

ОРИГИНАЛЬНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ

Научная статья

<https://doi.org/10.36233/0372-9311-295>



COVID-19: эволюция пандемии в России. Сообщение II: динамика циркуляции геновариантов вируса SARS-CoV-2

Акимкин В.Г.¹, Попова А.Ю.², Хафизов К.Ф.¹, Дубоделов Д.В.¹, Углева С.В.¹[✉], Семененко Т.А.³, Плоскирева А.А.¹, Горелов А.В.¹, Пшеничная Н.Ю.¹, Ежлова Е.Б.², Летюшев А.Н.², Демина Ю.В.², Кутырев В.В.⁴, Максютлов Р.А.⁵, Говорун В.М.⁶, Дятлов И.А.⁷, Тотолян А.А.⁸, Куличенко А.Н.⁹, Балахонов С.В.¹⁰, Рудаков Н.В.¹¹, Троценко О.Е.¹², Носков А.К.¹³, Зайцева Н.Н.¹⁴, Топорков А.В.¹⁵, Лиознов Д.А.¹⁶, Андреева Е.Е.¹⁷, Микаилова О.М.¹⁸, Комаров А.Г.¹⁹, Ананьев В.Ю.²⁰, Молдованов В.В.²¹, Логунов Д.Ю.³, Гушин В.А.³, Дедков В.Г.⁸, Черкашина А.С.¹, Кузин С.Н.¹, Тиванова Е.В.¹, Кондрашева Л.Н.¹, Саенко В.В.¹, Селезов С.Ю.¹, Гасанов Г.А.¹, Сванадзе Н.Х.¹, Глазов М.Б.¹, Остроушко А.А.¹, Миронов К.О.¹, Есьман А.С.¹, Осина Н.А.⁴, Боднев С.А.⁵, Комиссаров А.Б.¹⁶, Даниленко Д.М.¹⁶, Богун А.Г.⁷, Скрыбин Ю.П.⁷, Лопатовская К.В.¹⁰, Штрек С.В.¹¹, Волынкина А.С.⁹, Гладких А.С.⁸, Котова В.О.¹², Водопьянов А.С.¹³, Новикова Н.А.¹⁴, Сперанская А.С.⁶, Самойлов А.Е.⁶, Неверов А.Д.¹, Шпак И.М.¹⁵

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

²Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Москва, Россия;

³Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почётного академика Н.Ф. Гамалеи, Москва, Россия;

⁴Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб», Саратов, Россия;

⁵Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор», Кольцово, Россия;

⁶Институт дезинфектологии, Москва, Россия;

⁷Государственный научный центр прикладной микробиологии и биотехнологии, Оболенск, Россия;

⁸Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия;

⁹Ставропольский научно-исследовательский противочумный институт, Ставрополь, Россия;

¹⁰Иркутский научно-исследовательский противочумный институт Сибири и Дальнего Востока, Иркутск, Россия;

¹¹Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций, Омск, Россия;

¹²Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии, Хабаровск, Россия;

¹³Ростовский-на-Дону противочумный институт, Ростов-на-Дону, Россия;

¹⁴Нижегородский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени академика И.Н. Блохиной, Нижний Новгород, Россия;

¹⁵Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт, Волгоград, Россия;

¹⁶Научно-исследовательский институт гриппа имени А.А. Смородинцева, Санкт-Петербург, Россия;

¹⁷Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по городу Москве, Москва, Россия;

¹⁸Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по Московской области, Москва, Россия;

¹⁹Диагностический центр (Центр лабораторных исследований) Департамента здравоохранения города Москвы, Москва, Россия;

²⁰Федеральный центр гигиены и эпидемиологии, Москва, Россия;

²¹Центр гигиены и эпидемиологии в городе Москве, Москва, Россия

Аннотация

Актуальность. Продолжающаяся пандемия новой коронавирусной инфекции (COVID-19) определяет актуальность проведения молекулярного-генетического мониторинга распространения SARS-CoV-2 среди населения Российской Федерации.

Цель работы — анализ динамики циркуляции геновариантов вируса SARS-CoV-2 на территории России. **Материалы и методы.** Проведён анализ динамики циркуляции геновариантов вируса SARS-CoV-2 с 28.12.2020 по 26.06.2022 на территории России. Используются материалы отчёта Роспотребнадзора № 970 «Информация о случаях инфекционных заболеваний у лиц с подозрением на новую коронавирусную инфекцию», Российской платформы агрегации информации о геномах вирусов (VGARus). Наличие РНК SARS-CoV-2 было подтверждено методом полимеразной цепной реакции в режиме реального времени с обратной транскрипцией. Для проведения амплификации фрагментов генома и последующего секвенирования использовались разработанные в ЦНИИ Эпидемиологии праймерные панели.

Результаты и обсуждение. С помощью российской платформы VGARus, развёрнутой на базе ЦНИИ Эпидемиологии, получены данные о мутационной изменчивости SARS-CoV-2. Мониторинг циркуляции геновариантов SARS-CoV-2 на территории России с 28.12.2020 по 26.06.2022 выявил доминирование геновариантов Delta и Omicron на различных этапах эпидемии.

Заключение. Данные молекулярно-генетических исследований являются важнейшим компонентом эпидемиологического надзора для принятия управленческих решений по предотвращению дальнейшего распространения SARS-CoV-2 и формируют основу для создания новых вакцинных препаратов.

Ключевые слова: COVID-19, заболеваемость, эпидемический процесс, SARS-CoV-2, секвенирование, геновариант

Этическое утверждение. Исследование проводилось при добровольном информированном согласии пациентов. Протокол исследования одобрен Этическими комитетами ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора (протокол № 3 от 27.03.2020).

Источник финансирования. Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования при проведении исследования.

Конфликт интересов. Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

Для цитирования: Акимкин В.Г., Попова А.Ю., Хафизов К.Ф., Дубоделов Д.В., Углева С.В., Семененко Т.А., Плоскирева А.А., Горелов А.В., Пшеничная Н.Ю., Ежлова Е.Б., Летюшев А.Н., Демина Ю.В., Кутырев В.В., Максютов Р.А., Говорун В.М., Дятлов И.А., Тотолян А.А., Куличенко А.Н., Балахонов С.В., Рудаков Н.В., Троценко О.Е., Носков А.К., Зайцева Н.Н., Топорков А.В., Лioзнов Д.А., Андреева Е.Е., Микаилова О.М., Комаров А.Г., Ананьев В.Ю., Молдованов В.В., Логунов Д.Ю., Гуцин В.А., Дедков В.Г., Черкашина А.С., Кузин С.Н., Тиванова Е.В., Кондрашева Л.Н., Саенко В.В., Селезов С.Ю., Гасанов Г.А., Сванадзе Н.Х., Глазов М.Б., Остроушко А.А., Миронов К.О., Есьман А.С., Осина Н.А., Боднев С.А., Комиссаров А.Б., Даниленко Д.М., Богун А.Г., Скрыбин Ю.П., Лопатовская К.В., Штрек С.В., Волынкина А.С., Гладких А.С., Котова В.О., Водопьянов А.С., Новикова Н.А., Сперанская А.С., Самойлов А.Е., Неверов А.Д., Шпак И.М. COVID-19: эволюция пандемии в России. Сообщение II: динамика циркуляции геновариантов вируса SARS-CoV-2. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2022;99(4):381–396.

DOI: <https://doi.org/10.36233/0372-9311-295>

Original article

<https://doi.org/10.36233/0372-9311-295>

COVID-19: evolution of the pandemic in Russia. Report II: dynamics of the circulation of SARS-CoV-2 genetic variants

Vasily G. Akimkin¹, Anna Yu. Popova², Kamil F. Khafizov¹, Dmitry V. Dubodelov¹, Svetlana V. Ugleva¹✉, Tatyana A. Semenenko³, Antonina A. Ploskireva¹, Alexander V. Gorelov¹, Natalia Yu. Pshenichnaya¹, Elena B. Yezhlova², Alexander N. Letyushev², Yulia V. Demina², Vladimir V. Kutyrev⁴, Rinat A. Maksyutov⁵, Vadim M. Govorun⁶, Ivan A. Dyatlov⁷, Areg A. Totolian⁸, Alexandr N. Kulichenko⁹, Sergey V. Balakhonov¹⁰, Nikolay V. Rudakov¹¹, Olga E. Trotsenko¹², Alexey K. Noskov¹³, Natalia N. Zaitseva¹⁴, Andrey V. Toporkov¹⁵, Dmitry A. Lioznov¹⁶, Elena E. Andreeva¹⁷, Olga M. Mikailova¹⁸, Andrey G. Komarov¹⁹, Vasily Yu. Ananyev²⁰, Vladimir V. Moldovanov²¹, Denis Yu. Logunov³, Vladimir A. Gushchin³, Vladimir G. Dedkov⁸, Anna S. Cherkashina¹, Stanislav N. Kuzin¹, Elena V. Tivanova¹, Larisa Yu. Kondrasheva¹, Valeria V. Saenko¹, Semyon Yu. Selezov¹, Gasan A. Gasanov¹, Nino Kh. Svanadze¹, Maxim B. Glazov¹, Aleksey A. Ostroushko¹, Konstantin O. Mironov¹, Anna S. Esman¹, Natalia A. Osina⁴, Sergei A. Bodnev⁵, Andrey B. Komissarov¹⁶, Daria M. Danilenko¹⁶, Aleksandr G. Bogun⁷, Yuriy P. Skryabin⁷, Kristina V. Lopatovskaya¹⁰, Sergey V. Shtrek¹¹, Anna S. Volynkina⁹, Anna S. Gladkikh⁸, Valeria O. Kotova¹², Alexey S. Vodopyanov¹³, Nadezhda A. Novikova¹⁴, Anna S. Speranskaya⁶, Andrey E. Samojlov⁶, Alexey D. Neverov¹, Ivan M. Shpak¹⁵

- ¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;
²Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare, Moscow, Russia;
³National Research Center of Epidemiology and Microbiology named after Honorary Academician N.F. Gamaleya, Moscow, Russia;
⁴Russian Research Anti-Plague Institute "Microbe", Saratov, Russia;
⁵State Research Centre of Virology and Biotechnology "Vector", Koltsovo, Russia;
⁶Institute of Disinfectology, Moscow, Russia;
⁷State Research Center for Applied Microbiology and Biotechnology, Obolensk, Russia;
⁸Pasteur St. Petersburg Research Institute of Epidemiology and Microbiology, St. Petersburg, Russia;
⁹Stavropol Research Anti-Plague Institute, Stavropol, Russia;
¹⁰Irkutsk Research Anti-Plague Institute of Siberia and the Far East, Irkutsk, Russia;
¹¹Omsk Research Institute of Natural Focal Infections, Omsk, Russia;
¹²Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Khabarovsk, Russia;
¹³Rostov-on-Don Research Anti-Plague Institute, Rostov-on-Don, Russia;
¹⁴Nizhny Novgorod Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Nizhny Novgorod, Russia;
¹⁵Volgograd Research Anti-Plague Institute, Volgograd, Russia;
¹⁶Smorodintsev Research Institute of Influenza, St. Petersburg, Russia;
¹⁷Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare for the City of Moscow, Moscow, Russia;
¹⁸Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare in the Moscow Region, Moscow, Russia;
¹⁹Diagnostic Center (Center for Laboratory Research) of the Department of Health of the City of Moscow, Moscow, Russia;
²⁰Federal Center for Hygiene and Epidemiology, Moscow, Russia;
²¹Center for Hygiene and Epidemiology in the City of Moscow, Moscow, Russia

Abstract

Background. The ongoing pandemic of the novel coronavirus infection (COVID-19) draws attention to the significance of molecular and genetic monitoring of the SARS-CoV-2 spread among the population of the Russian Federation.

The **aim** of the study was to analyze the dynamics of circulation of SARS-CoV-2 genetic variants in Russia.

Materials and methods. The analysis of the circulation dynamics for SARS-CoV-2 genetic variants in Russia was carried out, covering the period from 28/12/2020 to 26/6/2022. The analysis included the data from Rospotrebnadzor Report No. 970 "Information about Infectious Diseases in Individuals with Suspected Novel Coronavirus Infection" and the Virus Genome Aggregator of Russia (VGARus). The presence of SARS-CoV-2 RNA was confirmed by the real-time reverse transcription polymerase chain reaction. The primer panels developed at the Central Research Institute of Epidemiology were used for amplification of genomic fragments and the subsequent sequencing.

Results and discussion. Using the Russian VGARus platform developed by the Central Research Institute of Epidemiology, we received the data on mutational variability of SARS-CoV-2. By monitoring the circulation of SARS-CoV-2 genetic variants in Russia from 28/12/2020 to 26/6/2022, we found that Delta and Omicron genetic variants prevailed at different stages of the epidemic.

Conclusion. The data of molecular and genetic studies are an essential component of epidemiological surveillance, being critically important for making executive decisions aimed at prevention of further spread of SARS-CoV-2 and laying the groundwork for creating new vaccines.

Keywords: COVID-19, incidence, epidemic process, SARS-CoV-2, sequencing, genetic variant

Ethics approval. The study was conducted with the informed consent of the patients. The research protocol was approved by the Ethics Committee of the Central Research Institute for Epidemiology (protocol No. 3, March 27, 2020).

Funding source. This study was not supported by any external sources of funding.

Conflict of interest. The authors declare no apparent or potential conflicts of interest related to the publication of this article.

For citation: Akimkin V.G., Popova A.Yu., Khafizov K.F., Dubodelov D.V., Ugleva S.V., Semenenko T.A., Ploskireva A.A., Gorelov A.V., Pshenichnaya N.Yu., Ezhlova E.B., Letyushev A.N., Demina Yu.V., Kutyrev V.V., Maksyutov R.A., Govorun V.M., Dyatlov I.A., Totolyan A.R., Kulichenko A.N., Balakhonov S.V., Rudakov N.V., Troczenko O.E., Noskov A.K., Zajczeva N.N., Toporkov A.V., Lioznov D.A., Andreeva E.E., Mikailova O.M., Komarov A.G., Ananov V.Yu., Moldovanov V.V., Logunov D.Yu., Gushhin V.A., Dedkov V.G., Cherkashina A.S., Kuzin S.N., Tivanova E.V., Kondrasheva L.Yu., Saenko V.V., Selezov S.Yu., Gasanov G.A., Svanadze N.Kh., Glazov M.B., Ostroushko A.A., Mironov K.O., Esman A.S., Osina N.A., Bodnev S.A., Komissarov A.B., Danilenko D.M., Bogun A.G., Skryabin Yu.P., Lopatovskaya K.V., Shtrek S.V., Volynkina A.S., Gladkikh A.S., Kotova V.O., Vodopyanov A.S., Novikova N.A., Speranskaya A.S., Samojlov A.E., Neverov A.D., Shpak I.M. COVID-19: evolution of the pandemic in Russia. Report II: dynamics of the circulation of SARS-CoV-2 genetic variants. *Journal of microbiology, epidemiology and immunobiology = Zhurnal mikrobiologii, epidemiologii i immunobiologii*. 2022;99(4):381–396.
DOI: <https://doi.org/10.36233/0372-9311-295>

Введение

Интенсивное развитие эпидемического процесса новой инфекции COVID-19 (Corona Virus Disease 2019), этиологически связанной с коронавирусом SARS-CoV-2 (Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus 2), в глобальном масштабе создало благоприятные эволюционные условия для появления генетических вариантов возбудителя, которые приобретают новые патогенные свойства. Этому направлению эволюции SARS-CoV-2 способствуют, с одной стороны, преимущества тех вариантов возбудителя, которые активнее передаются от человека к человеку, и, с другой, — ограничение распространения вариантов вируса, которые вызывают более тяжёлое клиническое течение и, соответственно, госпитализацию пациентов, что уменьшает число эффективных контактов. Следует подчеркнуть, что на современном этапе эпидемический процесс COVID-19 в мире находится в состоянии неустойчивого динамического равновесия и даже незначительное увеличение трансмиссивности возбудителя, при прочих равных условиях, способно привести к росту заболеваемости [1–7].

Как и другие РНК-вирусы, SARS-CoV-2, адаптируясь к своим новым хозяевам — людям, подвержен генетической эволюции, что приводит к мутациям в вирусном геноме, которые могут изменять патогенный потенциал вируса. В связи с продолжающимся появлением множества вариантов SARS-CoV-2 Центр по контролю и профилактике заболеваний США и Всемирная организация здравоохранения (ВОЗ) независимо друг от друга создали системы классификации для разделения возникающих мутаций вируса на несколько подгрупп на основании их влияния на трансмиссивность, летальность и ответ на терапию.

Хотя между этими двумя классификациями имеются различия, в некотором приближении к первой группе вариантов, вызывающих озабоченность (variants of concern — VOCs), можно отнести те, которые имеют ряд доказанных признаков, таких как повышенная контагиозность, тяжёлое течение заболевания, увеличение числа летальных исходов и значительное снижение нейтрализации антителами, образовавшимися в ответ на предыдущую инфекцию или вакцинацию. На текущий момент к указанному классу, согласно классификации ВОЗ, принадлежат варианты Delta (B.1.617.2) и Omicron (B.1.1.529)¹. Ко второй группе штаммов, представляющих интерес (variants of interest — VOIs), относят варианты со специфическими генетическими маркерами, ассоциированными с изменениями в связывании с рецепторами, ослаблением нейтрали-

зации антителами, увеличением трансмиссивности, снижением эффективности лечения с прогнозируемым нарастанием тяжести заболевания. В третью группу входят варианты под наблюдением (variants under monitoring — VUM), для которых имеются данные, указывающие на потенциальное влияние на скорость передачи вируса и эффективность лечения, но их доля со временем снизилась до практически нулевого уровня. В классификации Центра по контролю и профилактике заболеваний США существует ещё одна категория — варианты с серьёзными последствиями (variant of high consequence — VоHC), для которых присутствуют убедительные доказательства того, что имеющиеся стратегии диагностики, профилактики и лечения гораздо менее эффективны, чем для ранее циркулирующих форм. Однако на сегодняшний день отсутствуют штаммы, обозначенные как VоHC². В настоящее время во всём мире эти аббревиатуры стали новыми устойчивыми понятиями определения вариантов коронавируса, вызывающего COVID-19.

Чрезвычайно важной является оценка динамики распространения известных и новых геновариантов SARS-CoV-2, циркулирующих на территории России. В соответствии с Постановлением Правительства РФ от 23.03.2021 № 448 «Об утверждении Временного порядка предоставления данных расшифровки генома возбудителя новой коронавирусной инфекции (COVID-19)» в ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора разработана и введена в действие Российская платформа агрегации информации о геномах вирусов (Virus Genome Aggregator of Russia — VGARus)³. База данных VGARus содержит информацию о нуклеотидных последовательностях вирусов SARS-CoV-2 и их мутациях, распространённых в тех или иных регионах России, и может быть использована для хранения, систематизации и выборки данных для выявления мутаций и определения штаммов вирусов.

VGARus даёт возможность постоянно вести мониторинг мутационной изменчивости SARS-CoV-2, предоставляя важнейшие данные для обнаружения новых геновариантов и отслеживания их распространённости на территории России. Молекулярно-генетические исследования являются основой для принятия управленческих решений в области профилактических и противоэпидемических мероприятий по предотвращению дальнейшего распространения SARS-CoV-2 и формируют платформу для создания новых вакцинных препаратов [8–10].

¹ ВОЗ. Отслеживание вариантов вируса SARS-CoV-2; 2021. URL: <https://www.who.int/ru/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/tracking-SARS-CoV-2-variants>

² CDC. SARS-CoV-2 Variant Classifications and Definitions; 2022.

URL: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/variants/variant-classifications.html>

³ Проект VGARus (Virus Genome Aggregator of Russia). URL: <https://genome.cric.ru/app/index>

Цель — анализ динамики циркуляции геновариантов вируса SARS-CoV-2 на территории России.

Материалы и методы

Исследование выполнено в ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора. Проведён анализ динамики циркуляции геновариантов вируса SARS-CoV-2 с 28.12.2020 по 24.04.2022 на территории России. Информация о пациентах извлечена из базы данных, сформированной на основе материалов формы отчёта Роспотребнадзора № 970 «Информация о случаях инфекционных заболеваний у лиц с подозрением на новую коронавирусную инфекцию». Указанным пациентам присвоен код МКБ-10 U07.1 «COVID-19, вирус идентифицирован»: COVID-19 подтверждён лабораторными исследованиями, независимо от тяжести клинических признаков или симптомов. В исследовании использовали материалы национальной платформы по агрегации данных о геномах SARS-CoV-2 — VGARus, Централизованной базы данных для построения эпидемиологической аналитики по новой коронавирусной инфекции (COVID-19) и программы для ЭВМ «Эпидемиологическая аналитика по новой коронавирусной инфекции (COVID-19)» [11, 12].

Лабораторные исследования проводили в соответствии с МР 3.1.0169-20 «Лабораторная диагностика COVID-19» и другими нормативными документами. Биологическим материалом для исследования являлись мазки из носа, носоглотки и/или горла, промывные воды бронхов, полученные при фибробронхоскопии (бронхоальвеолярный лаваж), (эндо)трахеальный, назофарингеальный аспират, мокрота, биопсийный или аутопсийный материал дыхательных путей.

Наличие РНК SARS-CoV-2 подтверждено методом полимеразной цепной реакции в режиме реального времени с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР) с применением тест-систем АмплиСенс® Cov-Bat-FL (№ РЗН 2014/1987 от 07.04.2020) и на основе LAMP АмплиСенс® SARS-CoV-2 (№ РЗН 2021/13357 от 03.02.2021). Для количественного определения РНК SARS-CoV-2 методом ОТ-ПЦР использован набор реагентов АмплиСенс® COVID-19-FL (№ РЗН 2021/14026 от 09.04.2021). Секвенирование в ЦНИИ Эпидемиологии осуществлялось на платформе «Illumina MiSeq» с использованием реагентов MiSeq Reagent Kit v2 (PE 150 + 150 или PE 250 + 250 циклов) или MiSeq Reagent Kit v3 (PE 300 + 300 циклов), а также «Illumina NextSeq 2000» с использованием реагентов NextSeq 1000/2000 P2 (300 циклов) v3. Все последовательности, полученные в исследовании, загружены в базу данных VGARus. Помимо указанных подходов, другими организациями, участвующими в наполнении базы данных VGARus, использовались иные методы ам-

плификации нуклеиновых кислот и технологии высокопроизводительного секвенирования.

Для статистической обработки использованы стандартные методы описательной статистики «Microsoft Excel» и «Statistica v.12.0» («StatSoft»).

Результаты

В рамках Постановления Правительства РФ от 23.03.2021 № 448 образован Консорциум, в состав которого входят научные организации Роспотребнадзора, а также научные организации других ведомств. На сегодняшний день к системе подключена 131 организация, из них 40 выполняют секвенирование [13].

В результате реализации указанного Постановления удалось создать ресурс, уникальный по охвату территории страны и полноте сопроводительной информации, включающей сведения, необходимые для эпидемиологического анализа. Алгоритм работы с данными VGARus позволяет осуществлять оперативный и ретроспективный анализ распространения генетических вариантов SARS-CoV-2 с учётом новейших сведений о генетическом разнообразии возбудителя COVID-19.

В настоящее время проводится регулярный мониторинг эволюции вируса с целью своевременного реагирования на появление его новых потенциально опасных вариантов и корректировки мер для предотвращения распространения COVID-19. Обязательная регистрация проводится в соответствии с Постановлением Правительства РФ № 448 «Об утверждении Временного порядка предоставления данных расшифровки генома возбудителя новой коронавирусной инфекции (COVID-19)».

Специалистами ЦНИИ Эпидемиологии созданы биоинформатические средства анализа данных для выявления мутаций и отображения их принадлежности к эпидемиологически значимым штаммам. Продолжается депонирование данных секвенирования, включая метаданные.

Регистрируемые в базе клинические образцы автоматически получают внутренний регистрационный номер, затем к информации об образце добавляют результат секвенирования нуклеотидной последовательности варианта SARS-CoV-2. Запущенные в базе данных алгоритмы в автоматическом режиме проводят анализ мутаций и идентификацию варианта SARS-CoV-2 в каждом образце. После загрузки нуклеотидной последовательности вируса система автоматически запускает процесс валидации сиквенса, анализ принадлежности к тому или иному геноварианту, а также (в случае, если это полный геном) определяет геновариант по системе Pangolin. Платформа собирает информацию из разных источников: VGARus, эпидемиологические данные Роспотребнадзора, данные с портала «СтопКоронавирус», ВОЗ, демографические и со-

циальные данные по России (статистика, справочники). Помимо этого, в рамках платформы VGARus разработан модуль «Эпидемиологическая аналитика по новой коронавирусной инфекции», который позволяет анализировать в реальном времени данные, загруженные на платформу VGARus.

Динамический мониторинг мутационной изменчивости коронавирусов, выявленных на территории России, осуществляется с декабря 2020 г., при обнаружении первого случая завоза (28.12.2020) геноварианта Alpha (B.1.1.7).

По данным национальной базы VGARus, зарегистрировано 130 355 последовательностей вируса SARS-CoV-2, из них 67 451 (51,7%) полногеномный сиквенс, 62 904 (48,3%) фрагментных сиквенса.

Среди загруженных в базу VGARus последовательностей 112 344 (86,2%) относятся по классификации ВОЗ (согласно пересмотру классификации от 26.11.2021) к вариантам VOCs. Каждый из этих вариантов отличается от Уханьского специфичным на-

бором мутаций, из них к варианту Alpha относятся 1217 (0,9%) последовательностей, Beta — 94 (< 1%), Gamma — 26 (< 1%), Delta — 58 530 (44,9%), Omicron — 52 477 (40,2%). Не относятся к вариантам VOCs 18 011 (13,8%) загруженных последовательностей.

Геновариант Alpha был распространён на территории России зимой 2021 г. Геноварианты Beta и Gamma также встречались в начале 2021 г., однако заметного распространения не получили. Геновариант Delta распространился на территории страны во второй половине апреля 2021 г. и превалировал до января 2022 г. Геновариант Omicron обнаружен в стране в декабре 2021 г. и с января 2022 г. является доминирующим на территории России. Динамика выявленных геновариантов SARS-CoV-2 за 2020–2022 гг. и заболеваемость населения COVID-19 (на 100 тыс. населения) на территории РФ представлены на **рис. 1**.

В результате полногеномного секвенирования с 30.03.2020 по 26.06.2022 на платформу VGARus

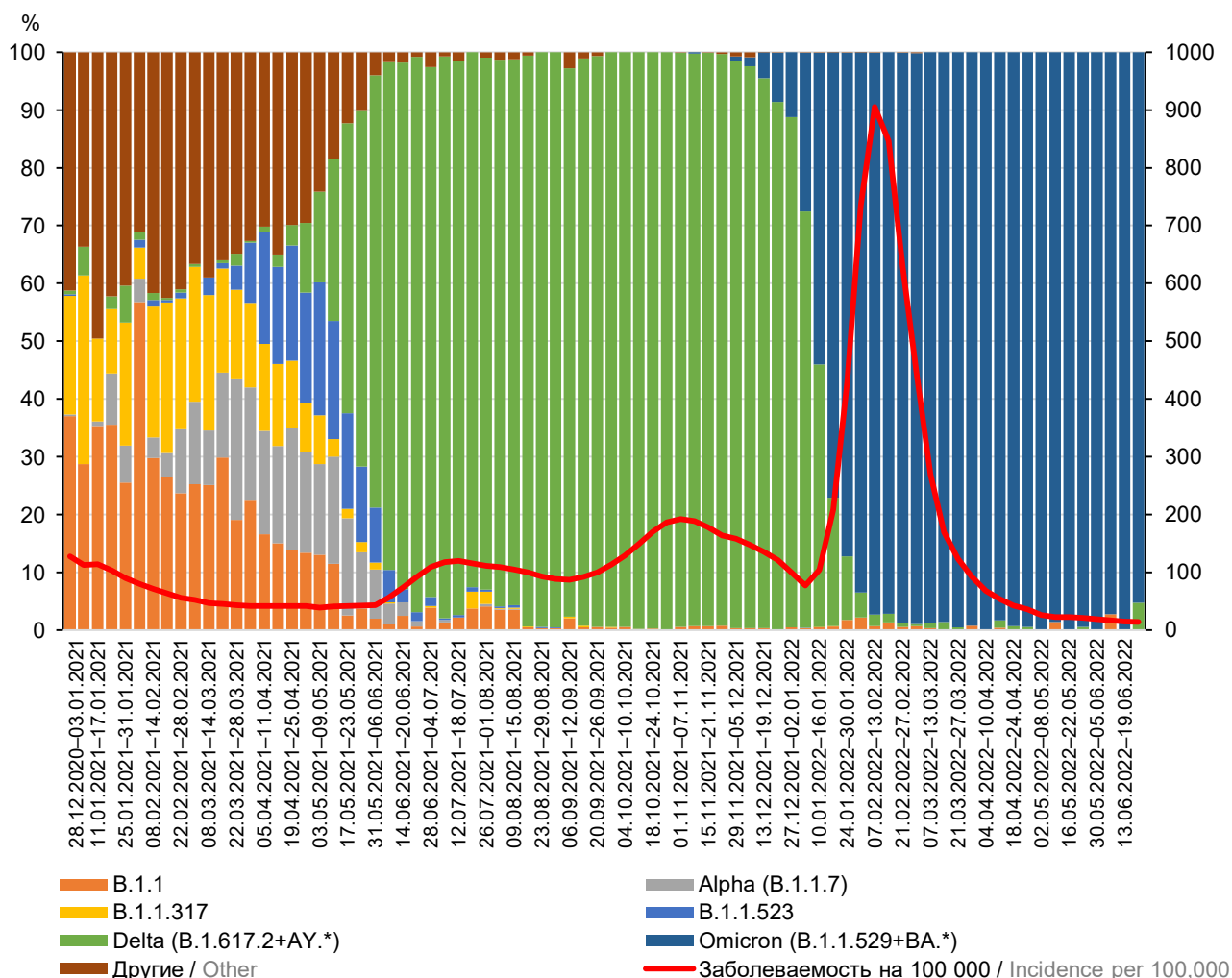


Рис. 1. Динамика геновариантов SARS-CoV-2 и заболеваемость населения COVID-19 (на 100 тыс. населения) на территории России (2020–2022 гг.).

Fig. 1. Dynamics of genetic variants of SARS-CoV-2 and COVID-19 incidence rates (per 100,000 population) in Russia (2020–2022).

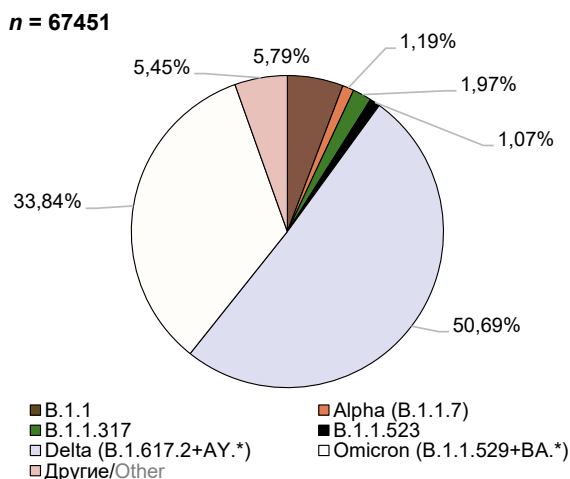


Рис. 2. Структура геновариантов в образцах биоматериала с датой забора с 28.12.2020 по 26.06.2022.

Fig. 2. The distribution of genetic variants in biomaterial specimens collected from 28/12/2020 to 26/6/2022.

загружен 67 451 идентифицированный образец. Из них 724 (1,07%) образца классифицированы как геновариант B.1.1.523, 1329 (1,97%) — B.1.1.317, 3903 (5,79%) — B.1.1, 802 (1,19%) — Alpha (B.1.1.7), 3678 (5,45%) — другие геноварианты, 22818 (33,83%) — Omicron (B.1.1.529+BA.*), 34 197 (50,69%) образцов — Delta (B.1.617.2+AY.*) (**рис. 2**).

Распределение геновариантов вируса SARS-CoV-2 по периодам эпидемического роста заболеваемости COVID-19 на территории России за 2020–2022 гг., свидетельствующее о доминировании геновариантов Delta (B.1.617.2+AY.*) и Omicron (B.1.1.529+BA.*), отражено в **табл. 1**.

Генетический вариант Delta (B.1.617.2+AY.*) с мая по декабрь 2021 г. превалировал на территории РФ, его доля среди выявленных вариантов составляла до 100%. Доминирующим во все месяцы наблюдения с момента начала регистрации геноварианта Delta являлся вариант, которому с 26.11.2021 классификатор Pangolin присвоил название AY.122 (83,3%).

Помимо AY.122 наиболее часто встречались такие субварианты Delta, как «материнский» B.1.617.2 (9,1%), AY.126 (3,0%) и др. Прочие субварианты представлены единичными образцами и составляли суммарно 4,6% от всех последовательностей Delta (**рис. 3**).

Всего на территории России выделено 30 сублиний геноварианта Delta, 5% проанализированных полных геномов линии Delta (B.1.617.2+AY.*) представлены на **рис. 4**.

При анализе динамики субвариантов линии Delta (B.1.617.2+AY.*), выделенных в России, по данным национальной базы VGARus, надо отметить, что в мае 2021 г. линия Delta в основном была

Таблица 1. Распределение геновариантов вируса SARS-CoV-2 по периодам эпидемического роста заболеваемости COVID-19 на территории России (2020–2022 гг.)

Table 1. Distribution of SARS-CoV-2 genetic variants by periods of the epidemic increase in the COVID-19 incidence in Russia (2020–2022)

Период Period	Число образцов Number of samples	Геноварианты, абс. (%) / Genovariants, abs. (%)						
		B.1.1	B.1.1.317	B.1.1.523	Alpha (B.1.1.7)	Delta (B.1.617.2+AY.*)	Omicron (B.1.1.529+BA.*)	другие other
I период I period 30.03.2020– 30.08.2020	1701	1056 (62,08)	55 (3,28)	–	–	–	–	590 (34,69)
II период II period 31.08.2020– 09.05.2021	7417	2497 (33,67)	1202 (16,21)	378 (5,10)	536 (7,23)	121 (1,63)	–	2683 (36,17)
III период III period 10.05.2021– 12.09.2021	10 602	126 (1,19)	67 (0,63)	345 (3,25)	266 (2,51)	9502 (89,62)	–	296 (2,79)
IV период IV period 19.09.2021– 09.01.2022	23 315	21 (0,09)	2 (0,009)	1 (0,004)	–	21 795 (93,48)	1420 (6,09)	76 (0,33)
V период V period 10.01.2022– 26.06.2022	24 416	203 (0,83)	3 (0,012)	–	–	2779 (11,38)	21 398 (87,64)	33 (0,14)
Всего Total	67 451	3903 (5,79)	1329 (1,97)	724 (1,07)	802 (1,19)	34 197 (50,69)	22 818 (33,83)	3678 (5,45)

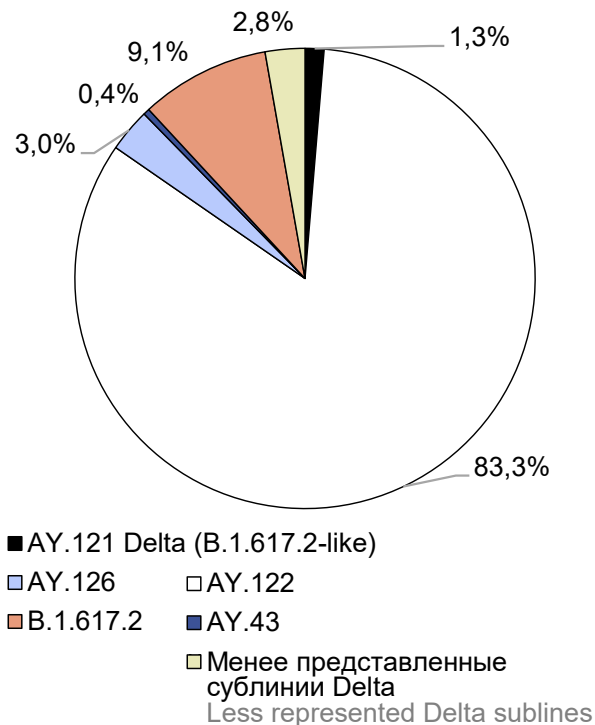


Рис. 3. Структура субвариантов линии «Delta» (B.1.617.2+AY.*), выделенных в России.

Fig. 3. Subvariants of the Delta lineage (B.1.617.2+AY.*) isolated in Russia.

представлена сублиниями B.1.617.2 (38,7%), AY.122 (33,8%) и реже встречающимися сублиниями, затем произошла их диссоциация, и до 80% в общей структуре стала занимать сублиния AY.122 (**рис. 5**).

Вариант Omicron начал стремительное распространение с декабря 2021 г., и в настоящее время он полностью доминирует на территории России (100% всех исследованных образцов). Анализ данных национальной базы VGARus позволил выявить диссоциацию генетической линии Omicron на территории России с наибольшей частотой циркуляции субвариантов BA.1 (54,5%), BA.1.1 (21,6%) и BA.2 (23,8%). Субвариант BA.3 не получил столь значимого распространения и на сегодняшний день составляет менее 0,1% в общей структуре популяции Omicron (**рис. 6**).

Следует отметить, что в структуре линии Omicron (B.1.1.529+BA.*) с 01.03.2022 начал преобладать субвариант BA.2, что совпало со снижением уровня заболеваемости COVID-19. В общей структуре на сегодняшний день он занимает свыше 80% (**рис. 7**).

Таким образом, проанализировав структуру доминирующих геновариантов линии Delta (B.1.617.2+AY.*) и линии Omicron (B.1.1.529+BA.*), можно отметить, что неоднородность и быстрая смена патогенных свойств и контагиозности ви-

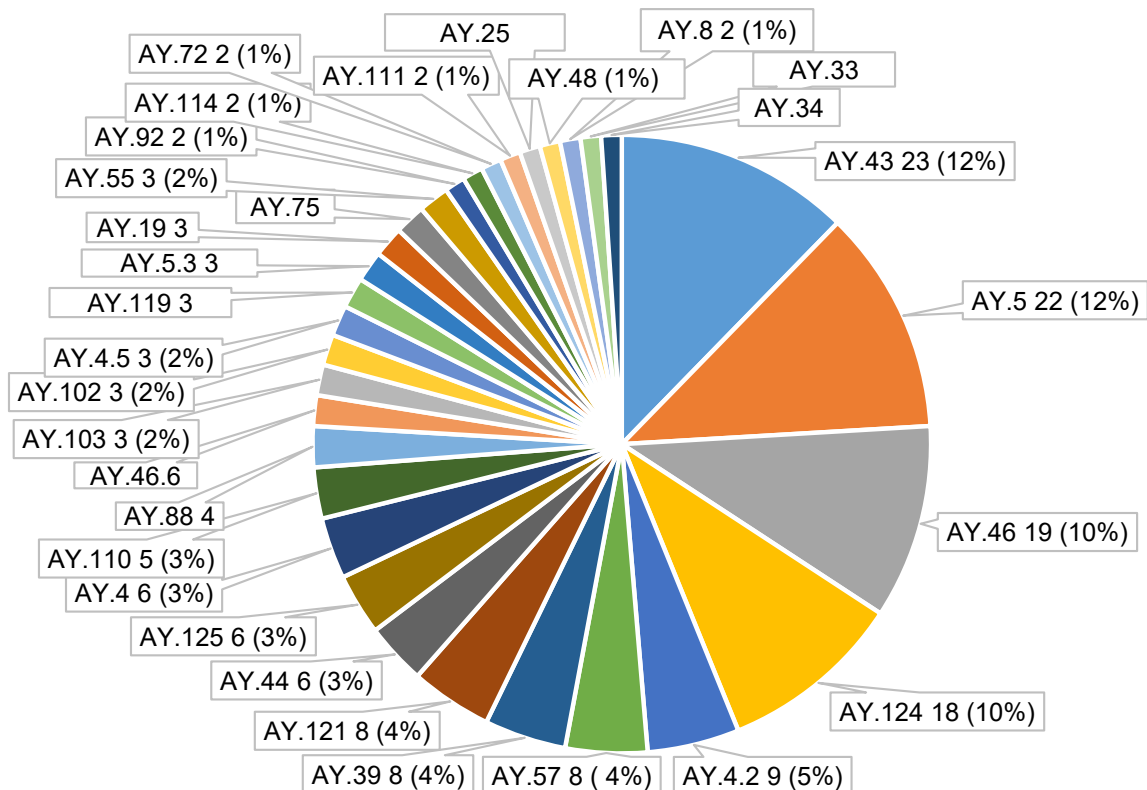


Рис. 4. Структура субвариантов линии B.1.617.2. (Delta), за исключением базового варианта B.1.617.2 и субвариантов AY.122, AY.126, AY.121, AY.43, выделенных в России.

Fig. 4. Subvariants of the B.1.617.2. (Delta) lineage, except for basic variant B.1.617.2 and subvariants AY.122, AY.126, AY.121, AY.43 isolated in Russia.

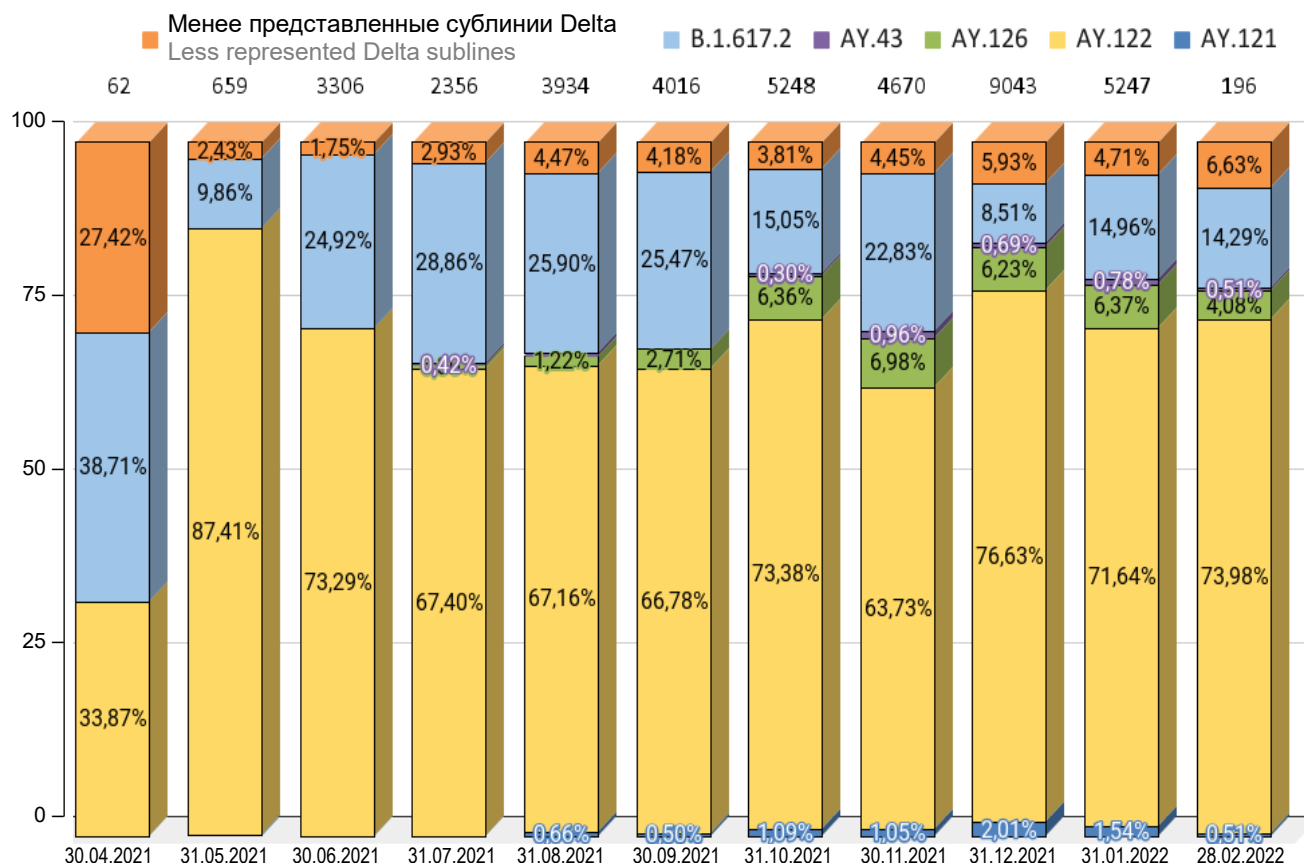


Рис. 5. Динамика субвариантов линии Delta (B.1.617.2+AY.*), выделенных в России, по данным национальной базы VGARus.

Fig. 5. Dynamics of subvariants of the Delta lineage (B.1.617.2+AY.*), which were isolated in Russia, based on the data from the national VGARus database.

руса однозначно влияют на течение эпидемического процесса. Доказательством этому утверждению служат показатели динамики проявлений эпидемического процесса и тяжести течения заболевания (табл. 2). Максимальный уровень заболеваемости в 2020 г. (преобладание Уханьского штамма) составил 51,31 (на 100 тыс. населения); максимальный уровень заболеваемости в 2021 г. (преобладание штамма Delta) — 192,45 (на 100 тыс. населения); максимальный уровень заболеваемости в 2022 г. (преобладание штамма Omicron) — 905,37 (на 100 тыс. населения).

Обсуждение

В первый год присутствия SARS-CoV-2 в человеческой популяции в его геноме не наблюдалось нуклеотидных замен, которые бы привели к заметным изменениям свойств патогена. Однако, поскольку сохранение возбудителя как биологического вида невозможно без эволюционного развития, начинается расширение диапазона гетерогенности популяции коронавируса за счёт циркуляции как маловирулентных, так и вирулентных вариантов с последующим стабилизирующим отбором и становлением эпидемического варианта возбу-

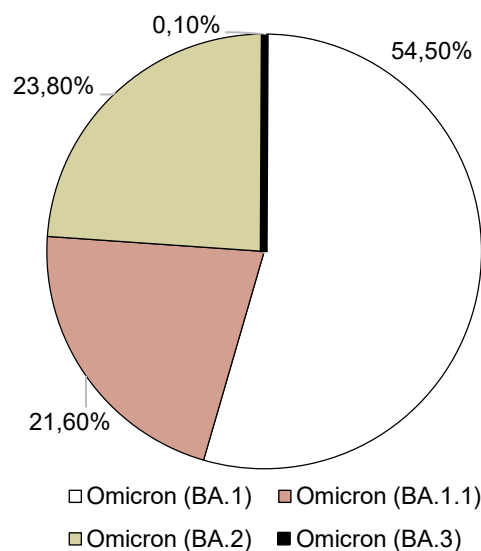


Рис. 6. Структура субвариантов линии Omicron (B.1.1.529+BA.*), выделенных в России, по данным национальной базы VGARus на 26.06.2022.

Fig. 6. Subvariants of the Omicron lineage (B.1.1.529+BA.*), which were isolated in Russia, based on the data from the national VGARus database as of 26/6/2022.

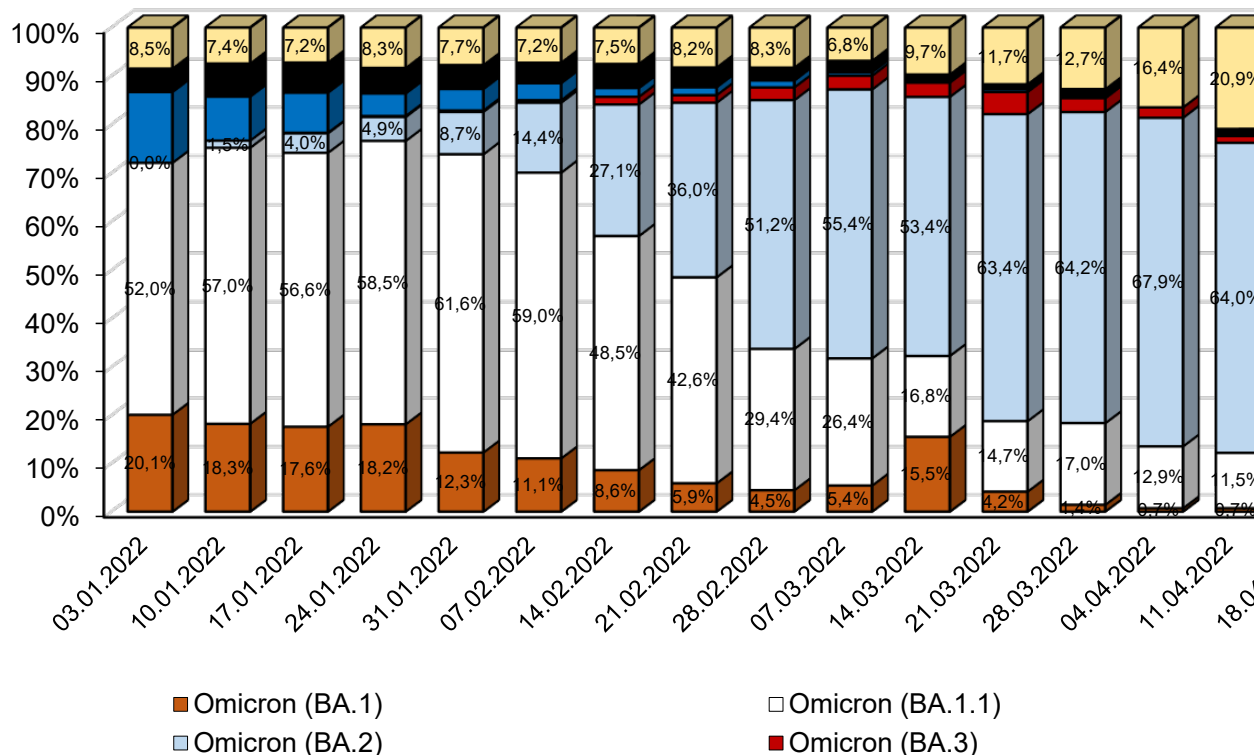


Рис. 7. Динамика субвариантов линии Omicron (B.1.1.529+BA.*), выделенных в России, по данным национальной базы VGARus.

Fig. 7. Dynamics of subvariants of the Omicron lineage (B.1.1.529 + BA.*), which were isolated in Russia, based on the data from the national VGARus database.

Таблица 2. Сравнительная характеристика (динамика) проявлений эпидемического процесса COVID-19 с учётом эволюции возбудителя

Table 2. Comparative analysis (dynamics) of the manifestations of the COVID-19 epidemic process, considering the evolution of the pathogen

Проявления эпидемического процесса Manifestations of the epidemic process	Уханьский геновариант Wuhan genetic variant	Геновариант Delta Delta genetic variant	Геновариант Omicron Omicron genetic variant
Заболываемость на 100 тыс. населения Incidence per 100,000 population	51,31	192,45	905,37 (рост в 17,6 раза; $p < 0,05$) 905.37 (a 17.6-fold increase; $p < 0.05$)
Удельный вес тяжёлых форм инфекции, % Percentage of severe cases of infection, %	4,5	2,6	0,4% (снижение в 11,3 раза; $p < 0,05$) 0.4% (a 11.3-fold decrease; $p < 0.05$)
Удельный вес циркуляции коронавируса среди условно здорового населения, %* Percentage of circulating coronaviruses among relatively healthy population, %*	10–12	13–16	30–37% (рост в 3 раза; $p < 0,05$) 30–37% (a 3-fold increase; $p < 0.05$)
Удельный вес детей среди заболевших, % Percentage of children among affected individuals, %	10	12	18% (рост в 1,8 раза; $p < 0,05$) 18% (a 1.8-fold increase; $p < 0.05$)

Примечание. *По данным города Москвы и Московской области ($n = 2\,366\,527$).

Note. *Based on the data for Moscow and Moscow Region ($n = 2,366,527$).

теля. Первые значимые VOCs выявлены в конце 2020 г. — начале 2021 г.: Alpha (B.1.1.7) в Великобритании, Beta (B.1.351) в Южной Африке, Gamma (P.1) в Бразилии и Delta (B.1.617.2) в Индии⁴. Возникшие мутации изменили аминокислотную последовательность

связывания рецептора ACE2 определяет проникновение вируса в чувствительные клетки человеческого организма и является основным фактором патогенеза COVID-19. Подобные мутации вызывают обоснованные опасения, поскольку от них зависит, станет ли вирус более агрессивным.

В ноябре 2021 г. конец осторожному оптимизму экспертов и надеждам на скорое окончание пандемии.

⁴ WHO. Weekly epidemiological update on COVID-19 — 22 March 2022. URL: <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---22-march-2022>

демии COVID-19 положило появление нового варианта коронавируса SARS-CoV-2, впервые идентифицированного в Ботсване и Южно-Африканской Республике. Новая линия получила обозначение BA.2, основная линия недавно выявленного варианта коронавируса — BA.1, общее название варианта осталось неизменным — B.1.1.529 по классификации PANGO. 26.11.2021 ВОЗ классифицировала мутировавший вирус как VOC и присвоила ему код Omicron (B.1.1.529+BA.*). По мнению специалистов, SARS-CoV-2 эволюционировал и геномные изменения привели к появлению таких характеристик, как способность вызывать интенсивную передачу вируса, изменять клиническую симптоматику заболевания, уклоняться от иммунного ответа, средств диагностики или лекарственных препаратов. Появление множества кластеров COVID-19 на разных континентах может оказать влияние на эпидемиологическую обстановку, привести к возникновению нового источника риска для здоровья населения во всём мире и появлению новой волны заражений. В этой связи всем странам рекомендуется усилить эпидемиологический надзор; активно проводить геномное секвенирование для эффективного отслеживания циркулирующих вариантов SARS-CoV-2; депонировать полные последовательности генома вируса и сопутствующих метаданных в общедоступную базу данных, например GISAID. В связи с глобальным доминированием геноварианта Omicron необходимо изучать его воздействие на тяжесть заболевания, эффективность противоэпидемических мер, иммунный ответ, нейтрализующую активность антител и другие представляющие интерес параметры⁵.

К настоящему времени накопился значительный массив данных об эволюционных изменениях генома SARS-CoV-2 с учётом тенденций приобретения новых эпидемиологических свойств. За период циркуляции в человеческой популяции геном SARS-CoV-2, приспосабливаясь к новому хозяину, приобрёл определённое количество нуклеотидных замен.

Пандемия COVID-19 в очередной раз подтвердила правильность теории академика В.Д. Белякова, согласно которой основу развития эпидемического процесса составляет фазовое изменение гетерогенности биологических свойств взаимодействующих популяций возбудителя и человека, основанной на обратных отрицательных связях в процессе саморегуляции, при этом важное значение имеют социальные и природные факторы [14, 15]. В соответствии с теорией саморегуляции паразитарных систем изменения связаны не только с генетической вари-

бельностью, но и с другими полидетерминантными характеристиками возбудителя: при появлении новых геновариантов SARS-CoV-2 стал менее патогенным для человека, но более контагиозным. Это обстоятельство является важным не только для теоретической, но и для практической эпидемиологии, т.к. даёт возможность прогнозировать направления развития эпидемической ситуации.

Заключение

Полногеномное секвенирование геновариантов SARS-CoV-2 на территории России с 28.12.2020 по 26.06.2022, проведённое на основе базы данных платформы VGARus, выявило превалирование геновариантов Delta и Omicron и позволило установить, что генетический вариант Delta (B.1.617.2 + AY.*) с мая по декабрь 2021 г. являлся доминирующим на территории страны с преобладанием субварианта AY.122 (83,3%). Вариант Omicron начал стремительное распространение с декабря 2021 г. с диссоциацией генетической линии Omicron и преобладанием субвариантов BA.1, BA.1.1 и BA.2. Сублиния BA.3 не получила столь значимого распространения и на сегодняшний день занимает долю менее 0,1% в общей структуре популяции Omicron. Доля сублинии BA.2 постепенно возрастает (до 80% в структуре сублиний Omicron, выделяемых на 16–17-й неделе 2022 г.). В России зарегистрированы единичные геноварианты BA.4 и BA.5, которые не получили эпидемического распространения, а клинические проявления проходят в бессимптомной форме или имеют лёгкое течение заболевания в форме острой респираторной вирусной инфекции.

Установлено, что при появлении новых геновариантов вирус SARS-CoV-2 стал менее патогенным для человека, но более контагиозным. Доказательством этого утверждения служат показатели динамики проявлений эпидемического процесса и тяжести течения заболевания.

Вирус SARS-CoV-2 находится в процессе эволюционного развития, что требует непрерывных научных исследований с использованием передовых методов полногеномного анализа его генетических последовательностей.

Таким образом, в настоящее время молекулярно-генетический мониторинг циркуляции возбудителя SARS-CoV-2 является ведущим направлением эпидемиологического надзора за COVID-19, позволяющим принимать решения по разработке и осуществлению противоэпидемических мероприятий.

Коллектив авторов выражает благодарность организациям, участвовавшим в секвенировании:

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

⁵ WHO. Classification of Omicron (B.1.1.529): SARS-CoV-2 Variant of Concern; 2021. URL: [https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-\(b.1.1.529\)-sars-cov-2-variant-of-concern](https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-(b.1.1.529)-sars-cov-2-variant-of-concern)

- Российский национальный исследовательский медицинский институт им. Н.И. Пирогова, Москва, Россия;
- Научно-исследовательский институт вакцин и сывороток им. И.И. Мечникова, Москва, Россия;
- Научный медицинский исследовательский центр гематологии, Москва, Россия;
- Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины, Новосибирск, Россия;
- Научный медицинский исследовательский центр акушерства, гинекологии и перинатологии им. В.И. Кулакова, Москва, Россия;
- Тюменский научно-исследовательский институт краевой инфекционной патологии, Тюмень, Россия;
- Центр гигиены и эпидемиологии, Пермь, Россия;
- Федеральный исследовательский центр вирусологии и микробиологии, пос. Вольгинский, Россия;
- Федеральный научный центр исследований и разработки иммунобиологических препаратов им. М.П. Чумакова, Москва, Россия;
- Центр стратегического планирования и управления медико-биологическими рисками здоровью, Москва, Россия.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Акимкин В.Г., Кузин С.Н., Семенов Т.А., Плоскирева А.А., Дубоделов Д.В., Тиванова Е.В. и др. Характеристика эпидемиологической ситуации по COVID-19 в Российской Федерации в 2020 г. *Вестник Российской академии медицинских наук*. 2021; 76(4): 412–22. <https://doi.org/10.15690/vramn1505>
2. Пшеничная Н.Ю., Лизинфельд И.А., Журавлев Г.Ю., Плоскирева А.А., Акимкин В.Г. Эпидемический процесс COVID-19 в Российской Федерации: промежуточные итоги. Сообщение 1. *Инфекционные болезни*. 2020; 18(3): 7–14. <https://doi.org/10.20953/1729-9225-2020-3-7-14>
3. Пшеничная Н.Ю., Лизинфельд И.А., Журавлев Г.Ю., Плоскирева А.А., Еровиченков А.А., Акимкин В.Г. Эпидемический процесс COVID-19 в Российской Федерации: промежуточные итоги. Сообщение 2. *Инфекционные болезни*. 2021; 19(1): 10–5. <https://doi.org/10.20953/1729-9225-2021-1-10-15>
4. Кутырев В.В., Попова А.Ю., Смоленский В.Ю., Ежлова Е.Б., Демина Ю.В., Сафронов В.А. и др. Эпидемиологические особенности новой коронавирусной инфекции (COVID-19). Сообщение 1: Модели реализации профилактических и противоэпидемических мероприятий. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2020; (1): 6–13. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2020-1-6-13>
5. Краснов Я.М., Попова А.Ю., Сафронов В.А., Федоров А.В., Баданин Д.В., Щербакова С.А. и др. Анализ геномного разнообразия SARS-CoV-2 и эпидемиологических признаков адаптации возбудителя COVID-19 к человеческой популяции (Сообщение 1). *Проблемы особо опасных инфекций*. 2020; (3): 70–82. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2020-3-70-82>
6. Акимкин В.Г., Кузин С.Н., Семенов Т.А., Шипулина О.Ю., Яцышина С.Б., Тиванова Е.В. и др. Закономерности эпидемического распространения SARS-CoV-2 в условиях мегаполиса. *Вопросы вирусологии*. 2020; 65(4): 203–11. <https://doi.org/10.36233/0507-4088-2020-65-4-203-211>

7. Акимкин В.Г., Кузин С.Н., Семенов Т.А., Плоскирева А.А., Дубоделов Д.В., Тиванова Е.В. и др. Гендерно-возрастная характеристика пациентов с COVID-19 на разных этапах эпидемии в Москве. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2020; (3): 27–35. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2020-3-27-35>
8. Щелканов М.Ю., Попова А.Ю., Дедков В.Г., Акимкин В.Г., Малеев В.В. История изучения и современная классификация коронавирусов (Nidovirales: Coronaviridae). *Инфекция и иммунитет*. 2020; 10(2): 221–46. <https://doi.org/10.15789/2220-7619-HOI-1412>
9. Kapteleva V.V., Bukharina A.Y., Shipulina O.Y., Korneenko E.V., Saenko S.S., Lukyanov A.V., et al. Case report: change of dominant strain during dual SARS-CoV-2 infection. *BMC Infect. Dis.* 2021; 21(1): 959. <https://doi.org/10.1186/s12879-021-06664-w>
10. Борисова Н.И., Котов И.А., Колесников А.А., Каптелова В.В., Сперанская А.С., Кондрашева Л.Ю. и др. Мониторинг распространения вариантов SARS-CoV-2 (*Coronaviridae: Coronavirinae: Betacoronavirus; Sarbecovirus*) на территории Московского региона с помощью таргетного высокопроизводительного секвенирования. *Вопросы вирусологии*. 2021; 66(4): 269–78. <https://doi.org/10.36233/0507-4088-72>
11. Дубоделов Д.В., Савельев Е.В., Плоскирева А.А., Акимкин В.Г., Глазов М.Б., Гасанов Г.А. и др. Централизованная база данных для построения эпидемиологической аналитики по новой коронавирусной инфекции (COVID-19). Патент РФ № 2021622334; 2021.
12. Дубоделов Д.В., Савельев Е.В., Плоскирева А.А., Акимкин В.Г., Глазов М.Б., Гасанов Г.А. и др. Эпидемиологическая аналитика по новой коронавирусной инфекции (COVID-19). Патент РФ № 2021667476; 2021.
13. Попова А.Ю., ред. *COVID-19: научно-практические аспекты борьбы с пандемией в Российской Федерации*. Саратов: Амирит; 2021.
14. Беляков В.Д. Внутренняя регуляция эпидемического процесса (ответы на замечания и вопросы, поднятые при обсуждении теории). *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 1987; 64(10): 78–89.
15. Беляков В.Д., Голубев Д.Б., Каминский Г.Д., Тец В.В. *Саморегуляция паразитарных систем*. Ленинград: Медицина; 1987.

REFERENCES

1. Akimkin V.G., Kuzin S.N., Semenenko T.A., Ploskireva A.A., Dubodelov D.V., Tivanova E.V. Characteristics of the COVID-19 epidemiological situation in the Russian Federation in 2020. *Vestnik Rossiyskoy akademii meditsinskikh nauk*. 2021; 76(4): 412–22. <https://doi.org/10.15690/vramn1505> (in Russian)
2. Pshenichnaya N.Yu., Lizinfel'd I.A., Zhuravlev G.Yu., Ploskireva A.A., Akimkin V.G. The epidemic process of COVID-19 in the Russian Federation: interim results. 1st report. *Infektsionnye bolezni*. 2020; 18(3): 7–14. <https://doi.org/10.20953/1729-9225-2020-3-7-14> (in Russian)
3. Pshenichnaya N.Yu., Lizinfel'd I.A., Zhuravlev G.Yu., Ploskireva A.A., Erovichenkov A.A., Akimkin V.G. Epidemic process of COVID-19 in the Russian Federation: interim results. 2nd report. *Infektsionnye bolezni*. 2021; 19(1): 10–5. <https://doi.org/10.20953/1729-9225-2021-1-10-15> (in Russian)
4. Kutyrev V.V., Popova A.Yu., Smolenskiy V.Yu., Ezhlova E.B., Demina Yu.V., Safronov V.A., et al. Epidemiological features of new coronavirus infection (COVID-19). Communication 1: Models of implementation of preventive and anti-epidemic measures. *Problemy osobo opasnykh infektsiy*. 2020; (1): 6–13. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2020-1-6-13> (in Russian)

5. Krasnov Ya.M., Popova A.Yu., Safronov V.A., Fedorov A.V., Badanin D.V., Shcherbakova S.A., et al. Genomic diversity analysis of SARS-CoV-2 and epidemiological features of adaptation of COVID-19 agent to human population (Communication 1). *Problemy osobo opasnykh infektsiy*. 2020; (3): 70–82. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2020-3-70-82> (in Russian)
6. Akimkin V.G., Kuzin S.N., Semenenko T.A., Shipulina O.Yu., Yatsyshina S.B., Tivanova E.V., et al. Patterns of the SARS-CoV-2 epidemic spread in a megacity. *Voprosy virusologii*. 2020; 65(4): 203–11. <https://doi.org/10.36233/0507-4088-2020-65-4-203-211> (in Russian)
7. Akimkin V.G., Kuzin S.N., Semenenko T.A., Ploskireva A.A., Dubodelov D.V., Tivanova E.V., et al. Gender-age distribution of patients with COVID-19 at different stages of epidemic in Moscow. *Problemy osobo opasnykh infektsiy*. 2020; (3): 27–35. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2020-3-27-35> (in Russian)
8. Shchelkanov M.Yu., Popova A.Yu., Dedkov V.G., Akimkin V.G., Maleev V.V. History of investigation and current classification of coronaviruses (Nidovirales: Coronaviridae). *Infektsiya i immunitet*. 2020; 10(2): 221–46. <https://doi.org/10.15789/2220-7619-HOI-1412> (in Russian)
9. Kapteleva V.V., Bukharina A.Y., Shipulina O.Y., Korneenko E.V., Saenko S.S., Lukyanov A.V., et al. Case report: change of dominant strain during dual SARS-CoV-2 infection. *BMC Infect. Dis.* 2021; 21(1): 959. <https://doi.org/10.1186/s12879-021-06664-w>
10. Borisova N.I., Kotov I.A., Kolesnikov A.A., Kapteleva V.V., Speranskaya A.S., Kondrasheva L.Yu., et al. Monitoring the spread of the SARS-CoV-2 (*Coronaviridae: Coronavirinae: Betacoronavirus; Sarbecovirus*) variants in the Moscow region using targeted high-throughput sequencing. *Voprosy virusologii*. 2021; 66(4): 269–78. <https://doi.org/10.36233/0507-4088-72> (in Russian)
11. Dubodelov D.V., Savel'er E.V., Ploskireva A.A., Akimkin V.G., Glazov M.B., Gasanov G.A., et al. Centralized database for building epidemiological analytics on the novel coronavirus infection (COVID-19). Patent RF № 2021622334; 2021. (in Russian)
12. Dubodelov D.V., Savel'er E.V., Ploskireva A.A., Akimkin V.G., Glazov M.B., Gasanov G.A., et al. Epidemiological analytics on the novel coronavirus infection (COVID-19). Patent RF No 2021667476; 2021. (in Russian)
13. Popova A.Yu., ed. *COVID-19: Scientific and Practical Aspects of the Fight Against the Pandemic in the Russian Federation [COVID-19: nauchno-prakticheskie aspekty bor'by s pandemiei v Rossiyskoy Federatsii]*. Saratov: Amirit; 2021. (in Russian)
14. Belyakov V.D. Internal regulation of the epidemic process (answers to comments and questions raised during the discussion of the theory). *Zhurnal mikrobiologii, epidemiologii i immunobiologii*. 1987; 64(10): 78–89. (in Russian)
15. Belyakov V.D., Golubev D.B., Kaminskiy G.D., Tets V.V. *Self-Regulation of Parasitic Systems [Samoregulyatsiya parazitarnykh sistem]*. Leningrad: Meditsina; 1987. (in Russian)

Информация об авторах

Акимкин Василий Геннадьевич — д.м.н., профессор, академик РАН, директор ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-4228-9044>

Попова Анна Юрьевна — д.м.н., профессор, Главный государственный санитарный врач Российской Федерации, рук. Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-4315-5307>

Хафизов Камиль Фаридович — PhD, зав. лаб. геномных исследований ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-5524-0296>

Дубоделов Дмитрий Васильевич — к.м.н., с.н.с. лаб. вирусных гепатитов отдела молекулярной диагностики и эпидемиологии ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-3093-5731>

Углева Светлана Викторовна[✉] — д.м.н., доцент, консультант организационно-методического отдела административно-управленческого подразделения ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, uglevas@bk.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1322-0155>

Семенов Татьяна Анатольевна — д.м.н., профессор, рук. отдела эпидемиологии НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-6686-9011>

Плоскирева Антонина Александровна — д.м.н., зам. директора ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-3612-1889>

Горелов Александр Васильевич — д.м.н., профессор, член-корреспондент РАН, заместитель директора по научной работе ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-9257-0178>

Пшеничная Наталья Юрьевна — д.м.н., зам. директора ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-2570-711X>

Ежлова Елена Борисовна — к.м.н., зам. рук. Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-8701-280X>

Information about the authors

Vasily G. Akimkin — D. Sci. (Med.), Prof., Full Member of RAS, Director, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-4228-9044>

Anna Yu. Popova — D. Sci. (Med.), Professor, Head, Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare, Chief State Sanitary Doctor of the Russian Federation, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-4315-5307>

Kamil F. Khafizov — PhD, Head, Genomic research laboratory, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <http://orcid.org/0000-0001-5524-0296>

Dmitry V. Dubodelov — Cand. Sci. (Med.), senior researcher, Laboratory of viral hepatitis, Department of molecular diagnostics and epidemiology, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-3093-5731>

Svetlana V. Ugleva[✉] — D. Sci. (Med.), Assoc. Prof., consultant, Organizational and methodological department, Administrative division, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, uglevas@bk.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1322-0155>

Tatyana A. Semenenko — D. Sci. (Med.), Professor, Head, Department of epidemiology, National Research Centre for Epidemiology and Microbiology named after the honorary academician N.F. Gama-leya, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-6686-9011>

Antonina A. Ploskireva — D. Sci. (Med.), Deputy director, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-3612-1889>

Alexander V. Gorelov — D. Sci. (Med.), Professor, RAS Corresponding Member, Deputy Director for Science, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0001-9257-0178>

Natalia Yu. Pshenichnaya — D. Sci. (Med.), Deputy director, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-2570-711X>

Elena B. Yezhlova — Cand. Sci. (Med.), Deputy Head, Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-8701-280X>

- Летюшев Александр Николаевич* — к.м.н., начальник Управления научно-аналитического обеспечения и международной деятельности Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-4185-9829>
- Демина Юлия Викторовна* — д.м.н., начальник Управления эпидемиологического надзора Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-0538-1992>
- Кутырев Владимир Викторович* — д.м.н., профессор, академик РАН, директор Российского научно-исследовательского противочумного института «Микроб», Саратов, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-3788-3452>
- Максютов Ринат Амирович* — д.б.н., директор ГНЦ вирусологии и биотехнологии «Вектор», Кольцово, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-1314-281X>
- Говорун Вадим Маркович* — д.б.н., профессор, академик РАН, директор НИИ системной биологии и медицины, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-0837-8764>
- Дятлов Иван Алексеевич* — д.м.н., профессор, академик РАН, директор ГНЦ прикладной микробиологии и биотехнологии, Оболensk, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-3436-0368>
- Тотолян Арег Артемович* — д.м.н., профессор, академик РАН, зав. лаб. молекулярной иммунологии, директор НИИЭМ им. Пастера, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-4571-8799>
- Куличенко Александр Николаевич* — д.м.н., профессор, член-корреспондент РАН, директор Ставропольского научно-исследовательского противочумного института, Ставрополь, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-9362-3949>
- Балахонов Сергей Владимирович* — д.м.н., профессор, директор Иркутского научно-исследовательского противочумного института Сибири и Дальнего Востока, Иркутск, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-4201-5828>
- Рудаков Николай Викторович* — д.м.н., профессор, директор Омского НИИ природно-очаговых инфекций, Омск, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-9566-9214>
- Троценко Ольга Евгеньевна* — д.м.н., профессор, директор Хабаровского научно-исследовательского института эпидемиологии и микробиологии, Хабаровск, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-3050-4472>
- Носков Алексей Кимович* — к.м.н., директор Ростовского-на-Дону противочумного института, Ростов-на-Дону, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-0550-2221>
- Зайцева Наталья Николаевна* — д.м.н., директор Нижегородского научно-исследовательского института эпидемиологии и микробиологии им. акад. И.Н. Блохиной, Нижний Новгород, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-5370-4026>
- Топорков Андрей Владимирович* — д.м.н., доцент, директор Волгоградского научно-исследовательского противочумного института, Волгоград, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-3449-4657>
- Люзнов Дмитрий Анатольевич* — д.м.н., директор НИИ гриппа им. А.А. Смородинцева, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-3643-7354>
- Андреева Елена Евгеньевна* — д.м.н., профессор, рук. Управления Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по городу Москве, главный государственный санитарный врач по городу Москве, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-6687-7276>
- Микаилова Ольга Михайловна* — к.м.н., Главный государственный санитарный врач по Московской области, рук. Управления Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по Московской области, Мытищи, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-3842-6368>
- Комаров Андрей Григорьевич* — директор Диагностического центра (Центра лабораторных исследований) ДЗМ, Москва, Россия
- Ананьев Василий Юрьевич* — к.м.н., главный врач Федерального центра гигиены и эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-1670-6791>
- Alexander N. Letyushev* — Cand. Sci. (Med.), Head, Department of scientific and analytical support and international activities, Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-4185-9829>
- Yulia V. Demina* — D. Sci. (Med.), Head, Department of epidemiological surveillance, Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-0538-1992>
- Vladimir V. Kutyrev* — D. Sci. (Med.), Professor, RAS Full Member, Director, Russian Research Anti-Plague Institute "Microbe", Saratov, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-3788-3452>
- Rinat A. Maksyutov* — D. Sci. (Biol.), Director, State Research Center of Virology and Biotechnology "Vector", Koltsovo, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-1314-281X>
- Vadim M. Govorun* — D. Sci. (Biol.), Professor, RAS Full Member, Director, Scientific Research Institute of System Biology and Medicine, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-0837-8764>
- Ivan A. Dyatlov* — D. Sci. (Med.), Professor, RAS Full Member, Director, State Research Center for Applied Microbiology and Biotechnology, Obolensk, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-3436-0368>
- Areg A. Totolian* — D. Sci. (Med.), Professor, RAS Full Member, Head, Laboratory of molecular immunology, Director, St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-4571-8799>
- Alexandr N. Kulichenko* — D. Sci. (Med.), Professor, RAS Corresponding member, Director, Stavropol Research Anti-Plague Institute, Stavropol, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-9362-3949>
- Sergey V. Balakhonov* — Director, Irkutsk Anti-Plague Institute Research of Siberia and Far East, Irkutsk, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-4201-5828>
- Nikolay V. Rudakov* — D. Sci. (Med.), Professor, Director, Omsk Research Institute of Natural Focal Infections, Omsk, Russia, <https://orcid.org/0000-0001-9566-9214>
- Olga E. Trotsenko* — D. Sci. (Med.), Director, Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Khabarovsk, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-3050-4472>
- Alexey K. Noskov* — Cand. Sci. (Med), Director, Rostov-on-Don Plague Control Research Institute, Rostov-on-Don, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-0550-2221>
- Natalia N. Zaitseva* — D. Sci. (Med.), Director, Blokhina Scientific Research Institute of Epidemiology and Microbiology of Nizhny Novgorod, Nizhny Novgorod, Russia, <https://orcid.org/0000-0001-5370-4026>
- Andrey V. Toporkov* — D. Sci. (Med.), Associate Professor, Director, Volgograd Plague Control Research Institute, Volgograd, Russia, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3449-4657>
- Dmitry A. Lioznov* — D. Sci. (Med.), Director, Smorodintsev Research Institute of Influenza, Saint Petersburg, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-3643-7354>
- Elena E. Andreeva* — Head, Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare in the City of Moscow, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0001-6687-7276>
- Olga M. Mikailova* — Cand. Sci. (Med.), Chief State Sanitary Doctor in the Moscow Region, Head, Office of the Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Well-Being in Moscow Region, Mytishchi, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-3842-6368>
- Andrey G. Komarov* — Director, Diagnostic Center (Center for Laboratory Research) of the Moscow City Health Department, Moscow, Russia
- Vasily Yu. Ananyev* — Cand. Sci. (Med.), Chief physician, Federal Center for Hygiene and Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-1670-6791>
- Vladimir V. Moldovanov* — D. Sci. (Med.), chief physician, Federal Center for Hygiene and Epidemiology in Moscow, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-5606-4906>

Молдованов Владимир Валерьевич — д.м.н., главный врач Центра гигиены и эпидемиологии в городе Москве, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-5606-4906>

Логунов Денис Юрьевич — д.б.н., член-корр. РАН, зам. директора по научной работе НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-4035-6581>

Гущин Владимир Алексеевич — к.б.н., зав. лаб. механизмов популяционной изменчивости патогенных микроорганизмов НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-9397-3762>

Дедков Владимир Георгиевич — к.м.н., зам. директора по научной работе НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-5500-0169>

Черкашина Анна Сергеевна — к.х.н., рук. научной группы геномной инженерии и биотехнологии отдела молекулярной диагностики и эпидемиологии ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-7970-7495>

Кузин Станислав Николаевич — д.м.н., профессор, зав. лаб. вирусных гепатитов отдела молекулярной диагностики и эпидемиологии ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-0616-9777>

Тиванова Елена Валерьевна — рук. направления лабораторной медицины и продвижения лабораторных услуг отдела молекулярной диагностики и эпидемиологии ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-1286-2612>

Кондрашева Лариса Юрьевна — зав. лаб. полимеразной цепной реакции ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-0147-4262>

Саенко Валерия Владимировна — руководитель научной группы геномных технологий ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-0952-0830>

Селезов Семен Юрьевич — биоинформатик, лаборатория геномных исследований ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-9451-4341>

Гасанов Гасан Алиевич — аспирант ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-0121-521X>

Сванадзе Нино Хвичиевна — врач-эпидемиолог лаб. вирусных гепатитов отдела молекулярной диагностики и эпидемиологии ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-7524-3080>

Глазов Максим Борисович — рук. центра по развитию информационных технологий и систем ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-2195-1580>

Остроушко Алексей Александрович — рук. Информационно-аналитической службы ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0803-5630>

Миронов Константин Олегович — д.м.н., рук. лаб. молекулярных методов изучения генетических полиморфизмов ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-8207-9215>

Есьман Анна Сергеевна — н.с. лаб. молекулярных методов изучения генетических полиморфизмов ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-5456-7649>

Осина Наталья Александровна — к.б.н., зав. лаб. молекулярной диагностики Российского научно-исследовательского противочумного института «Микроб», Саратов, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-0954-5683>

Боднев Сергей Александрович — к.м.н., в.н.с. ГНЦ вирусологии и биотехнологии «Вектор», Кольцово, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-0599-3817>

Комиссаров Андрей Борисович — зав. лаб. молекулярной вирусологии НИИ гриппа им. А.А. Смородинцева, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0000-0003-1733-1255>

Даниленко Дарья Михайловна — к.б.н., зам. директора по научной работе НИИ гриппа им. А.А. Смородинцева, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-6174-0836>

Богун Александр Геннадьевич — к.б.н., в.н.с. отд. коллекционных культур ГНЦ прикладной микробиологии и биотехнологии, Оболениск, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-5454-2495>

Denis Yu. Logunov — D. Sci. (Biol.), Corresponding Member of RAS, Deputy Director for research, N.F. Gamaleya Federal Research Centre for Epidemiology and Microbiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-4035-6581>

Vladimir A. Gushchin — Cand. Sci. (Biol.), Head, Laboratory of mechanisms of population variability of pathogenic diseases, N.F. Gamaleya Federal Research Centre for Epidemiology and Microbiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-9397-3762>

Vladimir G. Dedkov — Cand. Sci. (Med.), Deputy Director for science, St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-5500-0169>

Anna S. Cherkashina — Cand. Sci. (Chem.), Head, Scientific group of genetic engineering and biotechnology, Department of molecular diagnostics and epidemiology, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0001-7970-7495>

Stanislav N. Kuzin — D. Sci. (Med.), Professor, Laboratory of viral hepatitis, Department of molecular diagnostics and epidemiology, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-0616-9777>

Elena V. Tivanova — Head, Directions of laboratory medicine and promotion of laboratory services, Department of molecular diagnostics and epidemiology, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-1286-2612>

Larisa Yu. Kondrasheva — Head, Laboratory of polymerase chain reaction, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-0147-4262>

Valeria V. Saenko — Head, Scientific group of genomic technologies, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-0952-0830>

Semyon Yu. Selezov — bioinformatician, Laboratory of genomic research, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia <https://orcid.org/0000-0001-9451-4341>

Gasan A. Gasanov — post-graduate student, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-0121-521X>

Nino Kh. Svanadze — epidemiologist, Laboratory of viral hepatitis, Department of molecular diagnostics and epidemiology, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0001-7524-3080>

Maxim B. Glazov — Head, Center for the development of information technologies and systems, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-2195-1580>

Aleksey A. Ostroushko — Head, Information and analytical service, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-0803-5630>

Konstantin O. Mironov — D. Sci. (Med.), Head, Laboratory of molecular methods for genetic polymorphisms detection, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0001-8207-9215>

Anna S. Esman — researcher, Laboratory of Molecular methods for genetic polymorphisms research, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-5456-7649>

Natalia A. Osina — Cand. Sci. (Biol.), Head, Laboratory of molecular diagnostics, Russian Research Anti-Plague Institute "Microbe", Saratov, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-0954-5683>

Sergei A. Bodnev — Cand. Sci. (Med.), leading researcher, State Research Center of Virology and Biotechnology "Vector": Koltsovo, Novosibirsk Region, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-0599-3817>

Andrey B. Komissarov — Head, Laboratory of Molecular Virology, Smorodintsev Research Institute of Influenza, St. Petersburg, Russia, <https://orcid.org/0000-0003-1733-1255>

Daria M. Danilenko — Cand. Sci. (Biol.), Deputy Director for Science, Smorodintsev Research Institute of Influenza, St. Petersburg, Russia, <https://orcid.org/0000-0001-6174-0836>

Aleksandr G. Bogun — Cand. Sci. (Biol.), leading researcher, Department of Collection Cultures, State Research Center for Applied Microbiology and Biotechnology, Obolensk, Moscow Region, Russia <https://orcid.org/0000-0001-5454-2495>

Скрябин Юрий Павлович — к.б.н., н.с. лаб. антимикробных препаратов ГНЦ прикладной микробиологии и биотехнологии, Оболensk, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-5748-995X>

Лопатовская Кристина Викторовна — н.с. лаб. природно-очаговых вирусных инфекций Иркутского научно-исследовательского противочумного института Сибири и Дальнего Востока, Иркутск, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-8772-5842>

Штрек Сергей Владимирович — к.м.н., с.н.с. лаб. зоонозных инфекций Омского НИИ природно-очаговых инфекций, Омск, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-4509-1212>

Волынкина Анна Сергеевна — к.б.н., зав. лаб. диагностики вирусных инфекций Ставропольского противочумного института, Ставрополь, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-5554-5882>

Гладких Анна Сергеевна — к.б.н., с.н.с. группы молекулярной генетики патогенных микроорганизмов отдела эпидемиологии Санкт-Петербургского НИИЭИМ им. Пастера, Санкт-Петербург, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-6759-1907>

Котова Валерия Олеговна — с.н.с., зав. лаб. эпидемиологии и профилактики вирусных гепатитов и СПИДа Хабаровского НИИЭИМ, Хабаровск, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-9824-7025>

Водопьянов Алексей Сергеевич — к.м.н., и.о. зав. группой вирусологии Ростовского-на-Дону противочумного института, Ростов-на-Дону, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-9056-3231>

Новикова Надежда Алексеевна — д.б.н., профессор, зав. лаб. молекулярной эпидемиологии вирусных инфекций Нижегородского НИИЭИМ им. акад. И.Н. Блохиной, Нижний Новгород, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-3710-6648>

Сперанская Анна Сергеевна — к.б.н., с.н.с. Центра геномики и масс-спектрометрии НИИ системной биологии и медицины, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-6326-1249>

Самойлов Андрей Евгеньевич — к.б.н., с.н.с. Центра геномики и масс-спектрометрии НИИ системной биологии и медицины, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-8284-3164>

Неверов Алексей Дмитриевич — к.б.н., рук. группы биоинформатики ЦНИИ Эпидемиологии, Москва, Россия, <https://orcid.org/0000-0002-3594-1682>

Шпак Иван Михайлович — к.м.н., н.с. сектора биоинформационного анализа Волгоградского научно-исследовательского противочумного института, Волгоград, Россия, <https://orcid.org/0000-0001-6446-0274>

Участие авторов. Все авторы внесли существенный вклад в проведение поисково-аналитической работы и подготовку статьи, прочли и одобрили финальную версию до публикации.

Статья поступила в редакцию 09.06.2022;
принята к публикации 01.08.2022;
опубликована 30.08.2022

Yuriy P. Skryabin — Cand. Sci. (Biol.), research scientist, Laboratory of antimicrobial agents, State Research Center for Applied Microbiology and Biotechnology, Obolensk, Moscow region, Russia, <https://orcid.org/0000-0001-5748-995X>

Kristina V. Lopatovskaya — researcher, Laboratory of natural focal viral infections, Irkutsk Anti-plague Research Institute of Siberia and Far East of the Surveillance of Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, Irkutsk, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-8772-5842>

Sergey V. Shtrek — Cand. Sci. (Med.), senior researcher, Laboratory of Zoonotic Infections, Omsk Research Institute of Natural Focal Infections, Omsk, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-4509-1212>

Anna S. Volynkina — Cand. Sci. (Biol.), Head, Laboratory for Diagnostics of Viral Infections, Stavropol Plague Control Research Institute, Stavropol, Russian Federation, <https://orcid.org/0000-0001-5554-5882>

Anna S. Gladkikh — Cand. Sci. (Biol.), senior researcher, Group of Molecular Genetics of Pathogenic Microorganisms, Department of Epidemiology, St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia, <https://orcid.org/0000-0001-6759-1907>

Valeria O. Kotova — senior researcher, Head, Laboratory of Epidemiology and Prevention of Viral Hepatitis and AIDS, Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Khabarovsk, Russia, <https://orcid.org/0000-0001-9824-7025>

Alexey S. Vodopyanov — Cand. Sci. (Med.), Deputy head, Group of virology, Rostov-on-Don Plague Control Research Institute, Rostov-on-Don, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-9056-3231>

Nadezhda A. Novikova — D. Sci. (Biol.), Professor, Head, Laboratory of Molecular Epidemiology of Viral Infections, Blokhina Scientific Research Institute of Epidemiology and Microbiology of Nizhny Novgorod, Nizhny Novgorod, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-3710-6648>

Anna S. Speranskaya — Cand. Sci. (Biol.), senior researcher, Center for Genomics and Mass Spectrometry, Scientific Research Institute of System Biology and Medicine, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0001-6326-1249>

Andrey E. Samojlov — Ph.D. (Biology), Senior Researcher Center for Genomics and Mass Spectrometry, Scientific Research Institute of System Biology and Medicine, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0001-8284-3164>

Alexey D. Neverov — Cand. Sci. (Biol.), Head, Group of bioinformatics, Central Research Institute of Epidemiology, Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, Moscow, Russia, <https://orcid.org/0000-0002-3594-1682>

Ivan M. Shpak — Ph.D. (Med.), researcher, Sector of bioinformatics analysis, Volgograd Research Institute for Plague Control, Volgograd, Russia, <https://orcid.org/0000-0001-6446-0274>

Author contribution. All authors made a substantial contribution to the conception of the work, acquisition, analysis, interpretation of data for the work, drafting and revising the work, final approval of the version to be published.

The article was submitted 19.06.2022;
accepted for publication 01.08.2022;
published 30.08.2022