 52,8% случаях.

Выводы. Результаты исследования свидетельствуют о растущем генетическом разнообразии ВИЧ-1 на территории Республики Саха (Якутия) и все большем вовлечении в эпидемический процесс ВИЧ-инфекции циркулирующих рекомбинантных форм.

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ВИРУСОВ ГЕПАТИТОВ В И С СРЕДИ НАСЕЛЕНИЯ ХАБАРОВСКОГО КРАЯ

Котова В.О.*, Балахонцева Л.А., Базыкина Е.А., Троценко О.Е.

Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, Хабаровск, Россия

Ключевые слова: вирус гепатита В, вирус гепатита С, генотипы

GENETIC DIVERSITY OF HEPATITIS B AND C VIRUSES AMONG THE POPULATION OF THE KHABAROVSK TERRITORY

Kotova V.O.*, Balakhontseva L.A., Bazykina E.A., Trotsenko O.E.

Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology of Rospotrebnadzor, Khabarovsk, Russia

Keywords: hepatitis B virus, hepatitis C virus, genotypes

*Адрес для корреспонденции: kotova.valeriya@mail.ru

Генотипическое разнообразие гепатитов В и С имеет огромное значение для анализа эпидемиологической обстановки, контроля миграции инфекций с других регионов и стран мира.

Цель — провести анализ генетического разнообразия вирусов гепатитов В (HBV) и С (HCV), циркулирующих среди населения Хабаровского края.

Материалы и методы. Молекулярно-генетическое исследование проведено для 17 ДНК HBV-положительных и 54 РНК HCV-положительных проб от пациентов с хроническим вирусным гепатитом В и С.

Результаты. Установлено, что развитие эпидемического процесса хронического гепатита В на территории края обусловлено циркуляцией двух генотипов HBV: D и А. Генотип D HBV обнаружен в 88,2% случаев и представлен двумя субгенотипами D1 и D2. На долю субтипа А2 пришлось 11,8%. Молекулярно-генетическое исследование вируса гепатита С, циркулирующего на территории края, выявило циркуляцию субтипов 1b, 1a, 3a, 2a, 2c с преобладанием субтипа 1в.

Анализ на наличие мутаций резистентности для NS5A региона HCV показал, что среди исследованных изолятов только в одном случае выявлена мутация Y93H, обуславливающая резистентность вируса к препаратам: Daclatasvir, Elbasvir, Ledipasvir, Ombitasvir, Velpatasvir.

Выводы. Полученные данные позволяют расширить информационную базу нуклеотидных последовательностей HBV и HCV и использовать их для совершенствования эпидемиологического надзора за вирусными гепатитами, в т.ч. при проведении эпидрасследования.

СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ ВИРУСА ПАПИЛЛОМЫ ЧЕЛОВЕКА ПРИ ПЛОСКОКЛЕТОЧНЫХ ИНТРАЭПИТЕЛИАЛЬНЫХ ПОРАЖЕНИЯХ ШЕЙКИ МАТКИ ВЫСОКОЙ СТЕПЕНИ

Кулешова О.Б.^{1*}, Домонова Э.А.¹, Минкина Г.Н.²

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Российский университет медицины, Москва, Россия

Ключевые слова: ВПЧ, РШМ, дисплазия

HUMAN PAPILLOMAVIRUS POPULATION STRUCTURE IN HIGH-GRADE SQUAMOUS INTRAEPITHELIAL LESIONS

Kuleshova O.B.^{1*}, Domonova E.A.¹, Minkina G.N.²

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Russian University of Medicine, Moscow, Russia

Keywords: HPV, Cervical cancer, HSIL

***Адрес для корреспонденции:** kuleshova.o@cmd.su

Введение. Необходимым условием эффективной профилактики рака шейки матки (РШМ) является учёт особенностей его этиологии. При планировании мер первичной и вторичной профилактики РШМ представляется чрезвычайно важным изучение структуры популяции вируса на стадии развития предраковых поражений.

Цель. Изучить структуру популяции 14 типов ВПЧ при плоскоклеточном интраэпителиальном поражении шейки матки высокой степени (HSIL).

Материалы и методы. Проанализированы данные лабораторного обследования 185 женщин Московского региона (М = 36,35 года, Ме = 35,0 года, IQR: 30–40 лет) с диагнозом HSIL ($n = 185$), верифицированным гистологически. ВПЧ-тестирование выполнено методом ПЦР-РВ с помощью наборов реагентов с дифференциацией 14 типов (16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 68) (ЦНИИ Эпидемиологии).

Результаты. В образцах при HSIL достоверно чаще встречались ВПЧ типов 16 (63,24%, ДИ 95% 56,41–69,69%), 33 (15,68%, ДИ 95% 11,22–21,13%) и 31 (9,73%, ДИ 95% 6,30–14,30%) ($p < 0,05$). Наименее распространены типы 66, 39 (по 1,62%, ДИ 95% 0,55–4,66%) и 18, 59 (по 2,70%, ДИ 95% 1,16–6,17%) ($p < 0,05$). ВПЧ 58, 52, 45, 56, 51, 68 и 35-го типов встречались с частотой от 8,65 до 3,78% в порядке убывания.

Заключение. При плоскоклеточных интраэпителиальных поражениях высокой степени встречаются все 14 изучаемых типов ВПЧ с превалированием 16, 33 и 31-го типов. Данные особенности распространённости следует учитывать при разработке профилактических вакцин и конструировании диагностических инструментов.

РАЗРАБОТКА СПОСОБА ОПРЕДЕЛЕНИЯ ТИПА ICE SXT ЭЛЕМЕНТА В ШТАММАХ *VIBRIO CHOLERAE* O1 СЕРОГРУППЫ БИОВАРА EL TOR НА ОСНОВЕ ВЫЯВЛЕНИЯ АНТИФАГОВЫХ ГЕНОВ

Кураташвили А.Ю.*, Челдышова Н.Б., Плеханов Н.А., Варшавская Ю.С., Заднова С.П.

Российский противочумный институт «Микроб», Саратов, Россия

Ключевые слова: *Vibrio cholerae*, тип ICE SXT элемента, антифаговые гены

DEVELOPMENT OF A METHOD FOR DETERMINING THE TYPE OF ICE SXT ELEMENT IN *VIBRIO CHOLERAE* O1 SEROGROUP BIOVARA EL TOR STRAINS BASED ON THE IDENTIFICATION OF ANTIPHAGE GENES

Kuratashvili A.Yu.*, Cheldyshova N.B., Plekhanov N.A., Varshavskaya Yu.S., Zadnova S.P.

Russian Research Anti-Plague Institute «Microbe», Saratov, Russia

Keywords: *Vibrio cholerae*, ICE SXT element type, antiphage genes

*Адрес для корреспонденции: a.spirina-work@yandex.ru

Цель работы — разработка способа определения наличия и типа ICE SXT элемента в штаммах *Vibrio cholerae* O1 биовара El Tor на основе выявления специфичных генов антифаговых систем.

Материалы и методы. Исследовали 26 токсигенных штаммов *V. cholerae* O1 El Tor, изолированных от больных или из внешней среды на территории России. Полногеномное секвенирование осуществляли на платформе MGI (DNBSEQ-G50RS, Китай).

Результаты и обсуждение. Способ включает два этапа. На первом методом ПЦР в режиме реального времени устанавливали присутствие ICE SXT элемента на основе тестирования гена *int*, характерного для всех типов данного элемента, а также выявляли антифаговые гены, специфичные для двух наиболее распространенных типов, — ICE *VchBan9* и ICE *VchInd5*. В случае обнаружения только гена *int* проводили второй этап, включающий секвенирование штамма и установление генов антифаговых систем, характерных для других типов ICE SXT элементов, в сравнении с подобранными референсами.

Выводы. Разработан специфичный и высокочувствительный способ определения наличия и типа ICE SXT элемента в токсигенных штаммах *V. cholerae* O1 биовара El Tor, выделяемых от больных, а также из внешней среды при мониторинговых исследованиях.

ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКАЯ И ИММУНОЛОГИЧЕСКАЯ ЭФФЕКТИВНОСТЬ ОДНОКРАТНОЙ ИММУНИЗАЦИИ ПРОТИВ ГЕПАТИТА А В РЕСПУБЛИКЕ ТЫВА СПУСТЯ 11 ЛЕТ ПОСЛЕ ВНЕДРЕНИЯ МАССОВОЙ ВАКЦИНАЦИИ

Лопатухина М.А.^{1,2*}, Мобархан Ф.А.^{1,2}, Ильченко Л.Ю.², Исаева О.В.^{1,2},
Карлсен А.А.^{1,2}, Потемкин И.А.^{1,2}, Кичатова В.С.^{1,2}, Сарыглар А.А.³, Очур Ш.С.⁴,
Салчак Л.К.⁴, Дажикай А.Д.⁴, Кюрегян К.К.^{1,2}, Михайлов М.И.^{1,2}

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Научно-исследовательский институт вакцин и сывороток имени И.И. Мечникова, Москва, Россия

³Инфекционная больница, Кызыл, Россия

⁴Управление Роспотребнадзора Республики Тыва, Кызыл, Россия

Ключевые слова: гепатит А, вакцина против гепатита А, однократная вакцинация, эпидемиология, заболеваемость

EPIDEMIOLOGICAL AND IMMUNOLOGICAL EFFECTIVENESS OF SINGLE-DOSE IMMUNIZATION HEPATITIS A IN THE REPUBLIC OF TYVA 11 YEARS AFTER THE INTRODUCTION OF MASS VACCINATION

Lopatukhina M.A.^{1,2*}, Mobarhan F.A.^{1,2}, Ilchenko L.Yu.², Isaeva O.V.^{1,2}, Karlsen A.A.^{1,2}, Potemkin I.A.^{1,2}, Kichatova V.S.^{1,2}, Saryglar A.A.³, Ochur S.S.⁴, Salchak L.K.⁴, Dazhikai A.D.⁴, Kyuregyan K.K.^{1,2}, Mikhailov M.I.^{1,2}

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Mechnikov Research Institute for Vaccines and Sera, Moscow, Russia

³Kyzyl Hospital of Infectious Diseases, Kyzyl, Russia

⁴Tuva Regional Service for Surveillance, Kyzyl, Russia

Keywords: *hepatitis A, hepatitis A vaccine, single-dose vaccination, epidemiology, incidence*

***Адрес для корреспонденции:** lopatukhina@cmd.su; m.lopatukhina@gmail.com

Введение. Гепатит А (ГА) является инфекцией, которую можно эффективно контролировать с помощью вакцинации. С августа 2012 г. в Республике Тыва была внедрена вакцинация детей старше 3 лет одной дозой вакцины.

Цель исследования — оценка иммунологической и эпидемиологической эффективности данной программы вакцинации через 11 лет.

Материалы и методы. Оценку эпидемиологической эффективности осуществляли на основании анализа показателей заболеваемости ГА по данным сведений об инфекционных и паразитарных заболеваниях (форма 2). Оценка напряжённости специфического иммунитета проводилась с помощью количественного определения анти-ВГА IgG методом иммуноферментного анализа с использованием коммерческих наборов реагентов в сыворотках, полученных от 1335 здоровых детей через 11 лет после введения одной дозы вакцины. Для мониторинга циркуляции вируса ГА (ВГА) в водных объектах было отобрано 337 проб сточных вод и образцов из различных водных объектов по всей Тыве. Пробы воды отбирали в 2021–2023 гг. в 6 временных точках, дважды в год в июле и октябре. Образцы объемом 2 л концентрировали с помощью набора реагентов «Virosorb-M» («Биосервис Биотехнология»). Выделение нуклеиновых кислот из концентрированных образцов объемом 1 мл проводили на приборе «MagNa Pure Compact» с набором «MagNa Pure Large Volume Kit I» («Roche Applied Science»). Выявление РНК ВГА выполняли методом ОТ-ПЦР с праймерами к области VP1/2A.

Результаты. Показатели годовой заболеваемости ГА в Тыве среди детей в возрасте до 18 лет достигали пика в 450–860 на 100 тыс. в годы до вакцинации, но снизилась до 7,5 на 100 тыс. в этой возрастной группе и до 3,2 на 100 тыс. в общей популяции через год после начала вакцинации. С 2016 по 2023 г. случаев ГА в Тыве не зарегистрировано. Всего к концу 2012 г. было вакцинировано с применением однодозовой схемы иммунизации 65 097 детей в возрасте 3–8 лет. Через 11 лет после вакцинации защитные концентрации

анти-ВГА (≥ 20 мМЕ/мл) выявлены в 71,8% (95% ДИ 69,3–74,1% [958/1335]) образцов. Анти-ВГА в концентрации 10–19 мМЕ/мл были обнаружены в 3,6% (95% ДИ 2,7–4,7% [48/1335]) образцов. Наличие анти-ВГА в высокой концентрации (≥ 6000 мМЕ/мл), свидетельствующей о возможном бустировании гуморального ответа в результате встречи вакцинированных детей с ВГА, было выявлено в 8,9% (95% ДИ 7,5–10,6% [119/1335]) образцов. Средняя концентрация анти-ВГА после исключения из расчета образцов с концентрацией ≥ 6000 мМЕ/мл составила 316,9 мМЕ/мл. Существование продолжающейся скрытой циркуляции ВГА в Тыве было подтверждено выявлением РНК ВГА в образцах воды из открытых водоёмов в 2,2% (3/135) проб, в образцах из источников питьевой воды — в 2,4% (2/82) проб и в образцах сточных вод — в 1,7% (2/120) проб. Филогенетический анализ продемонстрировал принадлежность выявленных в 2021–2022 гг. вариантов ВГА к штамму генотипа IA, циркулировавшему в Тыве в довакцинальный период. Однако последовательности ВГА, выделенные в 2023 г., принадлежали к другому кластеру последовательностей генотипа IA, выделенных в 2019–2023 гг. в разных субъектах РФ, что свидетельствует о недавнем завозе инфекции в Тыву.

Выводы. Программа однократной вакцинации детей против ГА в Тыве привела к нулевому уровню зарегистрированной заболеваемости ВГА и высоким уровням протективного иммунного ответа даже через 11 лет после иммунизации. Однако мониторинг ВГА в водных объектах продемонстрировал циркуляцию как регионального штамма вируса, так и штамма, завезённого из других регионов РФ, вероятно, вследствие бессимптомной инфекции среди невакцинированных детей младшего возраста.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ РАСПРОСТРАНЁННОСТИ СЕРОЛОГИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ ГЕПАТИТА А СРЕДИ МИГРАНТОВ ИЗ ГИПЕРЭНДЕМИЧНЫХ РЕГИОНОВ

Лопатухина М.А.^{1,2*}, Потемкин И.А.^{1,2}, Кичатова В.С.^{1,2}, Юзлибаева Л.Р.^{3,4},
Пяташина М.А.^{3,4}, Кюрегян К.К.^{1,2}, Михайлов М.И.^{1,2}

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Научно-исследовательский институт вакцин и сывороток имени И.И. Мечникова, Москва, Россия

³Управление Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по Республике Татарстан, Казань, Россия

⁴Казанская государственная медицинская академия — филиал Российской медицинской академии непрерывного профессионального образования, Казань, Россия

Ключевые слова: *гепатит А, мигранты, завоз гепатита А, эпидемиология*

PREVALENCE OF SEROLOGICAL MARKERS OF HEPATITIS A AMONG MIGRANTS FROM HYPERENDEMIC REGIONS

Lopatukhina M.A.^{1,2*}, Potemkin I.A.^{1,2}, Kichatova V.S.^{1,2}, Yuzlibaeva L.R.^{3,4},
Patyashina M.A.^{3,4}, Kyuregyan K.K.^{1,2}, Mikhailov M.I.^{1,2}

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Mechnikov Research Institute for Vaccines and Sera, Moscow, Russia

³Federal Service for Supervision of Consumer Protection and Human Welfare in the Republic of Tatarstan, Kazan, Russia

⁴Kazan State Medical Academy — Branch of the Russian Medical Academy of Continuous Professional Education, Kazan, Russia

Keywords: *hepatitis A, migrants, importation of hepatitis A, epidemiology*

***Адрес для корреспонденции:** lopatukhina@cmd.su; m.lopatukhina@gmail.com

Введение. Гепатит А (ГА) — широко распространенная антропонозная высококонтагиозная инфекция, вызываемая вирусом гепатита А (ВГА); в клинически выраженных случаях характеризуется симптомами острого поражения печени и интоксикацией. Эпидемическая ситуация по ГА в РФ характеризуется переходом от среднего к низкому уровню эндемичности. Высокий уровень миграции населения из стран Центральной Азии, гиперэндемичных по ГА, ставит вопрос о возможности заноса ВГА-инфекции из этих стран, а также о необходимости профилактики ГА среди мигрантов.

Цель исследования — определить частоту выявления серологических маркеров ГА среди мигрантов из стран Центральной Азии.

Материалы и методы. В 2023 г. на серологические маркеры ВГА были исследованы образцы сыворотки крови от 1614 взрослых мигрантов, недавно прибывших в Россию, Республику Татарстан из Узбекистана ($n = 974$), Таджи-

кистана ($n = 537$), Киргизии ($n = 103$) и проходивших рутинное обследование при постановке на миграционный учёт в ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Республике Татарстан». Во всех образцах сыворотки крови определяли анти-ВГА IgG и IgM методом иммуноферментного анализа с использованием коммерческих наборов реагентов.

Результаты. Подавляющее большинство мигрантов имели гуморальный иммунитет к ГА — частота выявления анти-ВГА IgG составила в среднем 97,8% (95% ДИ 96,9–98,4%; 1578/1614). Достоверно чаще анти-ВГА IgG выявляли у мигрантов из Таджикистана (99,3%; 95% ДИ 98,0–99,8%; 533/537) по сравнению с мигрантами из Узбекистана (96,7%; 95% ДИ 95,4–97,7%; 942/974) и Киргизии (94,2%; 95% ДИ 87,6–97,6%; 97/103), $p < 0,01$. У мужчин анти-ВГА IgG выявлялись достоверно чаще, чем у женщин, — 98,1% (95% ДИ 97,3–98,7%; 1408/1435) против 95,0% (95% ДИ 90,6–97,5%; 170/179), $p = 0,0137$. При анализе общей выборки в зависимости от возраста было установлено достоверное увеличение частоты выявления анти-ВГА с возрастом — у лиц моложе 30 лет анти-ВГА IgG выявляли в 95,2% образцов (95% ДИ 93,3–96,6%; 618/649), у лиц в возрасте 30 лет и старше — в 99,5% образцов (95% ДИ 98,8–99,8%; 960/965), $p < 0,0001$. Помимо анти-ВГА IgG, в 1,0% (95% ДИ 0,6–1,6%; 16/1614) случаев были выявлены анти-ВГА IgM, свидетельствующие о недавней (не более 6 мес назад) встрече с ВГА. Частота выявления анти-ВГА IgM не зависела от возраста, пола и страны происхождения.

Выводы. Подавляющее большинство мигрантов из стран Центральной Азии имеет гуморальный иммунитет к ВГА, что свидетельствует об отсутствии необходимости вакцинопрофилактики ГА в этой группе. Случаи выявления анти-ВГА IgM у мигрантов указывают на сохранение риска завоза ВГА из стран Центральной Азии.

ПРИМЕНЕНИЕ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА ДЛЯ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО РАССЛЕДОВАНИЯ ВСПЫШКИ БРУЦЕЛЛЕЗА В РЕСПУБЛИКЕ БУРЯТИЯ В 2023 г.

Таликина Т.О., Лященко С.М.*, Бондарюк А.Н., Куликалова Е.С., Балахонов С.В.

Иркутский научно-исследовательский противочумный институт, Иркутск, Россия

Ключевые слова: *Brucella abortus*, генотипирование, эпиднадзор

APPLICATION OF PHYLOGENETIC ANALYSIS FOR EPIDEMIOLOGICAL INVESTIGATION OF THE BRUCELLOSIS OUTBREAK IN THE REPUBLIC OF BURYATIA IN 2023

Talikina T.O., Lyashchenko S.M.*, Bondaryuk A.N., Kulikalova E.S., Balakhonov S.V.

Irkutsk Anti-Plague Research Institute, Irkutsk, Russia

Keywords: *Brucella abortus*, genotyping, epidemic surveillance

*Адрес для корреспонденции: lsh.smn15@gmail.com

Возможность оперативного биоинформационного анализа возбудителя бруцеллеза от сельскохозяйственных животных позволяет оценить вклад отдельных вариантов возбудителя в заболеваемость.

Цель: применение филогенетического анализа в рамках эпидемиологического надзора при ухудшении эпизоотической ситуации по бруцеллезу среди крупного рогатого скота (КРС).

Материалы и методы. Культуры *Brucella abortus* (4) выделены из внутренних органов КРС во время вспышки бруцеллёза в селе Енхор Республики Бурятия в 2023 г. Филогенетический коровый SNP-анализ проведён с помощью пакетов snippy v. 4.6.0 и Beast v. 2.7.5 с использованием геномных сборок вакцинного штамма *Br. abortus* 82, а также ряда коллекционных штаммов возбудителей бруцеллеза, выделенных в 1948–1992 гг. в Сибири и на Дальнем Востоке.

Результаты. Филогенетически показано существование клад *Br. abortus* вакцинной и «дикого» типа. Группа вспышечных штаммов, а также ряд коллекционных культур вошли в одну ветвь с вакциной *Br. abortus* 82, но сформировали отдельную группу с повышенной (в 1,6 раза — $2,4 \times 10^{-7}$ замен на сайт в год) скоростью эволюции. Важно, что внутри группы наблюдается снижение скорости до средних значений.

Вывод. Штаммы, вызвавшие заболевания КРС в Бурятии в 2023 г. относятся к кладе вакцинных штаммов, но имеют бóльшую эволюционную дистанцию, в сравнении с остальной вакцинной кладой.

ЧАСТОТА ВЫЯВЛЕНИЯ УСТОЙЧИВЫХ К МАКРОЛИДАМ *MYCOPLASMA PNEUMONIAE* ДО И ПОСЛЕ ПАНДЕМИИ COVID-19

Мамошина М.В.*, Яцышина С.Б.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: *Mycoplasma pneumoniae*, антибиотикорезистентность

DETECTION FREQUENCY OF MACROLIDE RESISTANCE *MYCOPLASMA PNEUMONIAE* BEFORE AND AFTER THE COVID-19 PANDEMIC

Mamoshina M.V.*, Yatsyshina S.B.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *Mycoplasma pneumoniae*, antibiotic resistance

*Адрес для корреспонденции: mamoshina@cmd.su

Mycoplasma pneumoniae является одним из часто встречающихся бактериальных возбудителей, вызывающих атипичную пневмонию (АП) (суммарно с *Chlamydomphila pneumoniae* до 20–30% случаев внебольничных пневмоний). Помимо спорадических случаев, каждые 3–5 лет регистрируются вспышки данного заболевания, последняя из которых зафиксирована в октябре–ноябре 2023 г. Макролиды являются наиболее эффективными и часто применимыми антибактериальными препаратами (АБП) при лечении АП. Однако, согласно данным публикаций последних лет, наблюдается рост устойчивости к макролидам у ряда штаммов *M. pneumoniae*. Кроме того, злоупотребление АБП во время пандемии COVID-19 могло внести вклад в увеличение числа случаев выявления резистентных к макролидам *M. pneumoniae*. На данный момент известно о 3 мутациях резистентности к макролидам в гене 23S рРНК *M. pneumoniae*: A2063G, A2064G и C2617G.

Целью данной работы было выявление частоты встречаемости *M. pneumoniae*, обладающих мутациями устойчивости к макролидам, до и после пандемии COVID-19.

Материалы и методы. Были проанализированы образцы респираторных мазков и мокроты, содержащие ДНК *M. pneumoniae* и полученные в рамках работы референс-центра по мониторингу за инфекциями верхних и нижних дыхательных путей от пациентов с инфекциями дыхательных путей в 2018 г. ($n = 13$), 2019 г. ($n = 18$) и 2023 г. ($n = 23$). Наличие мутаций резистентности к макролидам определялось с помощью амплифицирования методом ПЦР фрагмента гена 23S рРНК, содержащего искомые нуклеотидные замены, с его последующим секвенированием методом Сэнгера.

Результаты. За 2018 г. был выявлен 1 случай резистентного варианта *M. pneumoniae* из 13 исследованных образцов (7,7%), за 2019 г. — 4 слу-

чая из 18 (22,2%), 2023 г. — 7 случаев из 23 (30,4%). У всех резистентных *M. pneumoniae* была выявлена одна и та же мутация — A2063G.

Вывод. Прослеживается тенденция к увеличению резистентности *M. pneumoniae* к макролидам, однако существенной разницы до (2019 г.) и после (2023 г.) пандемии COVID-19 не отмечается. Необходимо дальнейшее наблюдение за уровнем резистентности и внедрение тестов для её определения для корректного подбора АБП при лечении АП.

РАЗРАБОТКА СПОСОБА ВЫЯВЛЕНИЯ РНК ВИРУСА ЗАПАДНОГО НИЛА НА ОСНОВЕ ТЕХНОЛОГИИ LAMP

Миронова А.В.*, Бондарева О.С., Ткаченко Г.А., Батулин А.А.

Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт, Волгоград, Россия

Ключевые слова: петлевая изотермическая амплификация, LAMP, ВЗН

DEVELOPMENT OF A METHOD FOR DETECTING WEST NILE VIRUS RNA BASED ON LAMP TECHNOLOGY

Mironova A.V.*, Bondareva O.S., Tkachenko G.A., Baturin A.A.

Volgograd Plague Control Research Institute, Volgograd, Russia

Keywords: loop mediated isothermal amplification, LAMP, WNV

*Адрес для корреспонденции: mirnyuta@yandex.ru

Вирус Западного Нила (ВЗН) является возбудителем опасной природно-очаговой арбовирусной инфекции — лихорадки Западного Нила (ЛЗН), имеющей неспецифическую клиническую картину, но в ряде случаев протекающей в виде тяжёлого менингоэнцефалита с летальным исходом. В России маркеры ВЗН обнаружены более чем в 70 субъектах.

Актуальным направлением является разработка ускоренных молекулярно-генетических методов для диагностики ЛЗН на ранних стадиях заболевания.

Цель работы — оценка эффективности применения метода петлевой изотермической амплификации (LAMP) для обнаружения РНК ВЗН.

В ходе работы сконструирован экспериментальный набор реагентов для выявления РНК ВЗН методом обратной транскрипции и петлевой изотермической амплификации с электрофоретической детекцией «Амплиген-WNV-ИТ-ЭФ». Время реакции составило 45 мин.

Проведены контрольные лабораторные испытания с использованием подтверждённых методом ПЦР штаммов ВЗН, образцов клинического, аутопсийного и зоо-энтомологического материала, инфицированных ВЗН, и проб, содержащих гетерологичные вирусы и микроорганизмы. Аналитиче-

ская чувствительность реакции составила 5×10^4 ГЭ/мл для ВЗН 1-го генотипа и 5×10^3 ГЭ/мл — 2-го генотипа. Аналитическая специфичность — 100%.

Набор реагентов, разработанный на основе LAMP, сопоставим по чувствительности и специфичности с ПЦР, но отличается большей скоростью амплификации, что свидетельствует о возможности его использования для обнаружения РНК ВЗН при проведении мониторинга.

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ АКТИВНОСТИ ОБРАТНОЙ ТРАНСКРИПТАЗЫ ПРИ РАЗНЫХ УСЛОВИЯХ ОЧИСТКИ

Михеева О.О.*, Шеметова А.Ф., Замотаева Т.Л., Черкашин Е.А., Черкашина А.С., Акимкин В.Г.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: обратная транскриптаза, *Escherichia coli*, хроматографическая очистка, ОТ-ПЦР

COMPARATIVE ANALYSIS OF REVERSE TRANSCRIPTASE ACTIVITY UNDER DIFFERENT PURIFICATION CONDITIONS

Mikheeva O.O.*, Shemetova A.F., Zamotaeva T.L., Cherkashin E.A., Cherkashina A.S., Akimkin V.G.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: reverse transcriptase, *E. coli*, chromatographic purification, RT-PCR

*Адрес для корреспонденции: miheeva@cmd.su, cherkashina@pcr.ms

Цель работы заключалась в выделении и очистке рекомбинантного фермента обратной транскриптазы, наработанной в штамме-производителе *Escherichia coli*, и сравнении активности партий, полученных при разных условиях очистки.

Материалы и методы. Протестированы полученные партии фермента обратной транскриптазы методом ОТ-ПЦР.

Результаты и обсуждение. Синтезированный ген обратной транскриптазы был клонирован в экспрессионный вектор рЕТ24а+ по сайтам узнавания эндонуклеаз рестрикции NdeI и XhoI и экспрессирован в штамме *E. coli*. Выделение и очистку фермента из клеток *E. coli* проводили с помощью катионообменной и гель-фильтрационной хроматографии с применением буферных растворов разного состава: на основе MES и натрия ацетата с добавлением 0,1% Тритона X-100, 0,1% Твин-20, либо 1 мМ ДТТ.

После получения экспериментальных партий фермента проводилось тестирование ревертазной и полимеразной активностей. Такой подход даёт возможность

оценить удельную активность фермента, а также спрогнозировать его поведение в ОТ-ПЦР. Далее проводилось титрование полученных ферментов для установления соответствия линейного диапазона в рамках методик измерения активностей.

Выводы. В результате проведённых экспериментов был разработан быстрый и недорогой масштабируемый способ выделения и очистки фермента и протокол характеристики свойств рекомбинантного фермента. Полученные данные позволяют оптимизировать методику получения фермента до промышленных масштабов для дальнейшего применения его в различных диагностических тест-системах на основе ОТ-ПЦР.

АНАЛИЗ ЗАРАЖЁННОСТИ КЛЕЩЕЙ ПАТОГЕНАМИ В АМУРСКОЙ ОБЛАСТИ

Мурмило В.С.*, Бурдинская Е.Н.

Центр гигиены и эпидемиологии в Амурской области, Благовещенск, Россия

Ключевые слова: вирус клещевого энцефалита, боррелии, риккетсии, моноцитарный эрлихиоз человека, гранулоцитарный анаплазмоз человека, клещи, ПЦР

ANALYSIS OF TICKS INFECTED WITH PATHOGENS IN AMUR REGION

Murmilo V.S.*, Burdinskaya E.N.

Center for Hygiene and Epidemiology in the Amur Region, Blagoveshensk, Russia

Keywords: TBEV, borrelia, rickettsia, human monocytic ehrlichiosis, human granulocytic anaplasmosis, ticks, PCR

*Адрес для корреспонденции: murmilo.vladimir@mail.ru

Цель — изучение заражённости разных видов иксодовых клещей в Амурской области возбудителями клещевых инфекций.

Материалы и методы. Материалами послужили результаты исследований иксодовых клещей, собранных на территории области 2019–2023 гг. Исследования проводились методом ИФА на обнаружение антигена вируса клещевого энцефалита (ВКЭ) и методом ПЦР на обнаружение РНК ВКЭ и ДНК возбудителей клещевого боррелиоза (КБ), клещевого риккетсиоза (КР), моноцитарного эрлихиоза человека (МЭЧ) и гранулоцитарного анаплазмоза человека (ГАЧ).

Результаты. С 2019 по 2023 г. проведены исследования 2680 клещей трех видов: *Ixodes persulcatus* (15,8% ± 0,7), *Dermacentor silvarum* (54,7% ± 1,0), *Haemaphysalis concina* (29,5% ± 0,9). В *I. persulcatus* были выявлены маркеры (%) ВКЭ — 0,5 ± 0,3; КБ — 27 ± 2,1; КР — 0,7 ± 0,4; МЭЧ — 3 ± 0,8; ГАЧ — 5,4 ± 1,1. В *D. silvarum* обнаружены маркеры (%) ВКЭ — 0,1 ± 0,08; КБ — 1,1 ± 0,3; КР — 0,8 ± 0,2; МЭЧ — 0,1 ± 0,08; ГАЧ — 0,3 ± 0,1. В *H. concina* выявлены маркеры (%)

ВКЭ — $0,1 \pm 0,1$; КБ — $2 \pm 0,5$; КР — $9,9 \pm 1,1$. Таким образом установлено, что на территории области основным переносчиком ВКЭ, КБ, МЭЧ и ГАЧ являются клещи *I. persulcatus*, основным переносчиком КР являются клещи *H. concinna*. Зараженность клещей *D. silvarum* по всем инфекциям низкая, при этом этот вид клещей встречается чаще других.

Заключение. Полученные данные позволяют определить значимость тех или иных видов клещей в распространении клещевых инфекции на территории области.

ПОДХОДЫ К ИЗУЧЕНИЮ ЭПИДЕМИЧЕСКОГО ПРОЦЕССА ПРИРОДНО-ОЧАГОВЫХ ИНФЕКЦИЙ

Нафеев А.А.^{1,2*}, Салина Г.В.¹, Жукова Е.Ю.¹

¹Центр гигиены и эпидемиологии в Ульяновской области, Ульяновск, Россия

²Ульяновский государственный университет, Ульяновск, Россия

Ключевые слова: природно-очаговые инфекции, эпидпроцесс, серологический мониторинг

APPROACHES TO STUDYING THE EPIDEMIC PROCESS OF NATURALLY FOCAL INFECTIONS

Nafeev A.A.^{1,2*}, Salina G.V.¹, Zhukova E.Yu.¹

¹Center for Hygiene and Epidemiology in the Ulyanovsk Region, Ulyanovsk, Russia

²Ulyanovsk State University, Faculty of Medicine, Ulyanovsk, Russia

Keywords: natural focal infections, epidemiological process, serological monitoring

*Адрес для корреспонденции: nafeev@mail.ru

Регистрация инфекционных болезней учитывает только часть эпидемического процесса (ЭП), которая отражает клинические формы, но не даёт полной картины происходящего на территории. Отличие природно-очаговых инфекций состоит в том, что очаги этих инфекций могут существовать без человека продолжительный период времени. Учитывая расширение антропогенного влияния на природу, необходимо получение более полной информации (какие патогены циркулируют в очаге, каков его эпидемический потенциал), что необходимо для заблаговременного проведения профилактических мероприятий. В эпидемиологической диагностике незаменимым направлением является серологический (обследование коренного населения) мониторинг. Все шире используется метод полимеразной цепной реакции (примером является использование тест-системы на 4 патогена: клещевой вирусный энцефалит (ВКЭ), иксодовый клещевой боррелиоз (ИКБ), моноцитарный эрлихиоз человека (МЭЧ) и гранулоцитарный анаплазмоз человека (ГАЧ)),

что позволяет одновременно выявлять микст-очаги с разными патогенами (КВЭ и ИКБ, ИКБ и МЭЧ и т.д.), учитывая общие резервуары инфекций. В одних очагах эпидемический потенциал находится на низком уровне, в другом — на высоком. Полученная объективная информация по очагу необходима для управления ЭП с экономическим обоснованием тех или иных профилактических мероприятий.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИАГНОСТИКА У ПАЦИЕНТОВ С ХРОНИЧЕСКИМ ГЕПАТИТОМ В

Нгуен Т.Х.^{1*}, Кюрегян К.К.², Ильченко Л.Ю.¹, Мельникова Л.И.³

¹Российский национальный исследовательский медицинский университет имени Н.И. Пирогова, Москва, Россия

²Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

³Клиническая больница № 85, Москва, Россия

Ключевые слова: *хронический гепатит В, клиническая картина, генотипы вируса*

MOLECULAR GENETIC DIAGNOSIS IN PATIENTS WITH CHRONIC HEPATITIS B

Nguyen T.H.^{1*}, Kyuregyan K.K.², Ilchenko L.Yu.¹, Melnikova L.I.³

¹Pirogov Russian National Research Medical University, Moscow, Russia

²Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

³Clinical Hospital No. 85, Moscow, Russia

Keywords: *chronic hepatitis B, clinical picture, virus genotypes*

***Адрес для корреспонденции:** drhanh@mail.ru

Актуальность: хронический гепатит В (ХГВ) — распространённое заболевание с высоким риском развития цирроза печени (ЦП) и гепатоцеллюлярной карциномы (ГЦК). Генотипы вируса гепатита В (HBV) имеют разнообразное географическое распределение и оказывают влияние на клиническое течение и исходы ХГВ.

Цель и задачи — дать клинико-вирусологическую характеристику пациентам с ХГВ.

Материалы и методы. В исследование включено 267 пациентов с ХГВ (средний возраст — 46,5 года, мужчины — 57,7%). Генотипирование HBV выполнено 124 пациентам с помощью секвенирования с последующим филогенетическим анализом или ИФА субтипов HBsAg. Выраженность фиброза оценивали методом транзитной эластометрии (ТЭ) 191 больному.

Результаты. В клинической картине пациентов, с преимущественно HBeAg-негативным (92,5%) ХГВ, преобладали жалобы на слабость (71,9%) и тяжесть в правом подреберье (68,9%). Гиперферментемия выявлена у 66 (23,7%) больных, ДНК HBV — у 238 (89,1%). Генотип D HBV определен у 115 (92,7%) пациентов, А — у 7 (5,6%) и С — у 2 (1,6%). При ТЭ стадия F0-1 установлена у 144 (75,4%) обследованных, F2 — у 26 (13,6%), F3 — у 10 (5,3%), F4 — у 12 (6,3%). У 1 из 12 больных с ЦП обнаружена ГЦК.

Заключение. Клиническая картина ХГВ характеризовалась минимальными проявлениями. Среди пациентов — жителей г. Москвы генотип D HBV явился доминирующим, что соответствует географическому распределению генотипов HBV на территории Российской Федерации.

ЧАСТОТА ВСТРЕЧАЕМОСТИ ДВОЙНОЙ ОНКОГЕННОЙ ЗАМЕНЫ 1762A/1764T В ИЗОЛЯТАХ ВИРУСА ГЕПАТИТА В, ЦИРКУЛИРУЮЩЕГО НА ТЕРРИТОРИИ МОСКВЫ

Панасюк Я.В.^{1*}, Власенко Н.В.¹, Кистенева Л.Б.², Хлопова И.Н.², Абдурахманов Д.Т.³,
Понежева Ж.Б.¹, Макашова В.В.¹, Омарова Х.Г.¹, Кузин С.Н.¹, Акимкин В.Г.¹

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Инфекционная клиническая больница № 1 ДЗМ, Москва, Россия

³Клиника имени Е.М. Тареева Первого Московского государственного медицинского университета имени И.М. Сеченова (Сеченовский Университет), Москва, Россия

Ключевые слова: гепатит В, геном вируса гепатита В, нуклеотидные замены, двойная замена 1762A/1764T, цирроз печени, фиброз печени, первичный рак печени

FREQUENCY OF OCCURRENCE OF DOUBLE ONCOGENIC SUBSTITUTION 1762A/1764T IN ISOLATES OF THE HEPATITIS B VIRUS CIRCULATING IN MOSCOW

Panasyuk Ya.V.^{1*}, Vlasenko N.V.¹, Kisteneva L.B.², Khlopova I.N.², Abdurakhmanov D.T.³,
Ponezheva Zh.B.¹, Makashova V.V.¹, Omarova Kh.G.¹, Kuzin S.N.¹, Akimkin V.G.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Infectious Diseases Clinical Hospital No. 1, Moscow, Russia

³Tareev Clinic of Internal Diseases, Sechenov First Moscow State Medical University, Moscow, Russia

Keywords: hepatitis B, hepatitis B virus genome, nucleotide substitutions, 1762A/1764T double substitution, liver cirrhosis, liver fibrosis, hepatocellular carcinoma

*Адрес для корреспонденции: epidbsmp@mail.ru

Введение. Двойная онкогенная замена 1762A/1764T в геноме вируса гепатита В (ВГВ) в настоящее время наиболее изучена, что отражено в трудах

зарубежных авторов. Её наличие в геноме ВГВ ассоциировано с развитием у пациента гепатоцеллюлярной карциномы. Данных о распространённости двойной онкогенной замены 1762A/1764T в изолятах ВГВ, циркулирующих на территории России, нет.

Цель работы — изучить частоту встречаемости двойной онкогенной замены 1762A/1764T в изолятах, полученных от пациентов г. Москвы с острым (ОГВ) и хроническим (ХГВ) гепатитом В (ГВ), включая пациентов с микст-инфекциями и пациентов с ГВ-ассоциированным циррозом печени.

Материалы и методы. Исследуемую группу составляли 110 пациентов с ОГВ и ХГВ. Нуклеотидную последовательность фрагмента генома ВГВ (с 1607 по 1894 п.н.) в изолятах ВГВ, полученных от этих пациентов, определяли секвенированием по Сэнгеру. В работе использованы праймеры, разработанные к.м.н. И.В. Гордейчук.

Результаты. Двойная замена 1762A/1764T определена в 32 изолятах ВГВ. Из 32 образцов с двойной онкогенной заменой 7 образцов было получено от пациентов с ОГВ и 25 с ХГВ. Из 32 образцов 5 были получены от пациентов с ГВ-ассоциированным циррозом печени. В сочетании с двойной заменой также обнаружены ещё 53 нуклеотидные замены в изучаемом фрагменте генома ВГВ. Наиболее часто в сочетании с заменой 1762A/1764T определены замены в позициях: 1753C (в 17 изолятах), 1757G (в 11 изолятах) и 1678C (в 11 изолятах). Замена 1753C обнаружена в 4 из 5 образцов с циррозом печени. Замены 1757G и 1678C обнаружены в изолятах при ОГВ и ХГВ, а также в 1 изоляте, полученном от пациента с циррозом печени.

ИЗУЧЕНИЕ ЧАСТОТЫ ВЫЯВЛЕНИЯ ИНФЕКЦИЙ, ПЕРЕДАВАЕМЫХ ПОЛОВЫМ ПУТЁМ, У ЖЕНЩИН С РАЗНЫМ ВИЧ-СТАТУСОМ В ДВУХ РЕГИОНАХ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Перевезенцева М.А.^{1*}, Скачкова Т.С.¹, Домонова Э.А.¹, Романюк Т.Н.¹, Попова А.А.¹, Самарина А.В.^{2,3}, Шамаева Н.С.², Мартиросян М.М.², Белоцерковцева Л.Д.^{4,5}, Майер Ю.И.^{4,5}, Конарева И.Г.⁵

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Центр СПИД и инфекционных заболеваний, Санкт-Петербург, Россия

³Первый Санкт-Петербургский государственный медицинский университет имени И.П. Павлова, Санкт-Петербург, Россия

⁴Сургутский государственный университет, Сургут, Россия

⁵Сургутский окружной клинический центр охраны материнства и детства ХМАО-Югры, Ханты-Мансийск, Россия

Ключевые слова: ИППП, ВИЧ, ПЦР

PREVALENCE OF STIs IN THE GROUP OF WOMEN WITH DIFFERENT HIV-STATUS IN TWO REGIONS OF THE RUSSIAN FEDERATION

Perevezentseva M.A.^{1*}, Skachkova T.S.¹, Domonova E.A.¹, Romanyuk T.H.¹,
Popova A.A.¹, Samarina A.B.^{2,3}, Shamayeva H.C.², Martirosyan M.M.²,
Belotserkovtseva L.D.^{4,5}, Maier. Y.I.^{4,5}, Konareva I.G.⁵

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Saint-Petersburg Center of AIDS and Infectious Diseases, Saint Petersburg, Russia

³Academician I.P. Pavlov First Saint-Petersburg State Medical University, Saint Petersburg, Russia

⁴Surgut State University, Surgut, Russia

⁵Surgut District Clinical Center of Maternity and Childhood Health Care, Surgut, Russia

Keywords: STIs, HIV, PCR

*Адрес для корреспонденции: perevezentseva@cmd.su

Введение. Заболеваемость инфекциями, передаваемыми половым путём (ИППП), негативно влияет на жизнь инфицированного человека. ВИЧ-положительные люди в большей степени подвержены коинфицированию возбудителями ИППП.

Цель — сравнение частоты выявления возбудителей ИППП у 2 групп пациенток с разным ВИЧ-статусом (ВИЧ-положительным и ВИЧ-негативным).

Материалы и методы. Исследование проводилось в группе пациенток в возрасте 18–68 лет из Санкт-Петербурга (СПб) и 5 городов Ханты-Мансийского автономного округа — Югры (ХМАО-Югра). В СПб было обследовано 100 ВИЧ-положительных и 100 ВИЧ-негативных женщин, в ХМАО-Югре — 100 ВИЧ-положительных и 350 ВИЧ-негативных женщин. Наличие ИППП анализировалось в двух видах биоматериала: в отделяемом слизистой оболочки влагалища и анального канала. Для выявления ДНК возбудителей ИППП использовали наборы реагентов «АмплиСенс *N. gonorrhoeae*/C. trachomatis/M. genitalium/T. vaginalis-МУЛЬТИПРАЙМ-FL» и «АмплиСенс *HSV II/HSV I/T. pallidum*-МУЛЬТИПРАЙМ-FL».

Результаты. В группе пациенток из ХМАО-Югры частота выявления возбудителей ИППП у ВИЧ-положительных женщин статистически значимо выше по сравнению с группой ВИЧ-негативных женщин ($p = 0,0005$), возбудители ИППП статистически значимо чаще выявлялись в отделяемом слизистой оболочки влагалища ($p = 0,0128$) и в отделяемом анального канала ($p = 0,0013$) у ВИЧ-положительных пациенток. В СПб статистически значимой разницы в выявлении возбудителей ИППП между двумя группами пациенток не наблюдалось. В СПб у 6% ВИЧ-негативных и 8% ВИЧ-положительных пациенток, в ХМАО-Югре у 3,43% ВИЧ-негативных и 9% ВИЧ-положительных пациенток возбудители ИППП выявлялись только в отделяемом слизистой оболочки анального канала.

Выводы. Возбудители ИППП наиболее часто обнаруживались в биоматериале ВИЧ-положительных пациенток. У ВИЧ-положительных и ВИЧ-негативных

пациенток возбудители ИППП присутствовали не только в урогенитальных мазках, но и в мазках из анального канала, что говорит о необходимости дополнительного скрининга на ИППП в экстрагенитальных локусах.

ОБНАРУЖЕНИЕ РНК-ИЗОЛЯТА, РОДСТВЕННОГО ВИРУСУ ХОККАЙДО, НА ТЕРРИТОРИИ КРАСНОЯРСКОГО КРАЯ

Попова Ю.В.^{1*}, Блинова Е.А.^{1,2}, Грицкова Е.В.³, Курашова С.С.¹, Егорова М.С.¹, Дзагурова Т.К.¹

¹Федеральный научный центр исследований и разработки иммунобиологических препаратов имени М.П. Чумакова РАН (Институт полиомиелита), Москва, Россия

²Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

³Центр гигиены и эпидемиологии в Красноярском крае, Красноярск, Россия

Ключевые слова: хантавирус, бурозубка, РНК-изолят

DETECTION OF AN RNA ISOLATE RELATED TO THE HOKKAIDO VIRUS IN THE KRASNOYARSK TERRITORY

Popova Yu.V.^{1*}, Blinova E.A.^{1,2}, Gritskova E.V.³, Kurashova S.S.¹, Egorova M.S.¹, Dzagurova T.K.¹

¹Chumakov Federal Scientific Center for Research and Development of Immune-and-Biological Products of Russian Academy of Sciences (Institute of Poliomyelitis), Moscow, Russia

²Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

³Center of Hygiene and Epidemiology in Krasnoyarsk region, Krasnoyarsk, Russia

Keywords: *hantavirus, sorex, RNA-isolate*

***Адрес для корреспонденции:** juliapopova10@yandex.ru

Впервые проведён мониторинг на хантавирусы мелких млекопитающих на территории Богучарского района Красноярского края. Методом РТ-ОТ/ПЦР в лёгочной ткани бурозубки (*Sorex*) определена РНК вируса Пуумала.

Цель: уточнение видовой принадлежности выявленного хантавируса.

Методы. Выделение РНК из органов проводили методом фенол-хлороформной экстракции с использованием TRI Reagent («Sigma Aldrich»). ПЦР проводили с использованием набора универсальных праймеров на L-сегмент.

Результаты и обсуждение. По результатам анализа коротких последовательностей РНК-изолята установлено его близкое родство с вирусом Хоккайдо, отличие составило 18%. Однако, ввиду низкой поддержки (40–45%), этот результат можно рассматривать с определенной долей допущения.

Вывод. По результатам секвенирования коротких последовательностей вирусной РНК и филогенетическому анализу можно предположить, что об-

наружен РНК-изолят, родственный непатогенному хантавирусу Хоккайдо (*Orthohantavirus puumalaense*). Резервуарным хозяином этого вируса является красно-серая полевка (*Myodes rufocanus*), которая присутствовала в месте отлова бурозубки и могла быть источником спилловера вируса.

ОЦЕНКА РАСПРОСТРАНЁННОСТИ *BETAPOLYOMAVIRUS HOMINIS* СРЕДИ ВИЧ-ИНФИЦИРОВАННЫХ ЛИЦ

Прилепская Д.Р.*, Домонова Э.А., Попова А.А., Голиусова М.Д.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: *Betapolyomavirus hominis*, ВИЧ-инфицированные лица

ASSESSMENT OF THE PREVALENCE OF *BETAPOLYOMAVIRUS HOMINIS* AND *BETAPOLYOMAVIRUS SECUNOMINIS* AMONG HIV-INFECTED PEOPLE

Prilepskaya D.R.*, Domonova E.A., Popova A.A., Goliusova M.D.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *Betapolyomavirus hominis*, HIV-infected people

*Адрес для корреспонденции: prilepskaya.d@cmd.su

Betapolyomavirus hominis способен к длительной персистенции в организме человека и реактивации в основном у лиц с иммунодефицитными состояниями.

Цель: оценить распространённость *B. hominis* среди ВИЧ-инфицированных лиц.

Материалы и методы. Всего обследовано 156 пациентов. Первая группа — ВИЧ-инфицированные ($n = 81$; 66,7% мужчин) в возрасте 18–59 лет ($M = 38$ лет), 71,6% из которых находились на антиретровирусной терапии. Вторая группа — популяционный контроль ($n = 75$; 49,3% мужчин) в возрасте 19–58 лет ($M = 36,3$ года). В исследовании использовались образцы ДНК, экстрагированные из биологического материала (цельная венозная кровь, моча). ДНК *B. hominis* количественно определяли с помощью методики на основе ПЦР-РВ, специфическая мишень — ген, кодирующий большой Т-антиген (ЦНИИ Эпидемиологии). Постановку и анализ результатов амплификации проводили на приборе «Rotor-Gene Q» («Qiagen GmbH»).

Результаты. В ходе проведённого исследования цельной венозной крови ДНК *B. hominis* не обнаружена. В 11/81 (13,6%) образцах мочи пациентов первой группы ДНК *B. hominis* определена в концентрации $3,0 \times 10^2$ – $1,9 \times 10^7$ копий/мл ($M = 1,7 \times 10^6$ копий/мл). Во второй группе у 4/75 (5,3%) пациентов в образцах

мочи ДНК *V. hominis* определена в концентрации $8,0 \times 10^2$ – $5,2 \times 10^3$ копий/мл ($M = 2,2 \times 10^3$ копий/мл).

Закключение. Таким образом, распространённость *V. hominis* среди ВИЧ-инфицированных лиц составила 13,6% (95% ДИ 7,8–22,7) и характеризовалась высокими концентрациями ДНК вируса в образцах мочи, в группе сравнения (популяционный контроль) — отмечалась реже (5,3%; 95% ДИ 2,1–12,9) с меньшей концентрацией ДНК вируса.

СЕРОПРЕВАЛЕНТНОСТЬ ВИРУСА КЛЕЩЕВОГО ЭНЦЕФАЛИТА СРЕДИ НАСЕЛЕНИЯ РОССИИ И КЫРГЫЗСТАНА

Притворова Л.Н.^{1*}, Алаторцева Г.И.¹, Нестеренко Л.Н.¹, Кабаргина В.Ю.¹, Гогина С.С.², Оксанич А.С.^{1,2}, Нурматов З.Ш.³, Касымов О.Т.³, Свитич О.А.¹

¹Научно-исследовательский институт вакцин и сывороток имени И.И. Мечникова, Москва, Россия

²Биотехнологическая компания «Биосервис», Москва, Россия

³Национальный институт общественного здоровья при Министерстве здравоохранения Кыргызской Республики, Бишкек, Кыргызская Республика

Ключевые слова: вирус клещевого энцефалита, антитела, иммуноферментный анализ

SEROPREVALENCE OF TICK-BORNE ENCEPHALITIS VIRUS AMONG POPULATION OF RUSSIA AND KYRGYZSTAN

Pritvorova L.N.^{1*}, Alatorsteva G.I.¹, Nesterenko L.N.¹, Kabargina V.Yu.¹, Gogina S.S.², Oksanich A.S.^{1,2}, Nurmatov Z.Sh.³, Kasymov O.T.³, Svitich O.A.¹

¹Mechnikov Research Institute of Vaccines and Sera, Moscow, Russia

²Bioservice Biotechnology Company Ltd., Moscow, Russia

³National Institute of Public Health, Bishkek, Kyrgyzstan

Keywords: tick-borne encephalitis virus, antibodies, ELISA

*Адрес для корреспонденции: lexh294@yandex.ru

Цель работы — проведение серологического мониторинга вируса клещевого энцефалита (КЭ) в России и Кыргызстане.

Материалы и методы. Исследовали сыворотки условно здоровых взрослых, проживающих в г. Москве ($n = 230$) и г. Бишкеке ($n = 240$) в тест-системах «БиоСкрин-КЭ (IgG)» производства АО «БТК «Биосервис», Россия, кат. № #Е-1145.

Результаты и обсуждение. Из 230 жителей Москвы антитела к КЭ были обнаружены у 10 (4,3%), среди 240 жителей г. Бишкека — у 15 (6,3%). В столицах государств серопревалентность КЭ была практически одинаковой. Надо отметить, что с 1980-х гг. в Кыргызстане наблюдается распространённость КЭ

во всех климатических районах. В Москве аутохтонные случаи заражения КЭ регистрируются с 2016 г.

Выводы. За 30 лет под влиянием демографических, экономических, экологических и других факторов сложились условия, способствовавшие усилению эпидемического потенциала КЭ и его распространению на территории городов. Внедрение в систему эпиднадзора серомониторинга КЭ будет способствовать решению этой проблемы.

ИНФИЦИРОВАННОСТЬ ИКСОДОФАУНЫ КАЛИНИНГРАДСКОГО ПОЛУОСТРОВА

Раков А.В.^{1*}, Волчев Е.Г.², Петремигвлишвили К.¹, Чеканова Т.А.¹

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор», Кольцово, Россия

Ключевые слова: *Ixodes*, *Dermacentor*, *Rickettsia*, *Borrelia*, Калининград

INFESTATION OF THE IXODOFAUNA OF THE KALININGRAD PENINSULA

Rakov A.V.^{1*}, Volchev E.G.², Petremgvdlishvili K.¹, Chekanova T.A.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²State Research Centre of Virology and Biotechnology «Vector», Koltsovo, Russia

Keywords: *Ixodes*, *Dermacentor*, *Rickettsia*, *Borrelia*, Kaliningrad

*Адрес для корреспонденции: alexeyrakov@mail.ru

Калининградская область — субъект-анклав России, граничащий с Литвой и Польшей. В период активности клещей область активно используется для рекреации туристами со всей России, что формирует эпидемиологические риски.

Цель работы — изучение встречаемости в клещах некоторых резервируемых ими патогенов посредством ПЦР в реальном времени с последующим генотипированием.

Иксодофауна собрана с растительности в мае–июне 2023 г. в 6 биотопах Калининградского полуострова с преимущественно лесным ландшафтом. Отмечена умеренная встречаемость риккетсий группы клещевой пятнистой лихорадки (16,2%) в клещах вида *Ixodes ricinus*, тогда как в клещах вида *Dermacentor reticulatus* инфицированность риккетсиями оказалась низкой (3,8%). Определение геновидов с помощью секвенирования фрагмента гена *gltA* показало, что в клещах *I. ricinus* была обнаружена ДНК *Rickettsia helvetica*, а в клещах *D. reticulatus* — *R. raoultii*. ДНК *Borrelia burgdoferi* s.l. была детектирована в 20,6 и 7,1% особях

клещей *I. ricinus* и *D. reticulatus* соответственно, что является достаточно высоким показателем в сравнении с другими регионами России. 1,7% клещей *I. ricinus* содержали ДНК *B. miyamotoi*. Возбудители анаплазмоза и эрлихиоза человека были выявлены в 1,7 и 0,8% экземплярах клещей *I. ricinus* соответственно. ДНК *Coxiella burnetii* не выявлена. Следует продолжать исследование в других биотопах Калининградской области с разными ландшафтными характеристиками.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНФЕКЦИОННЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ПЛАТФОРМЫ VGARus

Роев Г.В.^{1,2}, Аглетдинов М.Р.^{1,2}, Надтока М.И.¹, Хафизов К.Ф.^{1*}, Акимкин В.Г.¹

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Московский физико-технический институт, Москва, Россия

Ключевые слова: VGARus, NGS

MOLECULAR GENETIC MONITORING OF INFECTIOUS AGENTS USING THE VGARus PLATFORM

Roey G.V.^{1,2}, Agletdinov M.R.^{1,2}, Nadтока M.I.¹, Khafizov K.F.^{1*}, Akimkin V.G.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Moscow Institute of Physics and Technology, Moscow, Russia

Keywords: VGARus, NGS

***Адрес для корреспонденции:** khafizov@cmd.su

Молекулярно-генетический мониторинг возбудителей инфекционных заболеваний является важной составляющей частью современного эпиднадзора. В 2021 г. была создана Российская платформа агрегации данных о геномах вирусов — VGARus. Изначально в неё депонировались последовательности геномов SARS-CoV-2. Платформа позволяла загружать как полные геномы вируса, так и фрагменты гена *S*.

Помимо нуклеотидных последовательностей, каждый образец содержит обширный набор метаданных. Помимо стандартных полей, таких как пол, возраст и дата взятия образца, в метаданных также содержится информация о зарубежных поездках, вакцинации и пр. Генотипирование проводится с использованием встроенных в портал инструментов: Pangolin для полных геномов и V-Trase для фрагментов. Разработанный в ЦНИИ Эпидемиологии инструмент V-Trase находит характерные аминокислотные замены в гене *S*, что позволяет определить вариант вируса.

В 2022 г. сотрудники ЦНИИ Эпидемиологии начали расширять базу для загрузки и анализа геномов других возбудителей инфекционных заболеваний. Так, появились вкладки, соответствующие следующим патогенам: вирусы гриппа А и В, менингококк, коклюш, корь, вирус ветряной оспы, риновирус, цитомегаловирус человека, *Klebsiella pneumoniae*, сальмонелла, энтеровирусы (А, В, С, D), вирусы гепатита (А, В, С, D), норовирус, папилломавирусы. В данный момент (март 2024 г.) в базу уже загружены тысячи последовательностей геномов вирусных гепатитов, гриппа, ветряной оспы и др.

Для каждого из патогенов разрабатываются свои поля метаданных, инструменты валидации и типирования последовательностей. Для вируса гепатита В был внедрён алгоритм типирования на основе градиентного бустинга. Для вируса гриппа А внедрён валидатор и классификатор последовательностей на основе NA и HA сегментов вируса, использующий NextClade.

РАЗРАБОТКА СПОСОБА ОПРЕДЕЛЕНИЯ ЕДИНИЦ АКТИВНОСТИ ПОЛИМЕРАЗЫ МЕТОДОМ ДЕТЕКЦИИ ФЛУОРЕСЦЕНЦИИ В РЕАЛЬНОМ ВРЕМЕНИ

Румянцева Н.П.*, Черкашина А.С., Акимкин В.Г.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: единица активности, флуоресценция в реальном времени, полимеразная активность

THE DEVELOPMENT OF A METHOD FOR DETERMINING THE UNITS OF POLYMERASE ACTIVITY USING FLUORESCENCE DETECTION IN REAL TIME

Rumyantseva N.P.*, Cherkashina A.S., Akimkin V.G.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: unit of activity, real-time fluorescence, polymerase activity

***Адрес для корреспонденции:** nadejda.rumiantceva@yandex.ru

Цель исследования — разработать протокол определения единиц активности ДНК-зависимой ДНК-полимеразы Taq методом измерения флуоресценции с детекцией в реальном времени.

Задачи исследования: 1) сконструировать и охарактеризовать свойства ДНК-субстратов для измерения параметров ферментативной реакции; 2) определить диапазон концентраций полимеразы для выявления линейной скорости ферментативной реакции.

Результаты и обсуждение. Разработаны олигонуклеотиды, образующие шпильчатую структуру на 3'-конце. Образуемый дуплекс праймер–матрица пригоден для полимеразной элонгации, и в реакции участвует 1 молекула ДНК, а не 2. Условия реакции постоянно являются оптимальными — температура 72°C. Экспериментальным путём были определены температуры плавления шпильки-субстратов путём оценки их кривых плавления. Все разработанные субстраты способны сохранять двуцепочечные шпильки при температуре 72°C. При концентрациях субстрата 10, 20 и 30 мкМ линейный рост флуоресценции наблюдается при концентрациях фермента 1,25–40 нг/мкл.

Выводы. Используя известные количества субстрата и ДНК-полимеразы, возможно установить уравнение скорости ферментативной реакции. Разработанная методика основана на использовании флуоресцентных красителей.

ПОЛУЧЕНИЕ РЕКОМБИНАНТНЫХ БЕЛКОВ-ЭПИТОПОВ SARS-CoV-2

Румянцева Н.П.*, Михеева О.О., Черкашина А.С., Щербаков А.И., Стуколова О.А., Акимкин Г.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: *эпитопы SARS-CoV-2, Escherichia coli, MBP (мальтозо-связывающий белок), антитела*

THE PRODUCTION OF RECOMBINANT SARS-CoV-2 EPITOPE PROTEINS

Rumyantseva N.P.*, Mikheeva O.O., Cherkashina A.S., Akimkin V.G.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *SARS-CoV-2 epitopes, Escherichia coli, MBP (maltose-binding protein), antibodies*

***Адрес для корреспонденции:** nadejda.rumiantceva@yandex.ru

Цель исследования — получение рекомбинантных эпитопов SARS-CoV-2, слитых с мальтозо-связывающим белком (MBP) в клетках *Escherichia coli*.

Материалы и методы. Штамм-продуцент *E. coli* BL21 DE3 pLysS, вектор pET-28a с закодированной гистидиновой меткой и MBP, осаждение белков сульфатом аммония, аффинная хроматография при помощи HiTrap NiSO₄ 5 мл, конъюгация сывороток крови с антителами. Выборка сывороток крови: 16 проб контрольной группы (условно здоровые), и 16 проб с положительным ПЦР-тестом на SARS-CoV-2 (госпитализированные в период май–июнь 2020 г.).

Результаты и обсуждение. Осаждение сульфатом аммония позволило подготовить белки к очистке методом аффинной хроматографии. Целевые эпитопы были исследованы на аффинное связывание с антителами в сыворотках крови пациентов. Чувствительность рекомбинантных эпитопов MBP-S6 и MBP-S8 составила 63 и 100% соответственно по отношению к антителам IgG, а их специфичность — 94 и 88% соответственно. Не проявили аффинного взаимодействия с компонентами сывороток варианты MBP-S1, MBP-S2, MBP-S3, MBP-S5. Отсутствие специфичности (от 56 до 75%) обнаружено у MBP-S7, MBP-N1, MBP-N2 и MBP-N3. Низкая чувствительность (от 0 до 19%) при отсутствии специфичности (от 31 до 88%) по отношению к антителам IgM характерна для всех вариантов.

Выводы. Получены рекомбинантные белки-эпитопы SARS-CoV-2. Белки-эпитопы проявили чувствительность и специфичность к антителам IgG, и отсутствие специфичности к IgM.

НОВЫЕ ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ВАРИАНТЫ ВОЗБУДИТЕЛЯ ХОЛЕРЫ И СПОСОБ ИХ ИДЕНТИФИКАЦИИ

Рыбальченко Д.А.*, Плеханов Н.А., Щелканова Е.Ю., Смирнова Н.И.

Российский противочумный институт «Микроб», Саратов, Россия

Ключевые слова: *Vibrio cholerae*, геноварианты, генетические маркеры, мультиплексная ПЦР

NEW GENETIC VARIANTS OF CHOLERA AGENT AND METHOD FOR THEIR IDENTIFICATION

Rybal'chenko D.A.*, Plekhanov N.A., Schelkanova E.Yu., Smirnova N.I.

Russian Research Anti-Plague Institute «Microbe», Saratov, Russia

Keywords: *Vibrio cholerae*, genetic variants, genetic markers, multiplex PCR

*Адрес для корреспонденции: arashis@mail.ru

Актуальность. Продолжающиеся эпидемии холеры в эндемичных странах создают риски завоза возбудителя на территорию России. В процессе эволюции геном патогена претерпел значительные изменения, которые затронули ключевые (*ctxB*, *tcpA*) и дополнительные (*rtxA*) гены патогенности и пандемичности (VSP-II). Следствием мутаций стало появление новых аллелей этих генов: *ctxB7*, *tcpA*^{CIRS}, *rtxA4* и делеция в VSP-II, что привело к усилению вирулентности возбудителя. В связи с завозом в Россию геновариантов очевидна актуальность разработки способа их идентификации.

Цель работы — разработка способа идентификации новых генетических вариантов *Vibrio cholerae* O1 El Tor методом мультиплексной ПЦР на основе тестирования 6 генов вирулентности и эпидемичности.

Материалы и методы. Использовали 35 штаммов *V. cholerae*. Результаты ПЦР анализировали с помощью электрофореза в 2% агарозном геле с добавлением бромистого этидия.

Результаты. Мультиплексную ПЦР проводили одновременно в двух реакционных смесях, содержащих праймеры к фрагментам генов вирулентности *ctxA*, *ctxB7*, *tcpA*^{CIRS} в первой и фрагментам генов *rtxA4*, *vc0502* и *vc0514* во второй. Принадлежность исследуемого штамма к новому варианту возбудителя устанавливали по наличию ампликонов с мишенями *ctxA*, *ctxB7*, *tcpA*^{CIRS}, *rtxA4* и *vc0514*.

Заключение. Разработан эффективный способ идентификации новых геновариантов возбудителя холеры El Tor на основе мультиплексной ПЦР, позволяющий выявлять изменённые гены вирулентности и эпидемичности.

РЕЗУЛЬТАТЫ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО МОНИТОРИНГА ЗА ЭНТЕРОВИРУСАМИ В СУБЪЕКТАХ ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА И СИБИРИ В 2023 г.

Сапега Е.Ю.*, Бутакова Л.В., Троценко О.Е.

Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии, Хабаровск, Россия

Ключевые слова: *энтеровирусы, мониторинг, молекулярное типирование, филогенетический анализ*

RESULTS OF MOLECULAR GENETIC MONITORING OF ENTEROVIRUSES IN THE FAR EAST AND SIBERIA IN 2023

Sapega E.Yu.*, Butakova L.V., Trotsenko O.E.

Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Khabarovsk, Russia

Keywords: *enteroviruses, monitoring, molecular typing, phylogenetic analysis*

*Адрес для корреспонденции: evi.khv@mail.ru

Цель работы — установить типы и геноварианты энтеровирусов (ЭВ), циркулировавших в субъектах Дальнего Востока и Сибири в 2023 г.

Материалы и методы. Тип ЭВ в биологическом материале от лиц с энтеровирусной инфекцией (ЭВИ) и из объектов окружающей среды (ООС), поступавшем из 16 курируемых Дальневосточным региональным научно-методическим центром по изучению ЭВИ субъектов, определяли путём сравнения полученных методом Сэнгера нуклеотидных последовательностей ЭВ с референсными.

Результаты. В 2023 г. исследованы 1292 пробы биологического материала, тип ЭВ установлен в 63,6%. У лиц с ЭВИ идентифицирован 701 неполио ЭВ 31 типа видов А–D. Большинство ЭВ принадлежали виду А (64,6%), что коррелирует

с преобладанием среди зарегистрированных клинических форм ЭВИ герпангины и везикулярного стоматита с экзантемой. Как и в предыдущий сезон ЭВИ, отмечено лидирование Коксаки вируса (КВ) А6 (41,2% от всех ЭВ), который явился причиной 8 вспышек ЭВИ в детских учреждениях. Филогенетический анализ штаммов КВ А6 позволил установить одновременную циркуляцию разных геновариантов на территории Дальнего Востока. В ряде субъектов Сибири выявлено появление нового геноварианта ϵ С2 ЕСНО 30. В ООС идентифицированы 111 неполио ЭВ 12 типов, преимущественно КВ В4 и В5.

Выводы. Молекулярно-генетический мониторинг за ЭВ позволяет отслеживать появление новых геновариантов ЭВ, помогая оценке эпидситуации и своевременной коррекции профилактических мероприятий.

ОБНАРУЖЕНИЕ БАКТЕРИЙ *SALMONELLA ENTERICA* КОМБИНАЦИЕЙ РЕКОМБИНАЗНОЙ ПОЛИМЕРАЗНОЙ АМПЛИФИКАЦИИ И ИММУНОАНАЛИЗА МЕЧЕННОЙ АНТИГЕНОМ ДНК

Серченя Т.С.^{1*}, Охремчук Е.В.², Валентович Л.Н.², Лапина В.С.¹, Свиридов О.В.¹

¹Институт биоорганической химии, Минск, Республика Беларусь

²Институт микробиологии, Минск, Республика Беларусь

Ключевые слова: *Salmonella enterica*, рекомбиназная полимеразная амплификация, иммуно-анализ

DETECTION OF *SALMONELLA ENTERICA* BACTERIA BY A COMBINATION OF RECOMBINASE POLYMERASE AMPLIFICATION AND IMMUNOASSAY OF ANTIGEN LABELED DNA

Serchenya T.S.^{1*}, Akhremchuk E.V.², Valentovich L.N.², Lapina V.S.¹, Sviridov O.V.¹

¹Institute of Bioorganic Chemistry, Minsk, Belarus

²Institute of Microbiology, Minsk, Belarus

Keywords: *Salmonella enterica*, recombinase polymerase amplification, immunoassay

***Адрес для корреспонденции:** serchenya@iboch.by

В работе созданы и исследованы модельные биоаналитические системы для выявления *Salmonella enterica* в молоке. Они основаны на рекомбиназной полимеразной амплификации (RPA) в комбинации с мембранной хроматографией (ИХА) на тест-полосках или иммуноанализом в микропланшетах. Разработана пара праймеров для амплификации фрагмента гена *invA* с получением меченных на противоположных концах флуоресцеином и биотином ампликонов длиной 190 п.н. Детекцию этих специфических продуктов RPA

проводили путём сэндвич-связывания с биотинсвязывающим белком стрептавидином и моноклональным антителом к флуоресцеину. В ИХА использовали меченные коллоидным золотом антитела, а стрептавидин иммобилизовали в аналитической зоне тест-полоски. В иммунофлуориметрической и иммуноферментной системах применяли конъюгаты стрептавидина с комплексом европия или пероксидазой. Установлена высокая специфичность разработанных тест-систем в отношении различных серотипов *S. enterica*, относящихся к 4 серогруппам В, С, D, Е. Предел детекции геномной ДНК *S. enterica* составил 0,5 фг. Предел обнаружения сальмонелл в искусственно загрязненных пробах молока составил 8×10^2 КОЕ/мл. Разработанные системы могут служить основой наборов реагентов для контроля присутствия сальмонелл в пищевой продукции.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ-БРФФИ № X23РНФ-185.

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ШТАММОВ *YERSINIA PESTIS* ИЗ ИЛИЙСКОГО МЕЖГОРНОГО ОЧАГА МЕТОДОМ SNP-АНАЛИЗА

Сидорин А.С.*, Нарышкина Е.А., Ерошенко Г.А.

Российский противочумный институт «Микроб», Саратов, Россия

Ключевые слова: чума, штаммы Илийский очаг, SNP-анализ

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF *YERSINIA PESTIS* STRAINS FROM THE ILIYSKIY INTERMOUNTAIN FOCUS BY SNP ANALYSIS

Sidorin A.S.*, Naryshkina E.A., Eroshenko G.A.

Russian Research Anti-Plague Institute «Microbe», Saratov, Russia

Keywords: *plague, strains, Iliyskiy focus, SNP analysis*

***Адрес для корреспонденции:** sasha.sidorin2013@mail.ru

Введение. Штаммы *Yersinia pestis* из Илийского межгорного очага чумы до сих пор остаются малоизученными с помощью молекулярно-генетических методов. Проведение филогенетического анализа *Y. pestis* из Илийского очага важно для повышения эффективности эпидемиологического надзора очагов чумы стран СНГ.

Цель работы — установление филогенетической принадлежности штаммов *Y. pestis* из Илийского межгорного очага чумы методом SNP-анализа.

Материалы и методы. Использованы 9 штаммов *Y. pestis* из Илийского очага, а также штаммы из других природных очагов. SNPs выявляли с помощью программы «Snippy 4.6». Дендрограмму строили с использованием Fasttree 2.1 методом Maximum Likelihood.

Результаты. Установлено, что 5 из 9 исследуемых штаммов относятся к ветви 2.MED1 средневекового биовара основного подвида. Три из этих 5 штаммов образовали на дендрограмме отдельный кластер в составе каспийской подветви ветви 2.MED1, другие 2 штамма легли в основание центрально-азиатской подветви. Три штамма вошли в линию 0.ANT, в ветви 0.ANT3 и 0.ANT5, а ещё 1 штамм отошёл к ветви 1.IN1 промежуточного биовара основного подвида.

Выводы. Впервые выявлено значительное генетическое разнообразие *Y. pestis* из Илийского очага чумы. Установлена циркуляция штаммов филогенетических ветвей: 2.MED1, 0.ANT3, 0.ANT5, 1.IN1. Эти штаммы вирулентны и эпидемически значимы. Полученные данные необходимо учитывать при проведении эпидемиологического мониторинга очагов чумы этого центрально-азиатского региона.

ПЛАЗМИДНОЕ ТИПИРОВАНИЕ ДНК ИЗОЛЯТОВ *COXIELLA BURNETII*

Сирица Ю.В.*, Зайцева О.А., Гнусарева О.А., Ульшина Д.В., Волынкина А.С.,
Васильева О.В., Михайлова М.Е.

Ставропольский противочумный институт, Ставрополь, Россия

Ключевые слова: *плазмидное типирование, Coxiella burnetii*

PLASMID DNA TYPING OF *COXIELLA BURNETII* ISOLATES

Siritsa Yu.V.*, Zaitseva O.A., Gnusareva O.A., Ulshina D.V., Volynkina A.S.,
Vasilyeva O.V., Mikhailova M.E.

Stavropol Plague Control Research Institute, Stavropol, Russia

Keywords: *plasmid typing, Coxiella burnetii*

*Адрес для корреспонденции: merendera@mail.ru

Лихорадка Ку — природно-очаговое зоонозное заболевание, характеризующееся полиморфизмом клинических признаков.

В рамках молекулярно-генетического исследования определяют плазмидный тип штаммов. Выделяют четыре плазмидных типа: QpH1, QpRS, QpDV и QpDG. Также плазида может отсутствовать.

Цель работы — определение плазмидных профилей ДНК изолятов *C. burnetii*.

Материалы и методы. Исследовано 54 пробы ДНК *C. burnetii*. Плазмидное типирование проведено типоспецифичными праймерами к локусам плазмид QpH1, QpRS, QpDV (характерны для Евразии).

Результаты. Установлена принадлежность всех изолятов к плазмидному типу QpH1. Пробы были получены из Нефтекумского (11), Курского (9), Буден-

новского (6), Ипатовского (5), Советского (4), Благодарненского (3), Апанасенковского (3), Левокумского, Шпаковского (по 2), Арзгирского, Георгиевского, Грачевского, Кировского, Красногвардейского, Минераловодского, Петровского, Туркменского (по 1) районов Ставропольского края. Фрагменты плазмид QpRS и QpDV в исследованных пробах не выявлены.

Изоляты *S. burnetii* с плазмидным типом QpH1 распространены на территории России, в странах Европы, Центральной Азии, Америки и Западной Африки. Имеется гипотеза о неспособности штаммов с плазмидой QpH1 вызывать массовые вспышки заболевания.

Выводы. Установлено, что на территории СК циркулирует возбудитель лихорадки Ку, относящийся к плазмидному типу QpH1. Определение плазмидного типа возможно без выделения чистой культуры и может применяться наряду с MST и MLVA-типированием.

ОЦЕНКА ЭФФЕКТИВНОСТИ ПРОГРАММЫ ВАКЦИНОПРОФИЛАКТИКИ ГЕПАТИТА В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

**Соловьёв Д.В.^{1*}, Родионова З.С.², Корабельникова М.И.², Власенко Н.В.²,
Панасюк Я.В.², Клушкина В.В.², Кудрявцева Е.Н.², Дубоделов Д.В.²,
Семенов Т.А.³, Кузин С.Н.², Акимкин В.Г.²**

¹Центр гигиены и эпидемиологии в городе Москве, Москва, Россия

²Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

³Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почётного академика Н.Ф. Гамалеи, Москва, Россия

Ключевые слова: гепатит В, вакцинопрофилактика гепатита В, иммунитет, заболеваемость, Российская Федерация

EVALUATION OF THE EFFECTIVENESS OF THE HEPATITIS VACCINATION PROGRAM IN THE RUSSIAN FEDERATION

**Solov'yov D.V.^{1*}, Rodionova Z.S.², Korabelnikova M.I.², Vlasenko N.V.², Panasyuk Ya.V.²,
Klushkina V.V.², Kudryavtseva E.N.², Dubodelov D.V.², Semenenko T.A.³, Kuzin S.N.²,
Akimkin V.G.²**

¹Center of Hygiene and Epidemiology in the City of Moscow, Moscow, Russia

²Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

³N.F. Gamaleya National Research Center for Epidemiology and Microbiology, Moscow, Russia

Keywords: hepatitis B, hepatitis B vaccination, immunity, morbidity, Russian Federation

*Адрес для корреспонденции: dv_soloviev@list.ru

Цель исследования: оценить эффективность программы вакцинопрофилактики гепатита В (ГВ) в России.

Проведённый анализ показал, что реализуемая с 2006 г. в масштабах страны программа вакцинопрофилактики ГВ привела к формированию популяции, исключённой из эпидемического процесса ГВ, которая в настоящее время составляет примерно 2/3 населения. Очевидно, что именно с этим связана минимизация заболеваемости острым ГВ (ОГВ). В 2022 г. в России зарегистрировано 423 случая ОГВ ($0,29^0/_{0000}$), в том числе у детей до 17 лет — 15 ($0,05^0/_{0000}$), детей до года — 9 ($0,64^0/_{0000}$). В Москве заболеваемость ОГВ составила $0,81^0/_{0000}$ (102 случая), но случаев ОГВ у детей до 17 лет не зарегистрировано. Насколько ситуация изменилась к лучшему, отчётливо видно при сравнении с данными за 2006 г., когда программу вакцинации против ГВ только начали реализовывать. В 2006 г. заболеваемость ОГВ в РФ составила $7,0^0/_{0000}$ (10 065 случаев), у детей до 17 лет — $2,2^0/_{0000}$ (614 случаев) и детей до 1 года — $2,6^0/_{0000}$ (37 случаев). В Москве в этот год заболели 537 человек ($5,2^0/_{0000}$), в том числе детей до 17 лет — 17 ($1,1^0/_{0000}$) и детей до года — 8 ($0,7^0/_{0000}$). Разница значений заболеваемости ОГВ в 2022 и 2006 гг. в России составила 23 раза, в Москве — 6,5 раза.

ТЕНДЕНЦИИ ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ ХРОНИЧЕСКИМ ГЕПАТИТОМ В В РАЗЛИЧНЫХ ВОЗРАСТНЫХ ГРУППАХ НАСЕЛЕНИЯ МОСКВЫ С 2001 ПО 2022 г.

Соловьёв Д.В.^{1*}, Семенов Т.А.², Кузин С.Н.³

¹Центр гигиены и эпидемиологии в городе Москве, Москва, Россия

²Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почётного академика Н.Ф. Гамалеи, Москва, Россия

³Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: *гепатит В, заболеваемость, эффективность вакцинопрофилактики*

TRENDS IN THE INCIDENCE OF CHRONIC HEPATITIS B IN VARIOUS AGE GROUPS OF THE POPULATION OF MOSCOW FROM 2001 TO 2022

Solov'yov D.V.^{1*}, Semenenko T.A.², Kuzin S.N.³

¹Center of Hygiene and Epidemiology in the City of Moscow, Moscow, Russia

²N.F. Gamaleya National Research Center for Epidemiology and Microbiology, Moscow, Russia

³Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *hepatitis B, incidence, the effectiveness of vaccination*

***Адрес для корреспонденции:** dv_soloviev@list.ru

С 2001 по 2022 г. в Москве значительно снизилась заболеваемость острыми формами гепатита В (ГВ) в 31,1 раза. При этом регистрация хронических форм ГВ (ХГВ) с 2001 по 2022 г. продолжает иметь тенденцию к росту со средним темпом 8,3% в год.

Цель исследования — изучить современное состояние заболеваемости ХГВ по возрастным группам населения Москвы.

Материалы и методы. Данные форм № 058/у «Экстренное извещение о случае инфекционной, паразитарной и другой болезни...».

Результаты. За 2001–2022 гг. регистрируется практически непрерывное снижение заболеваемости ХГВ в группах 0–14 лет — в 7,7 раза, 15–16 лет — в 2,1 раза.

В возрастных группах 17–19, 20–29 и 30–39 лет после роста и регистрации пиковых значений в 2015–2016 гг. наметилась тенденция к снижению заболеваемости со средним темпом 17,3, 4,2, 7,0% в год соответственно.

Возрастные группы 40–49, 50–59, 60–69, 70 лет и старше отличаются от предыдущих групп населения возобновившимся ростом заболеваемости после некоторого спада в 2017 г. Средний темп прироста составляет 9,2, 6,8, 8,1, 18,8% в год соответственно.

Возрастные группы от 40 лет и старше составляют более 60% всех заболевших ХГВ и в значительной степени формируют общую динамику заболеваемости ХГВ населения в Москве.

Полученные данные требуют дальнейшего изучения.

ОДНОВРЕМЕННАЯ ДЕТЕКЦИЯ КЛАСТЕРОВ B0/W148 И 94-32 ГЕНОТИПА BEIJING MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS

Терентьева Д.Р.*, Вязовая А.А., Мокроусов И.В.

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

Ключевые слова: *Mycobacterium tuberculosis*, Beijing B0/W148, Beijing 94-32

SIMULTANEOUS DETECTION OF B0/W148 AND 94-32 CLUSTERS OF BEIJING GENOTYPE OF MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS

Terentieva D.R.*, Vyazovaya A.A., Mokrousov I.V.

Saint-Petersburg Pasteur Institute, Saint Petersburg, Russia

Keywords: *Mycobacterium tuberculosis*, Beijing B0/W148, Beijing 94-32

***Адрес для корреспонденции:** dariateren@gmail.com

В структуре российской популяции *Mycobacterium tuberculosis* около 50% штаммов относится к генотипу Beijing, основными кластерами которого

в России являются 94–32 и B0/W148, который имеет эпидемиологическое и клиническое значение.

Цель: оптимизировать способ выявления кластеров B0/W148 и 94–32 генотипа Beijing.

Материалы и методы. Апробацию проводили на ранее изученных 129 российских штаммах *M. tuberculosis* различных генотипов: 43 — Beijing B0/W148, 35 — Beijing 94-32, 7 — другие Beijing, 10 — Beijing 1071-32, 4 — Beijing 14717-15, 29 — non-Beijing. Реакционная смесь содержала ранее подобранные праймеры и флуоресцентно-меченые зонды: PBZ (B0/W148) и 94-32-MUT. Мультиплексную ПЦР в реальном времени проводили в следующем режиме: 95°C, 8 мин; далее 40 циклов 95°C, 20 с; 61°C, 40 с. Принадлежность штаммов к B0/W148 устанавливали при накоплении сигнала флуоресценции по каналу FAM (Green), а к кластеру 94–32 — по каналу HEX (Yellow).

Результаты. Подобраны оптимальные условия ПЦР-РВ для одновременного выявления и дифференциации двух ведущих кластеров генотипа Beijing в одной пробирке. Суммарно у 43 штаммов *M. tuberculosis* выявлено накопление сигнала по каналу FAM, у 35 — по каналу HEX, 61 штамм не имел сигнала по обоим каналам, что соответствует раннее полученным результатам.

Заключение. Оптимизированный метод одновременной идентификация двух ведущих кластеров генотипа Beijing на основе ПЦР-РВ может успешно применяться для молекулярно-эпидемиологического мониторинга штаммов *M. tuberculosis*.

ДИАГНОСТИКА РЕСПИРАТОРНЫХ ВИРУСНЫХ ИНФЕКЦИЙ У ДЕТЕЙ С КОКЛЮШЕМ

ТрушакOVA С.В.^{1*}, Попова О.П.^{2,3}, Краснослободцев К.Г.¹, Мукашева Е.А.¹, Бурцева Е.И.¹

¹Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф. Гамалеи, Москва, Россия

²Инфекционная клиническая больница № 1, Россия

³Российская медицинская академия непрерывного профессионального образования, Москва, Россия

Ключевые слова: ОРВИ, коклюш, молекулярная диагностика

DIAGNOSIS OF RESPIRATORY INFECTIONS IN CHILDREN WITH PERTUSSIS

Trushakova S.V.^{1*}, Popova O.P.^{2,3}, Krasnoslobotsev K.G.¹, Mukasheva E.A.¹, Burtseva E.I.¹

¹N.F. Gamaleya National Research Center for Epidemiology and Microbiology, Moscow, Russia

²Clinical Hospital for Infectious Diseases No. 1, Moscow, Russia

³Russian Medical Academy of Continuous Postgraduate Education, Moscow, Russia

Keywords: ARVI, pertussis, diagnosis

***Адрес для корреспонденции:** s.trushakova@gmail.com

Особый интерес представляет диагностика респираторных вирусных инфекций в сочетании с другими инфекционными заболеваниями, которые в последние годы приобрели высокую эпидемическую значимость. К таким заболеваниям относится коклюш. ОРВИ у детей на фоне коклюшной инфекции служит ведущим фактором, определяющим осложнённое течение и неблагоприятные исходы.

Цель исследования: диагностика и анализ этиологической структуры ОРВИ в сочетании с коклюшем у детей.

Материалы и методы. Клинический анализ основывался на наблюдениях за 110 детьми с ОРВИ, госпитализированных в ГБУЗ «ИКБ № 1» и ГБУЗ «ДГКБ № 9 им. Г.Н. Сперанского» в течение 2 сезонов: 2022–2023 (50 детей) и 2023–2024 гг. (60 детей).

Для диагностики коклюша использовали метод ПЦР, а также ИФА с применением тест-системы «Ridascreen/Bordetella pertussis» («R-biofarm AMG»), позволяющей выявить антитела классов IgM, IgA, IgG к коклюшному токсину и филаментозному гемагглютину.

Диагностику ОРВИ проводили методом ПЦР с помощью наборов «АмплиСенс ОРВИ-скрин», «АмплиСенс *Influenza virus A/B*» и «АмплиСенс *Influenza virus A*-тип» (ЦНИИ Эпидемиологии), а также «SARS-CoV-2/Грипп комплекс» (НПО «ДНК-технология»).

Результаты. Исследовано 110 биологических образцов от детей, больных коклюшем. Возрастная структура госпитализированных детей составляла от 28 дней до 14 лет, в том числе до 1 года — 55 (50%), 1–3 лет — 34 (31%), 4–7 лет — 12 (11%), 8–14 лет — 9 (8%).

В эпидемиологическом сезоне 2022–2023 гг. было обследовано 50 детей, среди которых в 36 (72%) случаях была лабораторно подтверждена респираторная вирусная инфекция, сопутствовавшая коклюшу. Вирус гриппа A(H1N1)pdm09 был выявлен в 6 случаях. Среди сезонных ОРВИ преобладал метапневмовирус (HMPV) — 10 случаев, респираторно-синцитиальный вирус (HRSV) — 8, риновирус (HRV) — 6, бокавирус (HBOC) — 3, коронавирус (HCoV) — 2, аденовирус (HADV) — 2, парагрипп (HPiV) — 1.

В эпидемиологическом сезоне 2023–2024 гг. было обследовано 60 детей, среди которых в 51 (85%) случае была диагностирована респираторная вирусная инфекция на фоне течения коклюша. Вирус гриппа А(Н3N2) был выявлен в 3 случаях, новая коронавирусная инфекция (SARS-CoV-2) — в 8. Среди сезонных ОРВИ преобладал HRv — 26 случаев, HCoV — 5, HRSv — 4, HAdv — 2, HPiv — 2, HMpv — 1.

Примечательно, что частота микст-инфекций ОРВИ составила 12% в каждом из сезонов. При этом зафиксирован 1 случай сочетанной инфекции РСВ и гриппа А(Н1N1pdm09) — 3 случая одновременного инфицирования SARS-CoV-2 и HRv, 1 — SARS-CoV-2 + HRSv, 1 — SARS-CoV-2 + HPiv 3 типа. Также выявлен 1 случай микст-инфекции HCoV + HMpv + HВос.

Заключение. Как показали наши исследования, более 70% детей имели сочетанное течение коклюша с ОРВИ, включая грипп и SARS-CoV-2 в периоды их наибольшей активности. При этом в некоторых случаях обнаруживали несколько вирусных патогенов у одного пациента, что способствовало развитию более тяжёлых форм коклюшной инфекции.

Таким образом, диагностика сопутствующей ОРВИ среди больных коклюшем является необходимым звеном в расшифровке варианта микстинфекции, позволяющей прогнозировать течение заболевания и оптимизировать терапию.

ОЦЕНКА СПЕЦИФИЧНОСТИ ФРАГМЕНТОВ ГЕНА 16S рРНК ПРИ ИДЕНТИФИКАЦИИ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ПРИРОДНО-ОЧАГОВЫХ ИНФЕКЦИЙ В КЛИНИЧЕСКОМ И ПОЛЕВОМ МАТЕРИАЛЕ

Ульшина Д.В.*, Васильева О.В., Зайцева О.А., Волынкина А.С., Писаренко С.В.,
Сирица Ю.В.

Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора, Ставрополь, Россия

Ключевые слова: *метагеном, идентификация*

ASSESSMENT OF THE SPECIFICITY OF 16S rRNA GENE FRAGMENTS IN IDENTIFICATION OF BACTERIAL INFECTIONS IN CLINICAL AND FIELD MATERIAL

Ul'shina D.V.*, Vasilyeva O.V., Zaitseva O.A., Volynkina A.S., Pisarenko S.V., Siritsa Yu.V.

Stavropol Plague Control Research Institute, Stavropol, Russia

Keywords: *metagenome, identification*

*Адрес для корреспонденции: vladidiana@yandex.ru

Современный, широко используемый метод определения таксономической принадлежности бактерий в микробиологических сообществах — метагеномное

секвенирование фрагментов гена 16S рРНК. Эффективность использования метода для идентификации бактерий обусловлена его относительной консервативностью и присутствием в геноме всех прокариот.

Цель — оценить специфичность областей гена 16S рРНК при идентификации возбудителей природно-очаговых инфекций (ПОИ) в клиническом и полевом материале.

Материалы и методы. Исследовано 12 проб, положительных на наличие маркеров *Rickettsia* sp., *Coxiella burnetii*, *Borrelia burgdorferii* s.l., *Francisella tularensis*, *Anaplasma phagocytophilum*. Амплификацию областей гена 16S рРНК проводили с помощью праймеров, описанных в работе Abellan-Schneyder и соавт. (2021), секвенирование — на секвенаторе «Ion GeneStudio S5 Plus» («Thermo Fisher Scientific Inc.»).

Результаты. Определены наиболее специфичные варибельные области гена 16S рРНК для каждого из возбудителей ПОИ, в частности для *A. phagocytophilum* (V1–V2, V7–V9), *B. burgdorferii* s.l. (V1–V2, V4–V5, V6–V8, V7–V9), для *C. burnetii*, *F. tularensis* и представителей *Rickettsia* sp. — одинаковая специфичность всех V-областей.

Заключение. Эффективность использования специфичных V-областей для точной детекции и идентификации возбудителей ПОИ требует дальнейшего исследования.

МЕТОД АНАЛИЗА ЕДИНИЧНЫХ НУКЛЕОТИДНЫХ ПОЛИМОРФИЗМОВ ДЛЯ ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ ШТАММОВ *BACILLUS ANTHRACIS*

Фахрутдинов Н.А.*, Громова Е.А., Зайнуллин Л.И.

Федеральный центр токсикологической, радиационной и биологической безопасности, Казань, Россия

Ключевые слова: *Bacillus anthracis*, SNP, генотипирование, полимеразная цепная реакция

METHOD FOR ANALYSIS OF SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISMS FOR DIFFERENTIATION OF *BACILLUS ANTHRACIS* STRAINS

Fakhrutdinov N.A.*, Gromova E.A., Zainullin L.I.

Federal Center for Toxicological, Radiation and Biological Safety, Kazan, Russia

Keywords: *Bacillus anthracis*, SNP, genotyping, PCR

*Адрес для корреспонденции: siam93@mail.ru

Бактерии *Bacillus anthracis* являются возбудителем особо опасной зоонозной инфекции — сибирской язвы. Каждый случай возникновения заболевания

требует не только индикации возбудителя, но и его молекулярно-генетического типирования, в частности, с использованием SNP (единичные нуклеотидные полиморфизмы).

Цель работы — оценка эффективности SNP-анализа для дифференциации штаммов *B. anthracis*.

Материалы и методы. В работе использовали 12 штаммов *Bacillus anthracis* различного географического происхождения. Для проведения SNP-анализа использовали метод полимеразной цепной реакции в реальном времени с применением двойных TaqMan-зондов и специфичных праймеров.

Результаты. На основании проведённого SNP-анализа установили, что исследованные штаммы организованы в 6 кластеров согласно их географическому происхождению. Самый большой кластер (4 штамма) представляет собой филогенетическую линию A.Br.011/009. Также установили принадлежность штамма, выделенного на территории Чечено-Ингушской АССР (1972 г.) к филогенетической подгруппе A.Br.003/004. Для остальных штаммов *B. anthracis* полученные SNP-профили не характерны для какой-либо из выделенных ранее филогенетических линий.

Выводы. SNP-анализ позволил провести внутривидовую дифференциацию исследованных штаммов *B. anthracis*, однако большинство штаммов не были отнесены к какой-либо выделенной ранее генетической линии возбудителя сибирской язвы.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ ДЛЯ ПЦР-ДИАГНОСТИКИ КЛАССИЧЕСКОЙ ЧУМЫ СВИНЕЙ

Хаммадов Н.И.*, Горбунова М.Е., Сальманова Г.Р.

Федеральный центр токсикологической, радиационной и биологической безопасности,
Казань, Россия

Ключевые слова: классическая чума свиней, биоинформатика, генетический маркер

GENETIC MARKERS FOR PCR DIAGNOSIS OF CLASSICAL SWINE FEVER

Khammadov N.I.*, Gorbunova M.E., Salmanova G.R.

Federal Center for Toxicological, Radiation, and Biological Safety, Kazan, Russia

Keywords: classical swine fever, bioinformatics, genetic marker

*Адрес для корреспонденции: nikhammadov@mail.ru

Классическая чума свиней является заболеванием свиней, представляющим экономическую угрозу, мониторинг по которой в нашей стране ведётся на постоянной основе. Для эффективной, достоверной прижизненной диагностики

и качественного мониторинга всего поголовья животноводческого хозяйства оптимально подходят методики, основанные на генетических исследованиях, а именно применение полимеразной цепной реакции.

Цель исследования — поиск специфических локусов для амплификации генетического материала вируса классической чумы свиней.

Материалы и методы. Биоинформационный анализ и множественное выравнивание проводили с использованием алгоритма BLASTn и программы Vector NTI 9.1.

Результаты. По результатам множественного выравнивания полноразмерных последовательностей вируса классической чумы свиней выявлено 5 локусов с минимальным полиморфизмом нуклеотидов, в области которых возможен дизайн олигонуклеотидных затравок. BLAST-анализ этих локусов указал на высокий потенциал для дальнейшей работы только у 3 локусов из 5. Перспективные локусы были локализованы в области от 70-го до 206-го нуклеотида, от 6312-го до 6457-го нуклеотида и от 12 193-го до 12 303-го нуклеотида. Обозначение локализации нуклеотидов указано относительно штамма Shimen HVRI классической чумы свиней.

Выводы. Установленные специфичные локусы могут быть использованы для конструирования олигонуклеотидных праймеров и зондов при разработке способа ПЦР-РВ диагностики классической чумы свиней.

СЕРОЛОГИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ ПОПУЛЯЦИОННОГО ИММУНИТЕТА К ВОЗБУДИТЕЛЯМ ГЕМОРАГИЧЕСКОЙ ЛИХОРАДКИ С ПОЧЕЧНЫМ СИНДРОМОМ И ИЗУЧЕНИЕ ИНФИЦИРОВАННОСТИ МЕЛКИХ МЛЕКОПИТАЮЩИХ ХАНТАВИРУСАМИ В РЯДЕ СУБЪЕКТОВ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ В 2023 г.

Хусаинова Р.М.^{1, 2*}, Савицкая Т.А.¹, Трифонов В.А.¹, Серова И.В.¹, Тюрин Ю.А.^{1, 2}, Исаева Г.Ш.^{1, 2}

¹Казанский НИИ эпидемиологии и микробиологии, Казань, Россия

²Казанский государственный медицинский университет, Казань, Россия

Ключевые слова: ГЛПС, серологический мониторинг

SEROLOGICAL MONITORING OF POPULATION IMMUNITY TO HFRS AND STUDYING THE INFECTION OF SMALL MAMMALS BY HANTAVIRUSES IN A NUMBER OF ENTITIES OF THE RUSSIAN FEDERATION IN 2023

Khusainova R.M.^{1,2*}, Savitskaya T.A.¹, Trifonov V.A.¹, Serova I.V.¹, Tyurin Yu.A.^{1,2},
Isaeva G.Sh.^{1,2}

¹Kazan Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Kazan, Russia

²Kazan State Medical University, Kazan, Russia

Keywords: *HFRS, serological monitoring*

*Адрес для корреспонденции: ralina.husainova@kazangmu.ru

Цель: проанализировать результаты серологического мониторинга популяционного иммунитета населения к возбудителям геморрагической лихорадки с почечным синдромом (ГЛПС) и изучить инфицированность мелких млекопитающих хантавирусами в 2023 г. в ряде субъектов РФ.

Материалы и методы. Для ИФА использовали тест-систему «ВектоХанта-IgG». Для ПЦР-набор реагентов ОМ-Скрин-ГЛПС-РВ, «Синтол».

Результаты. Методом ИФА было исследовано 1005 сывороток крови на наличие специфических антител к возбудителям ГЛПС из 5 субъектов РФ (Кировская область, Пермский край, Республика Татарстан (РТ), Республика Башкортостан (РБ), Республика Марий Эл (РМЭ)). Процент серопозитивности составил: по РТ — 12%, по РБ — 17%, РМЭ — 10%, Кировской области — 12%, Пермскому краю — 10%. Проведено исследование 821 пробы для выявления РНК хантавирусов из 7 субъектов РФ. Доля положительных проб составила: по РТ — 21,3%; по РБ — 42,0%, Кировской области — 13,8%, Пермскому краю — 19%, Удмуртской Республике — 16%, РМЭ — 29%, Челябинской области — 11%. Установлена РНК вируса Пуумала, другие разновидности хантавирусов не обнаружены.

Заключение. Результаты серологического мониторинга подтвердили высокую интенсивность эпидемического процесса ГЛПС на территориях Приволжского федерального округа и Челябинской области. Высокий уровень инфицированности мелких млекопитающих возбудителем ГЛПС свидетельствует о высоком риске инфицирования населения на данных территориях.

ЭВОЛЮЦИОННАЯ СВЯЗЬ ИЗМЕНЧИВОСТИ ГЕНА НУКЛЕОКАПСИДНОГО БЕЛКА NP С КРУГОМ ХОЗЯЕВ ВИРУСОВ ГРИППА А

Чернышова А.И.¹, Жирнов О.П.^{1, 2*}

¹Институт вирусологии имени Д.И. Ивановского Национального исследовательского центра эпидемиологии и микробиологии имени почётного академика Н.Ф. Гамалеи, Москва, Россия

²Русско-немецкая академия медико-социальных и биотехнологических наук, Москва, Россия

Ключевые слова: *грипп, белок вирусного нуклеокапсида*

EVOLUTIONARY RELATIONSHIP OF VARIABILITY IN THE NP NUCLEOCAPSID PROTEIN GENE WITH THE HOST RANGE OF INFLUENZA A VIRUSES

Chernyshova A.I.¹, Zhirnov O.P.^{1, 2*}

¹D.I. Ivanovosky Institute of Virology of the National Research Center for Epidemiology and Microbiology named after Honorary Academician N.F. Gamaleya, Moscow, Russia

²Russian-German Academy of Medical, Social and Biotechnological Sciences, Moscow, Russia

Keywords: *influenza, viral nucleocapsid protein*

*Адрес для корреспонденции: zhirnov@inbox.ru

Вирус гриппа А имеет широкий природный ареал среди птиц, млекопитающих и людей. Одним из главных регуляторных адаптеров круга хозяев вируса выступает белок вирусного нуклеокапсида (NP). Посредством филогенетического анализа белка NP различных вирусов обнаружено существование двух филогенетических когорт у вирусов гриппа человека. Когорта I объединяет классические вирусы человека, вызвавшие эпидемии в 1957, 1968, 1977 гг. Когорта II ассоциирована с вирусом человека H1N1/2009pdm, имеющим смешанное птичье-свиное происхождение, который вызвал глобальную пандемию у людей в 2009 г. Возникший в 2021 г. вирус высоковирулентного птичьего гриппа H5N1 обладает белком NP филогенетической когорты II и, следовательно, по типу адаптации к человеку близок вирусу H1N1/2009pdm и имеет высокий эпидемический потенциал для людей.

Полученные данные раскрывают механизмы и динамику адаптации вирусов гриппа птиц к человеку и создают основу для системного мониторинга опасных штаммов вируса с целью выявления предвестников эпидемии и принятия своевременных предупредительных мер.

MLVA-ТИПИРОВАНИЕ ШТАММОВ *YERSINIA PESTIS* ИЗ КАРАКУМСКОГО ПУСТЫННОГО ОЧАГА

Шевченко К.С.*, Ерошенко Г.А.

Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора, Саратов, Россия

Ключевые слова: *Yersinia pestis*, MLVA-типирование

MLVA TYPING OF *YERSINIA PESTIS* STRAINS FROM THE KARAKUM DESERT FOCUS

Shevchenko K.S.*, Eroshenko G.A.

Russian Research Anti-Plague Institute «Microbe», Saratov, Russia

Keywords: *Yersinia pestis*, MLVA typing

*Адрес для корреспонденции: ks.shevchenko27@gmail.com

Введение. Каракумский пустынный очаг чумы расположен в Восточном Прикаспии в активной экономической зоне, что создаёт предпосылки заноса возбудителя на сопредельные с очагом территории, включая Россию.

Цель работы — молекулярно-генетический анализ штаммов *Y. pestis* из Каракумского пустынного очага методом MLVA-типирования по данным высокопроизводительного секвенирования для определения пространственно-временной структуры этой филогеографической популяции возбудителя.

Материалы и методы. Исследовано 43 штамма *Y. pestis*, выделенных на территории Каракумского пустынного очага. Секвенирование проводили на платформе «Ion GeneStudio S5 System». Для обработки данных использовали Ion Torrent Suite software package 5.12, Unicycler 0.4.9. Определение и анализ выявленных MLVA-профилей проводили при помощи авторских консольных Python утилит и ряда биоинформатических программ.

Результаты и обсуждение. По результатам типирования идентифицированы 17 уникальных аллельных сочетаний (MLVA25-генотипов), из которых 12 выявлены лишь у единичных штаммов, а 5 объединили от 2 до 15 штаммов. Выявленные MLVA25-генотипы обладают сильной статистически значимой ассоциацией в отношении года выделения ($\chi^2 = 297$; $df = 160$; $p = 0,000000008$; $V = 0,83$), места выделения ($\chi^2 = 483,1$; $df = 272$; $p = 0,000003$; $V = 0,83$) и объекта выделения ($\chi^2 = 209,1$; $df = 160$; $p = 0,005$; $V = 0,69$).

Выводы. Определена пространственно-временная структура и выявлено генетическое разнообразие штаммов *Y. pestis* из Каракумского пустынного очага. Полученные данные важны для повышения эффективности молекулярно-эпидемиологического мониторинга сопредельных с Россией природных очагов чумы.

РАСПРОСТРАНЁННОСТЬ И АНТИМИКРОБНАЯ РЕЗИСТЕНТНОСТЬ ШТАММОВ *LISTERIA MONOCYTOGENES* В ПИЩЕВЫХ ПРОДУКТАХ И ПРОИЗВОДСТВЕННОЙ СРЕДЕ ПИЩЕВЫХ ПРЕДПРИЯТИЙ

Юшина Ю.К., Батаева Д.С., Зайко Е.В., Грудистова М.А.*

Федеральный научный центр пищевых систем имени В.М. Горбатова, Москва, Россия

Ключевые слова: *типирование, чувствительность, устойчивость*

PREVALENCE AND ANTIMICROBIAL RESISTANCE OF *LISTERIA MONOCYTOGENES* STRAINS IN FOOD PRODUCTS AND THE PRODUCTION ENVIRONMENT OF FOOD ENTERPRISES

Yushina Yu.K., Bataeva D.S., Zaiko E.V., Grudistova M.A.*

Gorbatov Research Center for Food Systems, RAS, Moscow, Russia

Keywords: *typing, sensitivity, resistance*

*Адрес для корреспонденции: m.grudistova@fncps.ru

Цель работы — исследование чувствительности 117 штаммов *Listeria monocytogenes*, выделенных в 3 периода (1950–1980; 2000–2005 и 2018–2021 гг.), к 23 антибиотикам.

Материалы и методы. Штаммы *L. monocytogenes* были выделены от людей, из пищевых продуктов и объектов производственной среды. Характеристика выполнена методом мультилокус-локусного последовательного типирования. Тестирование чувствительности к антибиотикам проводили с использованием метода диффузии дисков в соответствии с рекомендациями EUCAST.

Результаты и обсуждение. Доля резистентных штаммов была самой низкой среди штаммов, выделенных до 1980 г., среди них не обнаружено штаммов с множественной антибиотикорезистентностью. Все штаммы были чувствительны к аминогликозидам, гликопептидам, кларитромицину, левофлоксацину, амоксицилину/клавулановой кислоте и триметоприму/сульфаметоксазолу.

Выводы. Продемонстрирована относительно низкая частота возникновения антибиотикорезистентности среди штаммов *L. monocytogenes* в России при низком или полном отсутствии штаммов, устойчивых к антибиотикам первого ряда, применяемым для лечения листериоза. Однако данные продемонстрировали рост антибиотикорезистентности с 2000 г., что указывает на необходимость регулярного мониторинга антибиотикорезистентности среди вновь выделенных штаммов *L. monocytogenes*.

Геномные исследования по обеспечению биологической безопасности и технологической независимости. Геномный эпидемиологический надзор

СРАВНИТЕЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА СИСТЕМ CRISPR-Cas ДЛ Я ВЫЯВЛЕНИЯ РНК ВИРУСА SARS-CoV-2

Акинин А.С., Тюменцев А.И.*, Тюменцева М.А., Акимкин В.Г.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: CRISPR-Cas нуклеаза, направляющая РНК, рибонуклеопротеиновый комплекс CRISPR-Cas, предварительная амплификация, РНК SARS-CoV-2

COMPARATIVE CHARACTERISTICS OF THE CRISPR-Cas SYSTEMS FOR DETECTING OF THE SARS-CoV-2 VIRUS RNA

Akinin A.S., Tyumentsev A.I.*, Tyumentseva M.A., Akimkin V.G.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: CRISPR-Cas nuclease, guide RNA, CRISPR-Cas ribonucleoprotein complex, pre-amplification, SARS-CoV-2 RNA

*Адрес для корреспонденции: tymencev@cmd.su

Для решения эпидемиологических задач по расшифровке вспышек инфекционных болезней, выявления и идентификации возбудителя, а также детекции специфических бактериальных и вирусных генов необходимы разработка и внедрение в практику работы надзорных и мониторинговых служб современных технологий молекулярной эпидемиологии. Одной из таких технологий является использование элементов генетического редактирования системы CRISPR-Cas. Данная технология развивается достаточно эффективно в отношении создания средств лечения некоторых болезней, несмотря на ряд трудностей, связанных с возникновением непредвиденных мутаций. При углублённых исследованиях в области применения CRISPR-Cas-системы, выяснено, что она может быть использована для тонких диагностических процедур при выявлении возбудителя(ей) инфекции у человека, а также их генотипирования.

В ходе проделанной работы разработаны направляющие РНК, которые могут быть использованы в системах CRISPR-Cas12 (5 направляющих РНК) и CRISPR-

Cas14 (5 направляющих РНК) в составе рибонуклеопротеиновых комплексов для выявления РНК вируса SARS-CoV-2. Было показано, что рибонуклеопротеиновые комплексы CRISPR-Cas, сформированные на основе LbCpf1 из *Lachnospiraceae* и Cas14a1 из некультивируемого археона, выявляют единичные копии генома вируса SARS-CoV-2 с различной эффективностью. В ходе проведённого анализа показано, что рибонуклеопротеиновые комплексы CRISPR-Cas, сформированные на основе LbCpf1 из *Lachnospiraceae* и соответствующих направляющих РНК, обладают способностью выявлять РНК вируса SARS-CoV-2 в препарате РНК, разведённом в 100 000 раз. Тогда как рибонуклеопротеиновые комплексы CRISPR/Cas, сформированные на основе Cas14a1 из некультивируемого археона и соответствующих направляющих РНК, обладают способностью выявлять РНК вируса SARS-CoV-2 в препарате РНК, разведённом в 100 000 000 раз.

Таким образом, разработанные направляющие РНК позволяют в составе рибонуклеопротеиновых комплексов систем CRISPR-Cas ультрачувствительно выявлять единичные копии РНК вируса SARS-CoV-2 в реакции после предварительной амплификации в препаратах РНК, выделенных из биологических образцов, содержащих вирус SARS-CoV-2.

РАЗРАБОТКА НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ DENGUE VIRUS МЕТОДОМ ПЕТЛЕВОЙ ИЗОТЕРМИЧЕСКОЙ АМПЛИФИКАЦИИ

Анисимова Д.А.*, Красовитов К.В., Петров В.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: лихорадка, вирус денге, петлевая изотермическая амплификация, LAMP

DEVELOPMENT OF A REAGENT KIT FOR DETECTION OF DENGUE VIRUS BY LOOP-MEDIATED ISOTHERMAL AMPLIFICATION

Anisimova D.A.*, Krasovitov K.V., Petrov V.V.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: fever, dengue virus, loop-mediated isothermal amplification, LAMP

***Адрес для корреспонденции:** d.anisimova@cmd.su

Лихорадка вируса денге — вирусная инфекция, передающаяся человеку от комаров рода *Aedes* при укусе. Чаще всего протекает бессимптомно или с лёгкими симптомами (лихорадка, головная боль, мышечные и суставные боли, сыпь), в редких случаях встречаются тяжёлые формы. Эта инфекция характерна для тропиков и субтропиков.

Целью работы являлась разработка набора реагентов для быстрого выявления РНК *Dengue virus* методом петлевой изотермической амплификации (Loop-Mediated Isothermal Amplification, LAMP). LAMP позволяет выявлять исследуемую ДНК/РНК гораздо быстрее, чем в ПЦР. Но он требует более протяжённой консервативной области в геноме.

Вирус денге относится к арбовирусам, семейству *Flaviviridae* и отличается сильной генетической изменчивостью и большим разнообразием серотипов. Поэтому достаточно сложно было выбрать единую консервативную область для всех 4 существующих в природе серотипов и были выбраны наиболее часто встречающиеся в природе 1, 2 и реже 3-й серотипы.

При разработке были использованы клинические образцы (плазма крови) от пациентов с симптомами лихорадки, прибывшими из тропических стран. РНК вируса Денге была дифференцирована на серотипы с помощью НР «АмплиСенс *Dengue virus* type-FL» (ЦНИИ Эпидемиологии), а также количественно охарактеризована в системе цифровой капельной ПЦР (ddPCR). Предел обнаружения — 10^5 копий/мл. Время реакции составляет 25 мин.

СЕЛЕКТИВНАЯ АМПЛИФИКАЦИЯ ДНК *COXIELLA BURNETII* ДЛЯ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ

Безручко М.В.*, Полев Д.Е., Фрейлихман О.А.

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

Ключевые слова: лихорадка Ку, полногеномное секвенирование

SELECTIVE DNA AMPLIFICATION OF *COXIELLA BURNETII* FOR WHOLE GENOME SEQUENCING

Bezruchko M.V.*, Polev D.E., Freilikhman O.A.

Saint-Petersburg Pasteur Institute, Saint-Petersburg, Russia

Keywords: *Coxiella burnetii*, whole genome sequencing

*Адрес для корреспонденции: felantalion@gmail.com

Внутриклеточная бактерия *Coxiella burnetii* является возбудителем лихорадки Ку, которая способна вызывать тяжёлые осложнения. Основной проблемой полногеномного секвенирования *C. burnetii* является малое количество ДНК возбудителя на фоне несоизмеримо большего количества ДНК хозяина в исследуемых образцах.

Целью работы является отработка метода полногеномного секвенирования ДНК *C. burnetii*, выделенной из нативного материала.

Материалы и методы. Используя метод, ранее описанный для козьего молока, проводили избирательную амплификацию ДНК *S. burnetii* с ДНК-полимеразой фага Phi29 и праймерами к коротким ДНК-мотивам, характерным для бактерии. Исследовали ДНК из бактериальной культуры, выращенной на курином эмбрионе, и ДНК из 2 образцов плазмы крови пациентов, инфицированных коксиеллой.

Результаты. Избирательная амплификация ДНК из культуры коксиеллы привела к увеличению доли прочтений, относящихся к бактерии, с 78,3 до 99,1%. Покрытие референсного генома составило 97%. Доля прочтений коксиеллы для образцов ДНК из плазмы доходила до 62,4%. Покрытие референсного генома для 2 образцов составило 97 и 30%.

Метод, ранее предложенный для полногеномного секвенирования *S. burnetii* из образцов биоматериала от козы, был успешно перенесён на курицу и на плазму крови человека. Мы планируем сделать метод селективной амплификации *S. burnetii* более специфичным и расширить область применения.

КОНСТРУИРОВАНИЕ ПРАЙМЕРОВ ДЛЯ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ВИРУСА МЕШОТЧАТОГО РАСПЛОДА ПЧЕЛ (*IFLAVIRUS SACBROODI*)

Белик А.А.*, Мерлов Е.К., Карнаухова Е.В., Милованкин П.Г., Фоменко Е.П., Щелканов М.Ю.

Научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Г.П. Сомова, Владивосток, Россия

Ключевые слова: вирус мешотчатого расплода пчел, секвенирование, праймеры

CONSTRUCTION OF PRIMERS FOR WHOLE GENOME SEQUENCING OF SACBROOD VIRUS (*IFLAVIRUS SACBROODI*)

Belik A.A.*, Merlov E.K., Karnaukhova E.V., Milovankin P.G., Fomenko E.P., Shchelkanov M.Yu.

Research Somov Institute of Epidemiology and Microbiology, Vladivostok, Russia

Keywords: sacbrood virus, sequencing, primers

***Адрес для корреспонденции:** belik_a_a@mail.ru

Вирус мешотчатого расплода пчел (SBV — Sacbrood virus, или *Iflavirus sacbroodi*) (Picornavirales: Iflaviridae, *Iflavirus*) был впервые выделен от насекомых в 1964 г. Вирус SBV влияет на расплод пчёл, вызывая гибель личинок. Вирус SBV имеет широкое географическое распространение.

Цель работы — сконструировать праймеры для полногеномного секвенирования SBV, подходящие для методов Сэнгера, Oxford Nanopore и NGS.

Материалы и методы. Для множественного выравнивания и выбора наиболее консервативных регионов были взяты 20 полных геномных последовательностей образцов SBV, выделенных в Восточной Азии, Европе и Северной Америке.

Результаты и обсуждение. Для полного геномного секвенирования SBV был разработан набор из 38 пар праймеров с длинами амплифицируемых фрагментов около 500 п.н. и перекрытиями ампликонов около 100 п.н. Температура отжига праймеров была подобрана в диапазоне $59,7 \pm 0,4^\circ\text{C}$. Ввиду того, что некоторые пары праймеров образуют между собой гетеродимеры, рекомендуется брать их избыточное количество.

Выводы. Разработана система праймеров, которая в настоящее время проходит экспериментальную верификацию.

РАЗРАБОТКА НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ *MYCOPLASMA PNEUMONIAE* МЕТОДОМ LAMP

Беликова А.В.*, Красовитов К.В., Петров В.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: *Mycoplasma pneumoniae*, LAMP

DEVELOPMENT OF A REAGENT KIT FOR DETECTION OF *MYCOPLASMA PNEUMONIAE* BY LAMP

Belikova A.V.*, Krasovitev K.V., Petrov V.V.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *Mycoplasma pneumoniae*, LAMP

*Адрес для корреспонденции: belikova@cmd.su

Mycoplasma pneumoniae (*Mycoplasma pneumoniae*) является «атипичным» возбудителем внебольничной пневмонии, а также может поражать верхние дыхательные пути. *M. pneumoniae* передаётся воздушно-капельным путём при непосредственном контакте с инфицированными лицами. Пневмония может быть вызвана сочетанной инфекцией *M. pneumoniae* и другими бактериями или вирусами.

Цель работы — разработка набора реагентов на основе петлевой изотермической амплификации (LAMP) для диагностики *M. pneumoniae* в мазках из носо- и ротоглотки, БАЛ/ПВБ, мокроте.

Материалы и методы. В качестве мишени был выбран ген токсина CARDS (*trp372*). Разработку проводили с использованием клинических образцов маз-

ков из носо- и ротоглотки от пациентов с подтверждённым с помощью ПЦР наличием или отсутствием ДНК *M. pneumoniae*. Выделенную ДНК *M. pneumoniae* количественно оценивали с использованием цифровой капельной ПЦР. Детекция продуктов амплификации осуществляется с помощью флуоресцентно-меченых олигонуклеотидов, комплементарных участкам амплифицируемых ДНК-мишеней.

Результаты. После оптимизации условий реакции длительность амплификации составила 25–30 мин. В составе набора 2 реагента и 2 контроля. Предел обнаружения составит не менее 10^4 коп/мл.

Выводы. Разработан набор реагентов на основе LAMP для выявления ДНК *M. pneumoniae* в течение 30 мин.

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ШТАММОВ ХОЛЕРНЫХ ВИБРИОНОВ, ЦИРКУЛИРУЮЩИХ В РОССИИ И МИРЕ

Водопьянов А.С.*, Кругликов В.Д., Писанов Р.В., Монахова Е.В., Чемисова О.С., Носков А.К.

Ростовский-на-Дону противочумный институт, Ростов-на-Дону, Россия

Ключевые слова: холера, штаммы *Vibrio cholerae*, генотипирование, секвенирование, SNP

GENETIC DIVERSITY OF *VIBRIO CHOLERAE* STRAINS CIRCULATING IN RUSSIA AND THE WORLD

Vodopyanov A.S.*, Kruglikov V.D., Pisanov R.V., Monakhova E.V., Chemisova O.S., Noskov A.K.

Rostov-on-Don Antiplague Scientific Research Institute, Rostov-on-Don, Russia

Keywords: cholera, strains *Vibrio cholerae*, genotyping, sequencing, SNP

***Адрес для корреспонденции:** vodopyanov_as@antiplague.ru

Цель работы состояла в проведении генотипирования штаммов холерных вибрионов, циркулирующих в России и мире, на основе данных полногеномного секвенирования.

Анализ распределения SNP среди токсигенных штаммов *Vibrio cholerae* O1 серогруппы показал, что штаммы, изолированные в России за последние 20 лет, распределились между различными кластерами, что свидетельствует об отсутствии связи между их завозами.

В 2023 г. в России были выделены 3 токсигенных штамма: 2 штамма от пациентов с холерой (1 штамм — завоз в г. Рассказово Тамбовской области, 1 — завоз в Москву); 1 штамм из реки Темерник (Ростов-на-Дону).

Штаммы, изолированные в Москве и Рассказово, по совокупности основных молекулярно-генетических особенностей относятся к так называемой

«постгаитянской» группе и по данным SNP-анализа попали в общий кластер, сгруппировавшись со штаммами, выделенными в последние годы в ЮАР, Австралии, Пакистане и США.

Штамм, выделенный в Ростове-на-Дону, на фоне отсутствия эпидосложнений по холере (неустановленный завоз), имел ген холерного токсина классического типа (*ctxB1*) и по данным SNP-анализа оказался генетически близок клиническим штаммам, изолированным в Омске и Республике Дагестан в 1994 г.; в Корее и на Тайване в 2016 г., а также штаммам, обнаруженным на Украине (1994 г., Мариуполь).

В 2023 г. на территории 12 субъектов РФ изолировано 54 штамма нетоксигенных холерных вибрионов O1 серогруппы, из которых 6 выделены от людей. Обращает на себя внимание, что эти штаммы представляли собой довольно гетерогенную группу и распределились между 13 различными кластерами. На наш взгляд, это свидетельствует о существовании множественных не связанных друг с другом клонов.

РАЗНООБРАЗИЕ СИКВЕНС-ТИПОВ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*, КОЛОНИЗИРУЮЩИХ КИШЕЧНИК ЧЕЛОВЕКА ПРИ ДИСБИОТИЧЕСКИХ НАРУШЕНИЯХ

Гладышева Н.П.*

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

Ключевые слова: *Klebsiella pneumoniae*, клоны высокого риска международного распространения, дисбиоз

DIVERSITY OF SEQUENCE TYPES OF DYSBIOTIC *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*

Gladysheva N.P.*

Saint-Petersburg Pasteur Institute, Saint Petersburg

Keywords: *Klebsiella pneumoniae*, high-risk international clones, dysbiosis

***Адрес для корреспонденции:** nadya1102a@gmail.com

Цель — охарактеризовать разнообразие сиквенс-типов (ST) штаммов *Klebsiella pneumoniae*, колонизирующих кишечник пациентов с дисбиотическими нарушениями.

Материалы и методы. Изучены 52 штамма *K. pneumoniae*, изолированные от детей и взрослых с признаками дисбиотических нарушений кишечника. Геномную ДНК *K. pneumoniae* экстрагировали набором «diaGene». Приготовление библиотек осуществляли набором «TruSeq DNA Nano» («Illumina»). Секве-

нирование проводили в парноконцевом режиме с использованием секвенатора «MiSeq» («Illumina»). Принадлежность к ST определяли с использованием инструмента «Kleborate v. 2.2.0».

Результаты. Анализ данных полногеномного секвенирования показал, что все изученные штаммы *K. pneumoniae* принадлежали к 44 различным ST. Клоны высокого риска международного распространения были выявлены как среди гипервирулентных (ST23, ST65, ST86), так и среди классических штаммов *K. pneumoniae* (ST11, ST17, ST45 и ST307). Клоны высокого риска международного распространения среди гипервирулентных штаммов встречались в 16,7% у детей и в 83,3% у взрослых, а среди классических штаммов — в 66,7% у детей и 33,3% у взрослых.

Выводы. Микробиота кишечника детей чаще является резервуаром клонов высокого риска международного распространения классических штаммов *K. pneumoniae*. У взрослых чаще встречаются в составе микробиоты клоны высокого риска международного распространения гипервирулентных штаммов *K. pneumoniae*. Носительство таких штаммов можно расценивать как фактор риска развития госпитальных и внебольничных инфекций, поэтому необходимо проведение микробиологического мониторинга в системе эпидемиологического надзора.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ШТАММОВ СТРЕПТОКОККА ГРУППЫ В, ВЫДЕЛЕННЫХ У БЕРЕМЕННЫХ ЖЕНЩИН И НОВОРОЖДЁННЫХ ДЕТЕЙ

Гордеев А.Б.*, Бембеева Б.О., Денисов П.А., Изюмов Р.В., Гончарук О.Д., Нечаева О.В., Припутневич Т.В.

Национальный медицинский исследовательский центр акушерства, гинекологии и перинатологии имени В.И. Кулакова, Москва, Россия

Ключевые слова: стрептококк группы В, *Streptococcus agalactiae*, штамм

MOLECULAR GENETIC FEATURES OF GROUP B STREPTOCOCCUS STRAINS ISOLATED FROM PREGNANT WOMEN AND NEWBORN CHILDREN

Gordeev A.B.*, Bembeeva B.O., Denisov P.A., Izyumov R.V., Goncharuk O.D., Nechaeva O.V., Priputnevich T.V.

National Medical Research Center for Obstetrics, Gynecology and Perinatology named after Academician V.I. Kulakov, Moscow, Russia

Keywords: group B streptococcus, *Streptococcus agalactiae*, strain

*Адрес для корреспонденции: a_gordeev@oparina4.ru

Ведущим возбудителем внутриутробных инфекций является стрептококк группы В (*Streptococcus agalactiae*, СГВ). Распространённость заболеваний, вызванных СГВ, составляет 0,5–5,0 на 1000 живорождённых детей. Возникновение и тяжесть инфекционного процесса напрямую связаны с молекулярно-генетическими особенностями возбудителя.

Цель работы — на основе коллекции штаммов микроорганизмов, выделенных в различных регионах России, изучить молекулярно-генетические особенности СГВ с помощью технологии полногеномного секвенирования.

На платформе «Illumina MiSeq» получены полногеномные данные 176 штаммов СГВ. Выявлено 7 серотипов; чаще всего встречались серотипы: V (31,6%), III (27,6%), Ia (16,1%), реже — серотипы Ib, II, IV, VI. Выявлено 27 сиквенс-типов; чаще встречались: ST-17, ST-1, ST-890, ST-23. Среди 9 клональных комплексов и 2 синглтонов чаще встречались 5 комплексов: cc19, cc1, cc17, cc23 и cc452. Обнаружен новый сиквенс-тип с уникальным аллельным профилем. Выявлены гены резистентности к антимикробным препаратам 5 разных групп: аминогликозидам (*ant(6)-Ia*, *aph(3³)-III*), макролидам и линкозамидам (*ermA*, *ermB*, *msrD*, *lsaC*, *mefA*), тетрациклину (*tetM*, *tetO* и *tetS*) и хлорамфениколу (*cat*, *catQ*).

Работа проводилась в рамках государственного задания Минздрава России (121111000032-4).

ПОЛНОГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ И АННОТАЦИЯ ШТАММА *EXIGUOBACTERIUM*

Горохов И.А.*, Гончаров Н.Е., Полев Д.Е.

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

Ключевые слова: *Exiguobacterium*, полногеномное секвенирование, NGS

WHOLE-GENOME SEQUENCING AND ANNOTATION OF *EXIGUOBACTERIUM* STRAIN

Gorohov I.A.*, Goncharov N.E., Polev D.E.

Saint-Petersburg Pasteur Institute, Saint Petersburg, Russia

Keywords: *Exiguobacterium*, whole-genome sequencing, NGS

*Адрес для корреспонденции: ivgor1004@mail.ru

Цель работы — полногеномное секвенирование и характеристика генома бактерии рода *Exiguobacterium*, найденной в почве вечной мерзлоты Якутии.

Материалы и методы. Бактерии пересеивали на кровяной агар и культивировали при 20°C в течение суток. Геномную ДНК (гДНК) выделяли из отдельных

колоний с помощью набора «QIAamp DNA Mini Kit» («Qiagen»). Из полученной гДНК готовили библиотеки коротких и длинных фрагментов ДНК и секвенировали на платформах DNBSEQ-G50 и MinION. Гибридную сборку полного генома получили *de novo* с помощью сборщика SPAdes. Видовую принадлежность изучаемой бактерии определили как *E. sibiricum* по средней идентичности нуклеотидов. Полногеномную последовательность аннотировали с помощью онлайн-сервиса eggNOG-Mapper.

Результаты и обсуждение. Общий размер генома составил 3 082 765 п.н. Сборка включала 10 контигов. Помимо генов жизненно важных процессов, в геноме предсказаны гены резистентности к антибиотикам и антимикробным молекулам, гены метаболизма и транспорта неорганических молекул (устойчивости к арсенатам, теллуридам и высоким значениям рН) и гены факторов вирулентности (гемолизин III, токсины, жгутики и пили).

Выводы. Получен полный геном свободноживущей бактерии рода *Exiguobacterium* из вечной мерзлоты. Показано наличие генов, потенциально имеющих клиническую значимость. Степень опасности бактерии для человека и домашних животных, а также потенциал применения бактерии и её генов в биотехнологии предстоит оценить.

МИКРОБИОМ ЧЕЛОВЕКА В АСПЕКТЕ БИОЛОГИЧЕСКОЙ БЕЗОПАСНОСТИ

Ильина Е.Н.*

Научно-исследовательский институт системной биологии и медицины Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: *резистом, антибиотики, дезинфицирующие средства, горизонтальный перенос генов, интегроны*

HUMAN MICROBIOME IN THE CONTEXT OF BIOSAFETY

Ilina E.N.*

Research Institute for Systems Biology and Medicine, Moscow, Russia

Keywords: *resistome, antibiotics, disinfectants, horizontal gene transfer, integrons*

***Адрес для корреспонденции:** ilinaen@sysbiomed.ru

Актуальность. Ранее источником генов резистентности к биоцидам микробных патогенов рассматривали преимущественно бактерии, заселяющие объекты окружающей среды. Сегодня наиболее вероятной нишей для обмена генетическим материалом между комменсалами и патогенами представляются микробиоценозы человека, приводя на фоне бесконтрольного использования

антибиотиков и дезинфицирующих средств к формированию мультирезистентных штаммов бактерий.

Цель — с привлечением технологий высокопроизводительного метагеномного секвенирования охарактеризовать популяционный резистом человека и отследить его пластичность на фоне лекарственной терапии и во временной динамике.

Материалы и методы. Объектами исследования служили орофарингеальные мазки и образцы фекалий, полученные от пациентов с COVID-19 и здоровых добровольцев, в том числе переболевших COVID-19. Образцы подвергались экстракции ДНК и тестированию на присутствие генов антибиотикорезистентности посредством метагеномного анализа с гибридизационным обогащением либо ПЦР в реальном времени.

Результаты. Продемонстрирована мономорфность резистома ротоглотки и существование резистотипов микробного сообщества кишечника. Показана смена резистотипов на фоне лекарственной терапии и трансфер генов антибиотикоустойчивости между респираторным и кишечным биотопом. Установлены популяционные изменения репертуара генов антибиотикорезистентности, произошедшие под влиянием пандемии COVID-19. Установлена ассоциация распространения генов устойчивости к антибиотикам и дезинфицирующим средствам.

Заключение. Развитие представлений о резистоме природных микробиоценозов человека позволяет продвинуться в понимании целого ряда проблем — от предсказания клинической эффективности антимикробной терапии, до расшифровки молекулярных механизмов формирования устойчивости патогенной флоры к биоцидам и путям преодоления этого процесса.

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ВИРУСА ГЕПАТИТА В У МИГРАНТОВ ИЗ СТРАН СРЕДНЕЙ АЗИИ

Карлсен А.А.^{1,2*}, Асади Мобархан Ф.А.^{1,2}, Юзлибаева Л.Р.³, Пятяшина М.А.³,
Чанышев М.Д.¹, Хафизов К.Ф.¹, Кюрегян К.К.^{1,2}, Михайлов М.И.^{1,2}

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Научно-исследовательский институт вакцин и сывороток имени И.И. Мечникова, Москва, Россия

³Казанская государственная медицинская академия — филиал Российской медицинской академии непрерывного профессионального образования, Казань, Россия

Ключевые слова: вирус гепатита В, филогенетика, мигранты

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF HBV IN MIGRANTS FROM CENTRAL ASIAN COUNTRIES

Karlsen A.A.^{1,2*}, Asadi Mobarkhan F.A.^{1,2}, Yuzlibaeva L.R.³, Patyashina M.A.³, Chanyshev M.D.¹, Khafizov K.F.¹, Kyuregyan K.K.^{1,2}, Mikhailov M.I.^{1,2}

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Mechnikov Research Institute for Vaccines and Sera, Moscow, Russia

³Kazan State Medical Academy — Branch of the Russian Medical Academy of Continuous Professional Education, Kazan, Russia

Keywords: *hepatitis B virus, phylogenetics, migrants*

***Адрес для корреспонденции:** karlsen@cmd.su

Введение. В России около 10 млн трудовых мигрантов, из них 75% — из стран Средней Азии, эндемичных по гепатиту В (ГВ). Влияние миграции на распространение вируса гепатита В (ВГВ) и изменение спектра генотипов вируса в России не изучено.

Цель: определение частоты выявления маркеров ГВ среди трудовых мигрантов, прибывающих в Россию, и реконструкция особенностей передачи ВГВ в этой когорте.

Материалы и методы. Исследованы образцы сыворотки крови от 1654 мигрантов, прибывших в Россию из стран Средней Азии и проходивших обследование при постановке на миграционный учёт. Для положительных по ДНК ВГВ образцов были получены полногеномные последовательности ВГВ, на основе которых было построено филогенетическое дерево с использованием пакета BEAST2.

Результаты. ДНК ВГВ была выявлена в 88 (5,3%) образцах. Распределение генотипов ВГВ: D1 — 13 (14,8%), D2 — 55 (62,5%), D3 — 10 (11,4%), A2 — 10 (11,4%). Анализ последовательностей мигрантов показал, что 11 (12,5%) последовательностей группируются с изолятами из России, что позволяет предположить возможную инфекцию в России. Остальные последовательности ВГВ у мигрантов образовали кластеры с последовательностями из стран Средней Азии или других стран.

Выводы. Полученные результаты указывают на необходимость программ скрининга и профилактики ГВ у мигрантов из Средней Азии.

РАЗРАБОТКА ПРАЙМЕРНЫХ ПАНЕЛЕЙ ДЛЯ АМПЛИКОННОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ВИРУСОВ ПАРАГРИППА ЧЕЛОВЕКА 1-го И 2-го ТИПОВ

Мансур О.*, Фадеев А.В., Коржанова М., Комиссаров А.Б.

Научно-исследовательский институт гриппа имени А.А. Смородинцева, Санкт-Петербург,
Россия

Ключевые слова: *hPIV1, hPIV2, ампликонное секвенирование, полногеномная амплификация, вирусы парагриппа человека*

DEVELOPMENT OF THE PRIMER PANELS FOR AMPLICON SEQUENCING OF HUMAN PARAINFLUENZA VIRUSES TYPE 1 AND 2

Mansour O.*, Fadeev A.V., Korzhanova M., Komissarov A.B.

Smorodintsev Research Institute of Influenza, Saint Petersburg, Russia

Keywords: *hPIV1, hPIV2, primer panels, whole genome amplification*

***Адрес для корреспонденции:** olamansor1995@gmail.com

Актуальность и цель. В настоящее время геномный надзор за вирусами парагриппа человека в России не проводится. Для изучения эволюции вирусов парагриппа человека необходимо проведение полногеномного секвенирования. Данная работа посвящена разработке праймерных панелей для полногеномной амплификации hPIV1 и hPIV2 и апробации этих панелей на клинических образцах.

Материалы и методы. Два набора из 18 (hPIV1) и 16 пар праймеров (hPIV2) были разработаны с использованием инструмента PrimalScheme на основе консенсусной последовательности, полученной в результате анализа полных геномов, доступных в базе данных NCBI GenBank. Каждая пара праймеров покрывает примерно 1 тыс. п.н. генома с перекрытием ампликонов примерно на 200 п.н. Для каждого типа вируса парагриппа человека амплификацию проводили в двух отдельных мультиплексных ОТ-ПЦР-реакциях с использованием набора «БиоМастер ОТ-ПЦР-Премиум» («Биолабмикс»).

Результаты и выводы. Разработанные панели праймеров были протестированы на клинических образцах, содержащих РНК вирусов парагриппа человека по данным скрининга с использованием набора «АмплиСенс «ОРВИ-скрин»». Для апробации отбирали образцы со значением порогового цикла (Ct) < 25.

При объёме данных секвенирования от 300 тыс. одноконцевых прочтений на образец, разработанные панели демонстрируют медианное покрытие, позволяющее надёжно установить консенсусную последовательность генома. В ходе исследования было впервые отсеквенировано 37 полных геномов hPIV1 и 16 полных геномов hPIV2 из России. Разработанные панели могут быть использованы в рамках геномного надзора за возбудителями ОРВИ.

КОНСТРУИРОВАНИЕ ПРАЙМЕРОВ ДЛЯ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ВИРУСА ОСТРОГО ПАРАЛИЧА ПЧЁЛ (*APARAVIRUS APISACUTUM*)

Мерлов Е.К., Белик А.А.*, Милованкин П.Г., Карнаухова Е.В., Фоменко Е.П., Щелканов М.Ю.

Научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Г.П. Сомова, Владивосток, Россия

Ключевые слова: вирус острого паралича пчёл, секвенирование, праймеры

CONSTRUCTION OF PRIMERS FOR WHOLE GENOME SEQUENCING OF ACUTE BEE PARALYSIS VIRUS (*APARAVIRUS APISACUTUM*)

Merlov E.K., Belik A.A.*, Milovankin P.G., Karnaukhova E.V., Fomenko E.P., Shchelkanov M.Yu.

Research Somov Institute of Epidemiology and Microbiology, Vladivostok, Russia

Keywords: acute bee paralysis virus, sequencing, primers

*Адрес для корреспонденции: belik_a_a@mail.ru

Вирус острого паралича пчел (ABPV — Acute bee paralysis virus, или *Aparavirus apisacutum*) (Picornavirales: Dicistroviridae, *Aparavirus*) впервые был обнаружен как одна из причин бессимптомной инфекции взрослых особей пчёл. ABPV может инфицировать как расплод, так и рабочих пчёл.

Цель работы — сконструировать праймеры для полногеномного секвенирования ABPV, подходящие для методов Сэнгера, Oxford Nanopore и NGS.

Материалы и методы. Для множественного выравнивания и выбора наиболее консервативных регионов были взяты 20 полных геномных последовательностей образцов ABPV, выделенных в Восточной Азии, Европе и Северной Америке.

Результаты и обсуждение. Для полного секвенирования ABPV был разработан набор из 26 пар праймеров с длинами ампликонов около 500 п.н. и перекрытиями около 100 п.н. Температура отжига праймеров была подобрана в диапазоне $59,7 \pm 0,4^\circ\text{C}$. Ввиду того, что некоторые пары праймеров образуют между собой гетеродимеры, рекомендуется брать их в избыточном количестве.

Выводы. Разработана система праймеров, которая в настоящее время проходит экспериментальную верификацию.

КОНСТРУИРОВАНИЕ ПРАЙМЕРОВ ДЛЯ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ВИРУСА ХРОНИЧЕСКОГО ПАРАЛИЧА ПЧЁЛ (*IFLAVIRUS APISTARDUM*)

Карнаухова Е.В., Белик А.А.*, Мерлов Е.К., Милованкин П.Г., Фоменко Е.П.,
Щелканов М.Ю.

Научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Г.П. Сомова
Роспотребнадзора, Владивосток, Россия

Ключевые слова: вирус хронического паралича пчел, секвенирование, праймеры

CONSTRUCTION OF PRIMERS FOR WHOLE GENOME SEQUENCING OF SLOW BEE PARALYSIS VIRUS (*IFLAVIRUS APISTARDUM*)

Karnaukhova E.V., Belik A.A.*, Merlov E.K., Milovankin P.G.,
Fomenko E.P., Shchelkanov M.Yu.

Research Somov Institute of Epidemiology and Microbiology, Vladivostok, Russia

Keywords: *slow bee paralysis virus, sequencing, primers*

*Адрес для корреспонденции: belik_a_a@mail.ru

Вирус хронического паралича пчел (SBPV — Slow bee paralysis virus, или *Iflavirus apistardum*) (Picornavirales: Iflaviridae, *Iflavirus*) заражает взрослые особи пчел; проявляется как тремор, неспособность к полету, паралич, атаксия.

Цель работы — сконструировать праймеры для полногеномного секвенирования SBPV, подходящие для методов Сэнгера, Oxford Nanopore и NGS.

Материалы и методы. Для множественного выравнивания и выбора наиболее консервативных регионов были взяты 19 полных и частичных последовательностей образцов SBPV из различных регионов мира.

Результаты и обсуждение. Для полного геномного секвенирования SBPV был разработан набор из 22 пар праймеров с длинами амплифицируемых фрагментов около 500 п.н. и перекрытиями ампликонов около 50 п.н. Температура отжига праймеров была подобрана в диапазоне $59,7 \pm 0,4^\circ\text{C}$. Ввиду того, что некоторые пары праймеров образуют между собой гетеродимеры, рекомендуется брать их в избыточном количестве.

Выводы. Разработана система праймеров, которая в настоящее время проходит экспериментальную верификацию.

ПРИМЕНЕНИЕ МУЛЬТИПЛЕКСНОЙ ПЦР И ТЕХНОЛОГИЙ NGS ДЛЯ ИДЕНТИФИКАЦИИ ШИРОКОГО СПЕКТРА ВИРУСНЫХ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ РЕСПИРАТОРНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ

Надтока М.И.^{1,2*}, Пересади́на А.В.¹, Аглетдинов М.Р.^{1,3}, Роев Г.В.^{1,3}, Бухарина А.Ю.¹,
Хафизов К.Ф.¹, Акимкин В.Г.¹

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

²Российский химико-технологический университет имени Д.И. Менделеева, Москва, Россия

³Московский физико-технический институт, Москва, Россия

Ключевые слова: *вирусы, NGS, ПЦР*

MULTIPLEX PCR COUPLED WITH NGS FOR IDENTIFICATION OF A WIDE RANGE OF VIRAL PATHOGENS CAUSING RESPIRATORY DISEASES

Nadtoka M.I.^{1,2*}, Peresadina A.V.¹, Agletdinov M.R.^{1,3}, Roev G.V.^{1,3}, Bukharina A.Yu.¹,
Khafizov K.F.¹, Akimkin V.G.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Mendeleev University of Chemical Technology of Russia, Moscow, Russia

³Moscow Institute of Physics and Technology, Moscow, Russia

Keywords: *viruses, NGS, PCR*

***Адрес для корреспонденции:** maximnadtoka@gmail.com

История пандемий вирусных заболеваний демонстрирует важность своевременного выявления новых патогенов и ведения постоянного надзора за возбудителями заболеваний.

Сегодня набирает популярность использование технологий высокопроизводительного секвенирования (NGS) для диагностики вирусных инфекций. В отличие от классических молекулярно-генетических методов, NGS позволяет не только обнаружить возбудителя заболевания, но и подробно изучить его особенности.

Одним из наиболее широко используемых методов NGS является ампликонное секвенирование. Данный метод даёт возможность использовать праймерные панели в формате мультиплекс, что подразумевает объединение множества пар праймеров для амплификации разных мишеней в одной или нескольких пробирках, тем самым позволяя производить одновременный анализ различных вирусных патогенов.

Нами разработана мультиплексная праймерная панель для амплификации коротких фрагментов геномов 28 вирусных патогенов, принадлежащих к 14 родам. Эффективность работы созданной панели была проверена на клинических

образцах, содержащих различные вирусы. Последовательности, полученные при помощи данной панели, полностью совпадали с соответствующими фрагментами референсных геномов вирусов, тем самым доказывая надёжность разработанной методики.

На данном этапе нами проводится анализ клинических образцов ($n = 500$), прошедших тестирование на SARS-CoV-2 и имевших отрицательный результат. Кроме того, планируется проанализировать как положительные, так и отрицательные образцы, которые проходили тестирование при помощи тест-системы, рассчитанной на выявление сразу нескольких патогенов. Таким образом будет возможно не только дополнительно валидировать работу нашей панели, но и потенциально обнаружить вирусы, отсутствующие в наборе мишеней для тест-системы.

SARS-CoV-2 — БИОЛОГИЧЕСКИЕ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ

Субботина И.А.^{1*}, Семенов В.М.², Куприянов И.И.¹, Егоров С.К.²

¹Витебская государственная академия ветеринарной медицины, Витебск, Республика Беларусь

²Витебский государственный медицинский университет, Витебск, Республика Беларусь

Ключевые слова: SARS-CoV-2, животные, секвенирование

SARS-CoV-2 — BIOLOGICAL AND MOLECULAR GENETIC FEATURES

Subotsina I.A.^{1*}, Semenov V.M.², Kupriyanov I.I.¹, Egorou S.K.²

¹Vitebsk State Academy of Veterinary Medicine, Vitebsk, Belarus

²Vitebsk State Medical University, Vitebsk, Belarus

Keywords: SARS-CoV-2, animals, sequencing

***Адрес для корреспонденции:** irin150680@mail.ru

Доказано, что SARS-CoV-2 циркулирует среди человеческой популяции и различных видов животных, что послужило основанием к проведению исследований роли животных как природных резервуаров SARS-CoV-2.

Цель: изучить особенности SARS-CoV-2, циркулирующего в организме различных видов животных.

Материалы и методы. Изучение циркуляции SARS-CoV-2 проводилось в популяциях 24 видов животных серологическим методом и ПЦР. Секвенирование образцов выполнено с последующей сборкой последовательности вируса, использована технология Nanopore MinION, результаты депонированы в GisaId.

Результаты. Выделена РНК SARS-CoV-2 у 12 видов животных: кошка домашняя, собака, коза камерунская, свинья домашняя, лошадь, осел, норка американская, хорь, носуха, попугай волнистый, желтогорлая мышь, рыжая полёвка. Специфические антитела выделены у кошки и собаки. У кошки и норки американской выделен вирус, проведено секвенирование, получена информация о 2 новых типах вируса: hCoV-19/mink/Belarus/RRPCEM-VIS_2216O/2021, hCoV-19/cat/Belarus/RRPCEM-VIS_1884O/2021, относящихся по классификации Rango к подтипу B.1.

Заключение. Секвенирование вируса, выделенного из организма кошки домашней и норки американской, показало значимые мутации в генетической структуре, что говорит о необходимости проведения более глубокого изучения данного вопроса с точки зрения его эпидемиологической значимости.

Молекулярная диагностика в клинических исследованиях

ОСОБЕННОСТИ ПРОДУКЦИИ TNF α У ДЕТЕЙ С НОВОЙ КОРОНАВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИЕЙ

Агеева Е.С.^{1*}, Аблаева Р.Н.¹, Рымаренко Н.В.¹, Дядюра Е.Н.²

¹Крымский федеральный университет имени В.И. Вернадского, Симферополь, Россия

²Республиканская детская инфекционная клиническая больница, Симферополь, Россия

Ключевые слова: COVID-19, G-308A TNFA, дети

FEATURES OF TNF α PRODUCTION IN CHILDREN WITH NEW CORONAVIRUS INFECTION

Ageeva E.S.^{1*}, Ablava R.N.¹, Rymarenko N.V.¹, Dyadyura E.N.²

¹V.I. Vernadsky Crimean Federal University, Simferopol, Russia

²Republican Children's Infectious Clinical Hospital, Simferopol, Russia

Keywords: COVID-19, G-308A TNFA, children

*Адрес для корреспонденции: ageevaeliz@rambler.ru

Цель — анализ концентрации TNF α в зависимости от генотипов (–308A>G TNF α) у пациентов с COVID-19.

Методы. Обследовано 70 пациентов (0–14 лет) с новой коронавирусной инфекцией, разделены на 2 группы с пневмонией и без. Верификация диагноза на основании обнаружения вируса SARS-CoV-2 (ОТ-ПЦР) и наличия клинических симптомов. Определяли уровень TNF α (ИФА «Вектор-Бест») и полиморфизм –308A>G TNF α (аллель-специфической ПЦР в режиме реального времени «Литех»). Исследование проводили в ЦКП научным оборудованием «Молекулярная биология» КФУ имени В.И. Вернадского.

Результаты. Показано, что генотип GG (–308A>G TNF α) — наиболее частый вариант среди детей с пневмонией (88,9%) и без (66,7%). В группе контроля GG был ниже 32,4%. Частота гетерозигот GA составила у пациентов с пневмонией 11,1%, без пневмонии 28,6%, в контроле — 49,3% ($p < 0,05$). Генотип AA был редким — 4,7% у пациентов без пневмонии и 18,3% в контроле.

Выявлено, что у пациентов с пневмонией концентрация TNF α была в 4 раза выше, чем у пациентов без пневмонии. Максимальная концентрация была у носителей GG (–308A>G TNF α) с пневмонией — 43,7 (17,8–68,9) пкг/мл, в то время как у носителей гетерозиготного варианта GA — 3,3 (1,2–6,8) пкг/мл

($p < 0,05$). У пациентов без пневмонии уровень TNF α в зависимости от генотипа (GG и GA) составил 5,3 (2,4–7,4) и 4,9 (3,1–9,7) пкг/мл соответственно.

Заключение. Понимание молекулярных механизмов патогенеза тяжёлых и осложнённых форм новой коронавирусной инфекции будет полезно при определении тактики ведения пациентов, а также для понимания фундаментальных процессов иммунопатогенеза COVID-19-ассоциированных заболеваний.

Исследование выполнено при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации, программа «Приоритет-2030» № 075-15-2021-1323.

ОПТИМИЗАЦИЯ НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ КАЧЕСТВЕННОГО ОПРЕДЕЛЕНИЯ РНК ВИРУСА ГЕПАТИТА А МЕТОДОМ ПЦР

Блохина С.А.*, Черкашин Е.А.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: *genatum A, ПЦР*

DEVELOPMENT OF A SET OF REAGENTS FOR THE QUALITATIVE DETERMINATION OF HEPATOVIRUS A RNA BY PCR

Blokhina S.A.*, Cherkashin E.A.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *Hepatitis A, PCR*

***Адрес для корреспонденции:** blokhina@cmd.su

Вирусный гепатит А является одним из наиболее распространённых в мире инфекционных заболеваний человека. Это острое заболевание печени, возбудителем которого является вирус гепатита А (ВГА).

Несмотря на наличие эффективной инактивированной вакцины против гепатита А, в разных странах возникают вспышки этого заболевания. К основным причинам роста заболеваемости можно отнести отсутствие безопасного водоснабжения, плохие санитарно-гигиенические условия, рост числа отказов от прививок, а также миграционные процессы. Разработка ПЦР-набора для определения ВГА является актуальной задачей, т.к. существующие методы определения не имеют широкого перечня биоматериалов, подходящих для тестирования, а также не поддаются автоматизации.

Цель исследования — разработка набора реагентов для качественного определения РНК ВГА методом ПЦР.

Материалы и методы. Для амплификации была выбрана область гена *N*, специфичная для всех циркулирующих генотипов ВГА. Детекцию флуоресцентного сигнала проводили в режиме реального времени. Наличие внутреннего контрольного образца позволило контролировать все этапы ПЦР-исследования.

Результаты. Разработан усовершенствованный набор реагентов для качественного определения РНК ВГА методом ПЦР, создана лиофилизированная форма, что позволит облегчить хранение и перевозку в очаги заражения при положительных температурах. Набор реагентов адаптирован к автоматическим методам выделения нуклеиновых кислот. Перечень биоматериалов оптимизирован под нужды потребителей.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ МУТАЦИЙ УСТОЙЧИВОСТИ К ДЕЙСТВИЮ АНТИБИОТИКОВ У *MYCOPLASMA GENITALIUM* КАК ПРОФИЛАКТИКА ОСЛОЖНЕНИЙ И РАСПРОСТРАНЕНИЯ ИНФЕКЦИИ

Большенко Н.В.*, Махова Т.И., Гатцаева Н.Д., Головешкина Е.Н.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: *Mycoplasma genitalium*, ПЦР, 23S рPHK, *parC*, МСМ

DETERMINATION OF ANTIBIOTIC RESISTANCE MUTATIONS IN *MYCOPLASMA GENITALIUM* AS PREVENTION OF COMPLICATIONS AND INFECTION SPREAD

Bolshenko N.V.*, Makhova T.I., Gattsaeva N.D., Goloveshkina E.N.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *Mycoplasma genitalium*, PCR, 23S pPHK, *parC*, MSM

*Адрес для корреспонденции: sanabol@mail.ru

Введение. Определение устойчивости к препаратам, согласно существующим в настоящее время рекомендациям по лечению пациентов с инфекционными заболеваниями, необходимо для назначения оптимального лечения и быстрой эрадикации возбудителя.

Цель работы — оценить частоту выявления *Mycoplasma genitalium* и мутаций устойчивости к антибиотикам у мужчин, практикующих секс с мужчинами (МСМ).

Материалы и методы. Обследованы 183 МСМ в возрасте 19–45 лет, средний возраст 32 ± 2 года. Забор биологического материала со слизистых ротоглотки (Р), уретры (У) и прямой кишки (ПК) осуществлял врач-дерматовенеро-

лог. Идентификацию *M. genitalium* и определение мутации в гене 23S рРНК и в гене *ParC*, обуславливающих устойчивость к макролидам и фторхинолонам соответственно, проводили с применением набора реагентов «АмплиСенс *M. genitalium*-ML/FQ-Resist-FL».

Результаты. ДНК *M. genitalium* выявлена у 21,8% ($n = 40$): Р (3; 7,5%), У (12; 30%), УР (1; 2,5%), ПК (29; 72,5%), РПК (1; 2,5%). Основными жалобами были выделения и/или дискомфорт в уретре (4; 10%), дискомфорт (8; 29,6%) и/или кровянистые, слизисто-гнойные выделения из прямой кишки (2; 7,4%). У 29 (72,5%) пациентов были выявлены мутации одновременно к макролидам и фторхинолонам, у 3 (7,5%) — только к макролидам, у 1 (2,5%) — только к фторхинолонам.

Выводы. Высокая частота устойчивости *M. genitalium* (33; 82,5%) к препаратам выбора с преобладанием бессимптомного течения (26; 65%) обуславливает возможность осложнений и распространения инфекции, что диктует необходимость своевременной диагностики.

РАЗРАБОТКА НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ ШИГЕЛЛ И ЭНТЕРОИНВАЗИВНЫХ ЭШЕРИХИЙ МЕТОДОМ ПЕТЛЕВОЙ ИЗОТЕРМИЧЕСКОЙ АМПЛИФИКАЦИИ

Борисова Е.С.*, Верещагина Н.В., Красовитов К.В., Петров В.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: *Shigella*, EIEC, LAMP

DEVELOPMENT OF A REAGENT KIT FOR DETECTION OF SHIGELLA AND ENTEROINVASIVE ESCHERICHIA COLI BY LOOP MEDIATED ISOTHERMAL AMPLIFICATION

Borisova E.S.*, Krasovitev K.V., Vereshchagina N.V., Petrov V.V.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *Shigella*, EIEC, LAMP

***Адрес для корреспонденции:** borisova.e@cmd.su

Бактерии рода *Shigella*, а также энтероинвазивные *Escherichia coli* (EIEC) являются одними из ведущих возбудителей острых кишечных инфекций установленной этиологии, преимущественно поражающих детей.

Цель работы — разработка набора реагентов для быстрой диагностики ДНК *Shigella* spp. и EIEC с помощью петлевой изотермической амплификации (LAMP) с флуоресцентной детекцией продуктов амплификации в режиме реального времени.

Материалы и методы. Для исследования были использованы культуры *S. boydii*, *S. dysenteriae*, *S. flexneri*, *S. sonnei* и EIEC O96:H19, а также образцы фекалий. В качестве молекулярной мишени был выбран ген *ipaH*, подбор праймеров был выполнен с помощью Primer Explorer V5. Выделение ДНК из биологического материала проводили с помощью набора «РИБО-преп» (РУ № ФСР2008/03147). Для сравнения использовали набор для ПЦР-исследования «АмплиСенс *Shigella* spp. и EIEC-FL».

Результаты. Реакция проходит за 30 мин при постоянной температуре 65°C с детекцией флуоресцентного сигнала в реальном времени по каналам FAM (ген *ipaH*) и HEX (внутренний контрольный образец). Разработанный набор реагентов позволяет определять около 10⁴ копий/мл в образце как на образцах ДНК, выделенных из культур микроорганизмов, так и на образцах ДНК, выделенных из фекалий. Специфичность разработанного набора реагентов составляет 100%, что подтверждено на образцах ДНК различных микроорганизмов, включая представителей родов *Escherichia* (не EIEC), *Salmonella*, *Yersinia*.

ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬ ЭПИДЕМИЧЕСКИ ЗНАЧИМЫХ ШТАММОВ ВИРУСОВ ГРИППА К ИНГИБИТОРАМ НЕЙРАМИНИДАЗЫ В РОССИИ

Бреслав Н.В.*, Кириллова Е.С., Мукашева Е.А., Крепкая А.С., Бурцева Е.И.

Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почётного академика Н.Ф. Гамалеи, Москва, Россия

Ключевые слова: вирусы гриппа А и В, ингибиторы нейраминидазы, чувствительность, надзор

SENSITIVITY OF EPIDEMIOLOGICALLY SIGNIFICANT STRAINS OF INFLUENZA VIRUSES TO NEURAMINIDASE INHIBITORS IN RUSSIA

Breslav N.V.*, Kirillova E.S., Mukasheva E.A., Krepkaya A.S., Burtseva E.I.

N.F. Gamaleya National Research Center for Epidemiology and Microbiology, Moscow, Russia

Keywords: influenza A and B viruses, neuraminidase inhibitors, sensitivity, surveillance

*Адрес для корреспонденции: n.belyakova1983@gmail.com

Целью исследования являлся мониторинг чувствительности штаммов к ингибиторам нейраминидазы осельтамивиру и занамивиру (NAIs) в 2021–2024 гг. на фоне продолжающейся циркуляции SARS-CoV-2.

Материалы и методы. Изучено 238 штаммов (157 А(Н3N2), 53 А(Н1N1) pdm09 и 28 В). Вирусы выделены в Московском регионе и других городах Рос-

сии (Владимир, Чебоксары, Ярославль, Великий Новгород, Оренбург, Томск, Биробиджан, Владивосток). Ингибирующую концентрацию (IC_{50}) определяли флуоресцентным методом с помощью коммерческого субстрата.

Результаты и обсуждение. Практически все изученные штаммы сохранили благоприятный профиль чувствительности к осельтамивиру и занамивиру. Для штаммов вируса гриппа А(Н3N2) среднее значение IC_{50} к осельтамивиру составило 0,5 нМ, к занамивиру — 1,4 нМ; для штаммов вируса гриппа А(Н1N1) pdm09 — 0,5 и 0,4 нМ; для штаммов вируса гриппа В — 39,0 и 5,0 нМ соответственно. Один штамм вируса гриппа А/Москва/26/2023 (Н3N2) проявил пониженную чувствительность к NAIs.

Выводы. Согласно полученным данным, которые выявили высокую чувствительность современных штаммов вирусов гриппа А и В к осельтамивиру и занамивиру, NAIs остаются препаратами выбора для лечения и профилактики гриппозной инфекции, а также создания стоковых запасов на случай пандемии.

РАЗРАБОТКА НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ РНК ВИРУСА ЭПИДЕМИЧЕСКОГО ПАРОТИТА МЕТОДОМ ПЦР

Дедяева Е.А.*, Замотаева Т.Л., Черкашин Е.А.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: вирус эпидемического паротита, РНК, ПЦР

DEVELOPMENT OF A SET OF REAGENTS FOR THE DETERMINATION OF MUMPS VIRUS RNA BY PCR

Dedyayeva E.A.*, Zamotaeva T.L., Cherkashin E.A.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: mumps virus, RNA, PCR

*Адрес для корреспонденции: safronova.e@cmd.su

Эпидемический паротит (ЭП) — острое инфекционное заболевание, характеризующееся интоксикацией, лихорадкой, увеличением слюнных желёз, поражением других железистых органов и ЦНС. Возбудителем заболевания является РНК-содержащий вирус — Mumps virus. В 2023 г. в России после многолетнего эпидемиологического благополучия произошло кратное увеличение случаев заболеваемости ЭП, несмотря на применение вакцины.

Диагностика ЭП, как правило, осуществляется путём серологических исследований, но этот метод, в случае если возбудитель обладает высокой

контагиозностью, а также вследствие серологического окна, не позволяет определять наличие вируса у человека на ранних стадиях заболевания. В этой связи возникла необходимость в создании диагностического набора реagens для определения РНК вируса ЭП методом ПЦР.

Цель исследования: разработка набора реagens для качественного определения РНК вируса ЭП методом ОТ-ПЦР в реальном времени.

Материалы и методы. Для разработки и тестирования набора использовались вакцина живая паротитная культуральная и положительные клинические образцы — мазки со слизистой оболочки ротоглотки. Олигонуклеотидные праймеры и зонд были разработаны для амплификации области генома вируса, специфичной для всех циркулирующих генотипов. Контроль этапов ПЦР-исследования выполнен с использованием внутреннего контрольного образца.

Результаты. Набор имеет предел обнаружения около 1000 ГЭ (копий)/мл, экстракция РНК может проводиться как ручным, так и автоматическим способом.

АССОЦИАЦИЯ ПОЛИМОРФИЗМА Chr.10:88793660C>A С КЛИНИЧЕСКИМИ ПРОЯВЛЕНИЯМИ У ПАЦИЕНТОВ С ИШЕМИЧЕСКОЙ БОЛЕЗНЬЮ СЕРДЦА

Кипень В.Н.^{1*}, Зотова О.В.², Добыш О.И.¹, Бейманов А.Э.², Стельмашок В.И.², Королёва Т.С.², Лемеш В.А.¹

¹Институт генетики и цитологии, Минск, Республика Беларусь

²Республиканский научно-практический центр «Кардиология», Минск, Республика Беларусь

Ключевые слова: *полиморфизм, генотипирование, ишемическая болезнь сердца, антиагрегантная терапия*

POLYMORPHISM ASSOCIATION Chr.10:88793660C>A WITH CLINICAL MANIFESTATIONS AMONG PATIENTS WITH CORONARY HEART DISEASE

Kipen V.N.^{1*}, Zotova O.V.², Dobysh O.I.¹, Beymanov A.E.², Stelmashok V.I.², Koroleva T.S.², Lemesh V.A.¹

¹Institute of Genetics and Cytology, Minsk, Belarus

²Republican Scientific and Practical Centre «Cardiology», Minsk, Belarus

Keywords: *polymorphism, genotyping, coronary heart disease, antiplatelet therapy*

***Адрес для корреспонденции:** v.kipen@igc.by

Цель — провести анализ ассоциации частоты распространённости полиморфизма Chr.10:88793660C>A (GRCh38, rs303500 [*LIPM, RCBTB2P1*]) с

клиническими проявлениями у пациентов с ишемической болезнью сердца (ИБС).

Материалы и методы. Материалом для молекулярно-генетических исследований являлась венозная кровь 81 пациента с клинически верифицированным диагнозом ИБС. Для генотипирования использована технология, основанная на конкурентной аллель-специфической ПЦР. Генотипирование проводилось с использованием KASP Assay mix и KASP Master mix. Для сравнения количественных данных после проверки на гомоскедастичность и нормальность распределения использовали метод дисперсионного анализа ANOVA. В случае обнаружения статистически значимых различий использовали непараметрический критерий U-тест Манна–Уитни.

Результаты. Частота распространённости генотипа AA в исследуемой выборке — 51,9%, AC — 39,5%, CC — 8,6%. Выявлены статистически значимые различия между частотой распространённости генотипов по полиморфизму Chr.10:88793660C>A и биохимическим показателям крови: аспаратаминотрансфераза, лактатдегидрогеназа, протромбиновое время, МНО.

Выводы. Изучение распространённости ряда патогенетически значимых полиморфных вариантов генов у пациентов с ИБС является основой для оценки риска развития осложнений при антиагрегантной терапии.

ВЛИЯНИЕ МИКРОБИОТЫ ВЛАГАЛИЩА НА РАЗВИТИЕ ПОСЛЕОПЕРАЦИОННЫХ ОСЛОЖНЕНИЙ

Зыкова Т.А.*, Шевякова Е.А., Никитина В.П., Женило О.Е.

Национальный медицинский исследовательский центр онкологии, Ростов-на-Дону, Россия

Ключевые слова: *микробиота, послеоперационные осложнения*

INFLUENCE OF VAGINAL MICROBIOTA ON THE DEVELOPMENT OF POSTOPERATIVE COMPLICATIONS

Zykova T.A.*, Shevyakova E.A., Nikitina V.P., Zhenilo O.E.

National Medical Research Centre for Oncology, Rostov-on-Don, Russia

Keywords: *microbiota, postoperative complications*

***Адрес для корреспонденции:** tatiana2904@yandex.ru

Развитие послеоперационных осложнений (ПОО) при миоме матки (ММ) вносит значительный вклад в снижение эффективной реабилитации пациенток.

Цель — изучить влияние микрофлоры влагалища на развитие ПОО.

Материалы и методы. Обследовано 30 женщин 49,0 ± 1,5 года с диагнозом ММ. Состояние биоценоза влагалища изучали до проведения операции с помо-

щью набора «Фемофлор 16». Определяли общую массу бактерий (ОБМ) и ДНК 23 групп микроорганизмов. Оценивали наличие ПОО в виде гипертермии, культита, наличия гнойного отделяемого из раны, заживления раны вторичным натяжением. Больных разделили на две группы: без ПОО (24, группа I) и с ПОО (6, группа II). Сравнивали медиану концентрации ($Me \pm m$) и среднюю частоту (%) обнаружения каждой группы микроорганизмов.

Результаты. *Lactobacillus* spp. более 80% от ОБМ присутствовала у 70,6% группы I и 0% группы II ($p = 0,049$), медиана концентрации составила $6,6 \pm 0,3$ lg ГЭ/образец и $5,5 \pm 0,1$ lg ГЭ/образец ($p = 0,04$). Значимая разница установлена по частоте определения возбудителей группы *Gardnerella vaginalis* + *Prevotella bivia* + *Porphyromonas* spp. в количестве более 10% от ОБМ (38,1% в группе I и 83,3% в группе II; $p = 0,039$) и медиане концентрации *Atopobium vaginae* ($3,1 \pm 0,6$ lg ГЭ/образец в группе I и $7,5 \pm 0,1$ lg ГЭ/образец в группе II; $p = 0,049$). По остальным показателям статистически значимой разницы не выявлено.

Заключение. Состояние микробиоты влагалища у пациенток с ПОО характеризовалось резким снижением нормофлоры и ростом анаэробной микрофлоры групп *Gardnerella vaginalis* + *Prevotella bivia* + *Porphyromonas* spp. и *Atopobium vaginae*.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ В ВЫЯВЛЕНИИ HUMAN PAPILLOMAVIRUS

Ильин И.И.*, Марданлы С.Г.

Государственный гуманитарно-технологический университет, Орехово-Зуево, Россия

Ключевые слова: *human papillomavirus*, HPV, геном, гены, ПЦР

MOLECULAR GENETIC RESEARCH METHODS IN IDENTIFYING HUMAN PAPILLOMAVIRUS

Ilyin I.I.*, Mardanly S.G.

State University of Humanities and Technology, Orekhovo-Zuevo, Russia

Keywords: *human papillomavirus*, HPV, genome, genes, PCR

*Адрес для корреспонденции: ekolab-ilin@mail.ru

Актуальность. Вирус папилломы человека (*human papillomavirus*, HPV) является наиболее распространённой инфекцией, передающейся половым путём в России. Для выявления HPV из биообразцов применяются молекулярно-генетические методы исследования, особенно ПЦР, в результате которой полученные ампликоны могут быть секвенированы или использоваться для типирования.

Цель работы — изучить и выявить различные типы HPV с помощью ПЦР и секвенирования.

Материалы и методы. Исследование проводилось на биообразцах различных типов HPV с помощью VectorNTI Suite 9.0.0; последовательности были взяты из GenBank; специфичность проверялась с помощью BLAST online; амплификация проведена на приборе «Bio-Rad CFX 96»; гены образцов спорного таксономического положения были дополнительно секвенированы.

Результаты и обсуждение. В результате исследования было выяснено, что типирование производится в областях гена *L1*. В нём отобраны консервативные к исследуемому типу вируса области для подбора праймеров, которые будут использоваться в ПЦР. Отмечено частое нахождение разных типов HPV в одном образце, поэтому было проведено секвенирование.

Выводы. Проведено молекулярно-генетическое исследование различных типов HPV. Проанализирована соответствующая литература, исследованы геномы и гены различных типов вируса. Были просчитаны и апробированы собственные олигонуклеотиды для выявления и типирования HPV. Отмечена крайне высокая вариабельность типов вируса, поэтому для чувствительного и специфичного выявления ДНК вируса необходимо правильно подобрать область гена для посадки, а также чётко следовать требованиям к подбору олигонуклеотидов.

АНАЛИЗ ШТАММОВ *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ПРОГРАММЫ «PSEUDOMONAS ANALYSER»

Ковалевич А.А.*, Водопьянов А.С., Писанов Р.В.

Ростовский-на-Дону научно-исследовательский противочумный институт, Ростов-на-Дону, Россия

Ключевые слова: *генотипирование, генетические маркеры, анализ геномов, Pseudomonas aeruginosa*

ANALYSIS OF *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* STRAINS USING THE «PSEUDOMONAS ANALYZER» PROGRAM

Kovalevich A.A.*, Vodopyanov A.S., Pisanov R.V.

Rostov-on-Don Antiplague Scientific Research Institute, Rostov-on-Don, Russia

Keywords: *genotyping, genetic markers, genome analysis, Pseudomonas aeruginosa*

***Адрес для корреспонденции:** kovalevich_aa@antiplague.ru

Pseudomonas aeruginosa является условно-патогенным организмом, который вызывает разнообразные внутрибольничные инфекции. Поиск и обнаружение различных генетических маркеров у штаммов микроорганизмов является в наше время необходимым условием для проведения эпидемиологических

расследований, что позволяет выявлять связи между различными изолятами и оценить генетическое разнообразие циркулирующих штаммов на конкретной территории.

Цель исследования — анализ штаммов *P. aeruginosa* с использованием программы «Pseudomonas Analyser».

В работе использовали 23 полных генома штаммов *P. aeruginosa*, выделенные из клинического материала и из объектов окружающей среды в Мариуполе, Хабаровске, Ростове-на-Дону. Анализ проводился с помощью ранее созданной программы «Pseudomonas Analyser» (<http://antiplague.ru/pseudomonas-analyser>). В ходе работы были выявлены преобладающие серогруппы (*in silico*): O1 (35%), O4 (18%), O9 (17%), O3 (13%). O4 серогруппа была представлена в основном штаммами, выделенными в Хабаровске. O9 серогруппа и O1 были преобладающими серогруппами среди штаммов, выделенных в Мариуполе. Установлено также, что 95% исследуемых штаммов относятся к EхoS-типу и лишь 5% штаммов — к EхoU-типу. Около 13% штаммов имели ограниченный набор основных экзотоксинов. Исходя из этого можно сказать, что разработанная программа даёт возможность комплексной характеристики возбудителя синегнойной инфекции.

ГЕНЫ РЕЗИСТЕНТНОСТИ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*

Колотова О.Н.*, Катаева Л.В., Степанова Т.Ф.

Тюменский научно-исследовательский институт краевой инфекционной патологии, Тюмень, Россия

Ключевые слова: *гены резистентности, пневмония, Klebsiella pneumoniae*

RESISTANCE GENES OF *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*

Kolotova O.N.*, Kataeva L.V., Stepanova T.F.

Tyumen Region Infection Pathology Research Institute, Tyumen, Russia

Keywords: *resistance genes, pneumonia, Klebsiella pneumoniae*

***Адрес для корреспонденции:** info@tniikip.rosпотребнадзор.ru

Рост резистентности *Klebsiella pneumoniae* к клинически значимым антибиотикам является важной проблемой здравоохранения.

Цель. Изучить гены резистентности к β -лактамным антибиотикам изолятов *K. pneumoniae*, выделенных из мокроты пациентов с диагнозом «внебольничная пневмония».

Материалы и методы. Исследовано 65 изолятов *K. pneumoniae*, выделенных с апреля 2020 г. по февраль 2022 г. Гены резистентности определяли

методом ПЦР набором «БакРезиста» («ДНК-технология»). Чувствительность изолятов к антимикробным препаратам определяли диско-диффузионным методом (ДДМ).

Результаты. Карбапенемазы КРС обнаружены у 84,6% изолятов, при этом 18,2% из них сохраняли чувствительность к имипенему и меропенему. Ферменты β -лактамаз, относящиеся к молекулярному классу А, определены у 95,4% штаммов: SHV — в 92,3% случаев, TEM — в 70,8%, CTX-M — в 50,8%. Среди оксациллиназ чаще других выявлялись OXA-51 (35,4%) и OXA-48 (30,8%), реже — OXA-40 (10,8%) и OXA-23 (9,2%). Отмечено, что 93,8% изолятов имели фенотипическое проявление резистентности к амоксициллин/клавулановой кислоте, цефтазидиму и цефотаксиму. Только 4,6% штаммов, несущих гены детерминант резистентности классов А, D, являлись продуцентами β -лактамаз расширенного спектра. Металло- β -лактамазы NDM определены у 30,8% изолятов, VIM — у 13,8%, при этом резистентность ДДМ не выявлена.

Заключение. Полученные результаты показывают, что множественная резистентность изолятов связана преимущественно с наличием генов КРС и β -лактамаз класса А.

ЗНАЧЕНИЕ МЕТОДОВ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ГЕНЕТИКИ В ПРОГНОЗИРОВАНИИ ОДНОСТОРОННЕГО ТЕЧЕНИЯ МОЧЕКАМЕННОЙ БОЛЕЗНИ В РОССИЙСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ

**Константинова О.В.^{1*}, Сломинский П.А.², Калиниченко Д.Н.³, Тупицына Т.В.²,
Сивков А.В.¹, Аполихин О.И.¹, Каприн А.Д.¹**

¹Научно-исследовательский институт урологии и интервенционной радиологии имени Н.А. Лопаткина — филиал Национального медицинского исследовательского центра радиологии, Москва, Россия

²Институт молекулярной генетики, Москва, Россия

³Госпиталь для ветеранов войн № 3, Москва, Россия

Ключевые слова: *одностороннее течение уrolитиаза, прогнозирование, полиморфизмы генов, российская популяция*

THE IMPORTANCE OF MOLECULAR GENETICS METHODS IN PREDICTING THE UNILATERAL UROLITHIASIS IN THE RUSSIAN POPULATION

Konstantinova O.V.^{1*}, Slominsky P.A.², Kalinichenko D.N.³, Tupitsyna T.V.², Sivkov A.V.¹, Apolikhin O.I.¹, Kaprin A.D.¹

¹Research Institute of Urology and Interventional Radiology named after N.A. Lopatkin — branch of the NMRC of Radiology, Moscow, Russia

²Institute of Molecular Genetics of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

³Hospital for War Veterans No. 3, Moscow, Russia

Keywords: *unilateral urolithiasis, prognosis, gene polymorphisms, Russian population*

***Адрес для корреспонденции:** konstant-ov@yandex.ru

Введение. Выбор адекватной тактики лечения уролитиаза зависит от многих факторов, и один из них — наличие одностороннего или двустороннего процесса литогенеза. В связи с этим его прогнозирование представляется актуальной задачей.

Цель — определить возможность прогнозирования одностороннего течения мочекаменной болезни в российской популяции.

Материалы и методы. Обследован 41 больной уролитиазом с односторонними камнями — 23 (56%) женщины и 18 (44%) мужчин (основная группа) и 189 здоровых лиц из общей популяции (контрольная группа). Осуществлён анализ полиморфизмов 4 кандидатных генов мочекаменной болезни: *ESR1* (rs851982), *VDR* (rs1540339), *ORAI1* (rs7135617), *CASR* (rs2202127) методом ПЦР в режиме реального времени с использованием тест-систем компании «Applied Biosystems».

Результаты. По полиморфизму гена *ESR1* (rs851982) различия в частотах генотипов и аллелей в контрольной и основной группах являются недостоверными: $p = 0,384$, $\chi^2 = 1,91$ и $p = 0,455$ соответственно.

По полиморфизму гена *VDR* (rs1540339) отличия в частотах генотипов и аллелей в контрольной и основной выборках являются недостоверными: $p = 0,802$, $\chi^2 = 0,44$ и $p = 0,51$ соответственно.

По полиморфизму гена *ORAI1* (rs7135617) частоты генотипов в контрольной группе: G/G — 13,2%; G/T — 50,8%; T/T — 36,0%, в основной: G/G — 36,6%; G/T — 31,7%; T/T — 31,7%. Различия в частотах генотипов являются достоверными: $p = 0,001$, $\chi^2 = 13,33$. Частоты аллелей в контрольной группе: G — 38,6%; T — 61,4%, в основной группе: G — 52,4%; T — 47,6%. Отличия в частотах аллелей являются достоверными: $p = 0,015$.

По полиморфизму гена *CASR* (rs2202127) отличия в частотах генотипов и аллелей в контрольной и основной выборках недостоверны: $p = 0,763$, $\chi^2 = 0,54$ и $p = 0,464$ соответственно.

Выводы. Установлены факторы риска одностороннего камнеобразования в почках. Выявлена ассоциация одностороннего течения уролитиаза с полиморфизмом гена *ORAI1* (rs7135617) в российской популяции. Его связи с изученными полиморфизмами остальных трех генов не обнаружено.

РАБОТА МИКРОБИОЛОГИЧЕСКОЙ ЛАБОРАТОРИИ: АКТУАЛЬНЫЕ АСПЕКТЫ ИДЕНТИФИКАЦИИ МИКРОБНЫХ КУЛЬТУР

Котелевец Е.П.*

Рязанский государственный медицинский университет, Рязань, Россия

Ключевые слова: *микробиологическая лаборатория, идентификация микробных культур*

WORK OF THE MICROBIOLOGICAL LABORATORY: CURRENT ASPECTS OF IDENTIFICATION MICROBIAL CULTURES

Kotelevets E.P.*

Ryazan State Medical University, Ryazan, Russia

Keywords: *microbiological laboratory, identification of microbial cultures*

***Адрес для корреспонденции:** kotelevetse@mail.ru

Количество диагностических проб, поступающих в микробиологические лаборатории, постоянно растёт, отчасти из-за старения населения, отчасти в связи с увеличением количества антибиотикорезистентных штаммов. В медико-экономическом аспекте первоочередной задачей микробиологической лаборатории является сокращение времени выполнения анализа, с сохранением при этом его стоимости на минимальном уровне.

Эволюция медицинских знаний показала, что скорость и точность идентификации бактерий напрямую влияет на качество лечения, снижая медицинскую нагрузку на пациентов, ускоряя их выздоровление и снижая уровень смертности. Потребность в надёжных и недорогих методах для идентификации, способных обеспечить значительный объём анализов, делает бактериологию областью, где эволюция таких методов является постоянной: посредством развития уже существующих методов либо путём разработки новых инновационных подходов.

В настоящее время определение протеомных и молекулярных профилей штамма, который необходимо идентифицировать, является золотым стандартом в идентификации микроорганизмов, хотя классические методы, такие как окрашивание по Граму, использование биохимических тестов или культивирование на определённой питательной среде, всегда дополняют арсенал, используемый для верификации диагноза, хоть и выполняются в основном вручную, путём многочисленных манипуляций.

Таким образом, эволюция методов идентификации и внедрение автоматизации микробиологической лаборатории приводят к изменениям в организации её работы и влияют на трудозатраты медицинского персонала, повышая качество диагностики и ускоряя выздоровление пациентов.

ПОСТВАКЦИНАЛЬНЫЙ ИММУННЫЙ ОТВЕТ У МЕДИЦИНСКИХ РАБОТНИКОВ

Маннанова И.В.^{1*}, Гришаева А.А.¹, Алакаев Р.З.², Тхазаплизева Л.², Понежева Ж.Б.¹

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Кабардино-Балкарский государственный университет имени Х.М. Бербекова, Нальчик, Россия

Ключевые слова: *поствакцинальный иммунитет, хронический гепатит В*

POST-VACCINATION IMMUNE RESPONSE IN MEDICAL PROFESSIONALS

Mannanova I.V.^{1*}, Grishaeva A.A.¹, Alakaev R.Z.², Thazaplizheva L.², Ponezheva Zh.B.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Kh.M. Berbekov Kabardino-Balkarian State University, Nalchik, Russia

Keywords: *post-vaccination immunity, chronic hepatitis B*

*Адрес для корреспонденции: irinasemenova07@rambler.ru

Цель работы: оценка протективного иммунитета против гепатита В у медицинских работников.

Материалы и методы. Участвовали 346 медицинских работников (95 (37,8%) женщин и 251 (62,2%) мужчина) с документальным подтверждением вакцинации против гепатита В. В рамках медицинских осмотров был исследован уровень анти-НВs. По возрасту обследуемые были разделены согласно классификации ВОЗ: лица молодого возраста (18–44 лет) — 72%, среднего (45–59 лет) — 25% и пожилого (60–74 года) — 3%, средний возраст — $39,2 \pm 8,7$ года.

Результаты. 235 (70,8%) обследованных были серопозитивными, средний уровень анти-НВs — $236 \pm 81,9$ мМЕ/мл. Сравнительный анализ титра антител обнаружил достоверно высокий уровень анти-НВs у лиц молодого возраста ($p < 0,001$), от последней вакцинации прошло $6,8 \pm 3,4$ года. Снижение титра анти-НВs ниже 10 МЕ/л регистрировали в 29,2% случаев. В этой группе от момента последней вакцинации прошло $9,6 \pm 6,3$ года. Достоверно установлено, что в группе с низким протективным иммунным ответом было лиц среднего и пожилого возраста значимо больше ($p = 0,007$), средний возраст составил $47,7 \pm 9,6$ года. Недостаточная индукция иммунного ответа может быть связана

с такими факторами, как курение, сахарный диабет 2-го типа (27 медицинских работников), ожирение (17 человек с ИМТ ≥ 30 кг/м²), а также с физиологическим «старением» клеток иммунной системы у лиц пожилого возраста.

Выводы. В результате исследования выявлено наличие анти-НВs у большинства вакцинированных медицинских работников. Целесообразно ежегодное обследование медицинских работников на наличие протективного иммунитета против гепатита В и проведение ревакцинации у лиц моложе 50 лет при отсутствии/снижении протективного уровня анти-НВs.

ИММУННЫЙ ОТВЕТ НА ВАКЦИНАЦИЮ ПРОТИВ ГЕПАТИТА В

Омарова Х.Г.¹, Маннанова И.В.^{1*}, Алакаев Р.З.², Макашова В.В.¹, Понежева Ж.Б.¹

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Кабардино-Балкарский государственный университет имени Х.М. Бербекова, Нальчик, Россия

Ключевые слова: вакцинация против гепатита В, протективный иммунитет

THE IMMUNE RESPONSE TO HEPATITIS B VACCINATION

Omarova H.G.^{1*}, Mannanova I.V.¹, Alakaev R.Z.², Makashova V.V.¹, Ponezheva Zh.B.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Kh.M. Berbekov Kabardino-Balkarian State University, Nalchik, Russia

Keywords: vaccination against hepatitis B, protective immunity

*Адрес для корреспонденции: irinasemenova07@rambler.ru

В настоящее время около 2 млрд человек в мире инфицировано вирусом гепатита В (ВГВ). По данным ВОЗ, у 40% больных хроническим гепатитом В происходит формирование цирроза печени и/или гепатоцеллюлярной карциномы, ежегодно регистрируется около 1 млн смертей от ХГВ во всём мире. Наиболее эффективной мерой по элиминации ВГВ является вакцинация. По данным ВОЗ, к 2020 г. вакцина против гепатита В была внедрена в 190 странах с уровнем охвата прививкой тремя дозами 83%. В России вакцинация против ВГВ осуществляется с 1996 г., при этом охват иммунизацией взрослого населения с каждым годом увеличивается, а заболеваемость острым гепатитом В в общей популяции за эти годы снизилась более чем в 70 раз. Вакцина против гепатита В направлена на выработку нейтрализующих антител против поверхностного анти-НВs, маркером защитного иммунитета является концентрация анти-НВs ≥ 10 мМЕ/мл через 1–3 мес после введения полной 3-дозовой схемы вакцинации. Сероконверсия наблюдается после 2 прививок у 70–90% вакцинируемых и более чем

у 95% после 3-й инъекции, 5–10% привитых не вырабатывают антител после полной иммунизации. Уровни защитных антител имеют тенденцию снижаться со временем. Существует практика бустерной иммунизации серонегативных лиц с 3-кратной вакцинацией в анамнезе, которая показала свою эффективность, по разным данным, до 95% случаев. На поствакцинальный иммунитет могут оказывать влияние: возраст вакцинируемых — максимальный иммунный ответ наблюдается в возрасте 2–19 лет, слабый иммунный ответ характерен для лиц пожилого возраста и более выражен у мужчин; иммунодефицитные состояния, курение, ожирение, сахарный диабет 2-го типа, наличие мутантных форм ВГВ. Наибольшую эффективность в настоящее время показывают вакцины 3-го поколения, особенно у людей старшей возрастной группы. Вакцинопрофилактика гепатита В позволяет надеяться на ликвидацию этой болезни среди населения при условии достижения максимального охвата высокоэффективными вакцинами, в том числе взрослого населения старше 60 лет.

МУЛЬТИПЛЕКСНАЯ ЭКСПРЕСС-ИММУНОДИАГНОСТИКА В МИКРОФЛЮИДНОМ ЧИПЕ

Матвеева А.Г.^{1,2*}, Москалец А.П.^{1,2}, Морозова О.В.¹⁻³, Прусаков К.А.², Гудков А.Г.⁴, Клинов Д.В.^{1,2}

¹Московский физико-технический институт, Москва, Россия

²Федеральный научно-клинический центр физико-химической медицины имени Ю.М. Лопухина, Москва, Россия

³Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почётного академика Н.Ф. Гамалеи, Москва, Россия

⁴Московский государственный технический университет имени Н.Э. Баумана, Москва, Россия

Ключевые слова: микрофлюидика, экспресс-диагностика, COVID-19, иммунодиагностика

MULTIPLEX RAPID IMMUNODIAGNOSTICS IN A MICROFLUIDIC CHIP

Matveeva A.G.^{1,2*}, Moscalets A.P.^{1,2}, Morozova O.V.¹⁻³, Prusakov K.A.², Gudkov A.G.⁴, Klinov D.V.^{1,2}

¹Moscow Institute of Physics and Technology, Moscow, Russia

²Lopukhin Federal Research and Clinical Center of Physical-Chemical Medicine, Moscow, Russia

³N.F. Gamaleya National Research Center for Epidemiology and Microbiology, Moscow, Russia

⁴Bauman Moscow State Technical University, Moscow, Russia

Keywords: microfluidics, rapid diagnostics, COVID-19, immunodiagnostics

*Адрес для корреспонденции: ainurmatveyeva@yandex.ru

Разработан прототип системной экспресс-платформы для мультиплексной *in vitro* иммунодиагностики, включающей микрофлюидный чип, экспресс-ана-

лизатор и методику. Методика основана на достоверном считывании и обработке анализатором флуоресцентного сигнала иммунокомплексов, образующихся на флуоресцентных микросферах при процессинге в микрофлюидных чипах. Возможности экспресс-платформы продемонстрированы на примере определения антител к различным антигенам вируса SARS-CoV-2 (рекомбинантный капсидный белок N, два участка рекомбинантного поверхностного гликопротеина S (RBD и S2), полученным в лаборатории генной инженерии ФНКЦ ФХМ им. Ю.М. Лопухина).

Одновременное мультиплексное определение проводится за счёт иммобилизации лигандов на микросферы, тип которых (и тип лиганда — N, RBD, S2, контроли) однозначно идентифицируется при процессинге чипа в анализаторе. Чувствительность и специфичность подтверждены на 50 образцах в двойных слепых тестах по определению наличия антител в сравнении с данными стандартных тестов ИФА. В отличие от теста ИФА, анализ проводится за 40 мин и требует 10 мкл капиллярной крови.

Точность, чувствительность и широкие возможности адаптации разработанной экспресс-платформы под любой диапазон задач для определения белковых маркеров в жидких средах обеспечивают высокий потенциал её применения в научных, диагностических и лечебно-диагностических целях.

ИССЛЕДОВАНИЕ ЧАСТОТ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ ПРОТЕАСОМНЫХ ГЕНОВ *PSMB5*, *PSMB7* ПРИ ТУБЕРКУЛЁЗНОЙ ИНФЕКЦИИ

Мейер А.В.*, Тхоренко Б.А., Холодов А.А., Лавряшина М.Б.

Кемеровский государственный медицинский университет, Кемерово, Россия

Ключевые слова: *протеасома 20S, гены, полиморфизм, туберкулёз лёгких*

STUDY OF THE FREQUENCIES OF POLYMORPHIC VARIANTS OF THE PROTEASOME GENES *PSMB5*, *PSMB7* IN TUBERCULOSIS INFECTION

Meyer A.V.*, Tkhorenko B.A., Kholodov A.A., Lavryashina M.B.

Kemerovo State Medical University, Kemerovo, Russia

Keywords: *proteasome 20S, genes, polymorphism, pulmonary tuberculosis*

*Адрес для корреспонденции: shapo-alina@yandex.ru

Цель работы — исследование аллельных и генотипических частот полиморфных вариантов генов каталитических субъединиц протеасомы 20S *PSMB5*(rs8013143), *PSMB7*(rs4574) у пациентов с туберкулёзом лёгких (ТБ).

Материалы и методы. Материал — периферическая кровь пациентов с ТБ ($n = 100$) и лиц популяционного контроля — русские Сибири (г. Кемерово; $n = 100$). ДНК выделяли методом фенол-хлороформной экстракции, генотипирование проводили методом ПЦР в реальном времени.

Результаты и обсуждение. В группах с ТБ и контроле частота аллеля A rs4574*PSMB7 ($G = 0,640$ и $0,610$) выше ($p < 0,05$) общемировых частот ($0,573$) и частот для популяций Европы ($0,575$). Для rs8013143*PSMB5 частота аллеля A составила $0,790$ и $0,710$ соответственно при общемировых частотах — $0,588$, а в популяциях Европы — $0,699$. Частоты генотипов составили: rs4574 AA ($38,54$ и $35,42\%$), AG ($51,04$ и $51,04\%$), GG ($10,42$ и $13,54\%$), rs8013143 AA ($63,54$ и $51,04\%$), AG ($31,25$ и $4,62\%$), GG ($5,21$ и $8,34\%$) соответственно. Сравнение характера распределения генотипических и аллельных частот, а также расчёт показателя отношения шансов не выявили статистически значимых различий.

Работа выполнена в рамках базового бюджетного источника финансирования работ государственного задания Минздрава России (Соглашение № 056-03-2023-050 от 17.01.2023).

СРАВНЕНИЕ ВОСПРОИЗВОДИМОСТИ РЕЗУЛЬТАТОВ ВЫЯВЛЕНИЯ ДНК ВПЧ 6, 11, 44-го ТИПОВ МЕТОДОМ ПЦР-РВ ПРИ ИСПОЛЬЗОВАНИИ НАБОРОВ РЕАГЕНТОВ РОССИЙСКИХ ПРОИЗВОДИТЕЛЕЙ

Надысева Т.В.*, Кулешова О.Б., Домонова Э.А.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: ВПЧ, папилломавирусная инфекция, воспроизводимость

REPRODUCIBILITY OF THE RESULTS OBTAINED BY USING RT-PCR KITS FOR DETECTION HPV 6, 11, 44 FROM RUSSIAN MANUFACTURERS

Nadyseva T.V.*, Kuleshova O.B., Domonova E.A.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: HPV, papillomavirus infection, reproducibility

***Адрес для корреспонденции:** nadyseva@cmd.su

Введение. Лабораторное подтверждение этиологии вирус папилломы человека (ВПЧ)-ассоциированных заболеваний аногенитальной области является неотъемлемой составляющей дифференциальной диагностики, а также источником данных для информационной подсистемы эпидемиологического

надзора. Точность и воспроизводимость результатов лабораторных исследований влияет на принятие решений о тактике ведения пациентов и качество получаемых эпидемиологических данных.

Цель работы — оценить воспроизводимость результатов определения ДНК ВПЧ 6, 11, 44-го типов при использовании наборов реагентов четырёх российских производителей.

Материалы и методы. Для сравнительных испытаний использовали 36 образцов отделяемого слизистой оболочки уrogenитального тракта мужчин и женщин с аногенитальными бородавками. Для экстракции ДНК применяли сорбционную методику. Для проведения ПЦР-РВ использовали наборы реагентов (НР): № 1 для выявления, типирования и количественного определения ВПЧ (21 тип); № 2 для дифференциального выявления ДНК ВПЧ 6, 11 и 44-го типов; № 3 для выявления и идентификации ДНК онкогенных типов HPV (24 типа); № 4 для качественного и количественного определения ДНК ВПЧ 6, 11, 44-го типов. При получении дискордантных результатов проводили вложенную ПЦР с использованием консенсусных пар праймеров Mu09/11 и Gr5+/6+ с последующим секвенированием по Сэнгеру.

Результаты. ДНК ВПЧ 6-го типа обнаружена в 6/36 образцов, из которых 3/6 (50%) конкордантны, 3/6 (50%) дискордантны: 2/3 выявлены только НР № 3 (кинетика кривой накопления флуоресценции соответствовала неспецифической амплификации), 1/3 определён всеми, кроме НР № 1. ДНК ВПЧ 11-го типа обнаружена в 2/36 образцов, конкордантны. ДНК ВПЧ 44-го типа обнаружена в 31/36 образцов, из которых 11/31 (35,5%) конкордантны, 20/31 (64,5%) дискордантны: 7/20 определены всеми, кроме НР № 3 (концентрация около 10 копий/образец), 1/20 — НР № 1 ($M = 6 \lg$ копий/образец) и № 3 (пороговый цикл соответствует единичным копиям/образец); 12/20 выявлены только НР № 1 (концентрация ДНК $M = 5,04 \lg$ копий/образец, от 3,60 до 7,00 \lg копий/образец). В результате секвенирования дискордантных образцов в 8/11 обнаружены ДНК ВПЧ следующих типов: 90 (3 случая), 42 (2 случая), 62, 70, 89 — по 1 случаю; в 3/11 интерпретация не представлялась возможной из-за отсутствия ДНК ВПЧ нескольких типов.

Выводы. Несоответствия воспроизводимости результатов определения ДНК ВПЧ при использовании наборов реагентов различных производителей обусловлены их конструктивными особенностями, в первую очередь различиями в аналитических и диагностических характеристиках. Для верификации и валидации наборов реагентов, проведения внутреннего и внешнего контроля качества работы ПЦР-лабораторий необходимо разработать, аттестовать и внедрить стандартизованные панели контрольных образцов, содержащие широкий спектр типов ВПЧ с различной концентрацией.

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ЭНТЕРОВИРУСОВ У ГОСПИТАЛИЗИРОВАННЫХ ДЕТЕЙ С ОСТРЫМИ РЕСПИРАТОРНЫМИ ИНФЕКЦИЯМИ В 2023 г.

Нохова А.Р.*, Дёрко А.А., Мурашкина Т.А., Сароян Т.А., Курская О.Г.

Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины,
Новосибирск, Россия

Ключевые слова: энтеровирусы, риновирусы, эховирусы, Коксаки вирус, молекулярное типирование энтеровирусов, VP1

GENETIC DIVERSITY OF ENTEROVIRUSES IN HOSPITALIZED CHILDREN WITH ACUTE RESPIRATORY INFECTIONS IN 2023

Nokhova A.R.*, Derko A.A., Murashkina T.A., Saroyan T.A., Kurskaya O.G.

Federal Research Center for Fundamental and Translational Medicine, Novosibirsk, Russia

Keywords: enteroviruses, rhinoviruses, echoviruses, Coxsackievirus, molecular typing of enteroviruses, VP1

*Адрес для корреспонденции: alina.nokhova@gmail.com

Энтеровирусы (род *Enterovirus*, семейство *Picornaviridae*) имеют геном с положительной одноцепочечной РНК. Включают в себя энтеровирусы (А, В, С, D) и риновирусы (А, В и С), патогенные для человека.

Цель — исследовать генетическое разнообразие и выявить несинонимичные замены в области капсидного белка VP1 энтеровирусов в носоглоточных мазках, полученных от детей, госпитализированных с признаками ОРВИ в Новосибирске в 2023 г.

Материалы и методы. За 2023 г. было протестировано 1810 проб от детей с симптомами ОРВИ, из которых 318 оказались ПЦР-положительными на энтеровирусы.

Результаты. Для 18 образцов получены сиквенсы фрагмента гена VP1 следующих видов: 4/18 — EV-A (Coxsackievirus A6), 1/18 — EV-B (Echovirus E6), 1/18 — EV-C (Enterovirus C105), 8/18 — EV-D (Enterovirus D68), 4/18 RV-A (Rhinovirus A1, A29, A38).

При анализе аминокислотных замен ни в одном из образцов не было обнаружено изменений в структуре кармана связывания лекарств и вторичной структуры белка.

Для вирусов Коксаки А6 идентифицирована 1 замена в VP1. Эховирус имел 4 несинонимичные замены. Выявленный энтеровирус C105 принадлежал к III филогенетическому кластеру и имел 2 замены. Энтеровирусы D68 содержали 3–5 замен в петлях BC и DE белка VP1, которые являются предполагаемыми мишенями для нейтрализующих антител. Три обнаруженных риновируса (A1

и А29) относятся к минорной группе (использующей ICAM-1 в качестве рецептора), один риновирус (А38) принадлежит к мажорной группе (использующей рецепторы липопротеинов низкой плотности). Считается, что частота аминокислотных замен выше у минорной группы, также она является более иммуногенной. В наших образцах мажорная группа несла по 14 замен, в то время как минорная группа только 2.

Выявленные особенности указывают на отсутствие серьёзных изменений в структуре капсидного белка VP1, который играет ключевую роль в связывании с рецепторами, является мишенью для некоторых противовирусных препаратов и содержит нейтрализующие эпитопы. Данная информация является актуальной для эпидемиологических исследований в Западной Сибири.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФ № 23-24-00492.

РАЗРАБОТКА НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ *LEGIONELLA PNEUMOPHILA* МЕТОДОМ LAMP

Обухова Е.А.*, Петров В.В., Шустова М.И.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: легионелла, легионеллёз, петлевая изотермическая амплификация

DEVELOPMENT OF A REAGENT KIT FOR DETECTION OF *LEGIONELLA PNEUMOPHILA* BY LAMP

Obukhova E.A.*, Petrov V.V., Shustova M.I.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *Legionella, legionellosis, loop-mediated isothermal amplification, LAMP*

***Адрес для корреспонденции:** obukhova@cmd.su

Легионеллёз — сапронозное острое инфекционное заболевание с аспирационным механизмом передачи возбудителя, протекающее с поражением органов дыхания, часто в форме тяжёлых пневмоний. Источниками при этом служат естественные и искусственные водоёмы, различные системы водопользования, циркулирующие замкнутые водные системы и почва. Это обстоятельство предопределяет актуальность контроля легионелл, поэтому необходим специфичный и быстрый метод диагностики.

Для создания быстрых тестов может использоваться петлевая изотермическая амплификация (loop-mediated isothermal amplification, LAMP). Метод позволяет выявлять ДНК/РНК быстрее и специфичнее ПЦР, не уступая по простоте и экономичности.

Цель работы — разработка набора реагентов для качественного определения ДНК *Legionella pneumophila* в биологическом материале и объектах окружающей среды методом LAMP.

Для амплификации выбрана область гена *atpG*, консервативная для серогрупп *L. pneumophila*. Разработка проводилась на ДНК, выделенной из клинических образцов, количественно охарактеризованных в ПЦР.

Новый набор реагентов позволяет выявлять ДНК *L. pneumophila* за 20–25 мин, подходит для скрининга биологического материала и объектов окружающей среды, адаптирован к различному оборудованию («Rotor-Gene Q», ДТ-прайм, CFX96). Предел обнаружения набора реагентов составил 10^3 копий/мл.

РАЗРАБОТКА ПЛАТФОРМЫ ДЕТЕКЦИИ ВИРУСА MAMMARENAVIRUS JUNINENSE НА ОСНОВЕ СИСТЕМЫ CRISPR/Cas12a

Прокопенко Е.С.^{1,2*}, Капитонова М.А.^{1,2}, Шабалина А.В.¹, Дедков В.Г.^{1,3}, Долгова А.С.¹

¹Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

³Институт медицинской паразитологии и тропической медицины имени Е.И. Марциновского, Москва, Россия

Ключевые слова: *M. juninense*, CRISPR/Cas12a

DEVELOPMENT OF MAMMARENAVIRUS JUNINENSE VIRUS DETECTION PLATFORM BASED ON CRISPR/Cas12a SYSTEM

Prokopenko E.S.^{1,2*}, Kapitonova M.A.^{1,2}, Shabalina A.V.¹, Dedkov V.G.^{1,3}, Dolgova A.S.¹

¹Saint-Petersburg Pasteur Institute, Saint Petersburg, Russia

²Saint-Petersburg University, Saint Petersburg, Russia

³Martsinovsky Institute of Medical Parasitology, Tropical and Vector borne Diseases, Moscow, Russia

Keywords: *Mammarenavirus juninense*, CRISPR/Cas12a

***Адрес для корреспонденции:** prokopenko.ekaterina01@mail.ru

Цель: разработка и тестирование платформы детекции вируса *Mammarenavirus juninense* на основе системы CRISPR/Cas12a, совмещённой с реакциями RT-RPA.

Материалы и методы. В качестве мишени выбран консервативный участок гена *L* длиной 161 п.н. Амплификация RT-RPA проводилась при температуре 40°C. Реакция системы CRISPR/Cas12a проводилась с помощью амплификатора

«Bio-Rad CFX96» в течение 40 мин при температуре 40°C, при детекции сигнала в реальном времени.

Результаты. При тестировании платформы на селективность только в образцах, содержащих матрицу вируса *M. juninense*, выявлен статистически значимый рост флуоресцентного сигнала ($\Delta\text{RFU} = 1300 \pm 100$). Для определения предела обнаружения (LOD) проведена реакция CRISPR/Cas12a с различными концентрациями матрицы. Показано, что LOD составил менее 10^2 копий/мкл ($\Delta\text{RFU} = 2000 \pm 200$).

Выводы. Платформа детекции *M. juninense* на основе системы CRISPR/Cas12a является специфическим методом детекции с LOD менее 10^2 копий/мкл.

Работа выполнена при поддержке государственной программы Российской Федерации «Обеспечение химической и биологической безопасности Российской Федерации».

ЭТИОЛОГИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА РЕСПИРАТОРНЫХ ИНФЕКЦИЙ В СЕМЕЙНЫХ ОЧАГАХ

Рублева О.В.*, Николаева С.В., Плоскирева А.А.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: респираторные инфекции, дети, семейные очаги

ETIOLOGIC STRUCTURE OF RESPIRATORY INFECTIONS IN FAMILIES

Rubleva O.V.*, Nikolaeva S.V., Ploskireva A.A.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: respiratory infections, children, families

***Адрес для корреспонденции:** og@rcbd.org

Острые респираторные инфекции (ОРИ) актуальны в связи с распространённостью и значительным экономическим ущербом.

Цель исследования — изучение особенностей заболевания в семейных очагах ОРИ.

Материалы и методы. С 2020 по 2023 г. проанализировано 108 амбулаторных случаев ОРИ в 85 семьях (Москва, Московская область): 83 ребёнка и 17 взрослых. Исследование методом ПЦР мазка из ротоглотки для выявления вирусов (грипп, парагрипп, РС-, сезонный корона-, адено-, рино-, метапневмо-, бокавирус) и бактерий (*Streptococcus pneumoniae* (пневмококк), *Chlamydophila pneumoniae*, *Mycoplasma pneumoniae*). В 2023 г. к исследованию добавили экспресс-тест ИМБИАН SARS-CoV-2 Ag ИХА.

Результаты. Выявлено (%): пневмококк — 75, аденовирус — 4,8, риновирус — 22,6, грипп типа А H1N1 — 9,6, коронавирус NL63 (сезонный) — 9,6, метапневмовирус — 8, РС-вирус — 8, *M. pneumoniae*, *S. pneumoniae* и SARS-CoV-2, вызывающий COVID-19, — по 1,6. Форма тяжести заболевания (%): легкая: до 1 года — 25; 1–3 года — 4; 4–7 лет — 2,6; старше 7 лет — 0; взрослые — 0; среднетяжёлая: до 1 года — 50; 1–3 года — 88; 4–7 лет — 84,6; старше 7 лет — 91; взрослые — 94; тяжёлая: до 1 года — 25; 1–3 года — 8; 4–7 лет — 12,8; старше 7 лет — 9; взрослые — 6. Первым заболевшим в семье в 55,5% случаев был ребёнок, пришедший на консультацию, в 25,9% — сибсы, родители — 18,6%.

Выводы. В семейных очагах чаще выявляли риновирус, грипп типа А и сезонный коронавирус. Заболевание протекает в среднетяжёлой форме вне зависимости от возраста. Преобладание пневмококка можно расценивать как носительство, что требует дальнейшего изучения.

ДИАГНОСТИЧЕСКОЕ ЗНАЧЕНИЕ ОПРЕДЕЛЕНИЯ АНТИТЕЛ IGA ПРИ КЛЕЩЕВОЙ ПЯТНИСТОЙ ЛИХОРАДКЕ

Смирнова Н.С., Ганчева П.Г., Кондратьев А.В., Грумов Д.А., Пантюхина А.Н., Костарной А.В.*

Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почётного академика Н.Ф. Гамалеи, Москва, Россия

Ключевые слова: ИФА, клещевые инфекции, риккетсиоз

DIAGNOSTIC VALUE OF IG A ANTIBODY MEASURING IN TICK-BORN SPOTTED FEVER

Smirnova N.S., Gancheva P.G., Kondratyev A.V., Grumov D.A., Pantyukhina A.N., Kostarnoy A.V.*

N.F. Gamaleya National Research Center for Epidemiology and Microbiology, Moscow, Russia

Keywords: ELISA, tick-borne infections, rickettsiosis

*Адрес для корреспонденции: kostarnoy@yandex.ru

Симптомы клещевых пятнистых лихорадок сходны с симптомами вирусных инфекций, при этом тактика лечения вирусных и бактериальных инфекций кардинально отличается; в связи с этим лабораторная диагностика риккетсиозов имеет важное значение. Для диагностики клещевых пятнистых лихорадок используют метод ИФА, основанный на определении наличия в крови специфических IgM.

Цель работы — изучить диагностическую значимость определения специфических IgA при острых риккетсиозах.

Материалы и методы. Методом ИФА на наличие специфических IgM и IgA были исследованы сыворотки крови пациентов с диагнозом «астраханская риккетсиозная лихорадка», собранные в период с мая по октябрь 2019 г. на территории Астраханской области.

Результаты и обсуждение. Всего было исследовано 185 сывороток крови. При анализе образцов было выявлено 76 IgA-положительных образцов (41,1%), 86 IgM-положительных образцов (46,5%), в том числе 39 IgA/IgM-положительных образцов (21,1%). Полученные данные свидетельствуют о том, что определение только IgM позволяет серологически подтвердить диагноз только в 46,5% случаев, тогда как определение как IgM, так и IgA позволяет увеличить этот показатель на 20% (до 66,5%), повысив выявляемость острых риккетсиозов.

Выводы. В совокупности наши данные показали высокую диагностическую значимость определения специфических IgA при клещевой пятнистой лихорадке.

РАСПРОСТРАНЁННОСТЬ КАРБАПЕНЕМАЗ БАКТЕРИЙ, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ ПАЦИЕНТОВ С КОЛОПРОКТОЛОГИЧЕСКИМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ

Спивак М.В.*, Чистякова Д.А., Шафикова А.А., Лягина И.А., Мелкумян А.Р.

Национальный медицинский исследовательский центр колопроктологии имени А.Н. Рыжих, Москва, Россия

Ключевые слова: *карбапенемазы, микробиота*

PREVALENCE OF CARBAPENEMASES IN BACTERIA ISOLATED FROM PATIENTS WITH COLOPROCTOLOGICAL DISEASES

Spivak M.V.*, Chistiakova D.A., Shafikova A.A., Lyagina I.A., Melkumyan A.R.

Ryzhikh National Medical Research Center of Coloproctology, Moscow, Russia

Keywords: *carbapenemases, microbiota*

***Адрес для корреспонденции:** spivak_mv@gnck.ru

Цель исследования: изучить распространённость карбапенемаз бактерий, выделенных у пациентов колопроктологического профиля.

Материалы и методы. Исследование выполнено в Референс-центре в рамках ГЗ № 123022700053-9 «Изучение распространения и механизмов возникновения резистентности у клинически значимых анаэробных микроорганизмов к антимикробным препаратам с формированием коллекции штаммов микроорганизмов и разработкой молекулярной тест-системы, позволяющей обнаруживать маркёры резистентности к антимикробным препаратам».

Проведено тестирование 200 штаммов бактерий на наличие генов OXA-48, NDM, VIM, KPC, IMP, среди них: *Escherichia coli* — 100, *Klebsiella pneumoniae* — 45, *Proteus mirabilis* — 30, *Morganella morganii* — 8, *Enterobacter cloacae* — 4, *Proteus vulgaris* — 3, *Citrobacter freundii* — 1, *Proteus penneri* — 1, *Pseudomonas aeruginosa* — 16, *Ralstonia pickettii* — 1.

Результаты. Гены OXA-48 выявлены у *K. pneumoniae* (28%), *E. coli* (17%) и *P. mirabilis* (13,3%). Гены NDM — у *K. pneumoniae* (20%), *P. mirabilis* (23,3%), *E. coli* (16%), *M. morganii* (37,5%), *E. cloacae* (25%) и 1 штамма *R. pickettii*. Ген VIM выявлен у 13,3% *K. pneumoniae*, 3,3% *P. mirabilis*, 5% *E. coli*, гены KPC и IMP — у *K. pneumoniae* (17,8 и 13,3% соответственно), *E. coli* (11 и 5% соответственно), *M. morganii* (12,5 и 12,5% соответственно), *P. mirabilis* (10,0 и 6,7% соответственно). У 14,3% *P. aeruginosa* обнаружены гены KPC.

Выводы. Наличие карбапенемаз в составе кишечной микробиоты способствует распространению резистентности к антибактериальным препаратам.

ПЕРСИСТЕНЦИЯ SARS-CoV-2 У ПАЦИЕНТОВ С ИНФЕКЦИОННЫМ ЭНДОКАРДИТОМ И COVID-19

Твердохлебова Д.К.^{1*}, Петрова О.В.^{1,2}

¹Федеральный центр сердечно-сосудистой хирургии, Астрахань, Россия

²Астраханский государственный медицинский университет, Астрахань, Россия

Ключевые слова: новая коронавирусная инфекция, инфекционный эндокардит, персистенция, вирус

PERSISTENCE OF SARS-CoV-2 IN PATIENTS WITH INFECTIVE ENDOCARDITIS AND COVID-19

Tverdokhlebova D.K.^{1*}, Petrova O.V.^{1,2}

¹Federal Center of Cardiovascular Surgery, Astrakhan, Russia

²Astrakhan State Medical University, Astrakhan, Russia

Keywords: New coronavirus infection, infective endocarditis, persistence, virus

*Адрес для корреспонденции: fcssh@astra-cardio.ru

В литературе описана длительная персистенция SARS-CoV-2 у пациентов с онкопатологией (от 3 до 8 мес), приводящая к неблагоприятному исходу.

Цель: изучить длительность персистенции SARS-CoV-2 у пациентов с инфекционным эндокардитом (ИЭ) и COVID-19.

Материалы и методы. В наблюдении 3 пациента (мужчины) с диагнозом острого ИЭ и COVID-19, средний возраст составил 51,67 года. РНК коронавируса SARS-CoV-2 в биологическом материале пациентов выявляли в периопе-

рациональном периоде методом обратной транскрипции и полимеразной цепной реакции (ПЦР) в режиме реального времени на термоциклере «Bio-Rad 1000» для амплификации нуклеиновых кислот («Bio-Rad»).

Результаты. При поступлении в стационар состояние пациентов тяжёлое, обусловлено ИЭ, собран эпидемиологический анамнез; проведены термометрия и оксиметрия; произведено взятие биологического материала для ПЦР-исследования на COVID-19. Результаты ПЦР — положительные.

Проводили терапию COVID-19 и ИЭ, однако результаты ПЦР оставались положительными: у 1-го пациента — в течение 7 дней, у 2-го — 12 дней, у 3-го — 35 дней. Учитывая тяжесть пациентов, были проведены экстренные операции клапанной коррекции: у 1-го пациента — на 2-е сутки, у 2-го — на 3-и сутки, у 3-го — на 1-е сутки. Послеоперационный период у 1-го и 2-го пациента протекал без осложнений, пациенты переведены в ковидный госпиталь для лечения COVID-19. У 3-го пациента послеоперационный период осложнился пневмонией, имел неблагоприятный исход.

Таким образом, длительность персистенции SARS-CoV-2 у пациентов с ИЭ, ассоциированным с COVID-19, составила 7–35 дней, длительная персистенция вируса (более 12 дней) указывает на неблагоприятный исход лечения.

РАЗРАБОТКА КОМПЛЕКТА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ ЭКСТРАКЦИИ ДНК ГРИБОВ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ЛИТИКАЗЫ

Трофимова С.С.*, Ливадина Е.В., Черкашина А.С.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: литиказа, грибы, *Candida*, ДНК, ПЦР

DEVELOPMENT OF A REAGENT KIT FOR DNA EXTRACTION OF FUNGI USING LYTICASE

Trofimova S.S.*, Livadina E.V., Cherkashina A.S.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *lyticase, fungi, Candida, DNA, PCR*

***Адрес для корреспонденции:** sotnikova_ss@cmd.su

Структура клеточной стенки грибов представляет собой сложную многослойную структуру, содержащую гликопротеины, глюканы и хитин. Такое строение клеточной стенки усложняет процесс её разрушения классическими лизирующими реактивами, и это существенно снижает количество извлекаемой из грибов ДНК. Эффективным способом разрушения клеточной стенки грибов

является замораживание биоматериала в жидком азоте с последующей механической обработкой, но этот процесс трудозатратный и практически не поддается автоматизации. В данной работе было исследовано влияние фермента литиказы на эффективность выделения и очистки ДНК из грибов. Литиказа — рекомбинантный фермент, полученный в клетках *Escherichia coli*, который обладает способностью эффективно гидролизовать клеточную стенку различных грибов.

Цель исследования: оценка перспективности использования литиказы при выделении ДНК грибов.

Материалы и методы. Тестирование проводилось на положительных по *Candida albicans* мазках из влагалища. Образцы были разделены на тестируемую и контрольную группы. Тестируемые образцы инкубировали совместно с литиказой в течение 20 мин при 37°C, а затем прогревали в течение 10 мин при 95°C для инактивации фермента. Последующие этапы проводились по стандартному протоколу выделения набора «ДНК-сорб-АМ» («Амплисенс»). Контрольные образцы не обрабатывались литиказой. Эффективность экстракции ДНК определяли в ПЦР.

Результаты. Клинические образцы, предварительно обработанные литиказой, показали более высокую эффективность экстракции.

ИССЛЕДОВАНИЕ СПЕКТРА И ЧАСТОТЫ ВСТРЕЧАЕМОСТИ ГАПЛОТИПОВ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ ГЕНОВ *GC*, *VDR*, *RXR* У ЛИЦ, БОЛЬНЫХ ТУБЕРКУЛЁЗОМ ЛЁГКИХ

Тхоренко Б.А.*, Мейер А.В., Холодов А.А., Лавряшина М.Б.

Кемеровский государственный медицинский университет, Кемерово, Россия

Ключевые слова: гены, гаплотипы, полиморфизмы, система витамина D, туберкулёз лёгких

STUDY OF THE SPECTRUM AND FREQUENCY OF OCCUPATIONAL HAPLOTYPES OF POLYMORPHIC VARIANTS OF THE *GC*, *VDR*, *RXR* GENES IN PATIENTS WITH PULMONARY TUBERCULOSIS

Tkhorenko B.A.*, Meyer A.V., Kholodov A.A., Lavryashina M.B.

Kemerovo State Medical University, Kemerovo, Russia

Keywords: genes, haplotypes, polymorphisms, vitamin D system, pulmonary tuberculosis

*Адрес для корреспонденции: tba2008@mail.ru

Цель работы — исследование спектра и частоты встречаемости гаплотипов полиморфных вариантов генов *GC*, *VDR*, *RXRA*, *RXRG* у пациентов с туберкулёзом лёгких (ТБ).

Материалы и методы. Исследованы биологические образцы пациентов с ТБ и лиц популяционного контроля — русские Сибири (Кемерово). Суммарный

объем выборки — 246 человек. ДНК выделяли методом фенол-хлороформной экстракции, генотипирование проводили ПЦР в реальном времени. Панель полиморфных вариантов генов включала: *GC* (rs7041, rs4588, rs3755967), *VDR* (rs1544410, rs7968585, rs731236, rs2228570, rs3847987, rs7975232), *RXRA* (rs9409929, rs3132299, rs877954), *RXRG* (rs2651860, rs283696). Обработку первичных материалов проводили при помощи ресурса SNPstat.

Результаты и обсуждение. По исследованной панели генов транспорта (*GC* — Group-Specific Component) и рецепции (*VDR* — vitamin D receptor, *RXR* — retinoid X receptor) витамина D частыми оказались гаплотипы: *GC*^{*}(CGC) — 60% при ТБ и 56% в контроле; *VDR*^{*}(CCAACC) — 10% при ТБ и *VDR*^{*}(CCGGCC) — 20% в контроле; *RXR*^{*}(GGGAC) — 20% при ТБ и 25% в контроле.

С повышенным риском развития ТБ оказались связаны гаплотипы: *GC*^{*}(CTT), *GC*^{*}(CTC), *VDR*^{*}(TTGGAA), *VDR*^{*}(CCAAAC). Защитным эффектом обладал гаплотип *GC*^{*}(ATT).

Материал подготовлен за счёт средств гранта Российского научного фонда № 22-25-20209, <https://rscf.ru/project/22-25-20209> и Министерства науки и высшего образования Кузбасса.

ВЛИЯНИЕ ГЕНОТИПА HBV И АЛЛЕЛЕЙ ГЕНОВ HLA НА ИСХОД ВИРУСНОГО ГЕПАТИТА В

Чанышев М.Д.^{1*}, Власенко Н.В.¹, Глущенко А.Г.^{1,2}, Макашова В.В.¹, Кузин С.Н.¹, Хафизов К.Ф.¹

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Московский физико-технический институт, Москва, Россия

Ключевые слова: *HBV*, *HLA*, цирроз, ГЦК

THE INFLUENCE OF HBV GENOTYPE AND HLA ALLELES ON THE OUTCOME OF VIRAL HEPATITIS B

Chanyshev M.D.^{1*}, Vlasenko N.V.¹, Glushchenko A.G.^{1,2}, Makashova V.V.¹, Kuzin S.N.¹, Khafizov K.F.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Moscow Institute of Physics and Technology, Moscow, Russia

Keywords: *HBV*, *HLA*, cirrhosis, HCC

*Адрес для корреспонденции: chanish@mail.ru

Вирусный гепатит В остаётся актуальной проблемой для здравоохранения как в России, так и во всём мире. По данным литературы, на его исходы, такие

как цирроз печени (ЦП) и гепатоцеллюлярная карцинома (ГЦК), могут оказывать влияние как генотип самого вируса гепатита В (ВГВ), так и генетические факторы.

Цель исследования: определение геновариантов ВГВ и аллелей генов *HLA*, потенциально связанных с развитием ЦП и ГЦК.

Материалы и методы. В клиническое исследование было включено 149 пациентов с диагнозом «вирусный гепатит В» (28 с ЦП, 14 с ГЦК). При помощи разработанных нами NGS-панелей были типированы аллели *HLA-A/B/C/DPB1/DQB1/DRB1* и определены геномы ВГВ в 109 образцах с достаточной вирусной нагрузкой.

Результаты. Нами был обнаружен ряд мутаций в геноме ВГВ, потенциально связанных с риском развития ЦП и ГЦК. В числе прочих *111C>A* и *1023T>A* (референс X02763) обнаруживались чаще у пациентов с ЦП. Также описанная в литературе мутация в *S*-гене *P120T* чаще встречалась у пациентов с ЦП. Повышенная частота ГЦК была ассоциирована с нуклеотидными заменами *373C>T*, *773A>C* (*S*-белок S207R), *918T>A* (RT D263E). Аллель *DQB1*03:01:01* была связана с высоким риском ЦП (OR = 2,20). Гаплотипы *A*69:01:01-DQB1*05:01:01* (OR = 4,78) и *DPB1*04:02:01-DRB1*10:01:01* (OR = 23,2) были ассоциированы с высоким риском ГЦК.

Заключение. Полученные данные об ассоциации мутаций ВГВ и аллелей генов *HLA* с ЦП и ГЦК указывают на целесообразность продолжения исследований в этом направлении.

НИР за счёт гранта ЦНИИЭ (ЕГИСУ НИОКТР №124021200041-3).

ПРЕИМУЩЕСТВО МУЛЬТИПЛЕКСНОГО НАБОРА ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ РАЗЛИЧНЫХ ТИПОВ ВИРУСА ГЕРПЕСА МЕТОДОМ ПЦР

Чуликова А.Н.*

АО «ЭКОлаб», Москва, Россия

Ключевые слова: ПЦР, мультиплексный набор, вирус герпеса

ADVANTAGE OF MULTIPLEX KIT FOR DETECTION OF DIFFERENT TYPES OF HERPES VIRUS BY PCR METHOD

Chulikova A.N.*

JSC «EKOlab» Moscow, Russia

Keywords: PCR, multiplex kit, herpes virus

*Адрес для корреспонденции: leto84@bk.ru

В связи со схожими клиническими проявлениями заболеваний герпесвирусной природы необходимо проведение дифференциальной диагностики. Для этого диагностические лаборатории используют различные тест-системы,

имеющие свои преимущества и недостатки.

Цель работы — сравнить тест-системы для определения одного вида вируса герпеса с мультиплексными тест-системами и проанализировать их преимущества и недостатки.

Материалы и методы. Проанализированы трудозатраты и результаты работы коммерческих тест-систем для выявления одного анализита и мультиплексной системы, выявляющей вирусы герпеса 4, 5, 6-го типов.

Результаты. Существующие коммерческие ПЦР-наборы в основном направлены на определение только одного анализита. Это гарантирует отсутствие конкуренции по каналам флюоресценции и уменьшает риск ложноотрицательных результатов. При этом увеличиваются трудозатраты диагностических лабораторий как финансово, так и по времени. Для оптимизации работы лабораторий разработчиками ПЦР-тестов предлагаются мультиплексные наборы, включающие определение нескольких анализитов в одном образце. Так, в исследуемом мультиплексном наборе есть возможность определения одновременно вирусов 4, 5 и 6-го типов. При сравнении полученных результатов анализа одного и того же образца от разных тест-систем не обнаружено значимых различий ни по уровню пороговых значений C_t , ни по уровню разгорания флюоресцентного сигнала. При этом использование мультиплексного набора позволяет сократить временные и финансовые трудозатраты.

Выводы. Мультиплексные системы имеют ряд преимуществ, но требуют тщательной разработки для сохранения качества.

МЕТОДИКА ОПРЕДЕЛЕНИЯ ФЕРМЕНТАТИВНОЙ АКТИВНОСТИ

Шеметова А.Ф.*, Черкашин Е.А.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: фермент, полимеразы, ферментативная активность

THE METHOD OF DETERMINING ENZYMATIC ACTIVITY

Shemetova A.F.*, Cherkashin E.A.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: enzyme, polymerase, enzymatic activity

***Адрес для корреспонденции:** shemetova@cmd.su

ДНК-зависимая ДНК-полимераза — это фермент, катализирующий синтез новой цепи ДНК на матрице ДНК. В основе многих методов молекулярной биологии лежит использование полимеразной цепной реакции (ПЦР). Стандарт-

ный фермент, используемый в ПЦР, — Taq-полимераза. При получении новых ферментов необходимо охарактеризовать их по активности. В настоящее время известным способом измерения активности является метод радиоактивных изотопов. Наша методика является нерадиоактивной.

Цель исследования — создание инструмента для возможности более детализированного описания характеристик ферментов, что повысит возможность более эффективно и продуктивно работать с ними.

Материалы и методы. В качестве объектов исследования были использованы рекомбинантные ферменты производства ЦНИИ Эпидемиологии. В качестве стандарта были использованы коммерческие ферменты компаний «NEB» и «Promega». В качестве термостатируемого флуориметра использовали амплификатор в реальном времени «CFX96» («BioRad»). Методом анализа и подбора олигонуклеотида и зонда нужной структуры и характеристик были подобраны подходящие условия реакции. Активности можно измерять как в одной пробирке, так и по отдельности. В процессе работы была проведена корреляция между данными ПЦР и данными измеренных активностей, которые оказались сопоставимыми.

Результаты. При тестировании нескольких лотов полимеразы по нашей методике и в ПЦР-наборе «АмплиСенс ОКИ бакто-скрин-FL» наблюдалась корреляция между результатами — чем выше полимеразная активность, тем эффективнее проходит ПЦР. Также при тестировании методикой определения ферментативной активности мы выяснили, что её чувствительность выше ПЦР — изменение работы фермента мы можем наблюдать, увеличив её концентрацию в 0,2 раза, в то время как в ПЦР даёт нам видение изменения работы фермента только при его увеличении в 2 раза.

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ САЛЬМОНЕЛЛ: ПОИСК СВЯЗЕЙ И ОПРЕДЕЛЕНИЕ СЕРОВАРИАНТОВ

Эрдынеев С.В.^{1*}, Миронова Л.В.¹, Федотова И.С.¹, Хунхеева Ж.Ю.¹,
Пономарева А.С.¹, Арефьева Н.А.¹, Распопина Л.А.², Рудевич О.Г.², Давидчук К.Ю.²

¹Иркутский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора,
Иркутск, Россия

²Иркутская областная инфекционная клиническая больница, Иркутск, Россия

Ключевые слова: *филогенетический анализ, сальмонеллы, сероварианты*

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF SALMONELLA: SEARCH FOR CONNECTIONS AND DETERMINATION OF SEROVARIANETS

Erdynееv S.V.^{1*}, Mironova L.V.¹, Fedotova I.S.¹, Khunkheeva Zh.Yu.¹, Ponomareva A.S.¹,
Aref'eva N.A.¹, Raspopina L.A.², Rudevich O.G.², Davidchuk K.Yu.²

¹Irkutsk Research Anti-Plague Institute of Siberia and Far East, Irkutsk, Russian

²Irkutsk Regional Infectious Clinical Hospital, Irkutsk, Russian

Keywords: *phylogenetic analysis, Salmonella, serovariants*

*Адрес для корреспонденции: orry230@yandex.ru

Цель: проанализировать филогенетические связи сальмонелл, выделенных от людей в случаях sporadic заболееваемости в Иркутской области с ноября 2023 г. по январь 2024 г.

Материалы и методы. Филогенетический анализ 32 штаммов *Salmonella enterica* серовариантов Enteritidis ($n = 18$), Typhimurium ($n = 4$), Bredeney ($n = 3$), Muenchen ($n = 2$), Bovismorbificans ($n = 1$), серогрупп В ($n = 1$) и С ($n = 3$) проводили в пайплайне PhaME, используя геном *S. typhimurium* LT2 (ASM694v2) в качестве референса. Штаммы изолированы от пациентов Иркутской ОИКБ. Молекулярно-генетические исследования культур проводили на базе Иркутского противочумного института.

Результаты и обсуждение. Филогенетическое дерево включало 5 клад сальмонелл: Enteritidis, Typhimurium, Bredeney, Muenchen и Bovismorbificans, и 2 отдельные ветви из штаммов серогруппы С. Клады Enteritidis, Typhimurium и Muenchen состояли из соответствующих штаммов серовариантов. Однако в кладе Bredeney обнаружили штамм *S.* серогруппы В, а в Bovismorbificans — штамм *S.* серогруппы С.

Заключение. Анализ позволил выявить связи между различными штаммами сальмонелл и серовариантами, подчёркивая важность подобного анализа.

Молекулярная диагностика в генетике мультифакторных заболеваний

АССОЦИАЦИЯ ГЕНОТИПА rs699-AA ГЕНА AGT С ГИПЕРХОЛЕСТЕРИНЕМИЕЙ У ДЕТЕЙ С ОЖИРЕНИЕМ

Бевз А.С.^{1,2}, Бокова Т.А.^{1,2*}, Дрибноходова О.П.³, Миронов К.О.³

¹Московский областной научно-исследовательский клинический институт имени М.Ф. Владимирского, Москва, Россия

²Российский национальный исследовательский медицинский университет имени Н.И. Пирогова, Москва, Россия

³Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: ожирение, дети, полиморфизм

ASSOCIATION OF THE rs699-AA GENOTYPE IN AGT GENE WITH HYPERCHOLESTEROLEMIA IN OBESE CHILDREN

Bevz A.S.^{1,2}, Bokova T.A.^{1,2*}, Dribnokhodova O.P.³, Mironov K.O.³

¹Moscow Regional Research and Clinical Institute, Moscow, Russia

²N.I. Pirogov Russian National Research Medical University, Moscow, Russia

³Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: obesity, children, polymorphism

*Адрес для корреспонденции: bta2304@mail.ru

Отмечается рост заболеваемости ожирением и обусловленной генетически коморбидной патологии у детей России.

Цель. Установить связь генотипов rs699 гена AGT с гиперхолестеринемией (ГХ) у детей с ожирением.

Материалы и методы. Обследовано 84 детей 5–17 лет с экзогенно-конституциональным ожирением (SDS ИМТ $\geq +2,0$). Выделены группы в зависимости от уровня общего холестерина: I ($n = 71$) — норма, II ($n = 13$) — ГХ ($\geq 5,2$ ммоль/л). Образцы ДНК выделены с помощью набора «РИБО-преп», генотипированы методом ПЦР в режиме реального времени. Статистическая обработка — «IBM SPSS Statistics 26.0».

Результаты. Частота генотипов, содержащих аллель G, — 71,4%: GG — 30,9%, AG — 40,5%. Генотипы, содержащие аллель G, в I группе встречались чаще, чем во II: 76 и 46,2%, а генотип AA — во II группе: 28,6 и 53,8% соответ-

ственно. Выявлена ассоциация генотипа AA с ГХ (ОШ = 3,71; 95% ДИ 1,10–12,54; $p = 0,036$).

Выводы. Установлена ассоциация генотипа rs699-AA с ГХ у детей с ожирением. Носители минорного аллеля относятся к группе риска по раннему развитию атерогенных осложнений. Определение генотипов полиморфизма может использоваться в комплексном обследовании детей с ожирением для персонализированного подхода к лечебно-профилактическим мероприятиям.

РАЗРАБОТКА ПРОГНОСТИЧЕСКОЙ МОДЕЛИ РАЗВИТИЯ РАКА ШЕЙКИ МАТКИ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ФАКТОРОВ

Винокуров М.А.*, Миронов К.О., Акимкин В.Г.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: рак шейки матки, генетический полиморфизм, вирус папилломы человека

DEVELOPMENT OF A PREDICTIVE MODEL THE PROGRESSION OF CERVICAL CANCER USING GENETIC FACTORS

Vinokurov M.A.*, Mironov K.O., Akimkin V.G.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: cervical cancer, genetic polymorphism, human papillomavirus

***Адрес для корреспонденции:** vinokurov@cmd.su

Актуальность. Доказанным канцерогенным фактором рака шейки матки (РШМ) является инфицирование вирусом папилломы человека высокого канцерогенного риска (ВПЧ ВКР). При этом у ВПЧ-положительных женщин частота РШМ составляет всего 0,015%, что позволяет предполагать о генетической предрасположенности к данной патологии.

Цель исследования — разработка математической модели для прогноза трансформации плоскоклеточного эпителия шейки матки у ВПЧ-инфицированных женщин с использованием генетических факторов.

Материалы и методы. Для модели использованы данные о типе ВПЧ ВКР, результаты цитологического исследования и данные о генотипах полиморфизмов rs55986091 (*HLA-DQB1*), rs2516448 (*MICA*) и rs9271898 (*HLA-DQA1*) у 150 ВПЧ-положительных женщин, 50 женщин с лёгкой степенью дисплазии (LSIL) и 150 женщин с дисплазией высокой степени (HSIL). Для прогноза использован математический алгоритм градиентного бустинга.

Результаты. Разработанная модель предсказывает вероятность развития тяжёлой степени дисплазии у ВПЧ-положительных женщин без патологии

с точностью 83%. При прогнозировании развития HSIL у женщин с LSIL точность составила 62%.

Выводы. Разработанный метод прогнозирования предполагается использовать в комплексной диагностике предрасположенных лиц при проведении мероприятий вторичной профилактики и в перспективе для принятия решения о тактике ведения пациенток.

АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ФАКТОРОВ РИСКА РАЗВИТИЯ ЦИРРОЗА ПЕЧЕНИ И ГЕПАТОЦЕЛЛЮЛЯРНОЙ КАРЦИНОМЫ У БОЛЬНЫХ ХРОНИЧЕСКИМ ГЕПАТИТОМ С

Гапонова И.И.*, Миронов К.О., Омарова Х.Г., Макашова В.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: *хронический гепатит С, цирроз печени, гепатоцеллюлярная карцинома*

GENETIC RISK ANALYSIS OF LIVER CIRRHOSIS AND HEPATOCELLULAR CARCINOMA IN PATIENTS WITH CHRONIC HEPATITIS C

Gaponova I.I.*, Mironov K.O., Omarova H.G., Makashova V.V.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *chronic hepatitis C, liver cirrhosis, hepatocellular carcinoma*

*Адрес для корреспонденции: gaponova@cmd.su

Хронический гепатит С (ХГС) является социально значимым заболеванием, приводящим к развитию цирроза печени (ЦП) и гепатоцеллюлярной карциномы (ГЦК).

Цель исследования — определение аллелей, ассоциированных с развитием ЦП и ГЦК, у больных ХГС.

Определены аллели полиморфизмов rs2290351 (*AP3S2*), rs886277 (*TRM5*), rs2878771 (*AQP2*) и rs4290029 (*DEGS1*), которые, по данным литературы, ассоциированы с особенностями течения вирусных гепатитов.

В исследование включены 126 больных, из них 63 с ХГС без ЦП, 34 — ХГС с ЦП, 29 — ХГС с ЦП и ГЦК. Частоты редких аллелей в группах составили: rs2290351-А — 21%, rs886277-С — 40%, rs2878771-С — 17% и rs4290029-С — 14%; rs2290351-А — 24%, rs886277-С — 37%, rs2878771-С — 24% и rs4290029-С — 12%; rs2290351-А — 29%, rs886277-С — 53%, rs2878771-С — 14% и rs4290029-С — 7% соответственно. Частота редкого аллеля rs4290029-С в европейской популяции (CEU), представленной в базе данных www.ensembl.org, равная 19%, отличалась от частоты редкого аллеля в трех группах и при этом наблюдалось значимое

отличие в группе ХГС без ЦП по сравнению с группой ХГС и ХГС с ЦП. Для статистического подтверждения найденных отличий в частотах аллелей планируется увеличение выборок ЦП и ГЦК. Запланировано сопоставление полученных данных с клиническими параметрами (пол, возраст, биохимические и вирусологические показатели), а также с данными о генотипировании пациентов с гепатитами другой этиологии.

ИССЛЕДОВАНИЕ ЭТНОТЕРРИТОРИАЛЬНЫХ ОСОБЕННОСТЕЙ ЧАСТОТ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ ГЕНОВ ФЕРМЕНТОВ БИОТРАНСФОРМАЦИИ КСЕНОБИОТИКОВ

Имекина Д.О.^{1*}, Ульянова М.В.¹, Минин А.В.², Соболева О.А.³, Лавряшина М.Б.¹

¹Кемеровский государственный медицинский университет, Кемерово, Россия

²Кемеровский государственный университет, Кемерово, Россия

³Федеральный исследовательский центр угля и углехимии СО РАН, Кемерово, Россия

Ключевые слова: биотрансформация ксенобиотиков, популяция, Сибирь

INVESTIGATION OF ETHNOTERRITORIAL FEATURES OF THE FREQUENCIES OF POLYMORPHIC VARIANTS OF GENES OF XENOBIOTIC BIOTRANSFORMATION ENZYMES

Imekina D.O.^{1*}, Uyanova M.V.¹, Minin A.V.², Soboleva O.A.³, Lavryashina M.B.¹

¹Kemerovo State Medical University, Kemerovo, Russia

²Kemerovo State University, Kemerovo, Russia

³Federal Research Center for Coal and Coal Chemistry, Kemerovo, Russia

Keywords: *biotransformation of xenobiotics, population, Siberia*

***Адрес для корреспонденции:** dolinina_1993@mail.ru

Целью исследования стало изучение генов биотрансформации ксенобиотиков *CYP1A1* rs1048943, *GSTP1* rs1695, *GSTP1* rs1138272 в локальных популяциях Сибири.

Материалы и методы. Исследованы популяции Кемеровской области — Кузбасса (русские, шорцы), Республики Тыва (тувинцы), Республики Алтай и Алтайского края (алтай-кижи, теленгиты, кумандинцы, тубалары, челканцы). Суммарный объём выборки — 1297 человек. Генотипирование осуществляли методом ПЦР Real-time.

Результаты и обсуждение. Исследование характера распределения полиморфных вариантов исследованных генов выявило тенденцию к увеличению частот missense variant в популяциях коренных народов в сравнении с пришлым населением (русские Кемеровской области). Частоты аллелей *CYP1A1**G

и *GSTP1* rs1138272*Т у русских составили 0,094 и 0,093 соответственно, максимальными частотами характеризуются теленгиты (0,459 и 0,373) и алтай-кижи (0,494 и 0,351). По гену *GSTP1* rs1695 частота аллеля G в популяциях коренных народов оказалась близкой к частоте, характерной для русских.

Выводы. Выявлена специфика популяционно-генетической структуры коренных народов Сибири по генам *CYP1A1* rs1048943 и *GSTP1* rs1138272.

АНАЛИЗ ПРОФИЛЯ МЕТИЛИРОВАНИЯ ДНК СРЕДИ ПАЦИЕНТОВ С ИШЕМИЧЕСКИМ ИНСУЛЬТОМ

Кипень В.Н.^{1*}, Буракова А.А.¹, Добыш О.И.¹, Зотова О.В.², Булгак А.Г.³, Лемеш В.А.¹

¹Институт генетики и цитологии, Минск, Республика Беларусь

²Республиканский научно-практический центр «Кардиология», Минск, Республика Беларусь

³Белорусская медицинская академия последипломного образования, Минск, Республика Беларусь

Ключевые слова: метилирование, ДНК, ишемический инсульт

ANALYSIS OF DNA METHYLATION PROFILE AMONG PATIENTS WITH ISCHEMIC STROKE

Kipen V.N.^{1*}, Burakova A.A.¹, Dobysh O.I.¹, Zotova O.V.², Bulgak A.G.³, Lemesh V.A.¹

¹Institute of Genetics and Cytology, Minsk, Belarus

²Republican Scientific and Practical Centre Cardiology, Minsk, Belarus

³Belarusian Medical Academy of Postgraduate Education, Minsk, Belarus

Keywords: methylation, DNA, ischemic stroke

*Адрес для корреспонденции: v.kipen@igc.by

Цель исследования — оценить уровень метилирования ряда CpG-динуклеотидов для пациентов с ишемическим инсультом (ИМ).

Материалы и методы. Материалом для исследования служили образцы ДНК индивидов с ИМ ($n = 36$) и индивидов без заболеваний в анамнезе (здоровые (Зд), $n = 32$). Дана оценка профиля метилирования для CpG-динуклеотидов cg03488097, cg19743406 и cg08224066. Бисульфитную конверсию ДНК проводили с использованием «MethylEdge Bisulfite Conversion System Kit», реакцию секвенирования — с использованием «SNaPshot Kit», электрофоретическую детекцию — с использованием генетического анализатора «ABI PRISM 3500» и программного обеспечения «GeneMapper[®] 5.0». Для анализа вклада каждого CpG-динуклеотида в дифференциацию групп друг относительно друга проведён ROC-анализ в SPSS.

Результаты и обсуждение. Для группы Зд для cg03488097 диапазон значений составил 36,84–71,02%, для cg19743406 — 48,97–79,27%, для cg08224066 —

62,17–94,74%. Для группы ИМ для cg03488097 диапазон значений составил 29,47–63,69%, для cg19743406 — 55,20–83,32%, для cg08224066 — 55,05–96,65%. Результаты одновыборочного критерия Колмогорова–Смирнова подтвердили предположение о нормальности распределения для всех CpG-динуклеотидов. Для дифференциации групп Зд и ИМ наилучшими предикторами оказались cg19743406 (AUC = 0,669; $p = 0,017$) и cg08224066 (AUC = 0,772; $p = 0,002$).

Выводы. Показано, что метилирование ДНК как динамичный процесс задействовано также в механизмах, прямо или опосредованно влияющих на вероятность развития ишемических состояний.

Источник финансирования: Проект БРФФИ № M21-114 «Оценка риска развития ишемических состояний на основании анализа прижизненной модификации профиля метилирования ДНК», 2021–2023 гг., Минск, Республика Беларусь

ФАРМАКОГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ КАРДИОТОКСИЧЕСКИХ ЭФФЕКТОВ СРЕДИ ПАЦИЕНТОВ С РАКОМ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ

Кипень В.Н.^{1*}, Добыш О.И.¹, Королева Т.С.², Ковш Е.В.², Лемеш В.А.¹

¹Институт генетики и цитологии, Минск, Республика Беларусь

²Республиканский научно-практический центр «Кардиология», Минск, Республика Беларусь

Ключевые слова: кардиотоксичность, генотипирование, рак молочной железы

PHARMACOGENETIC FEATURES OF CARDIOTOXIC EFFECTS AMONG PATIENTS WITH BREAST CANCER

Kipen V.N.^{1*}, Dobysh O.I.¹, Koroleva T.S.², Kovsh E.V.², Lemesh V.A.¹

¹Institute of Genetics and Cytology, Minsk, Belarus

²Republican Scientific and Practical Centre Cardiology, Minsk, Belarus

Keywords: cardiotoxicity, genotyping, breast cancer

*Адрес для корреспонденции: v.kipen@igc.by

Цель исследования — охарактеризовать совокупное аллельное разнообразие для полиморфизмов (SNP) rs2235035, rs17205838, rs2740574 и rs1799853 в зависимости от наличия/отсутствия осложнений со стороны сердечно-сосудистой системы (ССС) среди пациентов с раком молочной железы (РМЖ), получающих комплексное противоопухолевое лечение химиотерапевтическими средствами.

Материалы и методы. В основную группу исследования вошли 50 пациентов с первично-операбельным РМЖ I–II стадии, на фоне проведения неoadъювантной и/или адъювантной полихимиотерапии с применением лекарственных средств антрациклинового и таксанового ряда. Диагноз РМЖ был подтвержден

гистологически. Для генотипирования использована технология, основанная на конкурентной аллель-специфической ПЦР (KASP, kompetitive allele specific PCR, «LGC Biosearch Technologies»). Статистический анализ был проведён с использованием программы «SPSS v. 20.0» («IBM»).

Результаты и обсуждение. Для 34% пациентов с РМЖ в исследуемой выборке было отмечено наличие кардиотоксических эффектов при проведении комплексного противоопухолевого лечения химиотерапевтическими средствами антрациклинового и таксанового ряда: были отмечены кардиомиопатия, артериальная гипертензия, миокардит, перикардит, фиброз, нарушение сердечного ритма. С повышенной вероятностью развития кардиотоксических эффектов был ассоциирован rs17205838. Частота распространённости аллеля С для rs17205838 в подгруппе пациентов с РМЖ с кардиотоксическими эффектами составила 28%, в подгруппе без кардиотоксических эффектов — 16% ($p = 0,095$).

Выводы. Полиморфизм rs17205838 ассоциирован с наличием осложнений со стороны ССС в ответ на проводимую химиотерапию среди пациентов с РМЖ на уровне тенденции. Проводятся дальнейшие исследования.

Источник финансирования: Проект БРФФИ №М22-071 «Фармакогенетические особенности кардиотоксических эффектов при проведении комплексного противоопухолевого лечения химиотерапевтическими средствами антрациклинового и таксанового ряда», 2022–2024 гг., Минск, Республика Беларусь.

ПОЛИМОРФИЗМЫ rs241429 И rs2740574 АССОЦИИРОВАНЫ С ПОКАЗАТЕЛЯМИ RECIST ДЛЯ ПАЦИЕНТОВ С РАКОМ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ

Кипень В.Н.^{1*}, Добыш О.И.¹, Ходоронок Е.И.², Расолько Е.А.², Хоров А.О.², Лемеш В.А.¹

¹Институт генетики и цитологии, Минск, Республика Беларусь

²Республиканский научно-практический центр онкологии и медицинской радиологии имени Н.Н. Александрова, Минск, Республика Беларусь

Ключевые слова: химиочувствительность, генотипирование, рак молочной железы

rs241429 AND rs2740574 POLYMORPHISMS ARE ASSOCIATED WITH RECIST SCORE IN PATIENTS WITH BREAST CANCER

Kipen V.N.^{1*}, Dobysh O.I.¹, Khodoronok E.I.², Rasolko E.A.², Khorau A.O.², Lemesh V.A.¹

¹Institute of Genetics and Cytology, Minsk, Belarus

²N.N. Alexandrov National Cancer Centre of Belarus, Minsk, Belarus

Keywords: chemosensitivity, genotyping, breast cancer

*Адрес для корреспонденции: v.kipen@igc.by

Цель исследования — оценить роль полиморфных вариантов ряда генов, ассоциированных с метаболизмом лекарственных средств, в формировании противоопухолевого ответа на неоадьювантную полихимиотерапию (НПХТ) при раке молочной железы (РМЖ).

Материалы и методы. Материалом для молекулярно-генетических исследований являлась венозная кровь 120 пациентов с клинически верифицированным диагнозом «злокачественное новообразование молочной железы» (МКБ-10 С.50). Для генотипирования полиморфизмов rs241430, rs241429, rs1056836, rs776746, rs12248560, rs4244285 была использована технология, основанная на конкурентной аллель-специфической ПЦР (KASP, kompetitive allele specific PCR, «LGC Biosearch Technologies»). Концентрация ДНК для всех образцов была стандартизирована до 20 нг/мкл. Статистический анализ проводился с использованием «SPSS v. 20.0» («IBM»). Для нахождения различий между номинальными показателями использовали метод χ^2 .

Результаты и обсуждение. При анализе критериев оценки ответа солидных опухолей (RECIST) в зависимости от результатов генотипирования выявлены следующие ассоциации: для rs241429 при наличии генотипа AA прогрессирование отмечалось у 23,3% пациентов (28/120), в то время как стабилизация/регресс — у 8,3% пациентов (10/120), $p = 0,039$; для rs2740574 при наличии генотипа СТ прогрессирование отмечалось у 22,5% пациентов (27/120), в то время как стабилизация/регресс — у 5,0% пациентов (6/120), $p = 0,021$.

Выводы. Полиморфизмы генов *TAP2* и *CYP3A4* могут рассматриваться в качестве потенциальных генетических маркеров при оценке противоопухолевого ответа на НПХТ при РМЖ. Проводятся дальнейшие исследования.

Источник финансирования: проект «Роль полиморфных вариантов ряда генов, ассоциированных с метаболизмом лекарственных средств, в формировании противоопухолевого ответа на НПХТ при раке молочной железы», 2021–2023 гг., ГПНИ «Биотехнологии-2», подпрограмма 3.2 «Геномика, эпигеномика, биоинформатика», Минск, Республика Беларусь.

АССОЦИАЦИЯ ГЕНОТИПА rs699-AA ГЕНА AGT С МАРКЕРОМ СТРЕССОРНОЙ КАРДИОМИОПАТИИ ПРИ ФИЗИЧЕСКОЙ НАГРУЗКЕ У ДЕТЕЙ

Королева Ю.В.^{1*}, Бокова Т.А.^{1,2}, Дрибноходова О.П.³, Миронов К.О.³

¹Московский областной научно-исследовательский клинический институт имени М.Ф. Владимирского, Москва, Россия

²Российский национальный исследовательский медицинский университет имени Н.И. Пирогова, Москва, Россия

³Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: стрессорная кардиомиопатия, дети, полиморфизм

ASSOCIATION OF THE rs699-AA GENOTYPE (AGT) WITH STRESS CARDIOMYOPATHY DURING EXERCISE IN CHILDREN

Koroleva Yu.V.^{1*}, Bokova T.A.^{1,2}, Dribnokhodova O.P.³, Mironov K.O.³

¹Moscow Regional Research and Clinical Institute, Moscow, Russia

²Russian National Research Medical University, Moscow, Russia

³Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: stressful cardiomyopathy, children, polymorphism

*Адрес для корреспонденции: kordoc00@mail.ru

Стрессорная кардиомиопатия развивается при несоответствии длительности и силы физической нагрузки и адаптации и является потенциальным предиктором внезапной смерти.

Цель — установить связь генотипов rs699 гена AGT с биохимическим маркером стрессорной кардиомиопатии — лактатдегидрогеназой (ЛДГ).

Материалы и методы. Обследовано 100 детей-спортсменов 7–17 лет. Выделены группы: I группа ($n = 68$) — ЛДГ в норме, II группа ($n = 32$) — ЛДГ повышена. Образцы ДНК выделены набором «РИБО-преп» и генотипированы методом ПЦР в реальном времени.

Результаты. Частота генотипов, содержащих аллель G, составила 76%: GG — 24% и AG — 52%. Генотипы, содержащие аллель G, в I группе встречались чаще, чем во II группе ЛДГ: 89,7 и 10,3%, а генотип AA — во II группе: 46,8 и 53,2% соответственно. Выявлена ассоциация генотипа AA с повышенным уровнем ЛДГ ($p = 0,044$).

Выводы. Генотип rs699-AA гена AGT ассоциирован с повышением ЛДГ и может рассматриваться как предиктор риска по формированию стрессорной кардиомиопатии. Определение генотипов rs699 у детей-спортсменов позволит оптимизировать тренировочный процесс.

МОДЕЛЬ ПРЕДСКАЗАНИЯ БИОЛОГИЧЕСКОГО ВОЗРАСТА ПО УРОВНЮ МЕТИЛИРОВАНИЯ ДНК В КЛЕТКАХ КРОВИ

Корчагин В.И.*, Поздышева Е.А., Животова В.А., Миронов К.О.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: метилирование, эпигенетический возраст, пиросеквенирование

THE AGE DETERMINATION MODEL BASED ON DNA-METHYLATION LEVELS IN BLOOD CELLS

Korchagin V.I.*, Pozdysheva E.A., Zhivotova V.A., Mironov K.O.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: methylation, epigenetic age, pyrosequencing

*Адрес для корреспонденции: korchagin@cmd.su

Существуют различные методики определения биологического возраста, среди которых определение эпигенетических возрастных изменений признано самым точным.

Целью исследования являлась разработка модели определения биологического возраста на основании анализа уровня метилирования ДНК в клетках крови с использованием методики пиросеквенирования.

В качестве исходных данных для модели были использованы результаты определения уровня метилирования 6 CpG-локусов в генах *FHL2*, *TRIM59*, *KLF14*, *C1orf132* и *ELOVL2* в 94 образцах ДНК, выделенных из крови лиц в возрасте 10–80 лет. Для анализа метилирования проводили бисульфитную конверсию, ПЦР и пиросеквенирование с использованием реагентов и оборудования производства ЦНИИ Эпидемиологии и «Qiagen». Модель линейной регрессии тренировали в программе Weka (версия 3.8.5) с 10-кратной кросс-валидацией и отбором параметров в соответствии с критерием Akaike. Поскольку уровень метилирования большинства генов линейно возрастал или убывал у лиц в диапазоне 10–50 лет и не различался в возрасте 60–80 лет, то в расчётах модели использовали выборку от 10 до 50 лет (60 человек). Ген *TRIM59* по результатам тестирования был исключён из модели как малоинформативный. Коэффициент корреляции полученной модели линейной регрессии составил 0,968. Таким образом, анализ уровня метилирования 5 локусов можно использовать для расчёта биологического возраста индивида в диапазоне 10–50 лет с высокой достоверностью.

ВКЛАД ПОЛИМОРФНЫХ ЛОКУСОВ ГЕНОВ ДЛИННЫХ НЕКОДИРУЮЩИХ РНК В РАЗВИТИЕ ХРОНИЧЕСКОЙ ОБСТРУКТИВНОЙ БОЛЕЗНИ ЛЁГКИХ

Маркелов В.А., Ахмадишина Л.З., Ларкина А.П., Насибуллин Т.Р., Корицина Г.Ф.*

Уфимский федеральный исследовательский центр РАН, Уфа, Россия

Ключевые слова: хроническая обструктивная болезнь лёгких, длинные некодирующие РНК, полиморфизм

CONTRIBUTION OF LONG NON-CODING RNA GENES POLYMORPHIC LOCI TO CHRONIC OBSTRUCTIVE PULMONARY DISEASE

Markelov V.A., Akhmadishina L.Z., Larkina A.P., Nasibullin T.R., Korytina G.F.*

Ufa Federal Research Centre, Ufa, Russia

Keywords: COPD, long non-coding RNAs, polymorphism

*Адрес для корреспонденции: guly_kory@mail.ru

Хроническая обструктивная болезнь лёгких (ХОБЛ) — многофакторное заболевание дыхательной системы, поражающее лёгочную паренхиму и респираторные пути. Некодирующие РНК (днРНК) — активные участники эпигенетической регуляции различных внутриклеточных сигнальных путей, являются наиболее актуальным предметом исследований различных патологий.

Цель настоящего исследования заключалась в выявлении ассоциации полиморфных локусов генов днРНК с ХОБЛ. В группах больных ХОБЛ ($n = 703$) и контроля ($n = 655$) проведён анализ полиморфных локусов генов *H19* (rs3741219), *MEG3* (rs7158663), *MALAT1* (rs619586), *Linc00305* (rs2850711), *Linc00261* (rs6048205), *CDKN2B-AS1* (rs4977574), *Linc02227* (rs2149954) методом ПЦР в реальном времени. Ассоциации с развитием ХОБЛ были установлены для генов *H19* (rs3741219) ($p = 0,023$; OR = 0,74), *MEG3* (rs7158663) ($p = 0,00001$; OR = 0,57), *Linc02227* (rs2149954) ($p = 0,014$; OR = 0,62), *CDKN2B-AS1* (rs4977574) ($p = 0,022$; OR = 0,73). Установлена ассоциация генов днРНК с показателями функции внешнего дыхания. Полученные результаты подтверждают гипотезу о роли в молекулярном патогенезе ХОБЛ регуляторных днРНК, вовлечённых в широкий круг сигнальных каскадов, связанных с клеточным старением.

Исследование поддержано грантом Российского научного фонда № 23-25-00019.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ БАКТЕРИАЛЬНОЙ ДНК В ТРОМБАХ, ИЗВЛЕЧЁННЫХ ПРИ ИШЕМИЧЕСКОМ ИНСУЛЬТЕ

Миронов К.О.^{1*}, Гапонова И.И.¹, Корчагин В.И.¹, Куликова Н.Г.¹, Кривошеева Н.М.²,
Комарова А.Г.², Плоскирева А.А.¹, Малеев В.В.¹

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

²Городская клиническая больница имени С.П. Боткина, Москва, Россия

Ключевые слова: ишемический инсульт, бактериальная инфекция, 16S рРНК, RDP Classifier

DETERMINATION THE BACTERIAL DNA IN ISCHEMIC STROKE CLOTS

Mironov K.O.^{1*}, Gaponova I.I.¹, Korchagin V.I.¹, Kulikova N.G.¹, Krivosheeva N.M.²,
Komarova A.G.², Ploskireva A.A.¹, Maleev V.V.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²S.P. Botkin City Clinical Hospital, Moscow, Russia

Keywords: ischemic stroke, bacterial infection, 16S rRNA, RDP Classifier

*Адрес для корреспонденции: mironov@pcr.ru

Цель исследования — определение таксономической принадлежности образцов бактериальной ДНК, выделенной из тромбов, полученных при проведении тромбоэкстракции и тромбоспирации у больных ишемическим инсультом. После выделения ДНК из 57 тромбов и 12 образцов крови (контроль) выполнено фрагментное секвенирование генов 16S рРНК с последующей обработкой хроматограмм в пакете BCF и классификацией с помощью RDP Classifier.

Установлена таксономическая принадлежность бактериальной ДНК в 43 образцах. В образцах тромбов представлены таксоны *Actinobacteria* и *Firmicutes*, при этом в тромбах преобладали *Firmicutes*, а в крови — *Proteobacteria*. Обнаружение в тромбах фрагментов ДНК порядков *Actinomycetales*, *Bacillales* и *Clostridiales* позволяет предположить, что эти микроорганизмы могут проникать через повреждённый эпителиальный барьер кишечника, и в условиях повреждения эндотелия способствовать агрегации тромбоцитов и образованию тромбов, что в свою очередь является одним из факторов риска развития ишемического инсульта.

СОЧЕТАНИЯ ПОЛИМОРФНЫХ ДНК-МАРКЕРОВ ГЕНОВ ФЕРМЕНТОВ АНТИОКСИДАНТНОЙ СИСТЕМЫ И РЕНИН-АНГИОТЕНЗИН-АЛЬДОСТЕРОНОВОЙ СИСТЕМЫ КАК ИНФОРМАТИВНЫЕ ПРЕДИКТОРЫ ИНФАРКТА МИОКАРДА

Насибуллин Т.Р.*, Тимашева Я.Р., Эрдман В.В., Туктарова И.А., Корытина Г.Ф.

Уфимский федеральный исследовательский центр РАН, Уфа, Россия

Ключевые слова: инфаркт миокарда, полиморфные ДНК-маркеры

COMBINATIONS OF POLYMORPHIC DNA MARKERS OF GENES OF ENZYMES ANTIOXIDANT SYSTEM AND RENIN-ANGIOTENSIN-ALDOSTERONE SYSTEM AS INFORMATIVE PREDICTORS OF MYOCARDIAL INFARCTION

Nasibullin T.R.*, Timasheva Ya.R., Erdman V.V., Tuktarova I.A., Korytina G.F.

Ufa Federal Research Center of the Russian Academy of Sciences, Ufa, Russia

Keywords: myocardial infarction, polymorphic DNA markers

*Адрес для корреспонденции: nasibullintr@yandex.ru

Цель настоящего исследования — анализ ассоциаций с инфарктом миокарда (ИМ) сочетаний полиморфных маркеров генов ренин-ангиотезиновой системы (rs4762*AGT, rs2368564*REN, rs4343*ACE, rs5186*AGTR1, rs1800875*MA1, rs1799998*CYP11B2, rs2285666*ACE2, rs1403543*AGTR2) и генов антиоксидантной защиты (rs662*PON1, rs7493*PON2, rs1001179*CAT, rs1695*GSTP1, rs1009874*MSRA)

Материалом для исследования были ДНК 360 мужчин, перенёсших ИМ в возрасте 30–60 лет, и 280 мужчин контрольной группы.

Поиск сочетаний, ассоциированных с ИМ осуществлялся с использованием метода Монте-Карло Марковскими цепями и байесовской непараметрической статистики (APSampler). В качестве поправки на множественность сравнений применялся пермутационный тест. Критериями отбора выявленных сочетаний были $P_{\text{perm}} < 0,01$, $OR > 4$.

В результате проведённого исследования выявлены сочетания аллелей, ассоциированные с высоким риском развития ИМ — GSTP1*G/G+PON1*G/A ($P_{\text{perm}} = 1,66 \times 10^{-5}$; $OR = 8,11$; 95% ДИ 2,44–26,92), GSTP1*G+AGTR1*C/C ($P_{\text{perm}} = 0,0012$; $OR = 13,87$; 95% ДИ 1,83–104,86), PON2*G+GSTP1*G+MSRA*C/C ($P_{\text{perm}} = 0,0066$; $OR = 11,39$; 95% ДИ 1,49–87,14).

Выявленные сочетания аллелей и генотипов могут служить основой для создания теста по идентификации лиц с высоким риском ИМ и последующей разработке эффективных методов его профилактики.

Работа поддержана Российским научным фондом (грант № 24-25-00179).

АССОЦИАЦИЯ ВАРИАНТОВ *MTHFR* A1298C И *MTHFR* C677T В АНАЛИЗЕ ВЕРОЯТНОСТИ ПРИВЫЧНОГО НЕВЫНАШИВАНИЯ БЕРЕМЕННОСТИ У ЖЕНЩИН

Перевезенцев О.А.^{1, 2*}, Мамедов И.С.¹, Крапивкин А.И.¹

¹Научно-практический центр специализированной медицинской помощи детям имени В.Ф. Войно-Ясенецкого, Москва, Россия

²Ростовский государственный медицинский университет, Ростов-на-Дону, Россия

Ключевые слова: гены фолатного цикла, фетоплацентарная недостаточность

ASSOCIATION OF *MTHFR* A1298C AND *MTHFR* C677T VARIANTS IN THE ANALYSIS OF THE PROBABILITY OF RECURRENT MISCARRIAGE IN WOMEN

Perevezentsev O.A.^{1, 2*}, Mamedov I.S.¹, Krapivkin A.I.¹

¹Scientific and Practical Center for Specialized Care for Children named after V.F. Voyno-Yasenetsky, Moscow, Russia

²Rostov State Medical University, Rostov-on-Don, Russia

Keywords: folate cycle genes, feto-placental insufficiency

*Адрес для корреспонденции: pzpо@mail.ru

Одной из проблем в современной медицине является привычное невынашивание беременности (ПНБ). Ключевой причиной ПНБ является развитие нарушений в системе метаболизма фолатного цикла, приводящих к гипергомоцистеинемии и нарушению маточно-плацентарного кровотока, с развитием фетоплацентарной недостаточности.

Целью данной работы является изучение ассоциации генетических вариантов *C677T* и *A1298C* в гене *MTHFR* с наследственной предрасположенностью к развитию ПНБ у женщин.

Материалы и методы. Был проведён молекулярно-генетический анализ методом ПЦР в реальном времени у 152 беременных пациентов-женщин с ПНБ и около 130 здоровых беременных пациенток контрольной группы.

Результаты. При анализе соотношения генотипа ТТ варианта *MTHFR* *C677T* между группой пациенток с ПНБ и контрольной было получено значение $OR = 2,9$ (95% ДИ 2,0–4,2; $p < 0,0001$), генотипа СС варианта *MTHFR* *A1298C* $OR = 2,3$ (95% ДИ 1,8–3,5). При анализе сочетания вариантов ТТ *MTHFR* *C677T* и СС *MTHFR* *A1298C* было получено значение $OR = 5,7$ (95% ДИ 5,3–12,0).

Выводы. Таким образом, нами показана связь этиопатогенеза ПНБ с генетическими вариантами *MTHFR*, поэтому молекулярно-генетическое тестирование пациенток, планирующих беременность, позволяет оценивать риск развития данной патологии.

ЭПИГЕНЕТИЧЕСКОЕ СТАРЕНИЕ ЖЕНЩИН С БЕСПЛОДИЕМ

Поздышева Е.А.^{1*}, Корчагин В.И.¹, Миронов К.О.¹, Огнева Д.А.², Румянцева Т.А.²

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Клиника Фомина, Москва, Россия

Ключевые слова: метилирование ДНК, эпигенетика, бесплодие

EPIGENETIC AGING WOMEN WITH INFERTILITY

Pozdysheva E.A.^{1*}, Korchagin V.I.¹, Mironov K.O.¹, Ogneva D.A.², Rumyantseva T.A.²

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Fomin Clinic, Moscow, Russia

Keywords: methylation DNA, epigenetic, infertility

*Адрес для корреспонденции: ead82@mail.ru

В связи с растущим уровнем возрастного бесплодия возникает интерес к выявлению женщин с разницей хронологического и биологического возраста с целью получения дополнительной информации о сроках фертильности.

Цель исследования — определение биологического возраста на основании уровня метилирования ДНК и поиск ассоциаций между биологическим старением, бесплодием и исходами применения вспомогательных репродуктивных технологий (ВРТ).

Исследовано 64 образца ДНК от женщин в возрасте 24–39 лет (медиана 34 года). Выборка включала здоровых женщин ($n = 7$); женщин с диагнозом «бесплодие», не участвовавших в программах ВРТ ($n = 16$); и женщин, имеющих в анамнезе экстракорпоральное оплодотворение ($n = 41$). Определён уровень метилирования CpG локусов генов *FHL2*, *KLF14*, *C1orf132* и *ELOVL2* с использованием реагентов производства ЦНИИ Эпидемиологии и «Qiagen». Средний биологический возраст составил 33,5 года; 33% женщины имели предсказанный возраст выше хронологического на 1–5 лет. Выборка была проанализирована на наличие ассоциаций ускоренного биологического старения со сниженным овариальным резервом (уровень антимюллерового гормона выше 1,2 нг/мл), использованием ВРТ и результатами экстракорпорального оплодотворения. Статистически значимых ассоциаций не обнаружено, в то же время все женщины с биологическим возрастом выше хронологического на 3 года и более имели диагноз «бесплодие» и ВРТ в анамнезе. Можно предположить, что ускорение биологического старения, измеренное данной методикой, является предиктором снижения репродуктивной способности, характерной для старшего возраста.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ УРОВНЯ ЭКСПРЕССИИ И АЛЛЕЛЕЙ ОДНОНУКЛЕОТИДНЫХ ПОЛИМОРФИЗМОВ ГЕНОВ ТОЛЛ-ПОДОБНЫХ РЕЦЕПТОРОВ ПРИ ХРОНИЧЕСКОЙ ОБСТРУКТИВНОЙ БОЛЕЗНИ ЛЁГКИХ

Саламайкина С.А.^{1*}, Корчагин В.И.¹, Карнаушкина М.А.², Миронов К.О.¹

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Российский университет дружбы народов, Москва, Россия

Ключевые слова: хроническая обструктивная болезнь лёгких, TLR, однонуклеотидный полиморфизм, генетика человека

EXPRESSION AND SNP IN TLR GENES ON PATIENTS WITH COPD

Salamaikina S.A.^{1*}, Korchagin V.I.¹, Karnaushkina M.A.², Mironov K.O.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Peoples' Friendship University of Russia, Moscow, Russia

Keywords: COPD, TLR, SNP, human genetics

*Адрес для корреспонденции: salamaykina@cmd.su

Хроническая обструктивная болезнь лёгких (ХОБЛ) характеризуется воспалением, приводящим к разрушению лёгочной ткани, которое опосредовано естественными факторами врождённого иммунитета. Ответ на патогены, проникающие в нижние отделы дыхательных путей, предполагает распознавание молекул возбудителей с помощью Толл-подобных рецепторов (TLR). TLR участвуют в защите от вирусных и бактериальных инфекций которые способствуют развитию и прогрессированию ХОБЛ.

Для образцов биологического материала (цельной крови), полученных от пациентов с диагнозом ХОБЛ ($n = 33$) и контрольной группы ($n = 47$), определяли уровень экспрессии и аллели однонуклеотидных полиморфизмов для генов врождённого иммунитета: *TLR1* (rs5743551), *TLR2* (rs5743708, rs3804100), *TLR4* (rs4986790), *TLR6* (rs5743810) и *TLR8* (rs3764880). Анализ проводили методом ОТ-ПЦР в режиме реального времени. Количественную оценку экспрессии проводили относительно генов *HPRT1* и *SDHA*. Исследуемые выборки достоверно отличались по возрасту ($p = 0,01$). Уровень экспрессии генов *TLR1* и *TLR2* в контрольной группе оказался выше, чем в выборке больных ХОБЛ. Отличий по частотам аллелей между выборками обнаружено не было. Дальнейшие исследования направлены на верификацию полученных данных о связи уровня экспрессии генов TLR с риском развития бронхолёгочных заболеваний в разных возрастных группах.

ТРАНСКРИПТОМНЫЙ АНАЛИЗ ПРИ БОЛЕЗНИ ПАРКИНСОНА

Сломинский П.А.*, Шадрина М.И.

Национальный исследовательский центр «Курчатовский институт», Москва, Россия

Ключевые слова: *болезнь Паркинсона, транскриптом, биомаркер*

TRANSCRIPTOME ANALYSIS FOR PARKINSON'S DISEASE

Slominsky P.A.*, Shadrina M.I.

National Research Center «Kurchatov Institute», Moscow, Russia

Keywords: *Parkinson's disease, transcriptome, biomarker*

***Адрес для корреспонденции:** paslominsky@bk.ru

Сложный характер патогенеза болезни Паркинсона (БП) обусловлен нарушением функционирования различных метаболических систем, которое приводит к недостаточности дофаминергической системы и к выраженным изменениям на уровне транскриптома как в нервной ткани, так и в периферической крови. Проведённый нами транскриптомный анализ токсических моделей БП, основанных на введении различных доз МФТП мышам, и различных выборок пациентов с БП позволил выявить основные метаболические процессы, чётко связанные с патогенезом БП (митохондриальная дисфункция, убиквитинзависимый протеолиз белков). Выявлены и другие процессы, которые могут играть важную роль на разных этапах патогенеза БП (везикулярный транспорт, РНК-сплайсинг и процессы миелинизации, регулирование циркадных ритмов). Совокупный анализ всех полученных данных позволил сформировать панель кандидатных генов, которые могут связаны с патогенезом БП. Детальный анализ уровня мРНК кандидатных генов в периферической крови пациентов с БП позволил выявить целый ряд генов, уровень мРНК которых специфически изменяется у пациентов с БП, находящихся на ранних клинических стадиях заболевания. Полученные данные позволяют предполагать, что эти гены могут рассматриваться как потенциальные биомаркеры для ранней диагностики БП на домоторной стадии.

ИЗУЧЕНИЕ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ РАЗЛИЧИЙ ПЕРВИЧНОЙ ОПУХОЛИ И МЕТАСТАЗОВ ПАПИЛЛЯРНОГО РАКА ЩИТОВИДНОЙ ЖЕЛЕЗЫ

Асанова Э.Р.*, Максимова П.Е., Хабаров О.Р., Зима Д.В., Зяблицкая Е.Ю.

Крымский федеральный университет имени В.И. Вернадского, Симферополь, Россия

Ключевые слова: молекулярная биология опухоли, опухолевая гетерогенность, папиллярный рак щитовидной железы, BRAF, KRAS

STUDYING MOLECULAR GENETIC DIFFERENCES IN PRIMARY TUMOR AND METASTASES OF PAPILLARY THYROID CANCER

Asanova E.R.*, Maksimova P.E., Khabarov O.R., Zima D.V., Zyablitskaya E.Yu.

V.I. Vernadsky Crimean Federal University, Simferopol, Russia

Keywords: molecular biology of tumor, tumor heterogeneity, papillary thyroid cancer, BRAF, KRAS

***Адрес для корреспонденции:** elyabiolog@yandex.ru

Цель — изучить различия мутационного статуса первичной опухоли папиллярной карциномы щитовидной железы и её метастазов в регионарные лимфатические узлы по генам *BRAF*, *KRAS*, *EGFR*.

Материалы и методы. Проанализированы 24 опухолевых FFPE-образца пациентов с метастатическим папиллярным раком щитовидной железы методом аллель-специфичной ПЦР-РВ.

Результаты и обсуждение. Мутации в гене *BRAF* выявлены в 58% (*V600E*) и 42% (*V600K*) первичных опухолей, в 25% (*V600E*) и 17% (*V600K*) метастазов. В гене *KRAS* мутации в первичных опухолях и метастазах обнаружены в 17 и 8% соответственно. Выявлено расхождение мутационного статуса между первичной опухолью и метастазом в генах *BRAF* (41%) и *KRAS* (25%), что свидетельствует о выраженной опухолевой гетерогенности. Также отмечено такое проявление клональной эволюции опухоли, как отсутствие *BRAF*-мутации в метастазах папиллярного рака при ее наличии в первичном очаге. *EGFR*-мутаций не обнаружено.

Работа проводится при финансировании проекта FZEG-2023-0009 «Изучение гетерогенности микроокружения опухоли как фактора ее агрессивности и резистентности к терапии», № 123030700011-4 от 07.03.2023.

СПЕКТР ГЕРМИНАЛЬНЫХ МУТАЦИЙ В ГЕНАХ *BRCA1* И *BRCA2* В МОСКОВСКОМ РЕГИОНЕ

Дрибноходова О.П.*, Бухарина А.Ю., Миронов К.О., Тиванова Е.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: онкогенетика, герминальные мутации, наследственный рак, *BRCA*

THE SPECTRUM OF GERMLINE *BRCA1* AND *BRCA2* MUTATIONS IN THE MOSCOW REGION

Dribnokhodova O.P.*, Bukharina A.Yu., Mironov K.O., Tivanova E.V.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: oncogenetics, germline mutations, hereditary breast and ovarian cancer syndrome, *BRCA*

*Адрес для корреспонденции: dribnokhodova@cmd.su

Мутации в генах *BRCA1* и *BRCA2* ассоциированы с предрасположенностью к раку молочной железы, яичников, поджелудочной железы и предстательной железы. Частота и спектр герминальных мутаций в этих генах имеют географические и популяционные различия.

Целью работы была оценка частот герминальных мутаций в генах *BRCA1* и *BRCA2*, характерных для славянского населения, в Московском регионе.

Определение герминальных мутаций *5382insC*, *4153delA*, *300T>G*, *2080delA* и *185delAG* в *BRCA1* и *6174delT* в *BRCA2* проводили методом пиросеквенирования с использованием набора «АмплиСенс Пироскрин» (форма 9 *BRCA*-скрин) (РУ № ФСР 2012/13246) в образцах геномной ДНК, полученных от лиц, прошедших тестирование на предрасположенность к раку молочной железы и яичников во ЦНИИ Эпидемиологии. Определение мутаций *3819del5* и *3875del4* в *BRCA1* проводили методом ПЦР.

Методом пиросеквенирования проанализировано более 10 000 образцов. Доля образцов с мутациями составила 3,1%. Чаще всего выявляли *5382insC* — 71,6%, далее *300T>G* — 11%, *2080delA* — 9,1%, *4153delA* — 4%, *185delAG* — 3,7%, *6174delT* — 0,6%. На наличие мутаций *3819del5* и *3875del4* протестировано 814 образцов, выявлен 1 образец с *3875del4*.

Определение мутаций в генах *BRCA1* и *BRCA2* позволяет подтвердить диагноз наследственного рака, выявить лиц с высоким риском развития онкологических заболеваний, проводить медико-генетическое консультирование и выбирать тактику лечения пациентов.

РАЗРАБОТКА ТАРГЕТНОЙ ПАНЕЛИ ОЛИГОНУКЛЕОТИДОВ ДЛЯ ОЦЕНКИ СТРУКТУРНЫХ ОСОБЕННОСТЕЙ ГЕНОВ *ALK*, *EGFR*, *ERBB2*, *MET*, СВЯЗАННЫХ С ЭФФЕКТИВНОСТЬЮ ПРИМЕНЕНИЯ ИНГИБИТОРОВ ИММУННЫХ КОНТРОЛЬНЫХ ТОЧЕК У ПАЦИЕНТОВ С НЕМЕЛКОКЛЕТОЧНЫМ РАКОМ ЛЁГКОГО

Епифанова А.В., Бабкин А.В.*, Антонова Е.Н., Кузьмин О.В., Кравцов И.С., Махлай А.А.

НЦ «Сигнал», Москва, Россия

Ключевые слова: *иммунотерапия, немелкоклеточный рак легкого, ингибиторы иммунных контрольных точек, таргетная панель*

DEVELOPMENT OF A TARGETED GENE SEQUENCING PANEL FOR EVALUATING STRUCTURAL FEATURES OF GENES *ALK*, *EGFR*, *ERBB2*, *MET* ASSOCIATED WITH THE EFFICACY OF IMMUNE CHECKPOINT THERAPY IN NON-SMALL CELL LUNG CANCER

Epifanova A.V., Babkin A.V.*, Antonova E.N., Kuzmin O.V., Kravtsov I.S., Makhlay A.A.

SC «Signal», Moscow, Russia

Keywords: *immunotherapy, non-small cell lung cancer, immune checkpoint inhibitors, gene panel*

***Адрес для корреспонденции:** a.babkin@ncsignal.ru

Цель работы — разработка таргетной панели олигонуклеотидов для оценки структурных особенностей генов *ALK*, *EGFR*, *ERBB2*, *MET*, связанных с эффективностью терапии ингибиторами иммунных контрольных точек (ИКТ) у больных немелкоклеточным раком лёгкого, с помощью метода массового параллельного секвенирования.

Материалы и методы. Выделение ДНК из опухолевого материала проводили с использованием набора «QIAamp DNA Mini Kit» («Qiagen»). ДНК-библиотеки готовили с использованием реагентов для таргетного секвенирования Prep&SeqU-targetDNA и Prep&SeqOligos («ParseqLab») в соответствии с протоколом производителя. Массовое параллельное секвенирование выполняли на платформе NextSeq 550 («Illumina»). Биоинформатическую обработку и анализ данных проводили с помощью специализированного программного обеспечения (Minimap2, Samtools, GATK и др.) и баз данных Varsome, OMIM, HGMD и др.

Результаты и обсуждение. В ходе проведённых исследований была разработана таргетная панель олигонуклеотидов, позволяющая проводить массовое параллельное секвенирование целевых областей генов *ALK*, *EGFR*, *ERBB2*, *MET*, ассоциированных, по данным литературы, с эффективностью применения ингибиторов ИКТ. Данная панель была успешно апробирована на когорте пациентов с немелкоклеточным раком лёгкого ($n = 14$). В результате анали-

за у 6 пациентов (43%) были выявлены различные активирующие мутации в гене *EGFR*, наличие которых является противопоказанием для проведения иммунотерапии. У одного пациента был выявлен вариант нуклеотидной последовательности (chr7: 116418969G>A) в экзоне 17 гена *MET*. В связи с этим больному может быть рекомендована терапия ингибиторами тирозинкиназы *MET*, поскольку носители соматических мутаций гена *MET* лучше отвечают на данный вид лечения, чем на терапию ингибиторами ИКТ. Структурных изменений в генах *ALK* и *ERBB2* пациентов обнаружено не было.

Выводы. В результате проведённых исследований предполагается перспективность использования разработанной панели для прогнозирования эффективности применения ингибиторов ИКТ среди пациентов с немелкоклеточным раком лёгкого. Использование в клинической практике персонализированного подхода, основанного на данных о молекулярно-генетических особенностях опухолей пациентов, позволит повысить клиническую эффективность применяемой терапии, уменьшить её стоимость за счёт отказа от заведомо неэффективных препаратов, а также снизить риски развития нежелательных побочных реакций, улучшить качество жизни и увеличить показатели общей выживаемости онкобольных.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИАГНОСТИКА: РЕГИОНАЛЬНЫЙ ОПЫТ РЕСПУБЛИКИ КРЫМ И НОВЫХ ТЕРРИТОРИЙ РОССИИ

Крутиков Е.С., Зяблицкая Е.Ю.*, Макалиш Т.П., Хабаров О.Р.,
Амдиев А.А., Алиев К.А., Сеферов Б.Д.

Крымский федеральный университет имени В.И. Вернадского, Симферополь, Россия

Ключевые слова: молекулярная биология опухоли, лабораторная генетика, диагностика

MOLECULAR GENETIC DIAGNOSTICS: REGIONAL EXPERIENCE OF THE REPUBLIC OF CRIMEA AND NEW TERRITORIES OF RUSSIA

Krutikov E.S., Zyablitskaya E.Yu.*, Makalish T.P., Khabarov O.R., Amdiev A.A., Aliev K.A.,
Seferov B.D.

V.I. Vernadsky Crimean Federal University, Simferopol, Russia

Keywords: molecular biology of tumor, laboratory genetics, diagnostics

*Адрес для корреспонденции: evgu79@mail.ru

Научная лаборатория Медицинского института с 2019 г. включена в программу диагностических исследований для онкослужбы Крыма.

Цель работы: показать опыт выполнения молекулярно-генетической диагностики в регионе.

Использованы методы морфологии, молекулярной биологии и генетики.

Результаты. В 2019–2023 гг. были представлены сведения для тарификации в программе ОМС молекулярно-генетических диагностических услуг (МГД) солидных опухолей и онкогематологических заболеваний по требованиям клинических рекомендаций. Договоры на выполнение МГД заключены с больницами Крыма и Херсонской области на основании рекомендации Минздрава России. Университетские лаборатории регионов имеют большую перспективу по выполнению МГД-услуг. В условиях перегрузки референс-центров, сложной логистики, строгих требований к преаналитике, скорости получения заключений и выдачи пациенту материала для его маршрутизации на лечение, это актуально. Университетские лаборатории оснащены приборами и имеют штат специалистов для лицензий, могут выполнять научные работы по профилю исследований.

Работа проводится при финансировании проектом FZEG-2023-0009 «Изучение гетерогенности микроокружения опухоли как фактора ее агрессивности и резистентности к терапии», № 123030700011-4 от 07.03.2023.

АБЕРРАНТНО ЭКСПРЕССИРУЕМЫЕ микроРНК В РАЗРАБОТКЕ МИШЕНЕЙ ТАРГЕТНОЙ ТЕРАПИИ скПКР

Пронина И.В.*, Лукина С.С., Бурдённый А.М., Логинов В.И.

Научно-исследовательский институт общей патологии и патофизиологии, Москва, Россия

Ключевые слова: скПКР, регуляция экспрессии, микроРНК, онкогены, таргетная терапия

A GROUP OF ABERRANTLY EXPRESSED micrRNAs IN THE DEVELOPMENT OF TARGETED THERAPY FOR ccRCC

Pronina I.V.*, Lukina S.S., Burdennyu A.M., Loginov V.I.

Institute of General Pathology and Pathophysiology, Moscow, Russia

Keywords: ccRCC, expression regulation, microRNA, oncogenes, targeted therapy

***Адрес для корреспонденции:** zolly_sten@mail.ru

Светлоклеточный почечно-клеточный рак (скПКР) имеет агрессивное течение и высокую частоту метастазирования (25–30%).

Целью нашего исследования было определение aberrантно экспрессирующих микроРНК, корреляционное сравнение изменения их экспрессии с изменением экспрессии регулируемых ими мРНК и выбор нескольких пар микроРНК–мРНК, которые могут быть использованы в разработке таргетной терапии скПКР.

80 парных образцов скПКР получены по соглашению с НМИЦ онкологии имени Н.Н. Блохина. Анализ экспрессии проводили методом qRT-PCR. Ста-

статистический анализ проводили с применением точного критерия Фишера. Конкордантность данных по экспрессии оценивали с помощью коэффициента корреляции Спирмена.

Значимое изменение уровней экспрессии показано для 14 микроРНК ($p < 0,01$) и 6 генов-супрессоров рака и онкогенов ($p < 0,001$). При сопоставлении экспрессии микроРНК и мРНК определены пары с отрицательными корреляциями по Спирмену: NKIRAS1 — miR-129-5p ($r_s = -0,63$; $p < 0,001$); CHL1 — miR-129-5p ($r_s = -0,47$; $p < 0,01$); CHL1 — miR-375 ($r_s = -0,41$; $p < 0,05$); RARB(2) — miR-129-5p ($r_s = -0,31$; $p < 0,05$); RHOA — miR-9-5p ($r_s = -0,31$; $p < 0,05$); APAF1 — miR-34a-5p ($r_s = -0,59$; $p < 0,01$); APAF1 — miR-375 ($r_s = -0,39$; $p < 0,05$); BCL2 — miR-193-5p ($r_s = -0,45$; $p < 0,05$).

Выявленные корреляции предполагают прямое связывание микроРНК с соответствующими генами или опосредованное влияние через медиаторы в общих сигнальных путях, что может быть использовано в разработке таргетной терапии скПКР.

Устойчивость к антимикробным препаратам: клиническая практика и пищевая безопасность

РЕЗИСТЕНТНОСТЬ К МАКРОЛИДАМ *MYCOPLASMA GENITALIUM*, ВЫДЕЛЕННЫХ У БЕРЕМЕННЫХ г. СМОЛЕНСКА

Авчинникова Д.А.^{1*}, Покусаева В.Н.¹, Эйдельштейн И.А.²

¹Смоленский государственный медицинский университет, Смоленск, Россия

²Научно-исследовательский институт антимикробной химиотерапии, Смоленск, Россия

Ключевые слова: *Mycoplasma genitalium*, беременность, макролиды, антибиотикорезистентность

RESISTANCE TO MACROLIDES IN *MYCOPLASMA GENITALIUM* ISOLATED FROM PREGNANT WOMEN IN SMOLENSK

Avchinnikova D.A.^{1*}, Pokusaeva V.N.¹, Eidelshtein I.A.²

¹Smolensk State Medical University, Smolensk, Russia

²Institute of Antimicrobial Chemotherapy, Smolensk, Russia

Keywords: *Mycoplasma genitalium*, pregnancy, macrolides, antibiotic resistance

*Адрес для корреспонденции: avch13d@yandex.ru

Актуальность. *Mycoplasma genitalium* (MG) — важный вероятный этиологический агент неблагоприятных акушерских и перинатальных исходов. У беременных показано применение только макролидов, что ставит под сомнение успешность терапии при выявлении у MG маркеров резистентности к макролидам (MP).

Цель: оценка частоты распространения MG, несущих маркеры MP, у беременных.

Материалы и методы. Соскобы из цервикального канала, полученные у беременных ($n = 569$) в женской консультации при 1-й явке и в III триместре в период 01.09.2023–29.02.2024, исследованы в НИИАХ методом ПЦР с помощью наборов реагентов «АмплиПраймNCMT» («НекстБио») для скрининга на MG. Положительные образцы анализировали на наличие маркеров MP методом ПЦР-РВ с эффектом гашения флуоресценции зонда праймером. Для подтверждения замен в V домене 23S рРНК *M. genitalium* проведено секвенирование по Сэнгеру.

Результаты. MG подтверждена у 4 (0,7%) беременных, что говорит о низком уровне инфицирования в данной когорте. Маркеров MP не выявлено.

Вывод. Промежуточные результаты характеризуют Смоленск как сравнительно благополучный регион по частоте устойчивости к макролидам MG среди беременных. Необходимо дальнейшее расширение выборки и динамический контроль за резистентностью MG к макролидам у беременных.

РАЗРАБОТКА ПРЕПАРАТОВ ПРОБИОТИКОВ ПРОТИВ ЛИСТЕРИЙ

Похиленко В.Д., Дунайцев И.А., Батаева Ю.В.*, Сомов А.Н., Борзилов А.И., Текутов А.Р., Перескокова Е.С., Комбарова Т.И., Коробова О.В.

Государственный научный центр прикладной микробиологии и биотехнологии, Оболенск, Россия

Ключевые слова: *листериоз, пробиотики, микрогранулы, Lactobacillus, Enterococcus*

DEVELOPMENT OF PROBIOTIC PREPARATIONS AGAINST LISTERIA

Pokhilenko V.D., Dunaytsev I.A., Bataeva Yu.V.*, Somov A.N., Borzilov A.I., Tekutov A.R., Pereskokova E.S., Kombarova T.I., Korobova O.V.

State Scientific Center for Applied Microbiology and Biotechnology, Obolensk, Russia

Keywords: *listeriosis, probiotics, microgranules, Lactobacillus, Enterococcus*

***Адрес для корреспонденции:** aveatab@mail.ru

Пробиотики — это живые микроорганизмы, которые при введении в адекватных количествах приносят пользу здоровью хозяина. Основу многих препаратов пробиотического действия составляют бактерии родов *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Lactococcus*, *Enterococcus*, реже — *Bacillus*, *Saccharomyces* и *Clostridium butyricum*.

Антимикробное действие пробиотиков обусловлено продукцией молочной, уксусной, пропионовой, масляной кислот, перекиси водорода, углекислого газа, диацетила, реутерина и бактериоцинов, при помощи которых поддерживается микробиом кишечника. Важным критерием отбора пробиотиков является их антагонизм в отношении потенциально опасных микроорганизмов, таких, например, как листерии, вызывающих заражение и порчу мясомолочной продукции. Листерии при попадании в организм человека могут вызывать такие заболевания, как сепсис, менингит и пневмонию. Пероральный прием пробиотиков требует защиты живых клеток от воздействия пищеварительных соков для того, чтобы в нижние отделы кишечника попадало их достаточное количество.

Целью работы было исследование антимикробных свойств некоторых штаммов симбиотических бактерий в лабораторных опытах на мышах, заражённых *Listeria monocytogenes*.

В испытаниях *in vivo* были использованы образцы микрогранул с пробиотическими культурами, отличающиеся видовым разнообразием и концентрацией живых клеток.

Результаты опытов *in vivo* показали, что лучшими вариантами по эффекту против *L. monocytogenes* были штаммы *Lactobacillus paracasei*, *Lb. pentosus*, *Lb. plantarum* и *Enterococcus mundtii*. Исследование новых форм пробиотиков будут продолжены.

Исследования выполнены в рамках отраслевой научно-исследовательской программы Роспотребнадзора.

СТРУКТУРА И ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬ МИКРООРГАНИЗМОВ К АНТИБАКТЕРИАЛЬНЫМ ПРЕПАРАТАМ У ПАЦИЕНТОВ ОТДЕЛЕНИЙ РЕАНИМАЦИИ И ИНТЕНСИВНОЙ ТЕРАПИИ г. СТАВРОПОЛЯ

Батурин В.А.¹, Халаева Е.А.², Подсвинова И.А.², Болатчиев А.Д.^{1*}

¹Ставропольский государственный медицинский университет, Ставрополь, Россия

²Ставропольская краевая клиническая больница, Ставрополь, Россия

Ключевые слова: антибиотикорезистентность, ОРИТ, чувствительность к антибиотикам, антимикробная резистентность

STRUCTURE AND SENSITIVITY OF MICROORGANISMS TO ANTIBACTERIAL DRUGS IN PATIENTS OF RESUSCITATION AND INTENSIVE CARE DEPARTMENTS OF STAVROPOL

Baturin V.A.¹, Khalaeva E.A.², Podsvirova I.A.², Bolatchiev A.D.^{1*}

¹Stavropol State Medical University, Stavropol, Russia

²Stavropol Regional Clinical Hospital, Stavropol, Russia

Keywords: antibiotic resistance, ICU, antibiotic sensitivity, antimicrobial resistance

*Адрес для корреспонденции: bolatalbert@yandex.ru

Был проведён анализ антибактериальной резистентности микроорганизмов в отделениях реанимации и интенсивной терапии (ОРИТ) многопрофильных стационаров г. Ставрополя в период с 2019 по 2022 г. в соответствии с рекомендациями EUCAST. Было выделено бактериальных изолятов: 1669 — из мокроты, 340 — из крови, 443 — из мочи. В составе микроорганизмов доминировали энтеробактерии — *Klebsiella pneumoniae*: из мокроты — 38%, из крови — 42,3%, из мочи — 37,2%. Часто выделялись *Acinetobacter baumannii*: 38,7% (мокрота), 17,9% (кровь) и 5,9% (моча) и *Pseudomonas aeruginosa*: 12% (мокрота), 3,2% (кровь), 10,6% (моча). *K. pneumoniae* были чувствительны

к тигециклину в 57%, *Escherichia coli* — в 65% случаев. *A. baumannii* демонстрировали устойчивость к широкому кругу антибиотиков. Цефоперазон/сульбактам может рассматриваться как один из основных препаратов для лечения инфекций, вызванных *A. baumannii*. Рекомендуемое сочетание — цефоперазон/сульбактам + тигециклин.

АНТИБИОТИКОУСТОЙЧИВОСТЬ bla_{NDM} -ПОЛОЖИТЕЛЬНЫХ ШТАММОВ *ACINETOBACTER BAUMANNII*

Гудуева Е.Н.*, Чемисова О.С., Носков А.К.

Ростовский-на-Дону противочумный институт, Ростов-на-Дону, Россия

Ключевые слова: *антибиотикоустойчивость, Acinetobacter baumannii, NDM металло-β-лактамазы*

ANTIBIOTIC RESISTANCE OF bla_{NDM} -POSITIVE STRAINS OF *ACINETOBACTER BAUMANNII*

Gudueva E.N.*, Chemisova O.S., Noskov A.K.

Rostov-on-Don Antiplague Scientific Research Institute, Rostov-on-Don, Russia

Keywords: *antibiotic resistance, Acinetobacter baumannii, NDM metallo-β-lactamases.*

***Адрес для корреспонденции:** gudueva_en@antiplague.ru

Штаммы *Acinetobacter baumannii* отличаются низкой природной чувствительностью к большинству β-лактамных антибиотиков, включая пенициллины и цефалоспорины, по сравнению с представителями семейства *Enterobacteriaceae*. Высокой гидролитической активностью к карбапенемам, цефалоспорином и аминопеницилинам обладают металло-β-лактамазы.

Цель работы — выявить частоту встречаемости генов металло-β-лактамаз NDM (bla_{NDM}) в популяции клинических штаммов *A. baumannii* на территории Ростовской области и их фенотипическую устойчивость к антибактериальным препаратам.

Материалы и методы. Исследование включало 26 штаммов, выделенных из мокроты пациентов с внебольничными и внутрибольничными пневмониями, от пациентов медицинских организаций Ростова-на-Дону. Чувствительность к антимикробным препаратам определяли диско-диффузионным методом. Полногеномное секвенирование штаммов проведено на платформе «Illumina MiSeq». Поиск генов и полногеномных нуклеотидных последовательностей проводили при помощи программы ResistanceAnalyzer (<http://antiplague.ru/resistanceanalyzer/>).

Результаты и обсуждение. Гены bla_{NDM} обнаружены в 2 (7,7%) штаммах. Данные штаммы обладали фенотипической чувствительностью к ампициллину,

цефотаксиму, цефтриаксону и устойчивостью к имипенему. При этом только один из них был устойчив к меропенему, а другой штамм обладал резистентностью к цефоперазону.

Выводы. Различия в чувствительности штаммов *A. baumannii* с bla_{NDM} к меропинему и цефоперазону можно объяснить мутациями в гене, которые приводят к изменению скорости гидролиза металло- β -лактамазой NDM или к полной инактивации гена.

РАЗРАБОТКА ПРЕПАРАТОВ ДЛЯ АКТИВНОЙ ИММУНИЗАЦИИ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ И ПТИЦЫ ДЛЯ СТРАН БРИКС НА ОСНОВЕ УНИВЕРСАЛЬНОЙ ПЛАТФОРМЫ ИЗ ПРИРОДНЫХ ИММУНОАКТИВНЫХ ЧАСТИЦ

Жемчугов В.Е.*, Васин С.М.

Пензенский государственный университет, Пенза, Россия

Ключевые слова: субъединичные вакцины, мультивалентные вакцины, универсальная вакцинальная платформа, природные иммуноактивные наночастицы

DEVELOPMENT OF MEDICINES FOR FARM ANIMALS AND POULTRY, FOR BRICS COUNTRIES, BASED ON THE UNIVERSAL PLATFORM OF NATURAL IMMUNOACTIVE PARTICLES

Zhemchugov V.E.*, Vasin S.M.

Penza State University, Penza, Russia

Keywords: subunit vaccines, multivalent vaccines, universal vaccine platform, natural immunoactive particles

***Адрес для корреспонденции:** vla-zhemchugov@yandex.ru

Предлагается к внедрению инновационный проект — разработка ветеринарных вакцин, актуальных для стран БРИКС, на основе универсальной платформы из природных иммуноактивных частиц. Большинство стран БРИКС находятся в зоне повышенной изменчивости местных микроорганизмов, патогенных для сельскохозяйственных животных, птицы и человека. Существующие вакцины трудоёмки при выпуске и хранении, опасны в использовании, оставаясь в организме привитого животного и в продуктах, полученных из молочного и мясного сырья, в яйцах кур и других птиц на неопределённо долгое время. Возникающие эпизоотии наносят огромный материальный ущерб странам в которых яйца и птица, другая животноводческая продукция являются важнейшими продуктами питания населения, вносят значительный вклад в бюджеты и экспортный потенциал стран БРИКС.

Нами разработана универсальная иммуноактивная платформа из природных частиц для конструирования субъединичных вакцин (Пат. РФ 2147234), позволяющая в короткий срок создавать препараты для активной иммунизации, актуальные для конкретного временного/сезонного периода, безопасные в производстве, хранении и применении.

Цель работы — создать пул сельскохозяйственных вакцин, актуальных для регионов или стран — заказчиков; на основе запатентованной технологии с использованием природных иммуноактивных частиц создать современные субъединичные ветеринарные вакцины, масштабировать технологии их производства и провести доклинические и клинические исследования полученных опытных серий на соответствующих биопробных целевых сельскохозяйственных животных. Кроме того, обосновать алгоритм конструирования новых мультивалентных вакцин, а также схем их применения для профилактики и лечения бактериальных и вирусных инфекционных заболеваний с/х животных и птицы.

МНОГОЛЕТНИЙ МОНИТОРИНГ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ *M. PNEUMONIAE* К МАКРОЛИДАМ У ПАЦИЕНТОВ ОРГАНИЗОВАННЫХ КОЛЛЕКТИВОВ СМОЛЕНСКА ЗА 2006–2024 гг.

**Корнюшина В.М.^{1*}, Эйдельштейн И.А.², Романов А.В.², Плескачевская Т.А.¹,
Иванова О.В.³**

¹Смоленский государственный медицинский университет, Смоленск, Россия

²Научно-исследовательский институт антимикробной химиотерапии, Смоленск, Россия

³1568 Военный клинический госпиталь, Смоленск, Россия

Ключевые слова: *M. pneumoniae*, ПЦР, мутации, пневмония

LONG-TERM MONITORING OF *M. PNEUMONIAE* SENSITIVITY TO MACROLIDES IN PATIENTS OF ORGANIZED GROUPS IN SMOLENSK IN 2006–2024

Kornyushina V.M.^{1*}, Edelstein I.A.², Romanov A.V.², Pleskachevskaja T.A.¹, Ivanova O.V.³

¹Smolensk State Medical University, Smolensk, Russia

²Institute of Antimicrobial Chemotherapy, Smolensk, Russia

³1568 Military Clinical Hospital, Smolensk, Russia

Keywords: *M. pneumoniae*, PCR, mutations, pneumonia

***Адрес для корреспонденции:** vika.korn.02@yandex.ru

В последние годы увеличилась заболеваемость тяжёлыми формами внебольничных пневмоний (ВП) и инфекциями дыхательных путей, вызванных *Musco-*

plasma pneumoniae (MPN), устойчивой к макролидам. Рост устойчивости связан с нерациональным использованием препаратов и периодами эпидподъема.

Цель — оценить распространённость резистентности *M. pneumoniae* к макролидам у пациентов Смоленска.

Материалы и методы. Образцы ДНК соскобов с задней стенки глотки ($n = 768$) и мокроты ($n = 27$), положительные по результатам первичного скрининга на ДНК MPN, были протестированы на наличие мутаций к макролидам с помощью ПЦР-РВ с эффектом гашения флуоресценции зонда праймером, подтверждение мутаций проводили секвенированием по Сэнгеру. Все результаты опубликованы на платформе AMRcloud.

Результаты. Макролидрезистентные мутации обнаружены в 25,53% случаев (203/795) за всё время исследования. Варианты мутаций по частоте выявления: A2058G (21,01%; 167/203), A2059G (3,52%; 28/203), A2062C (0,25%; 2/203), в том числе наличие в одном образце нескольких типов мутаций, выявленных в период эпидподъема A2058G + A2059G (0,38%, 3/203), A2058G + A2059G + A2062C (0,25%; 2/203), A2059G + A2062C (0,13%; 1/203).

Выводы. Частота мутаций, приводящих к резистентности MPN к макролидам в Смоленске за 2006–2024 гг., составляет 25,53%. Полученные данные подчёркивают значимость данного возбудителя в развитии заболеваний и необходимость дальнейшего изучения механизмов устойчивости и мониторинга.

ПРОФИЛЬ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ ПИЩЕВЫХ ИЗОЛЯТОВ *SALMONELLA ENTERICA*, ВЫДЕЛЕННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ СТРАН ВОСТОЧНОЙ ЕВРОПЫ, ЗАКАВКАЗЬЯ И ЦЕНТРАЛЬНОЙ АЗИИ

Куликова Н.Г.^{1*}, Битюмина Л.А.¹, Михайлова Ю.В.¹, Меликян Л.А.², Мнацаканян Р.Т.², Галстян Л.А.², Довнар Д.А.³, Марейко А.М.³, Сурко Е.С.³, МаксUTOва Г.Т.⁴, Есенова З.А.⁴, Аманкулова Г.Э.⁵, Рысыпаев А.Б.⁵, Джумаканова А.Б.⁵, Мартюшева И.Б.¹, Карпенко А.Е.¹, Манзенюк И.Н.¹, Акимкин В.Г.¹

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Республиканский центр ветеринарно-санитарных и фитосанитарных лабораторных услуг, Ереван, Республика Армения

³Республиканский центр гигиены, эпидемиологии и общественного здоровья, Минск, Республика Беларусь

⁴Национальный центр экспертизы, Астана, Республика Казахстан

⁵Министерство здравоохранения Кыргызской Республики, Бишкек, Кыргызская Республика

Ключевые слова: устойчивость к антибиотикам, сальмонеллы, гены устойчивости

ANTIBIOTIC RESISTANCE PROFILE OF FOODBORNE *SALMONELLA ENTERICA* ISOLATED IN EASTERN EUROPE, TRANSCAUCASIA AND CENTRAL ASIA

Kulikova N.G.^{1*}, Bityumina L.A.¹, Mikhaylova Yu.V.¹, Melikyan L.A.², Mnatsakanyan R.T.², Galstyan L.A.², Dovnar D.A.³, Mareyko A.M.³, Surko E.S.³, Maxutova G.T.⁴, Yessenova Z.A.⁴, Amankulova G.E.⁵, Rysypaev A.B.⁵, Djumakanova A.B.⁵, Martyusheva I.B.¹, Karpenko A.E.¹, Manzeniuk I.N.¹, Akimkin V.G.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Republican Veterinary-Sanitary and Phytosanitary Laboratory Services Center, Yerevan, Armenia

³Republican Center of Hygiene, Epidemiology and Public Health, Minsk, Belarus

⁴National Center of Expertise, Astana, Kazakhstan

⁵Ministry of Health of the Kyrgyz Republic, Bishkek, Kyrgyzstan

Keywords: antibiotic resistance, *Salmonella*, resistance genes

*Адрес для корреспонденции: kulikova_ng@cmd.su

Цель работы — изучение профиля антибиотикорезистентности бактерий *Salmonella enterica*, выделенных из пищевой продукции на территории стран Восточной Европы, Закавказья и Центральной Азии (ВЕЗЦА).

Материалы и методы. Материалом для исследования служили изоляты бактерий пищевого происхождения *Salmonella enterica* ($n = 578$) различных сероваров, выделенных на территории Армении ($n = 81$), Беларуси ($n = 391$), Казахстана ($n = 78$) и Кыргызстана ($n = 28$) в 2018–2022 гг. Идентификация микроорганизмов проводилась методом масс-спектрометрии MALDI-TOF. Фенотипический профиль антибиотикорезистентности культур изучали при помощи бактериологического анализатора «Sensititre»; генотипический профиль резистентности — методом высокопроизводительного секвенирования (NGS) на приборе «Illumina HiSeq1500».

Результаты. Антибиотикограммы изученных сальмонелл показали высокую чувствительность к препаратам выбора — цефалоспорином (79,6%) и фторхинолонам (83,4%), а также препаратам резерва: карбапенемам (96,7%), ампициллину (79,0 %) и аминогликозидам (92,9%). Доля изолятов сальмонелл, резистентных к колистину, составила 21,0%. В результате анализа антибиотикограмм было выявлено 76 изолятов *S. enterica* с множественной лекарственной устойчивостью (МЛУ). В результате NGS-исследований МЛУ сальмонелл были выявлены гены резистентности к аминогликозидам (*aac(3)-Id*, *aac(3)-IIa*, *aac(3)-IIIa*, *aac(6')-Iaa*, *aac(6')-Iic*, *aadA1*, *aadA2*, *aadA7*, *aph(3')-Ia*, *aph(4)-Ia*), фениколам (*catA1*, *catA2*, *cmiA1*), триметоприму (*dfrA1*, *dfrA5*, *dfrA8*, *dfrA12*, *dfrA14*), сульфониламидам (*sul1*, *sul2*, *sul3*), тетрациклинам (*tetA*, *tetB*, *tetD*, *tetM*), бета-лактамам антибиотикам (*blaCMY-2*, *blaCTX-M-14*, *blaTEM-1B*) и макролидам (*ereA*, *ermA*, *mphA*). Генов резистентности к колистину выявлено не было. Анализ мультилокусного

секвенирования (MLST) показал, что доминирующими сиквенс-типами на территории стран ВЕЗЦА стали ST11, ST32, ST34 и ST548.

Закключение. Многолетний мониторинг профилей антибиотикорезистентности сальмонелл пищевого происхождения, выделенных на территории сопредельных государств, показал сохранение их чувствительности к большинству исследованных классов антибиотиков и циркуляцию схожих сиквенс-типов сальмонелл. Полученные результаты могут свидетельствовать об одинаковом спектре антибиотиков, применяющихся в сельскохозяйственной отрасли сопредельных государств.

Работа выполнена в рамках реализации распоряжений Правительства РФ № 185-р от 03.02.2017 и № 3116-р от 21.12.2019.

ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬ К АНТИБАКТЕРИАЛЬНЫМ ПРЕПАРАТАМ ВНУТРИБОЛЬНИЧНЫХ ШТАММОВ БАКТЕРИЙ

Манкевич Р.Н.^{1*}, Ключко Н.Л.²

¹Белорусский государственный медицинский университет, Минск, Республика Беларусь

²Городская детская инфекционная клиническая больница, Минск, Республика Беларусь

Ключевые слова: *внутрибольничные бактерии, антибиотики*

SENSITIVITY TO ANTIBACTERIAL DRUGS OF HOSPITAL STRAINS OF BACTERIA

Mankevich R.N.^{1*}, Klyuiko N.L.²

¹Belarusian State Medical University, Minsk, Belarus

²City Children's Infectious Diseases Clinical Hospital, Minsk, Belarus

Keywords: *nosocomial bacteria, antibiotics*

***Адрес для корреспонденции:** rnmankevich@gmail.com

Отличительная особенность возбудителей инфекций, связанных с медицинской деятельностью (далее — внутрибольничных), — высокая резистентность ко многим антимикробным препаратам.

Цель: оценить чувствительность к антибиотикам внутрибольничных штаммов бактерий.

Материалы и методы. Проведён анализ 481 изолята *Klebsiella pneumoniae* и 794 изолятов *Pseudomonas aeruginosa*, выделенных у детей отделений анестезиологии и реанимации, находившихся на лечении в ГДИКБ г. Минска в 2018–2022 гг. Чувствительность определяли с использованием аппаратов для автоматического учета антибиотикочувствительности «Vitek» и «АТВ Expression» (стрип rapid АТВ Е4; «Биомерье») к колистину, карбапенемам, аминогликозидам.

Результаты и обсуждение. У *K. pneumoniae* высока чувствительность к колистину (за 5 лет — 81%), наблюдается рост чувствительности к имипенему (с 23% в 2020 г. до 54% в 2022 г.) и меропенему (с 31% в 2020 г. до 56% в 2022 г.). Возросла резистентность к гентамицину (с 61% в 2018 г. до 36% в 2020–2021 гг.). Чувствительность к амикацину за изучаемый период одинакова (54%). *P. aeruginosa* к колистину чувствительна в 100%, однако в 2021–2022 гг. зафиксированы устойчивые изоляты (менее 1%). В 2020 г. наблюдалось увеличение резистентности к имипенему (до 50%). Чувствительность к аминогликозидам и меропенему за изучаемый период остается прежней: амикацин (92%), гентамицин (71%), меропенем (69%).

Выводы. *K. pneumoniae* имеет высокую чувствительность к колистину. За изучаемый период наблюдается снижение чувствительности к карбапенемам. *P. aeruginosa* высокочувствительна к колистину и амикацину, а у 1/3 изолятов выявляется резистентность к гентамицину и меропенему.

ИЗУЧЕНИЕ ПРОФИЛЯ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ ПИЩЕВЫХ ИЗОЛЯТОВ *STAPHYLOCOCCUS AUREUS*, ВЫДЕЛЕННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ СТРАН ВЕЗЦА В 2017–2022 гг.

Мартюшева И.Б.^{1*}, Куликова Н.Г.¹, Битюмина Л.А.¹, Михайлова Ю.В.¹, Меликян Л.А.², Мнацаканян Р.Т.², Галстян Л.А.², Довнар Д.А.³, Марейко А.М.³, Сурко Е.С.³, Максимова Г.Т.⁴, Есенова З.А.⁴, Аманкулова Г.Э.⁵, Рысыпаев А.Б.⁵, Джумаканова А.Б.⁵, Каюмова М.У.⁶, Рузиев М.М.⁶, Муминов М.О.⁶, Шеленков А.А.¹, Манзенюк И.Н.¹, Акимкин В.Г.¹

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Республиканский центр ветеринарно-санитарных и фитосанитарных лабораторных услуг, Ереван, Армения

³Республиканский центр гигиены, эпидемиологии и общественного здоровья, Минск, Республика Беларусь

⁴Национальный центр экспертизы, Астана, Республика Казахстан

⁵Министерство здравоохранения Кыргызской Республики, Бишкек, Кыргызская Республика

⁶Таджикский научно-исследовательский институт профилактической медицины, Душанбе, Таджикистан

Ключевые слова: *пищевые патогены, устойчивость к противомикробным препаратам, детерминанты резистентности, ПЦР, полногеномное секвенирование*

STUDYING THE SENSITIVITY PROFILE OF FOOD ISOLATES *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* ISOLATED IN THE TERRITORY OF THE EETCA COUNTRIES IN 2017–2022

Martyusheva I.B.^{1*}, Kulikova N.G.¹, Bityumina L.A.¹, Mikhailova Yu.V.¹, Melikyan L.A.², Mnatsakanyan R.T.², Galstyan L.A.², Dovnar D.A.³, Mareyko A.M.³, Surko E.S.³, Maksutova G.T.⁴, Yesenova Z.A.⁴, Amankulova G.E.⁵, Rysypaev A.B.⁵, Dzhumakanova A.B.⁵, Kayumova M.U.⁶, Ruziev M.M.⁶, Muminov M.O.⁶, Shelenkov A.A.¹, Manzenyuk I.N.¹, Akimkin V.G.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Republican Center for Veterinary-Sanitary and Phytosanitary Laboratory Services, Yerevan, Armenia

³State Institution Republican Center for Hygiene, Epidemiology and Public Health, Minsk, Belarus

⁴National Center of Expertise, Astana, Kazakhstan

⁵Ministry of Health of the Kyrgyz Republic, Bishkek, Kyrgyzstan

⁶State Institution Tajik Research Institute of Preventive Medicine, Dushanbe, Tajikistan

Keywords: *foodborne pathogens, antimicrobial resistance (AMR), resistance determinants, PCR, whole genome sequencing*

Адрес для корреспонденции: martiusheva@cmd.su

Цель исследования: анализ профиля чувствительности *Staphylococcus aureus*, выделенных из пищевой продукции в 2017–2022 гг.

Изучены 211 пищевых изолята *S. aureus*, которые были выделены из различной пищевой продукции на территории Армении, Беларуси, Казахстана, Кыргызстана и Таджикистана в 2017–2022 гг. Идентификация микроорганизмов проводилась методом MALDI-TOF. Фенотипические профили чувствительности культур к антибиотикам изучали при помощи бактериологического анализатора «Sensititre». Генетические детерминанты резистентности определяли методом высокопроизводительного секвенирования (NGS) на приборе «Illumina HiSeq1500».

Фенотипические профили чувствительности *in vitro* пищевых изолятов *S. aureus* показали, что 45% микроорганизмов обладали резистентностью к бета-лактамам, макролидам, линкозамидам и стрептограминам. Отмечалась также резистентность 25% изученных культур к цефалоспорином и тетрациклином. Чувствительность к антибиотикам из классов монобактамов, карбапенемов, фторхинолонов, аминогликозидов, глипепептидов и линезолиду сохранялась на высоком уровне и варьировалась от 91 до 99% в зависимости от класса.

Метод NGS позволил выявить детерминанты резистентности к бета-лактамам (18%), аминогликозидам (11%), тетрациклину и колистину (по 9%) триметоприму (7%), а также к фениколам, макролидам, линкозамидам, сульфонидам (по 4,6%). Наименьшее количество детерминант резистентности отмечалось

к фосфомицину (1,9%) и хинолонам (0,5%). Среди детерминант устойчивости к бета-лактамазам, помимо маркеров резистентности *blaACT-5*, *blaCMY-83*, *blaCTX-M-14*, *blaCTX-M-82*, *blaOXA-50*, *blaSRT-1* и *blaTEM-1C*, в 81% случаев были выявлены гены *tesA*. Среди маркеров устойчивости к линкозамидам и макролидам в 100% случаев выявлялись гены *lnu(B)* и *erm(T)* соответственно. Также стоит отметить обнаружение гена *mcr-1*, опосредующего резистентность к колистину, характерную преимущественно для энтеробактерий.

Многолетний скрининг *S. aureus*, выделенных из продуктов питания, показал, что сочетание данных генетического и фенотипического анализа представляет собой качественный современный подход к мониторингу антибиотикорезистентности бактерий в рамках пищевой безопасности стран-партнёров.

ВАЛИДАЦИЯ И ВЕРИФИКАЦИЯ МОЛЕКУЛЯРНЫХ МЕТОДОВ ДЛЯ ИССЛЕДОВАНИЯ ПИЩЕВОЙ ПРОДУКЦИИ КАК ГАРАНТИЯ ДОСТОВЕРНЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ

Махова А.А.*, Грудистова М.А.

Федеральный научный центр пищевых систем имени В.М. Горбатова, Москва, Россия

Ключевые слова: валидация, верификация, молекулярные методы

VALIDATION AND VERIFICATION OF MOLECULAR METHODS FOR FOOD RESEARCH AS A GUARANTEE OF RELIABLE RESULTS

Makhova A.A.*, Grudistova M.A.

Gorbatov Research Center for Food Systems, RAS, Moscow, Russia

Keywords: validation, verification, molecular methods

***Адрес для корреспонденции:** a.mahova@fnpcs.ru

На сегодняшний день существует множество альтернативных молекулярных методов, которые используются для оценки микробиологической безопасности, качества сырья и готовых пищевых продуктов. Однако могут возникнуть проблемы с интерпретацией результатов, полученных молекулярными и референтными методами. Поэтому прежде, чем альтернативный метод может быть использован в лаборатории, необходимы два этапа: во-первых, доказать, что метод подходит для поставленной цели, и, во-вторых, продемонстрировать, что лаборатория может должным образом использовать метод. Первый этап — валидация метода, выполнение которой описано в серии стандартов ISO 16140-2, ISO 16140-5 и ISO 16140-6. Второй этап — верификация метода, на котором лаборатория демонстрирует, что она может удовлетворительно выполнять валидированный метод (ISO 16140-3). В Европейском союзе требования к вали-

дации и сертификации для использования альтернативных методов включены в Европейский регламент 2073/2005. Единственным документом, который устанавливает технический протокол валидации альтернативных методов в сфере микробиологического анализа пищевых продуктов в нашей стране, является стандарт ГОСТ ISO 16140-2011. Однако отсутствуют стандарты на проведение верификации микробиологических методов исследования пищевой продукции. Разработка таких стандартов является важным шагом для повышения надёжности исследований и обеспечения безопасности выпускаемой продукции.

ФЕНОТИПИЧЕСКИЕ И ГЕНОТИПИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ

Орлова О.А.^{1,2*}, Абрамов Ю.Е.²

¹Национальный медико-хирургический центр имени Н.И. Пирогова, Москва, Россия

²Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: антибиотикорезистентность, гены антибиотикорезистентности, плазмиды, родильницы, новорождённые

PHENOTYPIC AND GENOTYPIC CHARACTERISTICS OF ANTIBIOTIC RESISTANCE

Orlova O.A.^{1,2}, Abramov Yu.E.²

¹National Medical and Surgical Center named after N.I. Pirogov, Moscow, Russia

²Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: antibiotic resistance, antibiotic resistance genes, plasmids, maternity, newborns

*Адрес для корреспонденции: oksana_orlova@bk.ru

Введение. Согласно данным ВОЗ, устойчивость к антибиотикам возрастает до угрожающе высоких уровней во всем мире.

Цель исследования — сравнение фенотипических и генотипических характеристик устойчивости выделенных изолятов микроорганизмов к антибактериальным препаратам.

Материалы и методы. Проанализированы данные о 44 микроорганизмах, полученных из цервикального канала родильниц и из различных локусов новорождённых.

Результаты. В проведённом исследовании у 100% изолятов *Enterococcus faecium* и у 5,6% штаммов *E. faecalis* выявлена устойчивость к ванкомицину, при этом гены антибиотикорезистентности (АБР) не обнаружены. У изолятов *Staphylococcus aureus* не обнаружено ни фенотипической, ни генотипической

устойчивости к метициллину. У изолята *Pseudomonas aeruginosa* устойчивости к карбапенемам и бета-лактамазы с расширенным спектром (БЛРС) не установлено, при этом у данного изолята обнаружен ген *OXA-50*. У штамма отсутствуют плазмидные репликоны, что может свидетельствовать о других локализациях генов, кодирующих факторы АБР. У 12,5% изолятов *Escherichia coli* выявлены БЛРС, при этом гены резистентности к карбапенемам обнаружены в достаточно большом количестве. В 75% случаев у изолятов выявлены плазмидные репликоны, что позволяет предположить наличие тенденции к их горизонтальному переносу, а следовательно, и распространению. У 33,3% изолятов *Klebsiella pneumoniae* обнаружены БЛРС, при этом выявлены гены устойчивости к карбапенемам, в 50% случаев у изолятов выявлены плазмидные репликоны.

Заключение. Представленные данные отражают вариабельность проявления фенотипических и генотипических свойств бактерий, что демонстрирует необходимость внедрения в учреждения родовспоможения не только микробиологического, но и молекулярно-биологического мониторинга.

СВЯЗЫВАНИЕ ТЕТРАЦИКЛИНА С РЕКОМБИНАНТНЫМ БЕЛКОМ TetR — АНАЛОГОМ РЕПРЕССОРА-РЕЦЕПТОРА В МОЛЕКУЛЯРНОЙ СИСТЕМЕ УСТОЙЧИВОСТИ БАКТЕРИЙ К АНТИБИОТИКУ

Серченя Т.С.*, Лапина В.С., Свиридов О.В.

Институт биоорганической химии, Минск, Республика Беларусь

Ключевые слова: репрессор-рецептор TetR, тетрациклины, флуоресцентная спектроскопия, пищевая биоаналитика

TETRACYCLINE BINDING TO RECOMBINANT PROTEIN TetR — AN ANALOG OF THE REPRESSOR-RECEPTOR IN THE MOLECULAR SYSTEM OF BACTERIAL RESISTANCE TO THE ANTIBIOTIC

Serchenya T.S.*, Lapina V.S., Sviridov O.V.

Institute of Bioorganic Chemistry, Minsk, Belarus

Keywords: repressor-receptor TetR, tetracyclines, fluorescent spectroscopy, food bioanalytics

***Адрес для корреспонденции:** serchenya@iboch.by

Исследовали комплексообразование между высокоочищенным белком-рецептором TetR и тетрациклином (Тс) с целью характеристики TetR как потенциального компонента биоаналитической системы для контроля биобезопасности пищевой продукции по содержанию остаточных количеств Тс. Показано, что в растворе при pH 8,7, содержащем TetR и частично депротонированный Тс в диапазоне концентраций 0,1–2,0 мкМ, сильно изменяются характеристики

флуоресценции каждого из компонентов. Спектральные возмущения были более значительными при добавлении Mg^{2+} , но с высокой интенсивностью проявлялись и в отсутствие ионов металла. При образовании комплекса собственная флуоресценция TetR тушилась на 80%, и при этом наблюдалось многократное увеличение интенсивности излучения Tc из-за перехода антибиотика в гидрофобное окружение связывающего центра белка. Наиболее показательным спектральным изменением, сопровождающим комплексообразование между TetR и Tc, следует считать FRET-эффект — появление в результате возбуждения флуоресценции белка при 280 нм пика эмиссии Tc при 510 нм за счёт безызлучательного переноса энергии от остатка триптофана TetR на связанный с рецептором Tc. Флуориметрическим титрованием аликвотами белка или антибиотика с синхронными процессами тушения флуоресценции TetR и возгорания эмиссии Tc выявлена эквимольная стехиометрия комплексообразования.

АНАЛИЗ ВЫСЕВАЕМОСТИ И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ В ОТДЕЛЕНИЯХ РЕАНИМАЦИИ ГБУЗС «ГОРОДСКАЯ БОЛЬНИЦА № 1 ИМЕНИ Н.И. ПИРОГОВА»

Стенина С.И.*, Коситченков А.А., Кузнецов В.В., Олейник О.И.

Городская больница № 1 имени Н.И. Пирогова, Севастополь, Россия

Ключевые слова: *отделение реанимации, биологический материал, антибиотики, патогенные штаммы*

ANALYSIS OF SEEDING AND ANTIBIOTIC RESISTANCE IN INTENSIVE CARE UNITS OF THE CITY HOSPITAL NO. 1 NAMED AFTER N.I. PIROGOV

Stenina S.I.*, Kositchenkov A.A., Kuznetsov V.V., Oleinik O.I.

City Hospital No. 1 named after N.I. Pirogov, Sevastopol, Russia

Keywords: *intensive care unit, biological material, antibiotics, pathogenic strains*

***Адрес для корреспонденции:** snezhnastenina@yandex.ru

Цель работы — установить риски, приводящие к возникновению инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи, и ведущие патогены в ОРИТ.

Материалы и методы. За период с марта 2022 г. по октябрь 2023 г. в отделения реанимации Городской больницы № 1 города федерального значения Севастополя было госпитализировано 4886 человек. В ходе работы проанализированы 378 бактериологических исследований различного биологического материала (отделяемое ран, моча, кровь, мокрота) с определением спектра чувствительности/устойчивости выделенных микроорганизмов к химиопрепаратам.

Результаты и обсуждение. В раневом отделяемом и моче наибольший процент пришелся на *Klebsiella pneumoniae*: 25,8 и 27,3% соответственно. Из крови и мокроты на первом месте по высеваемости была *Acinetobacter baumannii* — 29,4 и 29,8%.

Наиболее активными антибиотиками в отношении *K. pneumoniae* оказались амикацин и меропенем, *A. baumannii* — имипенем и ципрофлоксацин.

Выводы. Отягощение основного заболевания, длительное нахождение в отделении, наличие катетера, применение инвазивных устройств (ИВЛ), а также широкое распространение резистентных штаммов подвергает и так не стабильное состояние больного высокому риску. Исходя из этого крайне важным в борьбе с антибиотикорезистентностью является проведение локального микробиологического мониторинга, а также согласованная работа врачей отделения, врача-эпидемиолога и клинического фармаколога.

АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ В ВЕТЕРИНАРНОЙ ПРАКТИКЕ

Даровских И.А.¹, Сафар заде Гамид Рафиг оглы², Абаймова Е.Б.¹, Субботина И.А.^{2*}

¹Витебская областная ветеринарная лаборатория, Витебск, Республика Беларусь

²Витебская государственная академия ветеринарной медицины, Витебск, Республика Беларусь

Ключевые слова: *животные, микрофлора, антибиотик, устойчивость*

ANTIMICROBIAL RESISTANCE IN VETERINARY PRACTICE

Darauskickh I.A.¹, Safar zade Hemid Rafiq oglu², Abaimova E.B.¹, Subotsina I.A.^{2*}

¹Vitebsk Regional Veterinary Laboratory, Vitebsk, Belarus

²Vitebsk State Academy of Veterinary Medicine, Vitebsk, Belarus

Keywords: *animals, microflora, antibiotic, resistance*

***Адрес для корреспонденции:** irin150680@mail.ru

Согласно мировым исследованиям, резистентность к антибактериальным препаратам проявляется чаще всего у *Staphylococcus* spp., *Enterococcus* spp., *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter* spp. и др. Животные могут служить резервуаром резистентных *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Escherichia coli*, *Clostridium difficile* и др.

Цель: выявить степень распространения антибиотикорезистентных микроорганизмов среди домашних животных.

Материалы и методы. Биоматериал брали у кур, крупного рогатого скота, кошек, собак, кролика. Чувствительность определяли методом диффузии в агар и на анализаторе «Vitek 2-compact 15».

Результаты. У собак, кошек, кролика выделяли *Staphylococcus* spp., устойчивые к цефазолину, метронидазолу, сульфаниламиду, тилозину, стрептомицину, триметоприм/сульметоксазолу, тетрациклину, неомицину, клиндамицину, канамицину, доксициклину, ванкомицину, эритромицину, рифампицину, бензилпенициллинам, оксциллину, цефтриаксону.

У кур выделена *Salmonella* spp., устойчивая к тилозину, сульфаниламиду, левофлоксацину, ампициллину, цефалотину, цефподоксиму, цефтиофуру, амикацину, гентамицину, нитрофурантоину.

При маститах выделяли колиформные бактерии, обладающие резистентностью к эритромицину.

Заключение. Исследования показали распространение отдельных штаммов резистентных микроорганизмов в популяциях различных видов животных, что подтверждает их роль в расширении проблемы антибиотикорезистентности.

ДЕТЕРМИНАНТЫ УСТОЙЧИВОСТИ К АЗИТРОМИЦИНУ У ПОЛИРЕЗИСТЕНТНЫХ ШТАММОВ *SALMONELLA*

Сужаева Л.В.^{1*}, Нгуен Т.Х.², Сaitова А.Т.¹, Полев Д.Е.¹, Егорова С.А.¹

¹Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²Институт Пастера, Хошимин, Социалистическая Республика Вьетнам

Ключевые слова: *Salmonella*, азитромицин

AZITHROMYCIN RESISTANCE GENES OF MULTIDRUG RESISTANT *SALMONELLA*

Suzhaeva L.V.^{1*}, Nguyen Q.T.², Saitova A.T.¹, Polev D.E.¹, Egorova S.A.¹

¹Saint-Petersburg Pasteur Institute, Saint Petersburg, Russia

²Pasteur Institute in Ho Chi Minh City, Ho Chi Minh City, Vietnam

Keywords: *Salmonella*, azithromycin

*Адрес для корреспонденции: slv2211@yandex.ru

Введение. В связи с ростом устойчивости штаммов *Salmonella* к основным препаратам выбора для лечения тяжёлых форм сальмонеллёза, возникает необходимость использования альтернативных препаратов для этиотропной терапии.

Цель — определить чувствительность полирезистентных — устойчивых к 3 и более классам антимикробных препаратов (АМП) штаммов *Salmonella* к азитромицину и выявить механизмы резистентности.

Материалы и методы. Методом микроразведений определена минимальная подавляющая концентрация (МПК) азитромицина у 53 полирезистентных

штаммов *Salmonella*, выделенных от людей, животных, из продуктов питания животного происхождения в Социалистической Республике Вьетнам. Выполнено полногеномное секвенирование устойчивых штаммов на платформе «Illumina MiSeq». Поиск детерминант резистентности выполнен на платформе «ResFinder».

Результаты. Исследуемые *Salmonella* в 71,7% случаев были устойчивы к 5 и более классам АМП. Резистентными к азитромицину (МПК > 16 мг/л) были 22,6% штаммов. Одиннадцать из 12 устойчивых штаммов имели плазмидный ген макролид-2'-фосфотрансферазы — *mph(A)*, МПК азитромицина этих штаммов составляла 128 мг/л. У 1 штамма выявлен ген эффлюксного насоса макролидов — *mef(B)*, МПК азитромицина этого изолята составляла 32 мг/л.

Выводы. Каждый 5-й полирезистентный штамм *Salmonella* устойчив к азитромицину. Основной и эффективный механизм резистентности связан с продукцией фосфотрансферазы, инактивирующей макролиды.

ИНФЕКЦИИ, СВЯЗАННЫЕ С ОКАЗАНИЕМ МЕДИЦИНСКОЙ ПОМОЩИ, В УСЛОВИЯХ ОРИТ ПОСЛЕ ПАНДЕМИИ НОВОЙ КОРОНАВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИИ (COVID-19)

Тхакохова Г.М.^{1*}, Родионов Е.П.¹, Плоскирева А.А.²

¹Городская клиническая больница имени С.П. Боткина, Москва, Россия

²Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: *панрезистентные штаммы, лимфопения*

INFECTIONS RELATED TO THE PROVISION OF MEDICAL CARE IN THE INTENSIVE CARE UNIT AFTER THE COVID-19 PANDEMIC

Tkhakokhova G.M.^{1*}, Rodionov E.P.¹, Ploskireva A.A.²

¹Botkin Hospital, Moscow, Russia

²Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *pan-resistant strains, lymphopenia*

***Адрес для корреспонденции:** thagal09@gmail.com

Цель: выявление отличительных особенностей проявлений инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи (ИСМП), в отделениях реанимации и интенсивной терапии (ОРИТ) в периоды до и после пандемии COVID-19.

Материалы и методы: анализ 100 историй болезни 2019 и 2022 гг.

Результаты. Потребность в искусственной вентиляции лёгких (ИВЛ) в 2019 г. была у 34% пациентов, в 2022 г. — у 36%. Средний срок начала ИВЛ

с момента поступления в стационар в 2019 г. — 3,5 сут, а в 2022 г. — 2,5 сут. В 2019 г. при поступлении в ОРИТ среднее значение по шкале SOFA — 6 баллов, APACHE — 18 баллов; в 2022 г. SOFA — 8 баллов, APACHE — 18 баллов. В 2019 г. перевод на ИВЛ отмечен в среднем на 2-е сутки поступления в ОРИТ, в 2022 г. — на 1-е. Средняя длительность ИВЛ в 2019 г. — 7,3 сут, в 2022 г. — 8,6 сут. В 2019 г. — развитие пневмонии у 17,8% от общего числа госпитализированных в ОРИТ, в 2022 г. — 33,8%. Панрезистентные штаммы возбудителей из группы ESCAPE-патогенов в 2019 г. выявлялись в 17,3% случаев, в 2022 г. — в 40%. В 2019 г. доминировали *Acinetobacter baumannii* (83%), *Pseudomonas aeruginosa* (25%) и *Klebsiella pneumoniae* (14%); В 2022 г. — *K. pneumoniae* (45%), из которых 75% составляли панрезистентные штаммы, доля *A. baumannii* снизилась до 19%, а доля *P. aeruginosa* — до 11%. В 2019 г. первые положительные высевы из бронхосмывов появлялись в среднем не ранее 4–8 сут ИВЛ, а в 2022 г. — в 62% в 1-е сутки ИВЛ и уже панрезистентная флора, продуцент карбапенемаз. Выявлены изменения и в общем анализе крови (ОАК). В 2019 г. в ОАК отмечалось в 100% случаев нормальное содержание лимфоцитов ($> 1,2$ в абсолютном значении) на фоне умеренного лейкоцитоза — медиана $11,3 \times 10^9/\text{л}$, а в 2022 г. — лимфопения в 82% случаев, в среднем 0,53 на фоне нормального количества лейкоцитов, медиана $7,31 \times 10^9$. Панрезистентная микрофлора выявлена в 55% случаев в группе пациентов с исходной лимфопенией.

Заключение. Вопросы ИСМП в ОРИТ остаются актуальными и требуют детального анализа с учётом последствий пандемии COVID-19.

Молекулярно-биологические методы диагностики в практике врача

MYCOPLASMA PNEUMONIAE: ДИАГНОСТИКА АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ

Батурин В.А.*, Болатчиев А.Д.

Ставропольский государственный медицинский университет, Ставрополь, Россия

Ключевые слова: *Mycoplasma pneumoniae*, антибиотикорезистентность

MYCOPLASMA PNEUMONIAE: DIAGNOSIS OF ANTIBIOTIC RESISTANCE

Baturin V.A.*, Bolatchiev A.D.

State Medical University, Stavropol, Russia

Keywords: *Mycoplasma pneumoniae*, antibiotic resistance

***Адрес для корреспонденции:** v_baturin@mail.ru

Завершение пандемии COVID-19 совпало с увеличением числа больных с пневмониями, вызванными *Mycoplasma pneumoniae*, резистентными к антибиотикам. Поэтому для выбора терапии необходим мониторинг антибиотикорезистентности *M. pneumoniae*.

Материалы и методы. Проведён многолетний мониторинг этиологии респираторных внебольничных инфекций и чувствительности микроорганизмов к антибактериальным средствам. Для диагностики респираторного микоплазмоза применяли: определение IgM- и IgG-антител в крови («Mycoplasma pneumoniae-ИФА-БЕСТ», «Вектор-Бест»), РИФ («Микопневмо-ФлюоСкрин», «Ниармедик плюс») или ПЦР (набор реагентов «ПЦР РеалБест ДНК Mycoplasma pneumoniae», «Вектор-Бест»). Для оценки антибиотикорезистентности *M. pneumoniae* использовали экспресс-метод («Пневмо-тест», НПО «Иммунотэкс»).

Результаты. За последние 15 лет отмечено нарастание резистентности *M. pneumoniae* к макролидам. Доля нечувствительных штаммов в 2008 г. составляла 15%; в 2015 — 25%; в 2022 — 37%. Особенно увеличилась устойчивость к азитромицину (до 50%). Резистентность к доксициклину возросла с 5% до 25%. Резистентность к левофлоксацину была низкая — 12,5%. Полученные результаты устойчивости совпадали с клиническими данными о неэффективности антибиотикотерапии. Больные обращались в связи с длительным кашлем

и субфебрилитетом. Назначение антибиотика с учётом выявленной чувствительности обеспечивало клинический эффект в течение 1–2 нед.

Заключение. Диагностика респираторного микоплазмоза должна проводиться комплексно с применением методов молекулярной диагностики. Для выбора эффективных средств лечения целесообразно проводить оценку устойчивости *M. pneumoniae* к антибиотикам.

РАЗРАБОТКА ПИТАТЕЛЬНОЙ СРЕДЫ ДЛЯ СУЛЬФАТРЕДУЦИРУЮЩИХ БАКТЕРИЙ РОДА *DESULFOVIBRIO SPP.*

Битюмина Л.А.^{1*}, Куликова Н.Г.¹, Плоскирева А.А.¹, Горелов А.В.^{1,2}

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Российский университет медицины, Москва, Россия

Ключевые слова: питательная среда, *Desulfovibrio spp.*

DEVELOPMENT OF NUTRIENT MEDIUM FOR SULFATE-REDUCING BACTERIA OF THE GENUS *DESULFOVIBRIO SPP.*

Bityumina L.A.^{1*}, Kulikova N.G.¹, Ploskireva A.A.¹, Gorelov A.V.^{1,2}

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Russian University of Medicine, Moscow, Russia

Keywords: nutrient medium, *Desulfovibrio spp.*

*Адрес для корреспонденции: bitumina@cmd.su

Цель: получение питательной среды для выявления сульфатредуцирующих бактерий рода *Desulfovibrio spp.* в клиническом биоматериале.

Материалы и методы. Разработка питательной среды проводилась на коллекционном штамме *Desulfovibrio desulfuricans* VKM B-1799 (Пушино). Прототипом служила среда Sulphate API Agar w/o Sodium Lactate («HiMedia»). Культивирование бактерии проводили в анаэробных условиях, созданных в анаэроостате при помощи пакетов типа Газпак производства фирмы «Oxoid» («Thermo Fisher Scientific»). Температура культивирования 37°C. Рост культуры оценивали по почернению среды — чёрному осадку или росту колоний в толще агара, готовые мазки окрашивали по Граму с последующим использованием метода световой микроскопии.

Результаты. Разработанная среда в качестве питательных компонентов содержала гидролизат казеина, крахмал и говяжий бульон. В качестве неорганических факторов роста в состав среды включены сульфат магния, хлорид натрия и гидрофосфат калия; в качестве органических факторов роста — вита-

мины группы В, в том числе витамины В₇ и В₁₂. В качестве доноров электронов выступали лактат и глюкоза; в качестве восстановителей — аскорбиновая кислота, сульфит натрия и ионы железа (II). Добавление указанных компонентов позволило ускорить рост сульфатредуцирующих бактерий по сравнению со средой-прототипом, также может служить средой обогащения для последующего исследований сульфатредуцирующих бактерий рода *Desulfovibrio*.

Готовая питательная среда — прозрачная с желтоватым оттенком или слегка опалесцирует. После 5 дней роста на разработанной диагностической среде наблюдалось почернение. Микроскопия выросшей культуры показала наличие изогнутых и спиральных грамотрицательных бактерий в мазке.

Заключение. Разработанная питательная среда относится к средам для обогащения и ускоренного культивирования сульфатредуцирующих бактерий и может быть использована в практической и научно-исследовательской работе.

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ АДЕНОВИРУСОВ СРЕДИ ПАЦИЕНТОВ ГБУЗ НСО «ГИКБ № 1» И ГБУЗ НСО «ДГКБ № 3» г. НОВОСИБИРСКА С ДИАГНОЗОМ ОРЗ

Демина Д.С.^{1*}, Бердиева С.Б.¹, Осипов И.Д.¹, Маслов Д.Е.¹, Комиссарова Т.В.³, Макуха В.В.³, Позднякова Л.Л.⁴, Ульянова Я.С.⁴, Томилова Ю.Е.², Аглетдинов Э.Ф.², Нетесов С.В.¹

¹Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия

²АО «Вектор-Бест», Кольцово, Россия

³Детская городская клиническая больница № 3, Новосибирск, Россия

⁴Городская инфекционная клиническая больница № 1, Новосибирск, Россия

Ключевые слова: аденовирусы, секвенирование, ОРЗ

GENETIC DIVERSITY OF ADENOVIRUS SEROTYPES AMONG THE PATIENTS OF CITY CHILDREN INFECTIOUS DISEASES HOSPITAL No. 3 AND CITY INFECTIOUS DISEASES HOSPITAL No. 1 AT NOVOSIBIRSK

Demina D.S.^{1*}, Berdieva S.B.¹, Osipov I.D.¹, Maslov D.E.¹, Komissarova T.V.³, Makukha V.V.³, Pozdnyakova L.L.⁴, Ulyanova Ya.S.⁴, Tomilova Yu.E.², Agletdinov E.F.², Netesov S.V.¹

¹Novosibirsk State University, Novosibirsk, Russia

²Vector-Best, Koltsovo, Russia

³Children's City Clinical Hospital No. 3, Novosibirsk, Russia

⁴City Infectious Diseases Clinical Hospital No. 1, Novosibirsk, Russia

Keywords: adenoviruses, sequencing, ARI

*Адрес для корреспонденции: d.demina@g.nsu.ru

Цель работы — определение и мониторинг генетического разнообразия аденовирусов среди пациентов ГБУЗ НСО «ГИКБ № 1» и ГБУЗ НСО «ДГКБ № 3» г. Новосибирска с диагнозом «острое респираторное заболевание» (ОРЗ).

Материалы и методы. Апробирована система генетического типирования аденовируса с применением секвенирования по Сэнгеру. Был проведён ПЦР-скрининг на наличие аденовирусной ДНК в пробах детей и взрослых с симптомами ОРЗ. В выборку детей вошли пациенты ДГКБ № 3 в возрасте от 2 нед до 18 лет (1974 пробы), в выборку взрослых — пациенты ГИКБ № 1 от 17 до 90 лет (915 проб). Критерий включения для обеих выборок — наличие симптомов ОРЗ.

Результаты. Среди детей оказалось 202 (10,2%) положительных пробы, среди взрослых — 18 (1,96%). В 62 пробах определили серотип аденовируса, ещё в 2 пробах — только вид. Среди положительных на ДНК аденовируса проб, полученных от детей, больше всего проб относились к виду С (серотип 1 — 9 (16,36%); серотип 2 — 13 (23,64%); серотип 5 — 4 (7,27%); серотип 6 — 1 (1,82%)), далее — к виду В (серотип 3 — 11 (20%); серотип 7 — 11 (20%); серотип 55 — 1 (1,82%)), меньше всего — к виду Е (серотип 4 — 3 (5,45%)); среди взрослых больше всего проб принадлежит виду В (серотип 3 — 6 (54,55%), серотип 7 — 1 (9,09%), серотип 55 — 1 (9,09%)), 1 проба вида С (серотип 2 — 1 (9,09%)).

ЧАСТОТА ВЫЯВЛЕНИЯ МАРКЕРОВ ИНФИЦИРОВАНИЯ ГЕПАТОРОПНЫМИ ВИРУСАМИ У СПОРТСМЕНОВ

Кожанова Т.В.^{1*}, Соболева Н.В.¹, Ильченко Л.Ю.¹⁻³, Морозов И.А.¹, Мельникова Л.И.³, Гордейчук И.В.¹

¹Федеральный научный центр исследований и разработки иммунобиологических препаратов имени М.П. Чумакова РАН (Институт полиомиелита), Москва, Россия

²Российский национальный исследовательский медицинский университет имени Н.И. Пирогова, Москва, Россия

³Клиническая больница № 85 ФМБА России, Москва

Ключевые слова: спортсмены, вирусные гепатиты, вакцинопрофилактика

FREQUENCY OF HEPATOTROPIC VIRUSES IN ATHLETES

Kozhanova T.V.^{1*}, Soboleva N.V.¹, Ilchenko L.Yu.¹⁻³, Morozov I.A.¹, Melnikova I.I.³, Gordeychuk I.V.¹

¹Chumakov Federal Scientific Center for Research and Development of Immune and Biological Products, Moscow, Russia

²Pirogov Russian National Research Medical University, Moscow, Russia

³Clinical Hospital No. 85 FMBA of Russia, Moscow, Russia

Keywords: athletes, viral hepatitis, vaccine prevention

*Адрес для корреспонденции: vkozhanov@bk.ru

Цель — оценить частоту выявления маркеров инфицирования вирусами гепатитов у спортсменов.

Материалы и методы. Исследовали сыворотки крови от 384 спортсменов разных видов спорта. Методом ИФА определяли маркеры инфицирования вирусами гепатитов А, В, С, Е и ПЦР — DNA Anelloviridae.

Результаты и обсуждение. У 2 спортсменов определялся HBsAg. В 7% (27/384) образцов были обнаружены anti-HBcore. Среди факторов риска инфицирования у спортсменов с наличием anti-HBcore преобладали: стоматологическая помощь — у 16 (59,3%), травмы — у 8 (29,6%), хирургические операции — у 9 (33,3%), иглотерапия — у 2 (7,4%), татуировки — у 1 (3,7%). У 4 (1%) выявили суммарные anti-HCV. Anti-HCV был обнаружен в сочетании с anti-HBcore у 1 спортсменки 14 лет, которая занималась теннисом. У 200 (52,1%) выявили anti-HAV IgG, у 1 (0,26%) — anti-HAV IgM. Частота обнаружения anti-HEV IgG составила 2,3% (9/384), anti-HEV IgM — 1,3% (5/384). При выявлении DNA Anelloviridae у 342 (89,1%) спортсменов обнаружен TTV, у 319 (83,1%) — TTMDV, у 328 (85,4%) — TTMV. У 265 (69%) человек выявлена комбинация вирусов TTV + TTMDV + TTMV.

Заключение. Высокая частота обнаружения маркеров инфицирования вирусами гепатитов у спортсменов позволяет отнести данную категорию лиц к группе высокого риска. Вакцинопрофилактика — современная стратегия, предупреждающая инфицирование и развитие вирусных гепатитов, которая должна стать частью целенаправленной подготовки спортсменов к достижению высших спортивных результатов.

КОРРЕЛЯЦИОННЫЕ СВЯЗИ МЕЖДУ УРОВНЯМИ микроРНК ПРИ ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОМ ФИБРОЗЕ ПЕЧЕНИ

Лебедева Е.И.^{1*}, Щастный А.Т.¹, Бабенко А.С.²

¹Витебский государственный медицинский университет, Витебск, Республика Беларусь

²Белорусский государственный медицинский университет, Минск, Республика Беларусь

Ключевые слова: крысы, фиброз печени, микроРНК, ПЦР-РВ, корреляционные связи

CORRELATIONS BETWEEN microRNA AND EXPERIMENTAL LIVER FIBROSIS

Lebedeva E.I.^{1*}, Shchastny A.T.¹, Babenka A.S.²

¹Vitebsk State Medical University, Vitebsk, Belarus

²Belarussian State Medical University, Minsk, Belarus

Keywords: rats, liver fibrosis, microRNA, RT-PCR, correlations

*Адрес для корреспонденции: lebedeva.ya-elenale2013@yandex.ru

Введение. В последнее время в научных публикациях сообщается о регуляции процесса активации звездчатых клеток как основной популяции клеток, синтезирующей соединительную ткань в печени, рядом малых некодирующих молекул, включая микроРНК-194, микроРНК-212, микроРНК-130a-3р и др. К настоящему времени раскрыть достаточное количество деталей о функционировании микроРНК при фиброзе печени не удалось.

Цель: выявить корреляционные связи между микроРНК-195-5р, микроРНК-664-3р, микроРНК-495, микроРНК-29b-3р, микроРНК-130a-5р и соединительной тканью при экспериментальном фиброзе и циррозе печени.

Материалы и методы. Фиброз и цирроз печени у крыс Вистар индуцировали тиоацетамидом в течение 17 нед. Уровень экспрессии микроРНК в печени определяли с помощью two-tailed RT-qPCR в формате SYBR Green. Для выявления соединительной ткани гистологические препараты окрашивали по Маллори.

Результаты. С помощью анализа корреляций Спирмена мы установили сильные взаимосвязи между микроРНК-195-5р ($-0,917$), микроРНК-664-3р ($-0,900$), микроРНК-495 ($0,966$), микроРНК-29b-3р ($0,817$), микроРНК-130a-5р ($0,833$) и соединительной тканью в печени крыс. Все коэффициенты корреляции значимы на уровне $p < 0,05$.

Выводы. По нашему мнению, в настоящей экспериментальной модели исследуемые микроРНК могут способствовать прогрессированию фиброза и цирроза печени.

ДИАГНОСТИКА КАМПИЛОБАКТЕРИОЗА У ДЕТЕЙ

Манкевич Р.Н.^{1*}, Лукша И.В.¹, Стояновская Е.В.¹, Ключко Н.Л.²

¹Белорусский государственный медицинский университет, Минск, Республика Беларусь

²Городская детская инфекционная клиническая больница, Минск, Республика Беларусь

Ключевые слова: кампилобактериоз, диагностика, дети

DIAGNOSIS OF CAMPYLOBACTERIOSIS IN CHILDREN

Mankevich R.N.^{1*}, Luksha I.V.¹, Stoyanovskaya E.V.¹, Klyuiko N.L.²

¹Belarusian State Medical University, Minsk, Belarus

²City Children's Infectious Diseases Clinical Hospital, Minsk, Belarus

Keywords: campylobacteriosis, diagnosis, children

*Адрес для корреспонденции: rnmankevich@gmail.com

Кампилобактер является одной из четырех основных причин диарейных болезней во всем мире. На долю кампилобактериоза приходится 5–15% случаев среди всех диарейных заболеваний.

Цель: оценить эффективность методов диагностики кампилобактериоза.

Материалы и методы. Проведён ретроспективный анализ 75 «Медицинских карт стационарного пациента» детей, находившихся на лечении в ГДИКБ г. Минска в 2023 г. с диагнозом «кампилобактериоз» в возрасте от 1 мес до 4 лет (средний возраст — $13,99 \pm 8,43$ мес). Среди госпитализированных было больше мальчиков (70,7%), чем девочек. Исследование на кампилобактерии проводилось бактериологическим методом, методом иммунохроматографии (ИХА, реагенты «Мультилаб») и методом мультиплексной ПЦР на аппарате «RotorGene 6000» (наборы «Амплисенс», ОКИ-скрин).

Результаты и обсуждение. Основными жалобами при поступлении были лихорадка и диарея с примесями прожилок крови и слизи, что явилось поводом для обследования на кампилобактериоз. Средний срок постановки диагноза составил в среднем $5,4 \pm 4,4$ дня. Для верификации диагноза использовались все 3 метода. Бактериологическое исследование ректального мазка и фекалий было проведено всем пациентам, 63 детям проведено исследование фекалий методом ИХА, а 12 — методом ПЦР, у 2 детей были проведены все 3 исследования. Положительный результат бактериологического исследования получен только в 3 случаях. Результаты ИХА- и ПЦР-исследований были положительными в 100% случаев.

Выводы. Наиболее эффективными для диагностики кампилобактериоза оказались методы ИХА и ПЦР.

ИССЛЕДОВАНИЕ СОСТАВА КИШЕЧНОЙ МИКРОБИОТЫ ПРИ ЭНДОМЕТРИОЗЕ

Пронина В.А.*, Гордеев А.Б., Жигалова К.Н., Муравьева В.В., Скоробогатый А.В., Базухейр Д.Х., Припутневич Т.В.

Национальный медицинский исследовательский центр акушерства, гинекологии и перинатологии имени В.И. Кулакова, Москва, Россия

Ключевые слова: кишечная микробиота, культуromика, эндометриоз

STUDY OF INTESTINAL MICROBIOME COMPOSITION IN ENDOMETRIOSIS

Pronina V.A.*, Gordeev A.B., Zhigalova K.N., Muravieva V.V., Skorobogatiy A.V., Priputnevich T.V.

National Medical Research Center for Obstetrics, Gynecology and Perinatology named after Academician V.I. Kulakov, Moscow, Russia

Keywords: *intestinal microbiota, culturomics, endometriosis*

*Адрес для корреспонденции: ver22595@yandex.ru

Известно о двунаправленном влиянии микробиома и эндометриоза, однако данные о маркерных микроорганизмах заболевания противоречивы.

Цель — изучить состав кишечной микробиоты (КМ) пациенток с наружным генитальным эндометриозом (НГЭ) методом культуромики.

Материалы и методы. Исследованы образцы фекалий 56 женщин с НГЭ (средний возраст $31,5 \pm 6,21$ года) и 35 женщин группы сравнения (средний возраст $30,8 \pm 5,34$ года) методом культуромики с использованием MALDI-TOF масс-спектрометрии.

Результаты. В основной группе и группе сравнения выделены 656 и 477 штаммов микроорганизмов соответственно. При НГЭ отмечался больший индекс *Bacillota/Bacteroidota* ($p < 0,05$). Для НГЭ характерно статистически значимо меньшее как видовое, так и таксономическое разнообразие ($p < 0,01$). КМ пациенток с НГЭ в большей степени характеризовалась факультативно-анаэробными условно-патогенными микроорганизмами (УПМ) *Streptococcus* spp., *Staphylococcus* spp., *Enterococcus* spp., облигатно-анаэробными УПМ *Clostridium* spp., более низким количеством бактерий-симбионтов *Bifidobacterium* spp. и *Weissella* spp. ($p < 0,05$). У 8/56 (14,9%) пациенток с НГЭ высеивались бактерии *E. avium*, в группе сравнения они отсутствовали.

Выводы. Состав КМ пациенток с НГЭ характеризовался снижением видового богатства с превалированием факультативно- и облигатно-анаэробных УМП при снижении относительного числа бактерий-симбионтов.

ВАЛИДАЦИЯ НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ КОЛИЧЕСТВЕННОГО ОПРЕДЕЛЕНИЯ ДНК *BETAPOLIOMAVIRUS HOMINIS* (ВКРyV) МЕТОДОМ ПЦР-РВ ОТНОСИТЕЛЬНО МЕЖДУНАРОДНОГО СТАНДАРТА ВОЗ

Сильвейстрова О.Ю.*, Домонова Э.А.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: *Betapolyomavirus hominis*, ВКРyV, NIBSC, международные единицы

VALIDATION OF PCR KIT FOR THE QUANTITATIVE DETERMINATION OF *BETAPOLIOMAVIRUS HOMINIS* (ВКРyV) DNA REGARDING THE WHO INTERNATIONAL STANDARD

Silvestrova O.Yu.*, Domonova E.A.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *Betapolyomavirus hominis*, ВКРyV, NIBSC, international units

***Адрес для корреспонденции:** olga.silvestrova@pcr.ms; elvira.domonova@pcr.ms

Целью работы явилась валидация набора реагентов для количественного определения ДНК *Betapolyomavirus hominis* (ВКРyV) в биологическом материале методом ПЦР-РВ относительно международного стандарта ВОЗ.

В ходе валидации набора реагентов использовали международный стандарт ВОЗ (1st WHO International Standart for BK Virus DNA, NIBSC code: 14/212, version 3.0, 20/08/2021) — препарат ДНК ВКРyV (подтип I, подгруппа 1b-2) с концентрацией 7,2 lg МЕ/мл, а также стандартный образец предприятия СОП № 207 ПКО ДНК ВКРyV с концентрацией 7,61 lg копий/мл (ЦНИИ Эпидемиологии). Для экстракции ДНК применяли комплект реагентов РИБО-преп, для измерения концентрации ДНК вируса — набор реагентов «АмплиСенс ВКРyV-FL» (ЦНИИ Эпидемиологии). Проведены три серии независимых экспериментов в одинаковых условиях. Каждая серия экспериментов включала параллельные пятикратные разведения международного стандарта ВОЗ и образца СОП в концентрации ДНК ВКРyV от 4×10^7 до 10^4 на воде, свободной от нуклеаз («Qiagen GmbH»). Постановки ПЦР и анализ результатов проводили на приборах с системой детекции флуоресцентного сигнала в режиме реального времени «Rotor-Gene Q» («Qiagen GmbH») в соответствии с инструкцией производителя.

По результатам 3 серий экспериментов установлена средняя концентрация СОП № 207 ПКО ДНК ВКРyV, составляющая 8,01 lg МЕ/мл ($s = 0,04$) или $1,02 \times 10^8$ МЕ/мл, и введён коэффициент пересчёта количества ДНК ВКРyV из копий/мл в МЕ/мл, равный 2,5.

Таким образом, набор реагентов «АмплиСенс ВКРyV-FL» для количественного определения ДНК ВКРyV в биологическом материале методом ПЦР-РВ валидирован относительно международного стандарта ВОЗ: 1 МЕ ДНК ВКРyV /мл = 0,4 копии ДНК ВКРyV /мл.

Исследование выполнено в рамках темы Государственного задания № 141-00094-21-00, номер государственного учёта НИОКТР АААА-А21-121011990055-2.

ХАРАКТЕРИСТИКА ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ И КЛИНИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ КОРИ В РЕСПУБЛИКЕ ДАГЕСТАН

Тагирова З.Г.^{1*}, Ниналов М.А.², Понежева Ж.Б.¹, Музыка А.Д.¹, Шабалина С.В.¹

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Республиканский центр инфекционных болезней, профилактики и борьбы со СПИДом, Махачкала, Россия

Ключевые слова: корь, осложнения, тяжесть течения, клиническая картина, вакцинация

CHARACTERISTICS OF THE INCIDENCE AND CLINICAL FEATURES OF MEASLES IN THE REPUBLIC OF DAGESTAN

Tagirova Z.G.^{1*}, Ninalalov M.A.², Ponezheva J.B.¹, Muzyka A.D.¹, Shabalina S.V.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Republican Center for Infectious Diseases, Prevention and Control of AIDS, Makhachkala, Russia

Keywords: *measles, complications, severity of course, clinical picture, vaccination*

***Адрес для корреспонденции:** tagirovaz05@mail.ru

Актуальность кори обусловлена снижением охвата населения вакцинацией, что приводит к резкому подъёму заболеваемости, которая, в частности, в Республике Дагестан носит вспышечный характер.

Цель. Изучить характеристику заболеваемости и клинические особенности кори в Республике Дагестан за 2023 г.

Материалы и методы. В исследовании использовались клинично-лабораторные данные 164 пациентов с корью в Республике Дагестан, среди переболевших детей и подростков от 1 года до 17 лет было 123, взрослых — 41, в том числе 33 человека молодого возраста (18–44 года) и 8 — среднего возраста (45–59 лет).

Результаты. В возрастной структуре переболевших преобладали дети и подростки до 17 лет (75,0%) по сравнению со взрослыми. Среди взрослых пациентов преобладали женщины — 75,6%. Среди детей и подростков гендерное распределение было более равномерным — девочки составили 41,4%, мальчики — 58,6%. В соответствии с Национальным календарём прививок (Приказ МЗ РФ № 1121н от 06.12.2021), большинство переболевших детей — 121 (98,4%) — не были вакцинированы. Среди взрослых пациентов все получили вакцинацию и ревакцинацию в 6 лет, но ни один не получил повторную вакцинацию/ревакцинацию. Неосложнённое течение кори имело место у 135 (82,3%) пациентов с сопоставимой частотой у детей и взрослых (82,9 и 80,5% соответственно). Осложнения кори в виде пневмонии наблюдались у 18 пациентов (10,9%), в том числе у 15 (12,2%) детей и 3 (7,32%) взрослых, прочие осложнения (бронхит, ларингит, отит, стоматит) — у 11 (6,71%) пациентов, в том числе у 6 (4,88%) детей и 5 (12,2%) взрослых, увеличение СОЭ более 12 мм/ч — у 132 (80,5%) пациентов, лейкоцитоз — у 12 (7,3%), снижение гемоглобина менее 110 г/л — у 44 (26,8%). СРБ был повышен у всех пациентов с пневмонией.

Выводы. Охват вакцинацией против кори остаётся низким, особенно у детей. Сопоставимая частота осложнений кори и среднетяжёлой формы кори указывает на необходимость проведения плановой вакцинации/ревакцинации взрослого населения.

РЕЗУЛЬТАТЫ ЛАБОРАТОРНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ ЛИСТЕРИОЗНОГО МЕНИНГОЭНЦЕФАЛИТА У БОЛЬНЫХ, ПЕРЕНЁСШИХ COVID-19

Тагирова З.Г.^{1*}, Нагибина М.В.², Понежева Ж.Б.¹, Шабалина С.В.¹, Смирнова Т.Ю.³

¹Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

²Московский государственный медико-стоматологический университет имени А.И. Евдокимова, Москва, Россия

³Инфекционная клиническая больница № 2, Москва, Россия

Ключевые слова: листериоз, менингоэнцефалит, COVID-19, SARS-CoV-2, иммунодефицит, иммуносупрессивная терапия, постковидный синдром

RESULTS OF LABORATORY STUDIES OF LISTERIOSIS MENINGOENCEPHALITIS IN PATIENTS WHO HAVE UNDERGONE COVID-19

Tagirova Z.G.^{1*}, Nagibina M.V.², Ponezheva Zh.B.¹, Shabalina S.V.¹, Smirnova T.Yu.³

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

²Moscow State Medical and Dental University named after A.I. Evdokimov, Moscow, Russia

³Infectious Clinical Hospital No. 2, Moscow, Russia

Keywords: listeriosis, meningoencephalitis, COVID-19, SARS-CoV-2, immunodeficiency, immunosuppressive therapy, postcovid syndrome

*Адрес для корреспонденции: tagirovaz05@mail.ru

В России случаи заболевания листериозом регистрируются с 1992 г. Несмотря на то что в настоящее время листериоз в основном проявляется как спорадическая инфекция, есть основания предполагать, что значительная часть случаев не диагностируется.

Материалы и методы. У 29 больных при поступлении в ИКБ № 2 г. Москвы в период с 2020–2022 гг. при исследовании спинномозговой жидкости методом полимеразной цепной реакции обнаружена ДНК *Listeria monocytogenes*. Особый интерес вызвали 9 пациентов (31%), которые в течение 1 мес до листериозного менингоэнцефалита (ЛМЭ) перенесли тяжелое течение COVID-19 с применением генно-инженерных биологических препаратов в сочетании с гормонотерапией, средний возраст пациентов составил $46,1 \pm 4,3$ года.

Результаты. Раннему развитию ЛМЭ способствуют такие факторы риска, как вирусные инфекции, аутоиммунные и онкологические заболевания. Из-за полиморфизма клинических проявлений у половины (55,5%) пациентов при первичном обращении за медицинской помощью ЛМЭ не был заподозрен. Диагностика ЛМЭ в постковидном периоде представляет определенные трудности

ввиду отсутствия специфических клинических проявлений, а симптомы могут длительно рассматриваться как long-COVID.

При поступлении у 78% больных ЛМЭ в крови был повышен уровень С-реактивного белка (36–116 мг/л) и фибриногена (4,6–20,3 г/л). В спинно-мозговой жидкости при поступлении: плеоцитоз 760 ± 128 кл/мкл, белок $1,2 \pm 0,6$ г/л, глюкоза $1,1 \pm 0,2$ ммоль/л, лактат $8,9 \pm 1,0$ ммоль/л. Летальный исход был зафиксирован у 10 (34,5%) пациентов с ЛМЭ на 9–51-й (в среднем $18,25 \pm 5,1$) дни лечения.

Выводы. У больных молодого и среднего возраста, имеющих неврологическую симптоматику и перенёсших тяжёлое течение COVID-19 с применением иммуносупрессивной и гормональной терапии на фоне снижения иммунного ответа вследствие воздействия SARS-CoV-2, приводит к поздней диагностике нейрوليستيرоза и способствует длительному течению болезни и реабилитации.

ОЦЕНКА ЭФФЕКТИВНОСТИ ПРИМЕНЕНИЯ РЕКОМБИНАНТНОГО БЕЛКА P41 *BORRELIA BURGdorFERI S.L.*

Филатов П.В.*, Ерш А.В., Ушкаленко Н.Д., Полтавченко А.Г., Шаньшин Д.В.

Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор», Кольцово, Россия

Ключевые слова: дот-иммуноанализ, белковая матрица, *Borrelia burgdorferi s.l.*

EVALUATION OF THE APPLICATION OF RECOMBINANT P41 PROTEIN BY *BORRELIA BURGdorFERI S.L.*

Filatov P.V.*, Ersh A.V., Ushkalenko N.D., Poltavchenko A.G., Shanshin D.V.

State Research Center of Virology and Biotechnology «Vector», Koltsovo, Russia

Keywords: dot-immunoassay, protein arrays, *Borrelia burgdorferi s.l.*

***Адрес для корреспонденции:** filatov_pv@vector.nsc.ru

Болезнь Лайма (клещевой системный боррелиоз) — наиболее распространённое трансмиссивное, природно-очаговое заболевание, вызывающее множество осложнений.

Целью исследования является получение и оценка эффективности применения рекомбинантного аналога флагелинового белка p41 *Borrelia burgdorferi s.l.* для выявления антител методом дот-иммуноанализа.

Материалы и методы. Получен рекомбинантный фрагмент флагеллинового белка p41 с высокой иммуногенностью. Белок нарабатывали в клетках *Escherichia coli* штамма BL21(DE3), очистку проводили методом металл-хелатной аффинной хроматографии. По ранее отработанной методике произведена сорбция полученного белка на подложку.

В экспериментах использована охарактеризованная панель из 50 сывороток, содержащая 20 отрицательных и 30 положительных образцов от перенесших боррелиоз пациентов.

Результаты и обсуждение. Проведено сравнительное исследование панели с использованием коммерческого набора для ИФА «ЛаймБест-IgG» (АО «Вектор-Бест») и экспериментального дот-теста на основе полученного белка.

Все образцы адекватно определяются использованными наборами.

Таким образом, полученный белок р41 может быть полезным реагентом захвата при создании диагностических тест-систем.

Исследование проводится в рамках выполнения государственного задания.

Методические вопросы молекулярной диагностики

ВЛИЯНИЕ РАЗМЕРА НАНОЧАСТИЦ КОЛЛОИДНОГО ЗОЛОТА НА АНАЛИТИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ МЕТОДА ИММУНОХРОМАТОГРАФИЧЕСКОГО АНАЛИЗА ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ АНТИТЕЛ К ВИРУСУ ГЕПАТИТА E

Алаторцева Г.И.*, Нестеренко Л.Н., Амиантова И.И., Притворова Л.Н., Доценко В.В., Зверев В.В., Свитич О.А.

Научно-исследовательский институт вакцин и сывороток имени И.И. Мечникова, Москва, Россия

Ключевые слова: иммунохроматографический анализ, белок ORF2 ВГЕ, IgG

THE IMPACT OF THE COLLOIDAL GOLD NANOPARTICLES SIZE ON THE ANALYTICAL CHARACTERISTICS OF THE IMMUNOCHROMATOGRAPHIC ANALYSIS METHOD FOR ANTIBODIES TO HEPATITIS E VIRUS DETECTION

Alatortseva G.I.*, Nesterenko L.N., Amiantova I.I., Pritvorova L.N., Dotsenko V.V., Zverev V.V., Svitich O.A.

Mechnikov Research Institute for Vaccines and Sera, Moscow, Russia

Keywords: immunochromatographic analysis, HEV protein ORF2, IgG

*Адрес для корреспонденции: alatortseva@gmail.com

Цель. Оценка влияния размеров наночастиц коллоидного золота (НЧЗ) на эффективность применения их конъюгатов в иммунохроматографическом анализе (ИХА) для выявления IgG-антител к вирусу гепатита E (АТ-ВГЕ).

Материалы и методы. Рекомбинантный антиген ORF2 ВГЕ 3 генотипа (рекАг), антитела козы к IgG человека (АТ), антитела кролика к рекАг (ПАТ), сыворотки крови людей с АТ-ВГЕ ($n = 134$) и без них ($n = 90$). Проведены иммунохимический анализ, дот-иммуноанализ, электронная микроскопия.

Результаты. Цитратным методом получены НЧЗ с размерами (по результатам электронной микроскопии) 16, 25 и 41 нм. Оптимизированы условия адсорбции рекАг на поверхности НЧЗ с учётом физико-химических свойств и стабилизирующей концентрации белка. В дот-иммуноанализе наиболее яркое стабильное окрашивание реакционной зоны происходило с конъюгатом НЧЗ-41 нм. Оптимизированы условия сорбции ПАТ и АТ в контрольной

и аналитической зонах ИХА-тест-полосок. В реакциях с пробами, содержащими и не содержащими АТ-ВГЕ, чувствительность теста составила 97,8%, специфичность — 95,7% ($p \leq 0,05$). Окрашивание контрольной зоны свидетельствовало о корректности проведения анализа.

Выводы. Эффективность ИХА-теста для выявления АТ-ВГЕ зависит от размера НЧЗ в составе конъюгата.

БЕЛКОВЫЕ ПРОФИЛИ БОРДЕТЕЛЛ ПРИ ПОДГОТОВКЕ КУЛЬТУР НА РАЗНЫХ ПИТАТЕЛЬНЫХ СРЕДАХ

Видманова М.В.*, Лямин А.В., Исмагуллин Д.Д., Шеститко Е.Ю., Жестков А.В.

Самарский государственный медицинский университет, Самара, Россия

Ключевые слова: белковый профиль, масс-спектрометрия, *Bordetella* spp.

BORDETELLA PROTEIN PROFILES IN CULTIVATION OF CROPS ON DIFFERENT NUTRIENT MEDIA

Vidmanova M.V.*, Lyamin A.V., Ismatullin D.D., Shestitko E.Yu., Zhestkov A.V.

Samara State Medical University, Samara, Russia

Keywords: protein profile, mass spectrometry, *Bordetella* spp.

*Адрес для корреспонденции: maria.vidmanova17@yandex.ru

Цель исследования — провести сравнительный анализ данных по белковому профилированию *Bordetella* spp., подготовленных различных на питательных средах.

Материалы методы. Изучены белковые профили *B. pertussis*, *B. parapertussis*, *B. bronchiseptica*, выращенных на питательных средах с рецептурными комбинациями. В качестве основы питательной среды были использованы: казеиново-угольный агар, Borde-Gengou Agar, Regan-Lowe Charcoal Agar. В качестве кровяного компонента использовались лошадиная и баранья дефибринированная кровь. В качестве антимикробного препарата (АМП) были использованы пенициллин, бициллин, цефалексин и рецептура без АМП. Всего апробировано 24 рецептурные комбинации. Идентификация протеомных профилей *Bordetella* spp. проводилась на MALDI Toff масс-спектрометре «Bruker» в режиме Standart по показателю «Score».

Результаты. Количественные значения показателя «Score» подвергались сравнительному анализу в зависимости от используемой основы, крови, АМП, и от комбинаций отдельных компонентов. Наиболее достоверная идентификация *Bordetella* spp. по показателю «Score» отмечалась при использовании основы Borde-Gengou Agar (статистически значимые различия $p = 0,035$, критерий

Краскела–Уоллиса). При использовании других компонентов статистически значимых различий не выявлено.

Выводы. Использование основы Borde-Gengou Agar является оптимальным для проведения масс-спектрометрической идентификации *Bordetella* spp.

НАНОЗИМНОЕ УСИЛЕНИЕ В ИММУНОХРОМАТОГРАФИЧЕСКИХ ТЕСТ-СИСТЕМАХ

Жердев А.В.*, Гендриксон О.Д., Панферов В.Г., Сафенкова И.В., Дзантиев Б.Б.

Институт биохимии имени А.Н. Баха, Москва, Россия

Ключевые слова: *внелабораторная диагностика, иммунохроматография, нанозимы, выявление патогенов, выявление токсинов*

NANOZYME ENHANCEMENT IN IMMUNOCHROMATOGRAPHIC TEST SYSTEMS

Zherdev A.V.*, Hendrickson O.D., Panferov V.G., Safenkova I.V., Dzantiev B.B.

A.N. Bach Institute of Biochemistry, Moscow, Russia

Keywords: *out-of-laboratory diagnostics, immunochromatography, nanozymes, detection of pathogens, detection of toxins*

***Адрес для корреспонденции:** zherdev@inbi.ras.ru

Принцип иммунохроматографии (ИХ) благодаря простоте и экспрессности нашёл широкое применение как в иммунодиагностике с полной реализацией аналитических взаимодействий на мембранах тест-полоски, так и в молекулярно-генетической диагностике для бесприборного выявления продуктов амплификационных реакций. Однако недостаточная чувствительность при использовании традиционных ИХ-маркеров — окрашенных высокодисперсных частиц — не позволяет применять этот подход при решении ряда задач. В сообщении представлены результаты изучения ИХ-систем с использованием нанозимов — каталитически активных наночастиц (НЧ). Рассмотрены способы усиления оптического сигнала в ИХ, основанные на окислительной трансформации нанозимами хромогенных субстратов и на каталитическом наращивании размеров НЧ. Проведено сравнение моно-, двух- и трёхкомпонентных металлических НЧ разных размеров и формы, описаны изменения активности при поверхностной модификации НЧ. ИХ с нанозимным усилением применена для выявления вирусных и бактериальных патогенов (сэндвич-схемы), низкомолекулярных токсикантов (конкурентные схемы). Показано снижение пределов обнаружения от 10 до 500 раз в зависимости от аналита.

Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда, грант 24-43-00196.

ОЦЕНКА ВОЗМОЖНОСТИ ПРОВЕДЕНИЯ МАССОВЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ НА МОДЕЛИ COVID-19

Каримова Т.В.*, Прядкина Е.Н., Чернышова Т.В., Гонтарев Д.В., Гурский М.А., Попов А.В., Семенова Е.В., Парахина А.И., Парахина Л.И.

Центр гигиены и эпидемиологии в Новосибирской области, Новосибирск, Россия

Ключевые слова: COVID-19, ПЦР, массовые исследования

ASSESSING THE FEASIBILITY OF CONDUCTING MASS STUDIES ON THE COVID-19 MODEL

Karimova T.V.*, Pryadkina E.N., Chernyshova T.V., Gontarev D.V., Gursky M.A., Popov A.V., Semenova E.V., Parakhina A.I., Parakhina L.I.

Center of Hygiene and Epidemiology in the Novosibirsk Region, Novosibirsk, Russia

Keywords: COVID-19, PCR, mass research

*Адрес для корреспонденции: tatianakarimova357@gmail.com

Введение. Пандемия COVID-19 заставила переосмыслить подходы в обеспечении готовности практических лабораторий к чрезвычайным ситуациям. В соответствии с федеральным проектом «Санитарный щит» в регионах России созданы лаборатории массовых исследований, оснащенные современным оборудованием.

Цель. Оценить результаты научно-практических подходов в проведении массовых лабораторных исследований на модели SARS-CoV-2.

Материалы и методы. Исследовано 950 мазков из носа и ротоглотки больных. Использовано высокотехнологичное оборудование (HAMILTON ($n = 2$), King Fisher Flex, CFX-96 ($n = 2$), CFX-384) для выделения и амплификации нуклеиновых кислот.

Результаты и обсуждение. Исследовано 950 проб в течение 24 ч: ВНК HAMILTON — 768 проб (4 запуска, раскапка для амплификации); King Fisher — 192 пробы (2 запуска); амплификации проб (4 запуска: 2*CFX-96; 2*CFX-384). Хронометраж каждого этапа показал, что наиболее затратным по времени является первый этап приёма, регистрации, вскрытия упаковки и маркировка проб — 15–30 ч, при участии 6 сотрудников.

Вывод. Для эффективной реализации концепции массовых исследований в сжатые сроки необходимо разработать и внедрить в практическую деятельность лабораторий автоматизацию, стандартизацию преаналитического этапа исследований (забор образцов, учёт, регистрация и т.д.).

ДЕЙСТВИЕ *YERSINIA PESTIS* EV НИИЭГ И ЕГО ИЗОГЕННЫХ ПРОИЗВОДНЫХ НА МЕМБРАНУ ЭРИТРОЦИТОВ КРОВИ МОРСКИХ СВИНОК

Клюева С.Н.*, Бугоркова С.А., Ерохин П.С., Гончарова А.Ю., Кравцов А.Л.

Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора, Саратов, Россия

Ключевые слова: *Yersinia pestis*, плазмиды pYT, pYV, pYP

EFFECT OF *YERSINIA PESTIS* EV NIIEG AND ITS ISOGENIC DERIVATIVES ON THE MEMBRANE OF ERYTHROCYTE BLOOD OF GUINEA PIGS

Klyueva S.N.*, Bugorkova S.A., Erokhin P.S., Goncharova A.Yu., Kravtsov A.L.

Russian Research Anti-Plague Institute «Microbe» Saratov, Russia

Keywords: *Yersinia pestis*, plasmids pYT, pYV, pYP

*Адрес для корреспонденции: klyueva.cvetlana@mail.ru

Представляет интерес поиск информативных критериев доклинической оценки противочумных вакцин.

Цель работы — оценка изменений состояния мембраны эритроцитов крови морских свинок в ответ на введение вакцинного штамма *Yersinia pestis* EV НИИЭГ и его изогенных производных методом атомно-силовой микроскопии. Животных иммунизировали штаммами *Y. pestis* EV НИИЭГ (pYT⁺, pYV⁺, pYP⁺), *Y. pestis* KM216 (pYT⁻, pYV⁻, pYP⁺), *Y. pestis* KM217 (pYT⁻, pYV⁺, pYP⁻), *Y. pestis* KM218 (pYT⁻, pYV⁻, pYP⁻). Наиболее выраженные изменения поверхностной архитектоники мембраны эритроцитов установлены в течение первых 3 сут иммуногенеза в отношении *Y. pestis* EV и *Y. pestis* KM217 в дозе 5×10^8 КОЕ. Регистрировали значимое повышение доли трансформированных форм клеток ($43,67 \pm 3,63$ и $37,83 \pm 7,03\%$ против $4,08 \pm 0,86\%$ в контроле), среднеквадратичной шероховатости (319 ± 8 и 312 ± 7 нм против 70 ± 6 нм в контроле), модуля Юнга ($125,73 \pm 4,48$ и $113,8 \pm 5,41$ кПа против $53,03 \pm 1,47$ кПа в контроле). К 21-м суткам величина указанных показателей снижалась в среднем в 2,7; 2,0 и 1,5 раза соответственно, что указывало на восстановление мембраны эритроцитов. Установлена зависимость формирования изменений и скорость их восстановления в мембране эритроцитов от плазмидного состава штаммов *Y. pestis*, что может быть использовано в качестве дополнительных характеристик при разработке новых критериев доклинической оценки противочумных вакцин.

ПОВРЕЖДЕНИЕ ГРАНУЛОЦИТОВ КРОВИ ПРИВИТЫХ ПРОТИВ ЧУМЫ МОРСКИХ СВИНОК АНТИГЕНАМИ *YERSINIA PESTIS* НА МОДЕЛИ БАКТЕРИЕМИИ *EX VIVO*

Кравцов А.Л.*, Гончарова А.Ю., Бугоркова С.А., Ключева С.Н., Кожевников В.А.

Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора, Саратов, Россия

Ключевые слова: *Yersinia pestis*, нейтрофильные гранулоциты, нетоз, проточная цитометрия

DAMAGE OF ANTI-PLAGUE VACCINATED GUINEA PIG BLOOD GRANULOCYTES BY *YERSINIA PESTIS* ANTIGENS IN AN *EX VIVO* MODEL OF BACTEREMIA

Kravtsov A.L.*, Goncharova A.Yu., Bugorkova S.A., Klyueva S.N., Kozhevnikov V.A.

Russian Research Anti-Plague Institute «Microbe» Saratov, Russia

Keywords: *Yersinia pestis*, neutrophil granulocytes, NETosis, flow cytometry

*Адрес для корреспонденции: kravzov195723@gmail.com

Целью работы явилась сравнительная оценка на модели чумной бактериемии *ex vivo* интенсивности повреждения нейтрофильных гранулоцитов в крови морских свинок, подкожно привитых вакцинным штаммом *Yersinia pestis* EV и его менее иммуногенными изогенными производными. Бактериемию моделировали в крови иммунных животных на 21-е сутки иммуногенеза путем добавления 10^8 м.к./мл живых клеток *Y. pestis* EV, выращенных при 37°C. Методом проточной цитометрии подсчитывали в крови долю гранулоцитов, утрачивающих к 4 ч инкубации свою исходно высокую степень внутриклеточной гранулярности. Результаты представляли в виде показателя повреждения нейтрофилов (ППН). Для эталонного штамма значения ППН были 0,44 (0,31–0,58), против 0,05 (0,02–0,09) для интактных животных, $p < 0,001$. Для трёх изогенных штаммов, в 200 раз менее эффективно защищающих свинок от заражения чумой, ППН был существенно ниже: 0,08 (0,04–0,13), $p > 0,05$; 0,16 (0,13–0,21) и 0,22 (0,14–0,28), $p < 0,05$. Полученные данные согласуются с современными представлениями о решающей роли антителозависимой цитотоксичности нейтрофилов, реализуемой в иммунном организме с помощью механизма нетоза, в предотвращении сепсиса и могут быть использованы при оценке защитных свойств противочумных вакцин на этапе доклинических испытаний.

ФЕРМЕНТАТИВНАЯ ПРЕДОБРАБОТКА КЛЕТОК ДРОЖЖЕЙ ДЛЯ ВЫДЕЛЕНИЯ ГЕНОМНОЙ ДНК: ПОЛУЧЕНИЕ РЕКОМБИНАНТНОГО ФЕРМЕНТА ЛИТИКАЗЫ

Пика М.И.*, Черкашина А.С., Акимкин В.Г.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: литиказа, фермент, экспрессия

ENZYMATIC PRE-TREATMENT OF YEAST CELLS FOR ISOLATION OF GENOMIC DNA: PRODUCTION A RECOMBINANT ENZYME LYTICASE

Pika M.I.*, Cherkashina A.S., Akimkin V.G.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: lyticase, enzyme, expression

*Адрес для корреспонденции: m.zotova@cmd.su

Литиказа — фермент, относящийся к классу β -1,3-глюканаз (КФ 3.2.1.39), катализирующих гидролиз глюканов, содержащих -1,3-связанные мономеры глюкозы. Глюканы — одни из основных полисахаридов клеточной стенки дрожжей. На практике использование ферментативной стадии предобработки образцов, содержащих дрожжевые или грибковые патогены, позволяет облегчить процесс выделения нуклеиновых кислот из данных патогенов.

Цель работы — разработка уникальной оптимизированной последовательности гена, кодирующего литиказу из бактерий *Cellulosimicrobium cellulans*, экспрессия, выделение и очистка рекомбинантного фермента и оценка возможности его применения.

Материалы и методы. С использованием генно-инженерных методов была получена последовательность гена, оптимизированная для экспрессии в клетках *Escherichia coli*. Был проведён подбор экспрессионных штаммов-продуцентов и условий культивирования. Очистку проводили методом металл-аффинной хроматографии с последующей гель-фильтрацией, в результате был получен фермент в растворимой форме с электрофоретической чистотой более 90%. Полученный фермент использовался для ферментативной предобработки клеток дрожжей с целью выделения геномной ДНК.

Результаты. Было показано наличие ферментативной активности при различных концентрациях фермента и pH реакционного буфера. Добавление литиказы приводит к существенному сдвигу пороговых циклов (Ct) в сторону меньших значений на клетках патогенов (*Candida albicans*, *C. tropicalis*) и на клинических образцах, содержащих клетки *C. albicans*.

УГЛЕВОДЫ, ВЫЯВЛЯЕМЫЕ ПРИ MALDI-TOF-МАСС-СПЕКТРОМЕТРИИ КЛЕТОК *CANDIDA ALBICANS*, КАК ПЕРСПЕКТИВНЫЕ МАРКЕРЫ СВОЙСТВ ВОЗБУДИТЕЛЯ КАНДИДОЗА

Рябинин И.А.*, Ремнева Н.П., Тебенкова Л.А.

Северо-Западный государственный медицинский университет имени И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия

Ключевые слова: кандидоз, *Candida*, MALDI-TOF-масс-спектрометрия

CARBOHYDRATES DETECTED BY MALDI-TOF-MASS-SPECTROMETRY OF *CANDIDA ALBICANS* CELLS AS PROMISING MARKERS OF THE PROPERTIES OF THE CANDIDIASIS CAUSATIVE AGENT

Ryabinin I.A.*, Ryemneva N.P., Tebenkova L.A.

North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov, Saint Petersburg, Russia

Keywords: candidiasis, *Candida*, MALDI-TOF-mass-spectrometry

*Адрес для корреспонденции: igor.ryabinin@szgmu.ru

Цель работы — выявить сигналы от сахаров в MALDI-масс-спектре клеток *Candida albicans* и дать интерпретацию их присутствия.

Материалы и методы. Масс-спектрометрию серии штаммов *C. albicans* с кислотной обработкой на мишени провели на инструменте Autoflex speed TOF/TOF в режиме «МВТ». Лучший по параметрам съёмки и консервативный для вида по композиции масс-спектр аннотировали в flexAnalysis в режиме детекции углеводов.

Результаты и обсуждение. Обнаружили остатки 10 углеводов. Ряд соединений предположительно происходят от повреждения лазером гликанов клеточной стенки: хитина (N-ацетилглюкозамин, гексозамин) и b-глюканов (дигексоза, тригексоза), сиаловой кислоты. X-пентоза и дезоксирибоза связаны с внеклеточной ДНК (?), которая у *C. albicans* участвует в биоплёнокообразовании. Необычным оказалось присутствие остатков фукозы (её *C. albicans* обычно связывает извне), глюкуроната (синтезируется *Pseudohyphozyma bogoriensis*, но не *Candida* spp.) и N-гликолилсиалата (типичен для млекопитающих).

Выводы. В изученной фракции гликома *C. albicans* выявили соединения, выполняющие структурные функции, а также компоненты, участвующие в ранее не аннотированных у этого вида грибов метаболических путях. Необходимо определение их роли в патогенезе форм кандидоза и диагностического значения.

Работа выполнена в рамках Государственного задания Минздрава России № 124021400014-5.

СТРАТЕГИЯ ПРОГНОЗИРОВАНИЯ ТЕЧЕНИЯ COVID-19 НА ДОГОСПИТАЛЬНОМ ЭТАПЕ: ОПЫТ ПАНДЕМИИ

Санькова М.В.*, Полуэктова В.Б.

Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова (Сеченовский Университет), Москва, Россия

Ключевые слова: *клинический анализ крови, тяжесть COVID-19, экспресс-оценка*

STRATEGY FOR PREDICTING THE COVID-19 COURSE AT THE PREHOSPITAL STAGE: PANDEMIC EXPERIENCE

Sankova M.V.*, Poluektova V.B.

I.M. Sechenov First Moscow State Medical University, Moscow, Russia

Keywords: *clinical blood test, COVID-19 severity, express assessment*

***Адрес для корреспонденции:** cankov@yandex.ru

Цель работы — изучение предиктивных возможностей клинического анализа крови при COVID-19.

Материалы и методы. На базе НИИ СП имени Н.В. Склифосовского в зависимости от исхода заболевания у 122 пациентов с подтверждённым диагнозом: «COVID-19, тяжёлое течение» оценивались показатели клинического анализа крови.

Результаты и обсуждение. Показано, что тяжёлое течение COVID-19 характеризуется наличием выраженной лимфопении и ускоренной СОЭ. Риск летального исхода существенно возрастает при сочетании лимфопении < 0,74 тыс/мкл с нейтрофилёзом и повышением нейтрофильно-лимфоцитарного соотношения выше 6,24. Ухудшение состояния отмечается при развитии цитопенического синдрома, возникающего вследствие как прямого повреждения клеток вирусом, так и гиперпродукции цитокинов и нарастающей в процессе заболевания гипоксии. Возникновение анемии и снижение количества моноцитов приводит к супрессии адаптивного иммунитета и усугублению гипоксии органов. Значимым фактором, влияющим на исход COVID-19, является присоединяющаяся тромбоцитопения, которая является результатом не только угнетения образования тромбоцитов, но и в большей степени следствием аномальной коагулопатии, имеющей место при осложнённом течении заболевания. Патология системы свертывания крови в сочетании с системным васкулитом становятся основными факторами, определяющими развитие полиорганной недостаточности и высокий риск летального исхода.

Выводы. Выявление установленных слагаемых неблагоприятного исхода COVID-19 позволит своевременно скорректировать проводимую терапию.

ОПЫТ ПРОВЕДЕНИЯ ТРЕНИРОВОЧНЫХ ЗАНЯТИЙ ПО ЛИКВИДАЦИИ АВАРИЙ В КЛИНИКО-ДИАГНОСТИЧЕСКИХ ЛАБОРАТОРИЯХ

Ситникова А.Л., Зинич Л.С., Василенко К.А., Тихонов С.Н.*

Противочумная станция Республики Крым, Симферополь, Россия

Ключевые слова: лабораторная диагностика, биобезопасность, авария

EXPERIENCE IN CONDUCTING TRAININGS ON ACCIDENT RESPONSE IN CLINICAL DIAGNOSTIC LABORATORIES

Sitnikova A.L., Zinich L.S., Vasilenko K.A., Tikhonov S.N.*

Anti-plague station of the Republic of Crimea, Simferopol, Russia

Keywords: laboratory diagnostics, biosafety, accident

*Адрес для корреспонденции: krimpchs@mail.ru

Клинико-диагностические лаборатории (КДЛ) должны соответствовать действующим государственным санитарно-эпидемиологическим нормам. Обеспечение мер биологической безопасности (ББ) при работе с биоматериалом предотвращает контаминацию образцов, объектов лаборатории, персонала. В соответствии с правилами проведения лабораторных исследований (Приказ МЗ РФ от 18.05.2021 № 464н) весь биологический материал, поступающий в организации, осуществляющие медицинскую деятельность, должен рассматриваться как потенциально инфицированный. Одним из элементов обеспечения ББ являются тренировочные занятия по ликвидации биологических аварий.

Противочумная станция Республики Крым Роспотребнадзора использует в медицинских организациях Республики Крым и г. Севастополя практический подход: непосредственно на рабочих местах моделируются наиболее вероятные аварийные ситуации, связанные с биологическими угрозами в зависимости от вида проводимых работ (иммунологические, биохимические, молекулярно-генетические и другие исследования). При демонстрации практических действий наблюдатели процесса вносят поправки, делают фотофиксацию. Разбираются ошибки и причины их возникновения. По итогу проведённых занятий в ряде КДЛ предложены мероприятия по улучшению ББ: 1) актуализация планов ликвидации аварий с адаптацией под конкретные виды работ; 2) доукомплектование противоэпидемическим имуществом: аварийные аптечки, запасная рабочая одежды, устройствами для дезинфекции методом орошения и др.; 3) отработка навыков использования средств индивидуальной защиты, проведения заключительной дезинфекции, ликвидации аварий.

ЦИСТАТИН С — ВЫСОКОЧУВСТВИТЕЛЬНЫЙ МАРКЕР КЛИНИЧЕСКОЙ ДИАГНОСТИКИ

Ткаченко Н.В.*

Белорусский государственный медицинский университет, Минск, Республика Беларусь

Ключевые слова: *цистатин С, диагностический маркер*

CYSTATIN C IS A HIGHLY SENSITIVE MARKER OF CLINICAL DIAGNOSIS

Tkachenko N.V.*

Belarusian State Medical University, Minsk, Belarus

Keywords: *cystatin C, diagnostic marker*

*Адрес для корреспонденции: niltkachenko@gmail.com

Цистатин С — лабораторный тест, направленный на определение концентрации в крови белка, уровень которого коррелирует с сохранностью функции почек, а также является самостоятельным фактором риска при некоторых сердечно-сосудистых заболеваниях. Цистатин С — это белок, который продуцируется всеми ядродержащими клетками человеческого организма. Уровень цистатина С влияет на выраженность процессов синтеза или распада внеклеточных структур, в том числе в стенках сосудов и при перестройке миокарда. Указанные свойства цистатина С позволяют использовать его в качестве высокочувствительного лабораторного маркера в определении тяжести и прогнозов при сердечно-сосудистых заболеваниях. В настоящее время основной областью применения цистатина С в качестве диагностического маркера является исследование функции почек. Цистатин С, являясь белком с низкой молекулярной массой, свободно фильтруется в почечных клубочках, реабсорбируется в почечных канальцах и полностью метаболизируется в почках, не возвращаясь назад в кровь. Нарушение функции клубочкового аппарата почек приводит к снижению скорости клубочковой фильтрации (СКФ) и накоплению в крови цистатина С, что является важным диагностическим маркером при заболеваниях почек. Цистатин С — это: 1) самый точный эндогенный маркер СКФ, по своим диагностическим характеристикам значительно превосходящий креатинин; 2) высокочувствительный маркер тяжести сердечно-сосудистых событий, независимый от таких кардиомаркеров, как кардиальные тропонины, натрийуретические пептиды, С-реактивный белок и др.; 3) ранний маркер преэклампсии; 4) перспективный маркер инвазивности некоторых злокачественных заболеваний.

ОПТИМИЗАЦИЯ УСЛОВИЙ ГИБРИДИЗАЦИИ ДНК-БИОЧИПА ДЛЯ ДЕТЕКЦИИ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ

Филатова Е.Н.*, Сахарнов Н.А., Попкова М.И., Уткин О.В.

Нижегородский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени академика И.Н. Блохиной Роспотребнадзора, Нижний Новгород, Россия

Ключевые слова: внебольничная пневмония, ДНК-биочип, *S. pneumoniae*, *H. influenzae*

OPTIMIZATION OF CONDITIONS FOR HYBRIDIZATION OF DNA BIOCHIPS FOR DETECTION OF BACTERIAL CAUSES OF COMMUNITY-ACQUIRED PNEUMONIAE

Filatova E.N.*, Sakharnov N.A., Popkova M.I., Utkin O.V.

Blokhina Scientific Research Institute of Epidemiology and Microbiology of Nizhny Novgorod, Nizhny Novgorod, Russia

Keywords: community-acquired pneumoniae, DNA-microarray, *Streptococcus pneumoniae*, *Haemophilus influenzae*

*Адрес для корреспонденции: el.filatova83@gmail.ru

Внебольничная пневмония (ВП) — острое инфекционное полиэтиологическое заболевание. Перспективна разработка ДНК-биочипа для выявления этиологических агентов ВП, однако качество диагностики зависит от оптимизации протокола гибридизации биоматериала.

Цель работы — подбор параметров гибридизации экспериментального ДНК-биочипа для индикации бактериальных возбудителей ВП.

Использовали пулированный образец 18 мазков слизистой глотки детей с ВП, содержащих ДНК *Streptococcus pneumoniae* и *Haemophilus influenzae*. Выделенную тотальную ДНК амплифицировали с применением рандомных праймеров и транслировали с добавлением биотин-меченых нуклеотидов. Полученную ДНК гибридизовали на разработанный ранее ДНК-биочип, варьируя количество и длину гибридизуемой ДНК, температуру гибридизации. Оценивали эффективность (процент зондов с сигналом гибридизации выше 3 по шкале Z-оценки), чувствительность и специфичность гибридизации.

Путем последовательного отбора было определено оптимальное сочетание параметров гибридизации ДНК на ДНК-биочип: 2 мкг ДНК с длиной фрагментов 300 н.о. при 47°C. Эффективность гибридизации составила 15%, чувствительность — 0,46, специфичность — 1,00. Дальнейшее тестирование с клиническими образцами, содержащими только ДНК *S. pneumoniae* или *H. influenzae*, показало возможность применения ДНК-биочипа для детекции бактериальных возбудителей ВП.

ДЕТЕКЦИЯ ГЕНОВ ХОЛЕРНЫХ ВИБРИОНОВ В РЕАКЦИИ ПЕТЛЕВОЙ ИЗОТЕРМИЧЕСКОЙ АМПЛИФИКАЦИИ (LAMP)

Чемисова О.С., Цырулина О.А.*, Трухачев А.Л., Носков А.К.

Ростовский-на-Дону противочумный институт, Ростов-на-Дону, Россия

Ключевые слова: изотермическая петлевая амплификация, серогруппа, холера

DETECTION OF *CHOLERA VIBRIO* GENES IN THE LOOP ISOTHERMAL AMPLIFICATION REACTION (LAMP)

Chemisova O.S., Tsyurulina O.A.*, Trukhachev A.L., Noskov A.K.

Keywords: isothermal loop amplification, serogroup, cholerae

*Адрес для корреспонденции: rykowskaya.oxana@yandex.ru

Холера — это опасное диарейное заболевание, вызываемое холерным вибрионом O1 и O139. Ранее нами были сконструированы праймеры для изотермической петлевой амплификации (LAMP) к видоспецифичному гену *ompW*, и гену *ctxA*, кодирующему холерный токсин *Vibrio cholerae*.

Цель работы — подбор и конструирование праймеров для LAMP к генам *tcp*, ответственному за синтез токсин-корегулируемых пилей адгезии, *wbe* и *wbf*, позволяющим определить принадлежность к серогруппам O1, O139 *V. cholerae*.

Материалы и методы. В работе использовано 30 штаммов *V. cholerae* разных серогрупп с различными генетическими характеристиками и 15 штаммов близкородственных видов и родов. ДНК выделяли из чистой культуры микроорганизмов. Конструирование праймеров проводилось с помощью программ Primer Explorer 5, VNTI9 и BLAST NCBI. Праймеры синтезированы фирмой «Евроген». Работу проводили с использованием наборов для LAMP (ООО «Биолабмикс»). Детекцию результатов амплификации осуществляли с помощью амплификатора по каналу FAM.

Результаты и обсуждение. На первом этапе к генам *tcp*, *wbe* и *wbf* *V. cholerae* было сконструировано по несколько наборов праймеров, которые были виртуально *in silico* апробированы на 300 штаммах из базы данных GenBank. Для проверки *in vitro* были отобраны те праймеры, которые показали 100% специфичность *in silico*: *tcpAeltor70*, *tcpAcl43*, *tcpAeltor40*, *tcpAcl1*, *wbfR43*, *wbfR63* и *wbe5*. В результате только праймеры *tcpAeltor70*, *tcpAcl43*, *wbfR43* и *wbe5* показали 100% специфичность при использовании коллекционных штаммов. Праймеры *tcpAcl43* обеспечивали идентификацию *tcp+* *V. cholerae* классического биовара, а *tcpAeltor70* — El Tor. Праймеры *wbe5* и *wbfR43* позволяли выявлять штаммы *V. cholerae* O1 и O139 соответственно. Специфичность составила 100%, а чувствительность 1×10^4 м.кл./мл.

Выводы. Таким образом, подобраны и сконструированы праймеры, которые обеспечивают быструю и точную детекцию штаммов холерных вибрионов.

К ВОПРОСУ О БИОБЕЗОПАСНОСТИ ШТАММОВ-ПРОДУЦЕНТОВ БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ ВЕЩЕСТВ

Шейна Н.И.^{1*}, Буданова Е.В.²

¹Российский национальный исследовательский медицинский университет имени Н.И. Пирогова, Москва, Россия

²Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова (Сеченовский Университет), Москва, Россия

Ключевые слова: биобезопасность, биотехнологические микроорганизмы, микробиота кишечника, гигиеническое нормирование, воздух рабочей зоны и атмосферы

ON THE ISSUE OF THE BIOSAFETY OF MICROBIAL STRAINS PRODUCING BIOLOGICALLY ACTIVE SUBSTANCES

Sheina N.I.^{1*}, Budanova E.V.²

¹Pirogov Russian National Research Medical University, Moscow, Russia

²I.M. Sechenov First Moscow State Medical University (Sechenov University), Moscow, Russia

Keywords: biosafety, biotechnological (industrial) microorganisms, intestinal microbiota, hygiene regulations, biosafety standards, ambient air, air of the working area

*Адрес для корреспонденции: ni_sheina@mail.ru

Биотехнологическая промышленность производит широкий ассортимент продукции, используемой в медицине, ветеринарии, сельском хозяйстве, пищевой и химической промышленности. При создании нового штамма-производителя возникает необходимость его гигиенической регламентации путём изучения его влияния на здоровье человека.

Цель — изучение биобезопасности биотехнологических штаммов-производителей различных ферментов, ряда антибиотиков для ветеринарии и инсектицидов, для обоснования ПДК в воздухе рабочей зоны и атмосферном воздухе городских и сельских поселений.

Материалы и методы. Изучены 52 биотехнологических штаммов микроорганизмов различных таксонов. Эксперименты при ингаляционном или внутрижелудочном воздействии суспензий микроорганизмов проводили на животных (мыши, крысы, кролики) — по 8–10 особей в каждой группе. Исследования выполнены по общепринятым методикам.

Результаты и обсуждение. Показано, что изучавшиеся штаммы неvirulentны, нетоксичны, нетоксигенны, не способны к диссеминации в кровь

и внутренние органы. Выявили, что способность вызывать сенсibilизацию зависит от дозы, способа введения и таксона: наиболее аллергенны микромицеты при внутрижелудочной заправке.

Показана взаимосвязь между таксономией штамма-продуцента и изменениями кишечной микробиоты. Наиболее заметные изменения в составе микробиоты кишечника продемонстрировали грибы рода *Candida*, бактерии родов *Pseudomonas* и *Alcaligenes*.

Выводы. На основании полученных нами сведений разработаны МУ «Экспериментальное обоснование ПДК и регламентация биотехнологических штаммов микроорганизмов и содержащих их биопрепаратов в объектах производственной и окружающей среды».

Эпидемиологический анализ и прогнозирование в условиях цифровой трансформации

МЕТОДИКА РАСЧЁТА ЭКОНОМИЧЕСКОГО УЩЕРБА ОТ COVID-19 В СФЕРЕ ЗДРАВООХРАНЕНИЯ

Воронин Е.М.*, Мельниченко Ю.Р., Приваленко А.А., Герасимов А.Н.,
Лаврухина Е.В., Береговых Р.М., Акимкин В.Г.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: COVID-19, экономический ущерб, здравоохранение

METHODOLOGY FOR CALCULATING ECONOMIC DAMAGE FROM COVID-19 IN THE HEALTHCARE SECTOR

Voronin E.M.*, Melnichenko Yu.R., Privalenko A.A., Gerasimov A.N., Lavrukhhina E.V.,
Beregovich R.M., Akimkin V.G.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: COVID-19, economic damage, healthcare

*Адрес для корреспонденции: emvoronin@yandex.ru

Актуальность. Во время пандемии COVID-19 государство оказало беспрецедентные объёмы плановой и экстренной медицинской помощи населению России. В настоящее время можно сделать первые расчёты экономического ущерба (ЭУ) от COVID-19 в России в сфере здравоохранения.

Цель работы — разработать методику оценки и произведены ориентировочные от расчёты экономических потерь от COVID-19 в России в сфере здравоохранения за 2020–2022 гг.

Материалы и методы. Официальная статистика о заболеваемости COVID-19 по полу, возрасту, степени тяжести за 2020–2022 гг. в России, демографические и экономические данные, тарифные соглашения территориальных ФОМС. Статистическая обработка выполнена с использовался пакет MS Office. Программа для ЭВМ написана на языке Python.

Результаты. Разработана методика оценки величины ЭУ от COVID-19. Сформирована база данных (БД) для расчёта ЭУ. Разработана программа для ЭВМ (ПО) для расчёта ЭУ от генерализованной формы менингококковой ин-

фекции. Впервые в России рассчитана величина суммарного ЭУ от COVID-19 в России, состоящая из прямых медицинских расходов и непрямых потерь экономики. Получены Свидетельства Роспатента о государственной регистрации БД и ПО для расчёта перечисленных видов ЭУ.

Выводы. Разработанная методика может быть использована для автоматизированного расчёта ЭУ от COVID-19 как за период пандемии 2020–2022 гг., так и за любой выбранный период времени.

АНАЛИТИЧЕСКАЯ ПЛАТФОРМА EPIDSMART И ОПЫТ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В ПАНДЕМИЮ COVID-19

Гасанов Г.А.*, Дубоделов Д.В., Углева С.В., Акимкин В.Г.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: *SARS-CoV-2, COVID-19, BI-система, эпидемиологический надзор*

EPIDSMART ANALYTICAL PLATFORM AND EXPERIENCE OF USE DURING THE COVID-19 PANDEMIC

Gasanov G.A.*, Dubodelov D.V., Ugleva S.V., Akimkin V.G.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *SARS-CoV-2, COVID-19, BI system, epidemiological monitoring*

***Адрес для корреспонденции:** gasanov@cmd.su

Высокая изменчивость вируса SARS-CoV-2 требовала принятия своевременных управленческих решений для проведения профилактических и противоэпидемических мероприятий, что в свою очередь требовало оперативного получения достоверной и полной информации. Большой объём данных, необходимый для проведения эпидемиологического анализа, требовал автоматизации процесса сбора, хранения, передачи и предварительной обработки данных. Для решения этой задачи в ЦНИИ Эпидемиологии были разработаны и запатентованные две программные платформы и две базы данных для проведения эпидемиологического анализа по COVID-19. В настоящий момент платформа объединяет в себе сведения о всей заболеваемости COVID-19 на территории России, сведения о тяжести и формах заболевания, гендерно-возрастной структуре, в платформу интегрирована система SOLAR, содержащая в себе данные о проведённых исследованиях на COVID-19, а доступ к базе данных VGARus предоставляет результаты молекулярно-генетического мониторинга изолятов SARS-CoV-2. Разработанная платформа позволяет проводить оперативный и ретроспективный эпидемиологический анализ как на всей территории, так и отдельно

взятых субъектах РФ. Платформа рассчитывает все необходимые экстенсивные и интенсивные показатели в автоматическом режиме и представляет наглядную информацию в виде графиков и таблиц, что позволяет сократить время для проведения эпидемиологического анализа проявления COVID-19 на территории России с нескольких дней до пары часов и сместить фокус внимания исследователя с предварительной обработки данных на их непосредственный анализ.

МЕТОДИЧЕСКИЙ ПОДХОД К СИСТЕМНОЙ ОРГАНИЗАЦИИ ЛЕЧЕБНО-ДИАГНОСТИЧЕСКИХ ПРОЦЕССОВ: ВОВЛЕЧЕНИЕ ПЕРСОНАЛА, МОДЕЛИРОВАНИЕ, ОПТИМИЗАЦИЯ

Дроздова Н.Е.*, Перминов А.Ю., Фоменко Н.С., Курилин Б.Л., Самарин А.Р., Куликова Я.В., Шаповал А.В., Дроздова В.И.

Научно-исследовательский институт скорой помощи имени Н.В. Склифосовского, Москва, Россия

Ключевые слова: *реинжиниринг, модели, стандартизация процессов*

METHODOLOGICAL APPROACH TO THE SYSTEMATIC ORGANIZATION OF MEDICAL AND DIAGNOSTIC PROCESSES: STAFF INVOLVEMENT, MODELING, OPTIMIZATION

Drozdova N.E.*, Perminov A.Yu., Fomenko N.S., Kurilin B.L., Samarin A.R., Kulikova Ya.V., Shapoval A.V., Drozdova V.I.

Research Institute of Emergency Medicine named after N.V. Sklifosovsky, Moscow, Russia

Keywords: *reengineering, models, standardization of processes*

***Адрес для корреспонденции:** drozdovane@sklif.mos.ru

Введение. В рамках реализации новой концепции оказания экстренной помощи, в Москве в настоящее время ведётся реализация значимого проекта по созданию высокотехнологичных Флагманских центров на базе ряда крупнейших медицинских учреждений стационарного типа. Основная цель проекта заключается в улучшении качества процессов лечения и диагностики, а также усилении контроля за работой структурных подразделений, оказывающих экстренную помощь в полном соответствии с санитарным законодательством.

Концепция включает ряд фундаментальных принципов: единые медицинские алгоритмы; высокий профессионализм и умение работать в команде; единый стандарт оснащения оборудованием; современные стандарты организации медицинской помощи; передовые цифровые решения; пациентоцентричность.

Для обеспечения реализации вышеуказанных принципов потребовалось методически переосмыслить подходы к проектированию и перепроектирова-

нию лечебно-диагностических процессов с широким вовлечением сотрудников медицинских организаций, активным использованием методов системного моделирования и оптимизации процессов.

Цель исследования — применение методического подхода к совершенствованию организации лечебно-диагностических процессов, созданию системы управления Флагманскими центрами с учётом ключевых нормативных требований, включая санитарное законодательство.

Материалы и методы. Анализ нормативно-правовой документации по стандартам оказания медицинской помощи. Системный подход. Использование имитационных моделей, модифицированных оперограмм, тестирования и моделирования.

Для организации системного проектирования и перепроектирования, было выбрано 86 лечебно-диагностических процессов по основным профилям заболеваний. Выбранные процессы охватывали 96% профилей, по которым пациенты обращаются за медицинской помощью в стационар. В работу был вовлечён персонал по всем направлениям, проведено обучение специалистов из других стационаров. Были применены модифицированные оперограммы с обязательным учётом необходимых для каждого действия медикаментов, расходных материалов, оборудования, помещений, используемых в процессе. Данный подход позволил формализовать и затем реорганизовать как все необходимые лечебные и диагностические манипуляции (с учётом соблюдения требований санитарно-эпидемиологического законодательства), так и организационные действия: регистрация, транспортировка пациента, размещение на койке и др.

Разработанные модели лечебно-диагностических процессов представляет собой схему комплексной медицинской услуги, полностью отвечающей требованиям нового стандарта экстренной медицинской помощи в Москве, и содержат важнейшую информацию о перечнях и последовательностях выполняемых действий медицинским и немедицинским персоналом, консультациях врачей — специалистов и смежных врачей –специалистов, лабораторных и инструментальных исследованиях, медикаментов, лечебного питания и т.п.

Предложенные модели лечебно-диагностических процессов были апробированы в различных условиях, максимально приближенных к реальным, с непосредственным использованием симуляционного оборудования, что позволило выявить недостатки и осуществить необходимые корректировки.

Результаты. Разработанные на основе представленного методического подхода модели лечебно-диагностических процессов описывают основные этапы реализации и контроля лечебной деятельности в соответствии с требованиями федеральных и региональных нормативных документов, включая обеспечение

контроля и профилактики инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи.

Выводы. Формирование системы управления Флагманских центров с использованием инструментов формализации, анализа и последующего перепроектирования моделей лечебно-диагностических процессов позволяет как оптимизировать затраты (при соблюдении всех санитарно-эпидемиологических требований), так и повысить качество лечебного процесса и усилить контроль за работой по оказанию экстренной помощи.

ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКАЯ СИТУАЦИЯ ПО ТУБЕРКУЛЁЗУ В ОМСКОЙ ОБЛАСТИ

Зимогляд А.А.*, Чеботарева В.А.

Центр гигиены и эпидемиологии в Омской области, Омск, Россия

Ключевые слова: *туберкулёз, заболеваемость*

EPIDEMIOLOGICAL SITUATION OF TUBERCULOSIS IN THE OMSK REGION

Zimoglyad A.A.*, Chebotareva V.A.

Center of Hygiene and Epidemiology in Omsk region, Omsk, Russia

Keywords: *tuberculosis, morbidity*

***Адрес для корреспонденции:** pavlik_anna@mail.ru

В современном мире туберкулёз является серьёзной проблемой: социально-экономической и медико-биологической. По данным ВОЗ, в мире ежегодно регистрируется более 10 млн новых случаев и около 1,3 млн летальных исходов, связанных с туберкулёзом.

Проблема заболеваемости туберкулёзом на территории Омской области остаётся актуальной, несмотря на снижение общего числа зарегистрированных случаев заболевания в 2 раза с 2014 г. (86,1) по 2023 г. (42,6). Уровень заболеваемости в Омской области по-прежнему превышает уровень по всей России в 1,5 раза.

Цель — анализ многолетней динамики заболеваемости туберкулезом населения Омской области.

Материал для исследования: данные форм федерального статистического наблюдения, сведения карт эпидемиологического обследования и наблюдения за очагом туберкулёза. В работе использованы наблюдательные описательно-оценочные методы эпидисследования.

В период с 2014 по 2023 г. в Омской области было зарегистрировано 12 799 случаев активного туберкулёза: 99,1% случаев — туберкулёз органов дыхания,

а 56% — бациллярный туберкулёз. Всего было выявлено 12 542 случая заболевания туберкулёзом органов дыхания и 6882 случая бациллярного туберкулёза. Эпидемиологическая ситуация по туберкулёзу на территории области остаётся напряжённой. В городе Омске доля заболевших составляет $57,5 \pm 1,8\%$, в районах — $42,5 \pm 1,4\%$. Мужское население болеет чаще — 69,9% по сравнению с женским — 30,1%. Среди взрослых болеет — трудоспособное население 56% (30–49 лет), среди детей — организованные дети 52% (7–17 лет). Главной причиной заболевания являются семейные контакты (48%).

Выводы. За последние 10 лет произошло снижение заболеваемости туберкулёзом в Омской области, что является результатом совместной работы МЗ ОО и УРПН ОО.

ОПЫТ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ПЛАТФОРМЫ EPIDSMART В ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОМ НАДЗОРЕ ЗА ВИРУСНЫМИ ГЕПАТИТАМИ

Корабельникова М.И.*, Дубоделов Д.В., Садофьев П.В., Чекрыжов В.В.,
Кудрявцева Е.Н., Клушкина В.В., Власенко Н.В., Панасюк Я.В., Родионова З.С.,
Кузин С.Н.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: *эпидемиологический надзор, вирусные гепатиты*

EXPERIENCE OF USING THE EPID-SMART PLATFORM IN EPIDEMIOLOGICAL SURVEILLANCE OF VIRAL HEPATITIS

Korabelnikova M.I.*, Dubodelov D.V., Sadof'ev P.V., Chekryzhov V.V., Kudryavtseva E.N.,
Klushkina V.V., Vlasenko N.V., Panasyuk Ya.V., Rodionova Z.S., Kuzin S.N.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *epidemiological surveillance, viral hepatitis*

***Адрес для корреспонденции:** korabelnikova@cmd.su

Важная задача Референс-центра по мониторингу за вирусными гепатитами Роспотребнадзора — анализ заболеваемости и распространения вирусных гепатитов (ВГ).

Для её решения целесообразно использование систем бизнес-аналитики (BI). В ЦНИИ Эпидемиологии на базе платформы EPIDSmart разработан, применяется и активно развивается модуль «Эпидемиологическая аналитика по вирусным гепатитам в Российской Федерации». Интеграция информации из разных источников в единую базу, большой выбор визуального

представления информации, использование инструментов картографии, гибкая настройка параметров отбора информации, автоматический расчет необходимых показателей значительно расширяет возможности эпидемиологического анализа.

В любой момент система может быть расширена за счет добавления новых данных (сведения ЕИАС Роспотребнадзора), при этом актуальную информацию можно загрузить сразу после получения, что повышает возможности оперативного эпидемиологического анализа и обеспечивает своевременность принятия управленческих решений при осложнении эпидемической ситуации.

Опыт использования платформы EPIDSmart как инструмента ВІ в эпидемиологическом надзоре за ВГ показывает, что это современный, эффективный и универсальный подход, применимый для других заболеваний.

ПРЕДИКТОРЫ ЛЕТАЛЬНОСТИ ПАЦИЕНТОВ С УСТАНОВЛЕННЫМ ДИАГНОЗОМ СЕПСИС

Крупин М.Г.^{1*}, Ильина М.В.¹, Комарова А.Г.¹, Борисова Д.А.¹, Плоскирева А.А.²

¹Городская клиническая больница имени С.П. Боткина, Москва, Россия

²Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: *sepsis, предиктор, летальность*

PREDICTORS OF MORTALITY IN PATIENTS DIAGNOSED WITH SEPSIS

Krupin M.G.^{1*}, Ilyina M.V.¹, Komarova A.G.¹, Borisova D.A.¹, Ploskireva A.A.²

¹S.P. Botkin City Clinical Hospital of the Moscow Department of Health, Moscow, Russia

²Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *sepsis, predictor, mortality*

***Адрес для корреспонденции:** dr.m9ut@mail.ru

В настоящее время сепсис остаётся ведущей причиной летальных исходов у пациентов в отделении реанимации. Актуальным представляется поиск предикторов летальности у пациентов с установленным диагнозом «сепсис».

Цель — определить предикторы летальности пациентов с установленным диагнозом «сепсис», находившихся на лечении из ГКБ им С.П. Боткина ДЗМ.

Материалы и методы. В исследование включено 56 пациентов с установленным диагнозом сепсис у которых выявлено наличие признаков инфекции и ≥ 2 баллов по шкале SOFA (Sequential Organ Failure Assessment), находившихся на лечении в ГБУЗ ГКБ им С.П. Боткина ДЗМ в 2022–2023 гг. Средний возраст пациентов — 68 ± 16 лет, 55% составили мужчины.

Результаты. Ишемическую болезнь сердца имели 50%, у 23% больных диагностирован сахарный диабет 2-го типа, злокачественное новообразование диагностировано у 10% лиц. Среди инфекционных очагов преобладали инфекции нижних дыхательных путей, которые встречались в 64% случаев и инфекции мочевыводящих путей, диагностированные у 25% пациентов; инфекции желчевыводящих путей и абдоминальная инфекция встречались у 10% больных, инфекции костей и суставов — у 2% лиц. Средний балл по шкале SOFA составил 5 ± 2 балла. Госпитальная летальность составила 67%, умерли 38 человек. Основной причиной смерти явились заболевания сердечно-сосудистой системы. При проведении многофакторного регрессионного анализа были выявлены независимые предикторы развития летального исхода, такие как возраст ($p = 0,05$) и уровень гемоглобина крови ($p < 0,05$).

Вывод. Таким образом, по результатам исследования выявлены предикторы летального исхода при сепсисе. Полученные данные позволят стратифицировать риск неблагоприятного исхода у данной категории больных.

К ВОПРОСУ ОЦЕНКИ СОСТОЯНИЯ ВЕГЕТАТИВНОЙ НЕРВНОЙ СИСТЕМЫ У ПОДРОСТКОВ НА ФОНЕ ПОСТКОВИДНОГО СИНДРОМА

Махмутов Р.Ф.*, Пошехонова Ю.В., Лихобабина О.А.

Донецкий государственный медицинский университет имени М. Горького, Донецк, Россия

Ключевые слова: *постковидный синдром, COVID-19, клинические особенности, вегетативная нервная система, подростки*

ON THE ISSUE OF ASSESSING THE STATE OF THE AUTONOMIC NERVOUS SYSTEM IN ADOLESCENTS AGAINST THE BACKGROUND OF POSTCOVID SYNDROME

Makhmutov R.F.*, Poshekhonova Yu.V., Likhobabina O.A.

M. Gorky Donetsk State Medical University, Donetsk, Russia

Keywords: *post-Covid syndrome, COVID-19, clinical features, autonomic nervous system, adolescents*

***Адрес для корреспонденции:** ravilclassic@yandex.com

В мировой медицинской практике борьбы с COVID-19-инфекцией, несмотря на существующий опыт, остаётся недостаточно изученным вопрос отсроченных последствий перенесённой новой коронавирусной инфекции (COVID-19) (патологических изменений во многих системах организма, когнитивных и психологических расстройств).

Цель работы — оценить состояние вегетативной нервной системы у подростков на фоне постковидного синдрома (ПКС).

Материалы и методы. Обследован 61 подросток (возраст 13–17 лет), из них: 31 ребенок с ПКС и 30 сверстников с диагнозом «Расстройство вегетативной нервной системы» (РВНС), не имеющих в анамнезе указаний на COVID-19 и предъявляющих аналогичные жалобы. Всем подросткам при поступлении было проведено рутинное клиничко-лабораторно-инструментальное обследование. Исследовался исходный вегетативный тонус (ИВТ) (по таблице А.М. Вейна, 1981 в модификации Н.А. Белоконов, 1987). Вегетативную обеспеченность деятельности (ВОД) определяли путём использования клиноортостатической пробы (КОП) по общепринятой методике.

Результаты. Подростки с ПКС достоверно чаще отмечали постоянную усталость, повышенную тревожность, снижение концентрации внимания, трудности с запоминанием, одышку, боли в мышцах, субфебрилитет. Биоэлектрическая активность мозга без отклонений от возрастной нормы наблюдалась у $74,19 \pm 7,86\%$ подростков с ПКС ($p < 0,05$), в контрольной группе незначительные или умеренные неспецифические изменения биоэлектрической активности головного мозга наблюдались у $63,33 \pm 8,80\%$ ($p < 0,05$). У $64,52 \pm 8,59\%$ детей с ПКС по результатам ультразвукового дуплексного сканирования сосудов головы и шеи признаков гемодинамически значимых изменений магистральных артерий и вен шеи не было выявлено ($p < 0,05$). ИВТ в основной группе характеризовался более выраженной ваготонической направленностью ($90,32 \pm 5,31\%$; $p < 0,05$), тогда как у подростков из контрольной группы почти в 2 раза чаще имела место симпатикотония. У $61,29 \pm 8,75\%$ подростков с ПКС наблюдалась недостаточная ВОД во время проведения КОП ($p < 0,05$), и только у $29,03 \pm 8,15\%$ детей ВОД было избыточным. Деадаптивные варианты КОП преобладали в контрольной группе ($33,33 \pm 8,61$; $p < 0,05$). На основании сопоставления результатов ИВТ и КОП были определены варианты РВСН в исследуемых группах: превалирование ваготонического ($48,39 \pm 8,98\%$) и смешанного ($51,61 \pm 8,98\%$) в основной группе, выявление симпатикотонического варианта РВСН только у подростков из контрольной группы ($30,00 \pm 8,37\%$; $p < 0,05$).

Выводы. Таким образом, среди клинических особенностей ПКС в подростковом периоде преобладают неврологические жалобы, преимущественно астено-вегетативного характера, некоторые нарушения когнитивной сферы, повышенная тревожность и чувство «страха», одышка при физической нагрузке, боли в мышцах, субфебрилитет. Дополнительное рутинное лабораторно-инструментальное обследование не выявляет отклонений от нормальных значений, либо они незначительны и неспецифичны. Состояния ВНС подростков с ПКС характеризуется ваготонической направленностью ИВТ с недоста-

точной активацией симпатико-адреналовой системы, т.е. недостаточным ВОД, у каждого второго пациента. Следовательно, у подростков с ПКС в структуре РВСН преобладают ваготонический и смешанный варианты.

ПОДХОДЫ К МЕТОДИКЕ ОЦЕНКИ ЭКОНОМИЧЕСКОГО УЩЕРБА, ПРИЧИНЯЕМОГО ГЕНЕРАЛИЗОВАННОЙ ФОРМОЙ МЕНИНГОКОККОВОЙ ИНФЕКЦИИ

Мельниченко Ю.Р.*, Королева И.С., Приваленко А.А., Королева М.А., Воронин Е.М., Герасимов А.Н.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: менингококковая инфекция, экономический ущерб, здравоохранение

AN APPROACH TO THE METHODOLOGY FOR ASSESSING THE ECONOMIC DAMAGE CAUSED BY A GENERALIZED FORM OF MENINGOCOCCAL INFECTION

Melnichenko Yu.R.*, Koroleva I.S., Privalenko A.A., Koroleva M.A., Voronin E.M., Gerasimov A.N.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: meningococcal infection, economic damage, healthcare

***Адрес для корреспонденции:** yulya.melnichenko98@gmail.com

Актуальность. Генерализованная форма менингококковой инфекции (ГФМИ), вызываемая *Neisseria meningitidis*, характеризуется тяжёлым течением, возможными осложнениями с последующей инвалидизацией, высокой долей летальных исходов. Экономическая значимость ГФМИ оценена не в полной мере.

Цель работы: разработать обновлённую методику оценки экономического ущерба (ЭУ) от ГФМИ, и провести предварительные расчёты ЭУ от ГФМИ в России за 2022 г.

Материалы и методы. База данных о заболеваемости ГФМИ Референс-центра по мониторингу за бактериальными менингитами в России за 2022 г. ФБУН «ЦНИИ Эпидемиологии», данные демографического и экономического характера, тарифные соглашения территориальных ФОМС, федеральные и ведомственные нормативные документы.

Результаты. Разработана обновлённая методика оценки величины ЭУ для ГФМИ, состоящая из суммы прямых медицинских расходов и непрямых потерь экономики, включая преждевременную смерть. Сформирована база

данных (БД) для расчёта ЭУ от ГФМИ. Разработана программа для ЭВМ (ПО) для расчёта ЭУ от ГФМИ. Полученная предварительная величина суммарного ЭУ от ГМИ значительно превышает существующие опубликованные данные.

Выводы. Используемые подходы позволили разработать обновлённую методику расчёта ЭУ от ГФМИ, созданная БД и разработанное ПО могут быть использованы для расчёта ЭУ от ГФМИ.

ЗООНОЗНЫЕ ОЧАГИ БЕШЕНСТВА В ВОЛГОГРАДСКОЙ ОБЛАСТИ (2019–2023 гг.)

Столярова Е.Р.*

Управление Роспотребнадзора по Волгоградской области, Волгоград, Россия

Ключевые слова: бешенство, природно-очаговые инфекции

ZOONOTIC FOCI OF RABIES IN THE VOLGOGRAD REGION (2019–2023)

Stolyarova E.R.*

Rospotrebnadzor Administration in the Volgograd region, Volgograd, Russia

Keywords: rabies, natural outbreaks

***Адрес для корреспонденции:** stolyarova_er@rpn34.ru

Цель работы — проанализировать организацию профилактических мероприятий против бешенства за 2019–2023 гг. в Волгоградской области.

Материалы и методы. В работе применялся метод статистического анализа оперативных и ретроспективных материалов по данным формы № 2 «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях».

Результаты. В 2020–2021 гг. от бешенства погибло 3 человека, в том числе 1 ребёнок. По результатам анализа регистрации зоонозных очагов бешенства установлено, что наибольшая активность была в 2020–2021 гг. (42–59 очагов) на фоне низкого числа случаев регистрации очагов в 2019 г. (9) и 2022 г. (12). Однако в 2023 г. наблюдается очередной резкий подъём (36 случаев). Из 36 случаев основную долю составляют домашние животные — собаки и кошки (63,9%). В 2023 г. пострадало от укусов животными 11 504 человека, показатель на 100 тыс. населения составил 465,7, что выше на 17,7% уровня 2022 г. (395,6), на 39,6% СМУ (333,5), на 35,4% уровня по ЮФО (344,0) и в 1,9 раза уровня по РФ (242,1).

Выводы. Одними из условий и причин заболевания бешенством людей являлась недостаточная информированность среди населения сельских посе-

лений о последствиях заболевания бешенством, недостаточная организация мероприятий по профилактике бешенства среди животных, в том числе по регулированию их численности.

Отмечается вынос возбудителя инфекции за пределы природного очага области в антропургический. В связи с чем необходимо усиливать: профилактические мероприятия по соблюдению правил содержания домашних и сельскохозяйственных животных, их своевременную вакцинацию; минимизацию контактов с бешеными животными, обеспечить их отлов, вакцинацию, стерилизацию; профилактическую вакцинацию групп риска.

ВЫЯВЛЕНИЕ ОППОРТУНИСТИЧЕСКИХ ИНФЕКЦИЙ И СОПУТСТВУЮЩИХ ЗАБОЛЕВАНИЙ, ОПРЕДЕЛЯЮЩИХ ИСХОД COVID-19, У ПАЦИЕНТОВ С ВИЧ-ИНФЕКЦИЕЙ НА СТАДИИ ВТОРИЧНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ

Цыганкова А.Э.^{1*}, Герасимов А.Н.², Приваленко А.А.², Волчкова Е.В.¹, Чуланов В.П.¹

¹Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова (Сеченовский Университет), Москва, Россия

²Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: ВИЧ-инфекция, COVID-19, SARS-CoV-2

IDENTIFICATION OF OPPORTUNISTIC INFECTIONS AND COMORBIDITIES INFLUENCING THE PROGNOSIS OF COVID-19 IN PATIENTS WITH ADVANCED HIV INFECTION

Tsygankova A.E.^{1*}, Gerasimov A.N.², Privalenko A.A.², Volchkova E.V.¹, Chulanov V.P.¹

¹I.M. Sechenov First Moscow State Medical University (Sechenov University), Moscow, Russia

²Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: HIV, COVID-19, SARS-CoV-2

***Адрес для корреспонденции:** tsygankova_a_e@staff.sechenov.ru

Цель исследования — выявление оппортунистических инфекций и сопутствующих заболеваний, являющихся предикторами неблагоприятного исхода COVID-19 у пациентов с ВИЧ-инфекцией на стадии вторичных заболеваний.

Материалы и методы. Проанализированы 500 историй болезни, отобранных методом случайной выборки. В исследование вошли пациенты мужского и женского пола старше 18 лет с ВИЧ-инфекцией на стадии вторичных заболеваний с подтверждённым COVID-19, госпитализированных в ИКБ № 2 г. Москвы в 2020–2022 гг.

Критериями включения в исследование являлись: установленный диагноз ВИЧ-инфекции на стадии вторичных заболеваний (ИБ+, стадии 4А, 4Б, 4В), ПЦР-положительный результат на COVID-19 в образце смывов носо- и ротоглотки и радиологические инфильтраты в лёгких, характерные для COVID-19 (КТ ОГК). Было изучено влияние 19 оппортунистических инфекций, ВИЧ-ассоциированных состояний и 11 сопутствующих заболеваний, которые считаются факторами риска неблагоприятного исхода COVID-19 в общей популяции пациентов.

Результаты. Летальность среди всех пациентов с COVID-19 и ВИЧ-инфекцией на стадии вторичных заболеваний составила 27,0% (95% ДИ 23,3–30,9%). Из 135 пациентов с летальным исходом у 62 (45,9%) человек ВИЧ-инфекция была выявлена впервые и уже на стадии вторичных заболеваний в ходе обследования во время госпитализации по поводу COVID-19. У 120 (88,9%) пациентов были оппортунистические заболевания, которые соответствовали ВИЧ-инфекции стадии 4В; 28 (20,7%) пациентов принимали АРТ, и только у 14 (10,4%) вирусная нагрузка ВИЧ в плазме крови была неопределяемой.

Наш анализ показал, что пациенты с COVID-19 и ВИЧ-инфекцией на стадии вторичных заболеваний имели от 1 до 7 сопутствующих оппортунистических заболеваний и в 81% случаев имели сочетанное поражение лёгких другими инфекционными агентами. Были выявлены 10 оппортунистических инфекций и сопутствующих заболеваний, которые достоверно повышали риск развития неблагоприятного исхода у пациентов с COVID-19 и ВИЧ-инфекцией на стадии вторичных заболеваний (перечислены в порядке убывания по степени значимости вклада в вероятность летального исхода): Саркома Капоши, пневмоцистная пневмония, манифестная ЦМВ-инфекция с поражением лёгких, энцефалит неуточнённый, кандидоз желудочно-кишечного тракта, органов дыхания, мочеполовой системы, дефицит массы тела > 10%, орофарингеальный кандидоз, бактериальная пневмония, сепсис, грибковая пневмония. В группах выживших пациентов и пациентов с летальным исходом не было получено достоверных различий в отношении наличия сахарного диабета, ожирения, артериальной гипертензии и хронической болезни почек.

Выводы. Наиболее значимыми заболеваниями и оппортунистическими инфекциями, которые достоверно повышают вероятность летального исхода у пациентов с COVID-19 и ВИЧ-инфекцией на стадии вторичных заболеваний стали саркома Капоши, пневмоцистная пневмония, цитомегаловирусная инфекция с поражением лёгких и энцефалит неуточнённый. Наличие этих заболеваний повышало риск неблагоприятного исхода в 3,17, 2,74, 2,56 и 2,32 раза соответственно.

ХАРАКТЕРИСТИКА СИТУАЦИИ ПО БРУЦЕЛЛЕЗУ В ОМСКОЙ ОБЛАСТИ (2014–2023 гг.)

Чеботарева В.А.*, Зимогляд А.А.

Центр гигиены и эпидемиологии в Омской области, Омск, Россия

Ключевые слова: туберкулёз, заболеваемость

CHARACTERISTICS OF THE SITUATION ON BRUCELLOSIS IN THE OMSK REGION (2014–2023)

Chebotareva V.A.*, Zimoglyad A.A.

Center of Hygiene and Epidemiology in Omsk region, Omsk, Russia

Keywords: *brucellosis, prognosis*

*Адрес для корреспонденции: *yaguyar7@mail.ru

Бруцеллёз — социально значимое, особо актуальное для территорий, занятых в сфере животноводства, зоонозное инфекционно-аллергическое заболевание.

На территории России каждый год выявляется до 600 случаев заболевания людей впервые выявленным бруцеллёзом. За последние 40 лет заболеваемость впервые выявленным бруцеллёзом среди людей в РФ стабильно составляет 0,2–0,7 на 100 тыс. населения.

Эпизоотологическая обстановка по бруцеллёзу в Омской области последние 10 лет является нестабильной и составляет от 0,25 (2014 г.) до 0,48 (2023 г.) на 100 тыс. населения.

Цель — анализ эпидемиолого-эпизоотологической ситуации в Омской области за последние 10 лет.

Материал для исследования. Данные официальной регистрации заболеваемости бруцеллезом.

Результаты. В период с 2014 по 2023 г. в Омской области зарегистрировано 8 неблагополучных пунктов по бруцеллёзу, из которых в г. Омске — 1, в сельских районах — 7.

В период с 2014 по 2023 г. в Омской области зарегистрировано 35 случаев бруцеллёза (первично-хронический — 74%, резидуальный — 14%, латентный — 6%, острый/подострый — 6%). В селе болеют чаще (69%), чем в городе (31%). В 66% случаев болеют женщины, в 34% — мужчины, чаще в возрасте 50–59 лет. Заболеваемость людей бруцеллёзом напрямую связана с эпизоотиями данного заболевания среди сельскохозяйственных животных.

Выводы. Таким образом, зоонозные инфекции, приобретающие в последние годы большое значение для здоровья населения, требуют комплексности проводимых межведомственных мероприятий. Прогнозируемый показатель заболеваемости бруцеллезом в Омской области на 2024 г. — 0,21 на 100 тыс. населения.

ДЛЯ ЗАМЕТОК

Научное издание

Молекулярная диагностика и биобезопасность – 2024

Сборник тезисов Конгресса с международным участием
(Москва, 16–17 апреля 2024 года)

Под редакцией
академика РАН В.Г. Акимкина

Выпускающий редактор О.В. Устинкова
Литературный редактор, корректор Е.А. Степник
Верстальщик В.И. Архипов

ФБУН Центральный НИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора
111123, Москва, ул. Новогиреевская, д. 3А. www.crie.ru

Подписано в печать 10.04.2024. Формат 60 × 90 1/16.
Объем 16,6 п.л. Тираж 600 экз.
Отпечатано в ООО «Сведи»
E-mail: expokadr@mail.ru
<https://svedi.org/>



Сборник тезисов издан при поддержке Министерства науки и высшего образования РФ в рамках гранта в форме субсидии на создание и развитие «Центра геномных исследований мирового уровня по обеспечению биологической безопасности и технологической независимости в рамках Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий», соглашение № 075-15-2019-1666.