



Федеральная служба по надзору в сфере защиты
прав потребителей и благополучия человека
ФБУН «Центральный НИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора

Проблемы эпидемиологии, терапии и лабораторной диагностики инфекционных заболеваний — 2024

Научно-практическая конференция
молодых учёных и специалистов
ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора
(Москва, 29–30 мая 2024 года)

Сборник тезисов

Под редакцией
академика РАН В.Г. Акимкина

Москва
ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора

2024

УДК 616-036.22
ББК 51.9
П78

Рецензенты: д.м.н., профессор, член-корреспондент РАН А.В. Тутельян,
д.м.н., доцент С.В. Углева

П78 Проблемы эпидемиологии, терапии и лабораторной диагностики инфекционных заболеваний — 2024: сборник тезисов Научно-практической конференции молодых учёных и специалистов ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора (Москва, 29–30 мая 2024 года) / под ред. академика РАН В.Г. Акимкина. М.: ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, 2024. — 84 стр.

ISBN 978-5-6052191-0-1

Сборник включает в себя работы, посвящённые эпидемиологии и клинике инфекционных болезней, современным вопросам лабораторной диагностики, биоинформатики, молекулярной диагностики, геномному эпидемиологическому надзору и потенциалу анализа больших данных для понимания эпидемиологических процессов. Тезисы акцентируют внимание на междисциплинарном подходе, объединяя специалистов в различных областях науки для обсуждения и решения сложных задач.

Сборник представляет собой важный шаг в поддержке молодых учёных, предоставляя им возможность для публикации своих исследований и обмена опытом с коллегами, способствуя их профессиональному росту и внося вклад в глобальное здравоохранение, подчеркивая значимость научных исследований для общества.

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



DOI: <https://doi.org/10.36233/978-5-6052191-0-1>
ISBN 978-5-6052191-0-1
EDN: <https://www.elibrary.ru/jxjggu>

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

Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing
Central Research Institute for Epidemiology

Problems of epidemiology, therapy and laboratory diagnostics of infectious diseases — 2024

Scientific and practical conference of young scientists
and specialists of the Central Research Institute
of Epidemiology of Rospotrebnadzor
(Moscow, May 29–30, 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, RAS Corresponding Member *Andrey V. Tutelyan*,
Dr. Sci. (Medicine), Associate Professor *Svetlana V. Ugleva*

Problems of epidemiology, therapy and laboratory diagnostics of infectious diseases — 2024: Abstract book of the Scientific and practical conference of young scientists and specialists of the Central Research Institute of Epidemiology of Rospotrebnadzor (Moscow, May 29–30, 2024) / ed. RAS Full Member V.G. Akimkin. — Moscow: Central Research Institute for Epidemiology, 2024. 84 p.

ISBN 978-5-6052191-0-1

The collection of conference abstracts includes works devoted to the epidemiology and clinical picture of infectious diseases, modern issues of laboratory diagnostics, bioinformatics, molecular diagnostics, genomic epidemiological surveillance and the potential of big data analysis for understanding epidemiological processes. Abstracts emphasize an interdisciplinary approach, bringing together young scientists from various fields of science to discuss and solve complex problems.

The collection represents an important step in supporting young scientists by providing them with the opportunity to publish their research and share their experiences with colleagues, promoting their professional growth and contributing to global health, highlighting the importance of scientific research for society.

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



DOI: <https://doi.org/10.36233/978-5-6052191-0-1>

ISBN 978-5-6052191-0-1

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

© Authors, 2024

© Central Research Institute for Epidemiology, 2024

Содержание

Разработка оптимального метода секвенирования генома анелловируса для выявления корреляций между субтипами у различных пациентов <i>Агабалаев Д.Н., Роев Г.В., Хафизов К.Ф.</i>	13
Автоматизация и оптимизация вычислительных процессов в лаборатории геномного эпидемиологического надзора <i>Аглетдинов М.Р., Акимкин В.Г., Хафизов К.Ф.</i>	14
Применение белка Cas12 для редактирования CCR5: новые возможности в борьбе с вирусом иммунодефицита человека <i>Акинин А.С., Тюменцев А.И., Тюменцева М.А., Акимкин В.Г.</i>	15
Инвазивный аспергиллёз у больных с тяжёлым течением COVID-19 <i>Балагова Л.Э., Маржохова А.Р., Понежева Ж.Б., Маржохова М.Ю., Нагоева М.Х., Афашагова М.М., Пазова Ж.Ю.</i>	16
Клинико-эпидемиологическая характеристика пневмонии у госпитализированных взрослых <i>Басанец А.В., Стурлис А.Л.</i>	18
Разработка набора реагентов для выявления вируса кори методом LAMP <i>Беликова А.В., Шустова М.И., Анисимова Д.А., Красовитов К.В., Петров В.В.</i>	19
Взаимосвязь мотивации и успешности обучения при очно-заочной форме обучения <i>Бердникова Т.В., Жарникова Т.В., Борздова И.Ю., Таран Т.В.</i>	20
Применение принципа восходящего вектора в образовательном процессе эпидемиологов <i>Бердникова Т.В., Жарникова Т.В., Борздова И.Ю., Таран Т.В.</i>	21
Методика и расчет экономического ущерба от COVID-19 в 2020–2022 гг. в России в сфере здравоохранения <i>Береговых Р.М., Воронин Е.М., Мельниченко Ю.Р., Приваленко А.А., Герасимов А.Н., Лаврухина Е.В., Акимкин В.Г.</i>	23
Аллели генов <i>HLA</i> в качестве предиктора исхода вакцинации против гепатита В <i>Власенко Н.В., Чанышев М.Д., Гришаева А.А., Кузин С.Н., Хафизов К.Ф.</i>	24
Определение ДНК вирусов герпеса человека в лимфоидной ткани глоточной миндалины у детей <i>Власов П.В., Сабина Т.С., Домонова Э.А., Сильвейстрова О.Ю., Мелехина Е.В.</i>	25
Методика стандартизации инфекционной заболеваемости с учётом различий в половозрастной структуре и выявляемости <i>Возьянова М.А., Шапов Д.М., Герасимов А.Н., Воронин Е.М.</i>	26
Созревание дендритных клеток при активации вирусоподобными частицами на основе белков норовируса и коронавируса <i>Воронина Е.В., Светлова М.В., Талаев В.Ю., Заиченко И.Е., Бабайкина О.Н., Новиков В.В., Новиков Д.В., Лапин В.А., Мелентьев Д.А.</i>	27
Выявление полиморфизмов, ассоциированных с риском 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>	28
Совершенствование молекулярно-генетического мониторинга за SARS-CoV-2 с применением аналитической платформы EpidSmart <i>Гасанов Г.А., Дубоделов Д.В., Углева С.В., Акимкин В.Г.</i>	29

Корь в 2023 году — проблемы и решения <i>Гасанов Г.А., Ниналалов М.А., Тагирова З.Г., Понежева Ж.Б.</i>	31
Частота выявления возбудителей инфекций, передаваемых половым путём, у мужчин в экстрагенитальных локусах <i>Гатцаева Н.Д., Махова Т.И., Скачкова Т.С., Головешкина Е.Н., Большенко Н.В.</i>	32
Определение генетических особенностей HBV, связанных с исходами вирусного гепатита В <i>Глуценко А.Г., Чанышев М.Д., Власенко Н.В., Макашова В.В., Хафизов К.Ф.</i>	33
Выявление возбудителей инфекций мочевыводящих путей и маркеров антибиотикорезистентности на основе полимеразной цепной реакции в режиме реального времени <i>Горшкова Т.Г., Громова А.В., Лазарева А.В., Новикова И.Е., Фисенко А.П., Скачкова Т.С.</i>	34
Листериозный менингоэнцефалит в постковидном периоде (клинический случай) <i>Денисова А.С., Понежева Ж.Б., Тагирова З.Г., Музыка А.Д.</i>	35
Информационная платформа эпидемиологического мониторинга в системе эпиднадзора за инфекциями, связанными с оказанием медицинской помощи, в отделениях колопроктологического профиля <i>Джанабаев Р.Р., Узлева С.В., Акимкин В.Г.</i>	37
Профилактический потенциал <i>Saccharomyces boulardii</i> CNCM I-745 при антибиотик-ассоциированных осложнениях у детей с инфекцией нижних дыхательных путей <i>Дзотцоева Э.С., Горелов А.В.</i>	38
Клинические особенности инфекции, вызванной <i>Blastocystis species</i> , у детей <i>Идрисова З.М., Погорелова О.О., Николаева С.В.</i>	39
Лекарственная устойчивость вируса иммунодефицита человека среди пациентов с опытом терапии в Северо-Кавказском федеральном округе <i>Кириченко А.А., Киреев Д.Е., Сыркина А.В., Кочеткова П.С., Лебедев А.В., Быстрицкая Е.П., Бобкова М.Р.</i>	40
Биоценозсберегающая терапия при инвазивных острых кишечных инфекциях <i>Крикун В.С., Горелов А.В.</i>	42
Показатели моноцитарного звена иммунитета у больных ВИЧ с латентной туберкулёзной инфекцией <i>Кулабухова Е.И., Хохлова О.Н.</i>	43
Роль определения различных типов вируса папилломы человека в диагностике цервикальной интраэпителиальной неоплазии тяжёлой степени <i>Кулешова О.Б., Домонова Э.А., Герасимов А.Н., Акимкин В.Г.</i>	44
Подходы к обновлённой методике оценки экономической значимости заболеваний, этиологически связанных с вирусом Эпштейна–Барр <i>Лаврухина Е.В., Соломай Т.В., Воронин Е.М., Семененко Т.А., Соболева В.В., Мельниченко Ю.Р., Приваленко А.А., Герасимов А.Н., Тутельян А.В., Акимкин В.Г.</i>	45
Эпидемиологическая ситуация по природно-очаговым заболеваниям в Тверской области <i>Магомедова А.С., Лазарева Е.Н., Шулакова Н.И., Третьяков А.А.</i>	46
Значение иммунологических показателей в процессе регресса фиброза печени у больных хроническим гепатитом С после противовирусной терапии <i>Маннанова И.В., Понежева Ж.Б., Макашова В.В.</i>	48

Воспаление пародонта у пациентов, перенесших COVID-19, в периоде реконвалесценции <i>Маржохова А.Р., Балагова Л.Э.</i>	49
Роль микробиоценоза в патогенезе COVID-19 <i>Мартынова Н.С., Куликова Н.Г., Битюмина Л.А., Гришаева А.А., Вдовина Е.Т.</i>	50
Антибиотикорезистентность пищевых изолятов <i>L. monocytogenes</i> , выделенных на территории Российской Федерации в 2018–2023 гг. <i>Мартюшева И.Б., Куликова Н.Г., Битюмина Л.А., Михайлова Ю.В., Карпенко А.Е., Шеленков А.А., Манзенюк И.Н., Акимкин В.Г.</i>	51
Новый подход к оценке 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>	53
Создание базы данных некоторых инфекционных агентов для инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи, в 2018–2022 гг. в России <i>Мельниченко Ю.Р., Морозов Г.В., Амбросимова О.А., Герасимов А.Н., Воронин Е.М., Тутельян А.В., Сычева Н.В., Приваленко А.А., Чекрыжов В.В., Акимкин В.Г.</i>	54
Сравнительный анализ изолятов <i>Staphylococcus aureus</i> группы MRSA двух генетических линий клинического и пищевого происхождения <i>Молчанов А.Д., Шеленков А.А., Куликова Н.Г., Михайлова Ю.В.</i>	55
Когнитивные нарушения у взрослых пациентов молодого и среднего возраста в постковидном периоде <i>Музыка А.Д., Маржохова А.Р., Шапиева Н.Т., Провоторова М.П., Омарова Х.Г.</i>	56
Мониторинг за циркуляцией респираторных вирусов на территории Республики Башкортостан в эпидемический сезон 2023–2024 гг. <i>Мулюкова М.Р., Казак А.А., Шакирова Е.С.</i>	57
Мониторинг вирусных патогенов при помощи мультиплексной полимеразной цепной реакции в сочетании с технологиями секвенирования нового поколения <i>Надтока М.И., Пересадына А.В., Аглетдинов М.Р., Роев Г.В., Бухарина А.Ю., Хафизов К.Ф., Акимкин В.Г.</i>	59
Разработка набора реагентов для выявления <i>Plasmodium</i> spp. методом LAMP <i>Обухова Е.А., Петров В.В.</i>	60
Изучение частоты выявления инфекций, передаваемых половым путём, у женщин с разным ВИЧ-статусом в Ханты-Мансийском автономном округе — Югре <i>Перевезенцева М.А., Скачкова Т.С., Домонова Э.А., Романюк Т.Н., Попова А.А., Белоцерковцева Л.Д., Майер Ю.И., Конарева И.Г.</i>	61
Внебольничные пневмонии, вызванные <i>Mycoplasma pneumoniae</i> , у детей в 2022–2024 гг. <i>Преображенская Д.В., Мелехина Е.В., Сабинина Т.С., Кремплевская С.П., Яцышина С.Б., Барыкин В.И.</i>	63
Этиология внебольничных пневмоний у детей от пандемии до 2024 г. <i>Преображенская Д.В., Мелехина Е.В., Сабинина Т.С., Кремплевская С.П., Яцышина С.Б., Барыкин В.И.</i>	64
Прогноз неблагоприятного исхода заболевания COVID-19 у ВИЧ-инфицированных больных на стадии вторичных заболеваний методами искусственного интеллекта <i>Приваленко А.А., Цыганкова А.В., Герасимов А.Н., Воронин Е.М.</i>	65

Информированность ВИЧ-инфицированных женщин о папилломавирусной инфекции в странах Восточной Европы и Центральной Азии <i>Прилепская Д.Р., Домонова Э.А., Попова А.А.</i>	66
Бастровирусы в летучих мышах из России <i>Роев Г.В., Борисова Н.И., Чистякова Н.В., Выходцева А.В., Акимкин В.Г., Хафизов К.Ф.</i>	68
<i>Helicobacter pylori</i> -специфичные CD4 ⁺ -лимфоциты у инфицированных лиц, преимущественно представленные в CD4 ⁺ CCR6 ⁺ -субпопуляции <i>Светлова М.В., Воронина Е.В., Талаев В.Ю., Заиченко И.Е., Бабайкина О.Н., Неумоина Н.В., Перфилова К.М.</i>	69
Профилирование Т-клеточного репертуара у пациента с хронической цитомегаловирусной инфекцией <i>Сикамов К.В., Уразаева Д.Р., Горбачев А.Ю.</i>	70
Распространённость полиморфизма CCR5-Δ32 среди ВИЧ-инфицированных пациентов на территории России <i>Сыркина А.В., Дрибноходова О.П., Миронов К.О., Киреев Д.Е.</i>	71
Прогнозирование эпидемиологической ситуации по гепатиту А и оценка необходимого уровня охвата вакцинацией в Российской Федерации <i>Тараторкин Ф.Ф., Карлсен А.А., Лопатухина М.А., Кюрегян К.К., Михайлов М.И.</i>	72
Значимость определения биомаркеров у больных с циррозом печени в исходе хронического гепатита С <i>Терешкин Н.А., Макашова В.В., Омарова Х.Г., Понежева Ж.Б., Музыка А.Д.</i>	73
Определение частот аллелей в полиморфных локусах генов <i>OAS3</i> , <i>TLR3</i> и <i>TLR4</i> у пациентов с клещевыми инфекциями <i>Титков А.В., Миронов К.О., Белокрылова Ж.П., Саламайкина С.А., Колясникова Н.М.</i>	75
Серологический мониторинг популяционного иммунитета населения к геморрагической лихорадке с почечным синдромом <i>Хусаинова Р.М., Савицкая Т.А., Трифонов В.А., Серова И.В., Агафонова Е.В., Исаева Г.Ш.</i>	76
Контроль контаминации ConCon <i>Чанышев М.Д., Глущенко А.Г., Гришаева А.А., Хафизов К.Ф.</i>	77
Разработка веб-приложения для расчёта группы эпидемиологических показателей на основе базы данных об инфекционных болезнях и половозрастном составе населения Российской Федерации <i>Шаипов Д.М., Возиянова М.А., Герасимов А.Н., Воронин Е.М.</i>	79
Разработка программного обеспечения для расчёта группы эпидемиологических показателей на основе преобразованных данных о населении Российской Федерации <i>Шаипов Д.М., Возиянова М.А., Герасимов А.Н., Воронин Е.М.</i>	80
Оптимизация пробоподготовки фекалий травоядных животных для повышения эффективности полимеразной цепной реакции <i>Шарафутдинова Р.Р., Альварес Фигероа М.В.</i>	81
Значение диспансерного наблюдения в выявлении дислипидемии, ассоциированной с повышенным риском сердечно-сосудистых событий, у пациентов с ВИЧ-инфекцией <i>Шилов А.М., Покровская А.В.</i>	82

Table of Contents

Development of an optimal method for anelloviruses genome sequencing to identify the correlation between subtypes in different patients <i>Agabalaev D.N., Roev G.V., Khafizov K.F.</i>	13
Automation and optimization of computational processes in the laboratory of genomic epidemiological surveillance <i>Agletdinov M.R., Akimkin V.G., Khafizov K.F.</i>	14
Using the Cas-12 protein to edit CCR5: new opportunities in the HIV combat <i>Akinin A.S., Tiumentsev A.I., Tiumentseva M.A., Akimkin V.G.</i>	15
Invasive aspergillosis in patients with severe COVID-19 <i>Balagova L.E., Marzhokhov A.R., Ponezheva J.B., Marzhokhova M.Yu., Nagoeva M.H., Afashagova M.M., Pazova J.Yu.</i>	16
Clinical and epidemiological characteristics of patients hospitalized with pneumonia <i>Basanets A.V., Sturlis A.L.</i>	18
Development of a reagent kit for detection of measles by LAMP <i>Belikova A.V., Shustova M.I., Anisimova D.A., Krasovitev K.V., Petrov V.V.</i>	19
The relationship between motivation and success of teaching in full-time and part-time education <i>Berdnikova T.V., Zharnikova T.V., Borzdova I.Yu., Taran T.V.</i>	20
Application of the ascending vector principle in the educational process of epidemiologists <i>Berdnikova T.V., Zharnikova T.V., Borzdova I.Yu., Taran T.</i>	21
Methodology for calculating economic damage from COVID-19 in the healthcare sector <i>Beregovikh R.M., Voronin E.M., Melnichenko Yu.R., Privalenko A.A., Gerasimov A.N., Lavrukhina E.V., Akimkin V.G.</i>	23
Alleles of HLA-genes as a predictor of hepatitis B vaccination outcome <i>Vlasenko N.V., Chanyshev M.D., Grishaeva A.A., Kuzin S.N., Khafizov K.F.</i>	24
Determination of DNA human herpes virus in the lymphoid tissue of the pharyngeal tonsils in children <i>Vlasov P.V., Sabinina T.S., Domonova E.A., Silvestrova O.Yu., Melekhina E.V.</i>	25
The methodology of standardization of infectious morbidity, taking into account differences in sex and age structure and detectability <i>Voziyanova M.A., Shaipov D.M., Gerasimov A.N., Voronin E.M.</i>	26
Maturation of dendritic cells upon activation of virus-like particles based on norovirus and coronavirus proteins <i>Voronina E.V., Svetlova M.V., Talayev V.Yu., Zaichenko I.Ye., Babaykina O.N., Novikov V.V., Novikov D.V., Lapin V.A., Melentev D.A.</i>	27
Identification of polymorphisms associated with the risk of development of liver cirrhosis and hepatocellular cancer in patients with chronic hepatitis C <i>Gaponova I.I., Mironov K.O., Omarova H.G., Makashova V.V.</i>	28
Improving molecular genetic monitoring of SARS-CoV-2 using the EpidSmart analytical platform <i>Gasarov G.A., Dubodelov D.V., Ugleva S.V., Akimkin V.G.</i>	29
Measles in 2023 — problems and solutions <i>Gasarov G.A., Ninalalov M.A., Tagirova Z.G., Ponezheva J.B.</i>	31

Sexually transmitted infections with extragenital localization among men <i>Gattsaeva N.D., Makhova T.I., Skachkova T.S., Goloveshkina E.N., Bolshenko N.V.</i>	32
Determining HBV genetic features associated with hepatitis B viral outcomes <i>Glushchenko A.G., Chanyshv M.D., Vlasenko N.V., Makashova V.V., Khafizov K.F.</i>	33
Detection of urinary tract infections and markers of antibiotic resistance 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>	34
Listeriosis meningoencephalitis in the post-COVID period (clinical case) <i>Denisova A.S., Ponezheva Zh.B., Tagirova Z.G., Muzyka A.D.</i>	35
Information platform for epidemiological monitoring in the HAIs surveillance system in coloproctological departments <i>Dzhanabaev R.R., Ugleva S.V., Akimkin V.G.</i>	37
The preventive potential of <i>Saccharomyces boulardii</i> CNCM I-745 in antibiotic-associated complications in children with lower respiratory tract infection <i>Dzotsoeva E.S., Gorelov A.V.</i>	38
Clinical feature of infection caused by <i>Blastocystis species</i> in children <i>Idrisova Z.M., Pogorelova O.O., Nikolaeva S.V.</i>	39
HIV drug resistance among treatment-experienced patients in the North Caucasus federal district <i>Kirichenko A.A., Kireev D.E., Syrkin A.V., Kochetkova P.S., Lebedev A.V., Bystritskaya E.P., Bobkova M.R.</i>	40
Biocenosis-saving therapy for invasive acute intestinal infections in children <i>Krikun V.S., Gorelov A.V.</i>	42
Blood monocyte profiles among people living with HIV and latent tuberculosis infection <i>Kulabukhova E.I., Hohlova O.N.</i>	43
The role of differentiation of individual types of human papillomavirus for the diagnosis of cervical severe intraepithelial neoplasia <i>Kuleshova O.B., Domonova E.A., Gerasimov A.N., Akimkin V.G.</i>	44
Approaches to the updated methodology for assessing the economic significance of diseases etiologically associated with the Epstein-Barr virus <i>Lavrukhina E.V., Solomay T.V., Voronin E.M., Semenenko T.A., Soboleva V.V., Melnichenko Yu.R., Privalenko A.A., Gerasimov A.N., Tutelyan A.V., Akimkin V.G.</i>	45
Epidemiological situation of tick-borne viral encephalitis and borreliosis in the Tver region <i>Magomedova A.S., Lazareva E.N., Shulakova N.I., Tretyakov A.A.</i>	46
The importance of immunological parameters in the process of regression of liver fibrosis in patients with chronic hepatitis C after antiviral therapy <i>Mannanova I.V., Ponezheva Zh.B., Makashova V.V.</i>	48
Periodontal inflammation in patients who underwent COVID-19 during the convalescence period <i>Marzhokhova A.R., Balagova L.E.</i>	49
The role of microbiocenosis in the pathogenesis of COVID-19 <i>Martynova N.S., Ponezheva J.B., Tagirova Z.G., Grishaeva A.A., Kulikova N.G., Bityumina L.A., Liiko G.A., Vdovina E.T.</i>	50

Antibiotic resistance of food isolates of <i>L. monocytogenes</i> isolated on the territory of the Russian Federation in 2018–2023 <i>Martyusheva I.B., Kulikova N.G., Bityumina L.A., Mikhailova Yu.V., Karpenko A.E., Shelenkov A.A., Manzenyuk I.N., Akimkin V.G.</i>	51
New approach to the 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>	53
Creation of a database of some infectious agents for infections related to medical care in 2018–2022 in Russia <i>Melnichenko Yu.R., Morozov G.V., Ambrosimova O.A., Gerasimov A.N., Voronin E.M., Tutelyan A.V., Sychyeva N.V., Privalenko A.A., Chekryzhov V.V., Akimkin V.G.</i>	54
Comparative analysis of <i>Staphylococcus aureus</i> MRSA isolates group of two genetic lines obtained from patients and food products <i>Molchanov A.D., Shelenkov A.A., Kulikova N.G., Mikhailova Yu.V.</i>	55
Cognitive impairment in young and middle-aged adult patients in post-COVID period <i>Muzyka A.D., Marzhokhova A.R., Shapieva N.T., Provotorova M.P., Omarova Kh.G.</i>	56
Monitoring the circulation of respiratory viruses in the territory of the Republic of Bashkortostan during the epidemic season of 2023–2024 <i>Mulyukova M.R., Kazak A.A., Shakirova E.S.</i>	57
Screening of viral pathogens through multiplex PCR coupled with NGS technologies <i>Nadtoka M.I., Peresadina A.V., Agletdinov M.R., Roev G.V., Bukharina A.Yu., Khafizov K.F., Akimkin V.G.</i>	59
Development of a reagent kit for detection of <i>Plasmodium</i> spp. by LAMP <i>Obukhova E.A., Petrov V.V.</i>	60
Prevalence of sexually-transmitted infections in the group of women with different HIV-status in Khanty-Mansiysk autonomous region <i>Perevezentseva M.A., Skachkova T.S., Domonova E.A., Romanyuk T.H., Popova A.A., Belotserkovtseva L.D., Maier Yu.I., Konareva I.G.</i>	61
Community-acquired pneumonia caused by <i>Mycoplasma pneumoniae</i> in children in 2022–2024 <i>Preobrazhenskaia D.V., Melekhina E.V., Sabinina T.S., Kremlevskaya S.P., Yatsyshina S.B., Barykin V.I.</i>	63
Etiology of community-acquired pneumonia in children from the pandemic to 2024 <i>Preobrazhenskaia D.V., Melekhina E.V., Sabinina T.S., Kremlevskaya S.P., Yatsyshina S.B., Barykin V.I.</i>	64
Prognosis of an unfavorable outcome of COVID-19 disease in HIV-infected patients at the stage of secondary diseases using artificial intelligence methods <i>Privalenko A.A., Tsigankova A.V., Gerasimov A.N., Voronin E.M.</i>	65
Awareness of HIV-infected women about papillomavirus infection in Eastern Europe and Central Asia <i>Prilepskaya D.R., Domonova E.A., Popova A.A.</i>	66
Bastroviruses in bats from Russia <i>Roev G.V., Borisova N.I., Chistyakova N.V., Vyhodtseva A.V., Akimkin V.G., Khafizov K.F.</i>	68
<i>Helicobacter pylori</i> -specific CD4 ⁺ -lymphocytes in infected individuals are predominantly represented in the CD4 ⁺ CCR6 ⁺ -subpopulation <i>Svetlova M.V., Voronina E.V., Talayev V.Yu., Zaichenko I.Ye., Babaykina O.N., Neumoina N.V., Perfilova K.M.</i>	69

Profiling the T-cell repertoire in a patient with chronic cytomegalovirus infection <i>Sikamov K.V., Urazaeva D.R., Gorbachev A.Yu.</i>	70
Prevalence of CCR5-Δ32 polymorphism among HIV-infected patients in Russia <i>Syrkina A.V., Dribnokhodova O.P., Mironov K.O., Kireev D.E.</i>	71
Prognose of epidemiological situation on hepatitis A and evaluation of necessary level of vaccination in the Russian Federation <i>Taratorkin F.F., Karlsen A.A., Lopatukhina M.A., Kyuregyan K.K., Mikhailov M.I.</i>	72
Significance of biomarkers determination in patients with cirrhosis in the outcome of chronic hepatitis C <i>Tereshkin N.A., Makashova V.V., Omarova Kh.G., Ponezheva Zh.B., Muzyka A.D.</i>	73
Determination of allele frequencies in polymorphic loci of OAS3, TLR3 and TLR4 genes in patients with tick-borne infections <i>Titkov A.V., Mironov K.O., Belokrylova J.P., Salamaikina S.A., Kolyasnikova N.M.</i>	75
Serological monitoring of population immunity to hemorrhagic fever with renal syndrome <i>Khusainova R.M., Savitskaya T.A., Trifonov V.A., Serova I.V., Agafonova E.V., Isaeva G.Sh.</i>	76
Contamination control ConCon <i>Chanyshv M.D., Glushchenko A.G., Grishaeva A.A., Khafizov K.F.</i>	77
Development of a web application for calculating a group of epidemiological indicators based on a database of infectious diseases and the gender and age composition of the population of the Russian Federation <i>Shaipov D.M., Voziyanova M.A., Gerasimov A.N., Voronin E.M.</i>	79
Designing software for calculating a group of epidemiological metrics based on pre-processed data of Russian Federation subjects <i>Shaipov D.M., Voziyanova M.A., Gerasimov A.N., Voronin E.M.</i>	80
Improving PCR efficiency by optimizing herbivore fecal sample preparation <i>Sharafutdinova R.R., Álvarez Figueroá M.V.</i>	81
The importance of dispensary observation in detecting dyslipidemia associated with an increased risk of cardiovascular events in patients with HIV infection <i>Shilov A.M., Pokrovskaya A.V.</i>	82

РАЗРАБОТКА ОПТИМАЛЬНОГО МЕТОДА СЕКВЕНИРОВАНИЯ ГЕНОМА АНЕЛЛОВИРУСА ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ КОРРЕЛЯЦИЙ МЕЖДУ СУБТИПАМИ У РАЗЛИЧНЫХ ПАЦИЕНТОВ

Агабалаев Д.Н.*, Роев Г.В., Хафизов К.Ф.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: анелловирус, NGS, секвенирование нового поколения, гепатит С, гепатит В, геномика, RCA, эпидемиология, генетические маркеры

DEVELOPMENT OF AN OPTIMAL METHOD FOR ANELLOVIRUSES GENOME SEQUENCING TO IDENTIFY THE CORRELATION BETWEEN SUBTYPES IN DIFFERENT PATIENTS

Agabalaev D.N.*, Roev G.V., Khafizov K.F.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: anellovirus, NGS, sequencing, hepatitis C, hepatitis B, genomics, RCA, epidemiology, genetic markers

*Адрес для корреспонденции: agabalaev@cmd.su

Актуальность. Исследования анелловируса проводятся с использованием секвенирования нового поколения. Существует ряд вызовов, связанных с точностью и эффективностью его секвенирования.

Цель — разработка высокоэффективного способа амплификации генома анелловируса в метагеномных образцах крови.

Материалы и методы. Пробами выступили образцы крови больных гепатитом С и В. Выделение шло набором «РИБО-преп». Для очистки с выборкой длины на магнитных частицах использовали «AMPure XP».

Для амплификации методом RCA использовали 3 различных набора праймеров: коротких праймеров из аналогичных исследований, коротких праймеров, разработанными нами, длинных праймеров, разработанных нами.

Пробы проходили индексирование с использованием «Rapid Barcoding Kit» и секвенировались на базе «Oxford Nanopore».

Полученные данные анализировали с помощью Blast, Kraken2, Minimap2, Samtools, Vcftools, Mega.

Результаты. В ходе работ были использованы четыре различных подхода:

- использование коротких праймеров, использовавшихся в статьях;
- использование самостоятельно разработанных коротких праймеров;
- использование очистки метагеномного материала с выборкой длины на магнитных частицах;
- использование собственных длинных праймеров для амплификации.

Первые три подхода дали неудовлетворительные результаты. С использованием разработанных длинных праймеров были получены данные о полном геноме анелловируса со значительно лучшей глубиной покрытия.

Закключение. Длинные праймеры позволяют получать крайне длинные продукты RCA. Анализ полученных полных геномов показал, что во всех образцах анелловирус принадлежит роду *Alphatorquevirus*, но разным линиям.

АВТОМАТИЗАЦИЯ И ОПТИМИЗАЦИЯ ВЫЧИСЛИТЕЛЬНЫХ ПРОЦЕССОВ В ЛАБОРАТОРИИ ГЕНОМНОГО ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО НАДЗОРА

Аглетдинов М.Р.^{1,2*}, Акимкин В.Г.¹, Хафизов К.Ф.¹

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

²Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет), Долгопрудный, Россия

Ключевые слова: *Nextflow, NGS, Python*

AUTOMATION AND OPTIMIZATION OF COMPUTATIONAL PROCESSES IN THE LABORATORY OF GENOMIC EPIDEMIOLOGICAL SURVEILLANCE

Agletdinov M.R.^{1,2*}, Akimkin V.G.¹, Khafizov K.F.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;

²Moscow Institute of Physics and Technology (National Research University), Dolgoprudny, Russia

Keywords: *Nextflow, NGS, Python*

***Адрес для корреспонденции:** agletdinov@cmd.su

Пандемия COVID-19 показала, что мировое сообщество не было в полной мере готово к угрозе такого масштаба. Поэтому для своевременного ответа на подобные вызовы необходим набор мер, в частности, внедрение элементов геномного эпиднадзора. Это в свою очередь ставит вопросы о новых способах организации обработки данных. Nextflow представляет собой перспективный инструмент для конвейерной обработки биологических данных, который может значительно ускорить и облегчить их анализ.

Целью данной работы является исследование эффективности Nextflow, а именно сравнение с традиционными подходами (bash, python конвейеры).

Материалы и методы. Исследован процесс сборки генома вируса ветряной оспы. Для тестирования скорости было выбрано 50 образцов.

Результаты. Использование Nextflow приводит к значительному ускорению процессов анализа данных. Сборка 50 участков генома вируса ветряной оспы заняла чуть более 1 мин, в то время как аналогичный процесс с использованием традиционных методов занял 23 мин. Увеличение скорости работы составило более 20 раз.

Nextflow представляет собой мощный инструмент для автоматизации обработки биологических данных. Его преимущества заключаются в умной обработке ошибок, выполнении процессов в независимых окружениях и возможности повторного использования модулей, что делает его незаменимым инструментом. Результаты данной работы подтверждают перспективность использования Nextflow в условиях борьбы с инфекционными заболеваниями и мониторинга их распространения.

ПРИМЕНЕНИЕ БЕЛКА CAS12 ДЛЯ РЕДАКТИРОВАНИЯ CCR5: НОВЫЕ ВОЗМОЖНОСТИ В БОРЬБЕ С ВИРУСОМ ИММУНОДЕФИЦИТА ЧЕЛОВЕКА

Акинин А.С.*, Тюменцев А.И., Тюменцева М.А., Акимкин В.Г.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: *CRISPR-Cas, Cas12, CCR5, ВИЧ-инфекция*

USING THE CAS-12 PROTEIN TO EDIT CCR5: NEW OPPORTUNITIES IN THE HIV COMBAT

Akinin A.S.*, Tiumentsev A.I., Tiumentseva M.A., Akimkin V.G.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *CRISPR-Cas, Cas 12, CCR5, HIV infection*

***Адрес для корреспонденции:** akinin@cmd.su

Система CRISPR-Cas играет ключевую роль в адаптивном иммунитете бактерий и архей. Белок Cas12 (Cpf1) — это эндонуклеаза, которая может быть использована для редактирования генома. Она способна распознавать и связывать специфические последовательности ДНК.

По данным ВОЗ, ВИЧ остается одной из основных проблем глобального общественного здравоохранения. По состоянию на конец 2022 г. в мире насчитывалось 33,1–45,7 млн человек, живущих с ВИЧ-инфекцией.

Для разработки новых методов борьбы с ВИЧ-инфекцией была разработана система редактирования генов, которая использует белок Cas12. В своей работе мы применяем Cas12 для редактирования гена CCR5, который кодирует белок,

играющий важную роль в проникновении ВИЧ в клетки иммунной системы. Мы показали, что использование Cas12 позволяет эффективно изменять этот ген. Нами разработаны новые направляющие РНК-системы Cas12 для редактирования гена CCR5. Готовые комплексы, содержащие 500 нг LbCpf1 и различные направляющие РНК в соотношении к белку 2,5 : 1,0, показали различную эффективность. Наиболее активными оказались направляющие РНК 46372944 и 46373050, которые способны гидролизовать более 95% модельной матрицы *in vitro*. Синтетические РНК-олигонуклеотиды, используемые в качестве направляющих РНК, продемонстрировали эффективность, сравнимую с направляющими РНК, полученными в реакции *in vitro* транскрипции. Применение синтетических РНК-олигонуклеотидов позволяет упростить и ускорить процесс подготовки готового комплекса CRISPR/Cas для терапевтических целей.

Таким образом, разработка новых методов редактирования генов открывает широкие перспективы для борьбы с инфекционными заболеваниями. Применение Cas12 для редактирования гена CCR5 представляет собой новый подход к борьбе с ВИЧ-инфекцией. Однако для достижения максимальной эффективности необходимы дальнейшие исследования и разработки.

Работа выполняется в рамках Программы создания и развития «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.

ИНВАЗИВНЫЙ АСПЕРГИЛЛЁЗ У БОЛЬНЫХ С ТЯЖЁЛЫМ ТЕЧЕНИЕМ 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, Пазова Ж.Ю.¹

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

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

Ключевые слова: COVID-19, инвазивный аспергиллёз, реанимационные больные, терапия

INVASIVE ASPERGILLOSIS IN PATIENTS WITH SEVERE COVID-19

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

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

²Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: COVID-19, invasive aspergillosis, intensive care patients, therapy

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

Пневмония COVID-19, осложнённая грибковой микрофлорой рода *Aspergillus*, увеличивает длительность лечения и ухудшает прогноз.

Цель: изучить факторы риска, особенности клинических симптомов.

Материалы и методы. Обследовано 40 больных инвазивным аспергиллезом (ИА) на фоне COVID-19, проходивших лечение в отделении реанимации и интенсивной терапии (ОРИТ), средний возраст 64 (35–85) года, мужчин 55%.

Результаты. ИА при COVID-19 в ОРИТ развивается на фоне сахарного диабета (35% случаев), вне ОРИТ (10% случаев). Факторы риска развития ИА в ОРИТ: длительная лимфоцитопения менее $1 \times 10^9/\text{л}$ (87,5%), терапия глюкокортикостероидами (68%), иммуносупрессивная терапия (40%). У 97,5% пациентов ИА на фоне COVID-19 протекает с воспалением лёгких. Клинические симптомы: лихорадка (95%), кашель (92,5%), дыхательная недостаточность (85%), острый респираторный дистресс-синдром (35%), кровохарканье (5%). На компьютерной томограмме лёгких: зоны консолидации (95%), гидроторакс (27,5%) и очаги деструкции (15%). Диагностировали ИА следующими методами: тест на галактоманнан в бронхоальвеолярном лаваже (80%) и посев (20%). Основной возбудитель — *Aspergillus fumigatus* (95%). Выживаемость исследуемых в ОРИТ в течение 12 нед составляла 55%.

Выводы. 1. ИА в ОРИТ развивается у больных с лимфоцитопенией, на фоне терапии глюкокортикостероидами и иммуносупрессивной терапии.

2. Основной клинический вариант ИА при COVID-19 в ОРИТ — поражение лёгких (97,5%).

3. Основной возбудитель ИА на фоне COVID-19 *A. fumigatus* (95%).

4. Выживаемость пациентов ОРИТ за 12 нед — 55%.

5. Достоверно выживаемость ухудшают тяжёлая дыхательная недостаточность ($p = 0,001$), острый респираторный дистресс-синдром ($p = 0,001$), искусственная вентиляция лёгких ($p = 0,01$) и деструкция лёгких на компьютерной томограмме ($p = 0,01$).

КЛИНИКО-ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ПНЕВМОНИИ У ГОСПИТАЛИЗИРОВАННЫХ ВЗРОСЛЫХ

Басанец А.В., Стурлис А.Л.*

Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова
(Сеченовский Университет), Москва, Россия

Ключевые слова: внебольничная пневмония, этиология

CLINICAL AND EPIDEMIOLOGICAL CHARACTERISTICS OF PATIENTS HOSPITALIZED WITH PNEUMONIA

Basanets A.V., Sturlis A.L.*

I.M. Sechenov First Moscow State Medical University (Sechenov University), Moscow, Russia

Keywords: *community-acquired pneumonia, etiology*

*Адрес для корреспонденции: ssturlis22@gmail.com

Актуальность. Ежегодно в России регистрируют 1,5 млн заболевших внебольничной пневмонией (ВП), наблюдается тенденция к росту заболеваемости.

Цель работы — описать клинико-эпидемиологические особенности госпитализированных с пневмонией.

Материалы и методы. В исследование включены 4068 взрослых пациентов (51,8% мужчин, медиана возраста — 62 года), госпитализированных в ИКБ № 2 г. Москвы с 04.01.2022 по 30.12.2023 с диагнозом ВП.

Результаты. Длительность госпитализации составила 7 (4–10) дней. Наиболее частые жалобы: кашель (67,8%), температура (67,2%), слабость (52%), одышка в покое (24,6%).

Большинство пациентов — в возрасте 56–75 лет (34,5%). Возраст старше 56 лет является фактором риска более тяжёлого течения ВП (ОШ = 2,59; 95% ДИ 2,18–3,07).

У 68% пациентов присутствуют хронические заболевания, сердечно-сосудистые заболевания составили 59,5%. Наличие сопутствующей патологии является фактором риска развития тяжёлого течения (ОШ = 1,25; 95% ДИ 0,69–2,27), а также фактором риска летального исхода (ОШ = 3,3; 95% ДИ 1,51–7,21).

Осложнения были выявлены в 82% случаев, среди них лидирует острая дыхательная недостаточность (71,5%).

Возбудитель был уточнён в 35% случаев всех ВП. Из них бактериальной было 78% (чаще встречались у лиц 56–75 лет), где частыми возбудителями были *Mycoplasma pneumoniae*, *Klebsiella pneumoniae* и *Streptococcus pneumoniae*; вирусной — 12% (чаще среди старшего возраста), где значимыми возбудителями были метапневмовирус, респираторно-синцитиальный вирус; другой

этиологии — 10%. Также встречались пациенты с микст-инфекцией (31%) с комбинацией вирусов и бактерий (*S. pneumoniae*, *Acinetobacter*).

Выводы. Более высокому риску тяжёлого течения заболевания и летального исхода, а также развития осложнений подвергаются лица старше 56 лет и лица с хроническими заболеваниями, среди которых самые значимые — заболевания сердечно-сосудистой системы.

РАЗРАБОТКА НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ ВИРУСА КОРИ МЕТОДОМ LAMP

Беликова А.В.*, Шустова М.И., Анисимова Д.А., Красовитов К.В., Петров В.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: корь, *Measles morbillivirus*, *Measles*, LAMP, петлевая изотермическая амплификация

DEVELOPMENT OF A REAGENT KIT FOR DETECTION OF MEASLES BY LAMP

Belikova A.V.*, Shustova M.I., Anisimova D.A., Krasovitev K.V., Petrov V.V.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *Measles morbillivirus*, *Measles*, LAMP

*Адрес для корреспонденции: belikova@cmd.su

Корь — это острое высококонтагиозное инфекционное заболевание, вызванное *Measles morbillivirus*, характеризуется лихорадкой, воспалением слизистых оболочек верхних дыхательных путей и глаз, пятнисто-папулёзной сыпью, общей интоксикацией. В 2023 г. в России было зарегистрировано порядка 12 тыс. случаев заболевания кори. Оперативное выявление данной инфекции поможет прервать цепочки передачи и предотвратит распространение.

Цель работы — разработка набора реагентов на основе петлевой изотермической амплификации (LAMP) для диагностики вируса кори в мазках из ротоглотки и моче.

Материалы и методы. В качестве мишени был выбран ген *P/V/C*. Разработку проводили с использованием вакцинного штамма Л16 и клинических образцов от пациентов с подтверждённым диагнозом «корь». Выделенную РНК количественно оценивали с использованием цифровой капельной ПЦР (droplet digital PCR). Обратная транскрипция РНК проводится с помощью фермента обратной транскриптазы, изотермическая амплификация участка

кДНК — при помощи специфичных к этому участку праймеров и полимеразы Bst. В составе реакционной смеси присутствует флуорофор, связывающийся с двухцепочечными продуктами амплификации, что позволяет регистрировать накопление специфического продукта путём измерения интенсивности флуоресцентного сигнала с помощью термостата с системой детекции в режиме «реального времени».

Результаты. Длительность амплификации составила 25 мин. В составе набора 2 реагента и 2 контроля. Предел обнаружения составляет 10^4 ГЭ(копий)/мл.

Заключение. Разработан и внедрён в производство набор реагентов на основе LAMP для выявления РНК вируса кори в течение 25 мин, набор реагентов готовится к государственной регистрации как медицинское изделие для диагностики *in vitro*.

ВЗАИМОСВЯЗЬ МОТИВАЦИИ И УСПЕШНОСТИ ОБУЧЕНИЯ ПРИ ОЧНО-ЗАОЧНОЙ ФОРМЕ ОБУЧЕНИЯ

Бердникова Т.В.*, Жарникова Т.В., Борздова И.Ю., Таран Т.В.

Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора, Ставрополь, Россия

Ключевые слова: обучение, очно-заочная форма обучения, мотивация, дистанционное обучение

THE RELATIONSHIP BETWEEN MOTIVATION AND SUCCESS OF TEACHING IN FULL-TIME AND PART-TIME EDUCATION

Berdnikova T.V.*, Zharnikova T.V., Borzdova I.Yu., Taran T.V.

Stavropol Research Anti-Plague Institute, Stavropol, Russia

Keywords: training, full-time and part-time education, motivation, distance learning

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

В эффективности дистанционного обучения важное место занимает учебная мотивация, стимулирующая учебную активность.

Цель исследования — анализ мотивации слушателей очно-заочного обучения на циклах повышения квалификации.

Материалы и методы. В исследовании приняли участие 134 слушателя. Использовались методика «Шкалы академической мотивации», разработанная Т.О. Гордеевой, средний балл и опросник К. Двек, разработанный Т.В. Корниловой.

Результаты. Описательная статистика и результаты сравнения:

- академическая успешность — средний балл $7,8 \pm 0,4$ (величина эффекта (d Коэна) 0,08);

- имплицитная теория «наращиваемого интеллекта» — $7,6 \pm 6,5$ (d Коэна 0,01);
- имплицитная теория «обогащаемой личности» — $2,6 \pm 6,8$ (d Коэна 0,08);
- принятие целей обучения — $5,3 \pm 5,8$ (d Коэна 0,11);
- самооценка обучения — $4,5 \pm 5,0$ (d Коэна 0,23)

Шкалы академической мотивации:

- внутренняя познавательная мотивация — $16,3 \pm 3,6$ (d Коэна 0,7);
- мотивация достижения — $18,6 \pm 3,9$ (d Коэна 0,67);
- мотивация саморазвития — $17,6 \pm 3,8$ (d Коэна 0,58);
- внешняя интроецированная мотивация — $11,9 \pm 3,8$ (d Коэна 0,45);
- экстернальная мотивация — $7,6 \pm 3,8$ (d Коэна 1,28);
- амотивация — $6,6 \pm 3,8$ (d Коэна 0,97).

Заключение. Применение электронных средств обучения влияет на мотивации достижения, академическую, познавательную. Повышение показателей мотивации саморазвития указывает на высокую внутреннюю мотивацию, где есть положительная корреляция самооценки с мотивацией (познавательной, достижения), среднего балла — с внутренней мотивацией и самоуважением, отрицательная — с экстернальной мотивацией и амотивацией. Результаты указывают на то, что мотивация обусловлена учебной деятельностью, обучающиеся выше оценивают свои академические успехи. Это связано с тем, что они прикладывают больше усилий в процессе обучения.

ПРИМЕНЕНИЕ ПРИНЦИПА ВОСХОДЯЩЕГО ВЕКТОРА В ОБРАЗОВАТЕЛЬНОМ ПРОЦЕССЕ ЭПИДЕМИОЛОГОВ

Бердникова Т.В.*, Жарникова Т.В., Борздова И.Ю., Таран Т.В.

Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора, Ставрополь, Россия

Ключевые слова: обучение эпидемиологов, образовательный процесс, принцип восходящего вектора, ситуационные задачи

APPLICATION OF THE ASCENDING VECTOR PRINCIPLE IN THE EDUCATIONAL PROCESS OF EPIDEMIOLOGISTS

Berdnikova T.V.*, Zharnikova T.V., Borzdova I.Yu., Taran T.

Stavropol Research Anti-Plague Institute, Stavropol, Russia

Keywords: training of epidemiologists, educational process, the principle of the ascending vector, situational tasks

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

Актуальность. В целях повышения профессионального образования в эпидемиологии контент направлен на обучение, реализуемое через блок дисципли-

плин с содержательными линиями и дидактическими единицами программы переподготовки.

Цель исследования — повышение уровня подготовки эпидемиологов в области эпидемиологического надзора с применением в обучении принципа восходящего вектора в усвоении материала дисциплины. Достижение цели возможно при определении задач:

- формирование стратегии процесса обучения в предметной области;
- определение тактики подачи материала модулей программы;
- формирование структуры, содержания, усвоения материала через восходящий вектор.

Материалы и методы. Результат принципа оценивался в педагогическом эксперименте с расширением ситуационных заданий и дальнейшим усложнением уровня понятий.

Результаты. По результатам заданий:

1) основы применения современных технологий анализа эпидемиологических данных с применением аналитической платформы (экспериментальная группа — $n = 12$, контрольная — $n = 12$) — выполнение 89,7 и 77,8%;

2) эпидемиологическая диагностика и прогнозирование: экспериментальная группа — 90,4%, контрольная — 68,7%;

3) санитарная охрана территории Российской Федерации: экспериментальная группа — 90,7%, контрольная — 74,0%;

4) количество обобщённых вопросов контрольной работы: экспериментальная группа — 3, контрольная — 3;

5) среднее значение процента усвоения учебного материала: экспериментальная группа — 90,2%, контрольная — 73,5%.

Заключение. По итогам заданий показаны эффективность обучения и формирование профессиональных компетенций, чем определено достижение цели исследования. Результаты могут быть использованы для повышения компетенций эпидемиологов при обучении по программам переподготовки.

МЕТОДИКА И РАСЧЕТ ЭКОНОМИЧЕСКОГО УЩЕРБ ОТ COVID-19 В 2020–2022 гг. В РОССИИ В СФЕРЕ ЗДРАВООХРАНЕНИЯ

Береговых Р.М.¹, Воронин Е.М.^{1*}, Мельниченко Ю.Р.¹, Приваленко А.А.¹, Герасимов А.Н.¹, Лаврухина Е.В.², Акимкин В.Г.¹

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

²Российский национальный исследовательский медицинский университет им. Н.И. Пирогова, Москва, Россия

Ключевые слова: COVID-19, экономический ущерб, Россия, здравоохранение

METHODOLOGY FOR CALCULATING ECONOMIC DAMAGE FROM COVID-19 IN THE HEALTHCARE SECTOR

Beregovich R.M.¹, Voronin E.M.^{1*}, Melnichenko Yu.R.¹, Privalenko A.A.¹, Gerasimov A.N.¹, Lavrukhina E.V.², Akimkin V.G.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;

²N.I. Pirogov Russian National Research Medical University, Moscow, Russia

Keywords: COVID-19, economic damage, Russia, healthcare

*Адрес для корреспонденции: emvoronin@yandex.ru

Актуальность. Пандемия COVID-19 причинила России значительный экономический ущерб (ЭУ). Разработка методики и расчет величины причиненного ЭУ от COVID-19 позволит оценить нанесённые потери в сфере здравоохранения.

Цель работы — разработать методику оценки и рассчитать приблизительный ЭУ 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 фондов обязательного медицинского страхования. Статистическая обработка выполнена с использованием пакета «MS Office». Программа для ЭВМ написана на языке Python.

Результаты. Разработана методика оценки величины ЭУ от COVID-19. Сформирована база данных и разработана программа для ЭВМ для расчёта ЭУ от COVID-19. 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 базы данных и программы для ЭВМ для расчёта перечисленных видов ЭУ.

Выводы. Разработанная методика позволила провести ретроспективную оценку ЭУ от COVID-19 за период пандемии 2020–2022 гг. и более полно осознать его масштаб.

АЛЛЕЛИ ГЕНОВ *HLA* В КАЧЕСТВЕ ПРЕДИКТОРА ИСХОДА ВАКЦИНАЦИИ ПРОТИВ ГЕПАТИТА В

Власенко Н.В.*, Чанышев М.Д., Гришаева А.А., Кузин С.Н., Хафизов К.Ф.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: *HLA, anti-HBs*

ALELLES OF *HLA*-GENES AS A PREDICTOR OF HEPATITIS B VACCINATION OUTCOME

Vlasenko N.V.*, Chanyshev M.D., Grishaeva A.A., Kuzin S.N., Khafizov K.F.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *HLA, anti-HBs*

*Адрес для корреспонденции: vlasenko@cmd.su

Иммунный ответ на введение иммунобиологических препаратов является неоднородным в популяции. Существенный вклад в вариативность исходов вакцинопрофилактики могут вносить иммуногенетические факторы вакцинируемых лиц.

Целью работы являлось определение возможной взаимосвязи между аллелями генов *HLA* класса I (*HLA-A, B, C*) и класса II (*HLA-DRB1, DPB1, DQB1*) и напряжённостью поствакцинального иммунитета против гепатита В.

Материалы и методы. В исследование был включен 271 взрослый условно здоровый участник. Участники исследования были разделены на 3 группы в зависимости от определённой концентрации поствакцинальных антител (анти-НВs). Все расчёты произведены относительно групп анти-НВs > 100 мМЕ/мл ($n = 82$), 10–100 мМЕ/мл ($n = 98$) и < 10 мМЕ/мл ($n = 91$). Для типирования аллелей генов *HLA* использовали разработанную нами NGS-панель. Статистический анализ проведен с использованием критерия Пирсона χ^2 с применением метода множественной поправки FDR при исходном заданном $p < 0,05$.

Результаты. В результате исследования определены 3 аллели (B*38:01:01, DQB1*06:03:01 и DRB1*13:01:01), достоверно чаще (FDR $p < 0,05$) определяемые в группе с протективным уровнем анти-НВs. Также в данной группе отмечалась повышенная частота встречаемости аллелей A*26:01:01, A*32:01:01, C*12:03:01, DPB1*04:01:01 и гаплотипов DQB1*06:03:01-DRB1*13:01:01 и B*38:01:01-C*12:03:01. В группе серонегативных пациентов (< 10 мМЕ/мл) чаще встречались аллели A*02:01:01, A*03:01:01, B*44:02:01, B*44:27:01, C*07:04:01, DPB1*04:01:01, DQB1*05:01:01, DRB1*01:01:01 и DRB1*16:01:01. Выявленные ассоциации статистически более значимы в группе лиц с концентрацией поствакцинальных анти-НВs более 100 мМЕ/мл, но не в отношении группы 10–100 мМЕ/мл.

Заключение. Определённые нами аллели HLA могут являться маркерами регуляции поствакцинального иммунного ответа.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ДНК ВИРУСОВ ГЕРПЕСА ЧЕЛОВЕКА В ЛИМФОИДНОЙ ТКАНИ ГЛОТОЧНОЙ МИНДАЛИНЫ У ДЕТЕЙ

Власов П.В.*, Сабина Т.С., Домонова Э.А., Сильвейстрова О.Ю., Мелехина Е.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: *вирусы герпеса человека, гипертрофия глоточной миндалины, дети*

DETERMINATION OF DNA HUMAN HERPES VIRUS IN THE LYMPHOID TISSUE OF THE PHARYNGEAL TONSILS IN CHILDREN

Vlasov P.V.*, Sabinina T.S., Domonova E.A., Silveistrova O.Yu., Melekhina E.V.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *human herpes viruses, hypertrophy of the pharyngeal tonsil, children*

*Адрес для корреспонденции: vlsvpetr@gmail.com

Цель: определить этиологическую структуру вирусов герпеса человека (ВГЧ), выделенных из ткани глоточной миндалины у детей.

Материалы и методы. Обследовано 40 детей в возрасте 1–14 лет ($M_e = 7$ лет), 30 мальчиков, 10 девочек. Пациенты разделены на две группы: основная группа (ОГ, $n = 27$, 18 мальчиков и 9 девочек) включала детей с гипертрофией глоточной миндалины (ГГМ), у которых исследовался образец ткани, полученный в ходе плановой аденоидэктомии по показаниям; группа сравнения (ГС, $n = 13$, 12 мальчиков и 1 девочка) — клинически здоровые дети, без признаков ГГМ, у которых брали мазки-отпечатки с поверхности глоточных миндалин. В полученных образцах выделяли ДНК ВГЧ методом ПЦР с использованием методик и наборов реагентов, разработанных в ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора.

Результаты. ДНК ВГЧ выделена у 37 (92,5%) пациентов. В ОГ у 27 (100%) детей обнаружена ДНК хотя бы одного ВГЧ, в ГС — у 10 (76,9%) детей, $p = 0,029$. ДНК вируса Эпштейна–Барр выделена у 28 (70%) пациентов, в ОГ — у 24 (88,9%), в ГС — у 4 (30,8%), $p < 0,001$. ДНК ВГЧ-6В обнаружена у 30/75% обследованных детей, в ОГ — у 26/96,3% пациентов, в ГС — у 4/30,8% пациентов, $p < 0,001$. ДНК ВГЧ-7 обнаружена у 30/75% детей, однако статистически значимых различий между ОГ (22/81,5%) и ГС (8/61,5%) не обнаружено. ДНК цитомегаловируса обнаружена у 9/22,5% детей, статистически значимых различий между ОГ (7/25,9%) и ГС (2/15,4%) не выявлено. ДНК ВПГ-1 и вирус Варицелла–Зостер

обнаружены только у детей из ОГ по 2/7,4% ребёнка для каждого вируса. ДНК ВГЧ-6А и ВГЧ-8 в исследованных образцах не обнаружены.

Вывод. ДНК ВЭБ и ВГЧ-6В обнаружены в ткани ГГМ достоверно чаще по сравнению с детьми без ГГМ.

МЕТОДИКА СТАНДАРТИЗАЦИИ ИНФЕКЦИОННОЙ ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ С УЧЁТОМ РАЗЛИЧИЙ В ПОЛОВОЗРАСТНОЙ СТРУКТУРЕ И ВЫЯВЛЯЕМОСТИ

Возиянова М.А.¹, Шаипов Д.М.¹, Герасимов А.Н.², Воронин Е.М.^{2*}

¹Московский инженерно-физический институт, Москва, Россия;

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

Ключевые слова: *инфекционные болезни, стандартизация, половозрастная структура, выявляемость*

THE METHODOLOGY OF STANDARDIZATION OF INFECTIOUS MORBIDITY, TAKING INTO ACCOUNT DIFFERENCES IN SEX AND AGE STRUCTURE AND DETECTABILITY

Voziyanova M.A.¹, Shaipov D.M.¹, Gerasimov A.N.², Voronin E.M.^{2*}

¹Moscow Engineering Physics Institute, Moscow, Russia;

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *infectious diseases, standardization, gender and age structure, detectability*

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

Актуальность. Инфекционная заболеваемость остается одной из основных проблем здравоохранения. С учётом больших различий в демографической структуре населения регионов России важно иметь методы анализа, которые можно использовать для корректного сравнения заболеваемости территорий.

Цель — корректный поиск территорий высокого риска с поправкой на различия в уровне выявляемости случаев заболеваний и распределении по полу и возрасту.

Материалы и методы. Данные официальной отчётности о заболеваемости, демографические данные. Для автоматизации анализа при работе с базой данных программное обеспечение написано на языке Python.

Результаты. Разработаны методики, позволяющие делать поправки на различия в половозрастной структуре и уровень выявляемости случаев заболевания и, как результат, проводить корректное сравнение заболеваемости на разных территориях с целью выявления факторов риска. Сформирована

база данных, включающая сведения о заболеваемости по ряду инфекционных болезней и демографические характеристики регионального уровня. Разработано программное обеспечение, автоматизирующее применение методики.

Заключение. Методика расчёта стандартизированной по демографической структуре населения заболеваемости применима для анализа заболеваемости любых заболеваний. Вторая методика, позволяющая сделать поправки на различия в выявляемости, основана на оценке контактного числа по возрастной структуре населения и применима для антропонозных инфекций с аэрогенным или фекально-оральным механизмом передачи с длительным постинфекционным иммунитетом.

СОЗРЕВАНИЕ ДЕНДРИТНЫХ КЛЕТОК ПРИ АКТИВАЦИИ ВИРУСОПОДОБНЫМИ ЧАСТИЦАМИ НА ОСНОВЕ БЕЛКОВ НОРОВИРУСА И КОРОНАВИРУСА

Воронина Е.В.*, Светлова М.В., Талаев В.Ю., Заиченко И.Е., Бабайкина О.Н., Новиков В.В., Новиков Д.В., Лапин В.А., Мелентьев Д.А.

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

Ключевые слова: *вирусоподобные частицы, вакцины, дендритные клетки, коронавирусы*

MATURATION OF DENDRITIC CELLS UPON ACTIVATION OF VIRUS-LIKE PARTICLES BASED ON NOROVIRUS AND CORONAVIRUS PROTEINS

Voronina E.V.*, Svetlova M.V., Talayev V.Yu., Zaichenko I.Ye., Babaykina O.N., Novikov V.V., Novikov D.V., Lapin V.A., Melentev D.A.

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

Keywords: *virus-like particles, vaccines, dendritic cells, coronaviruses*

***Адрес для корреспонденции:** el2v@mail.ru

Актуальность. Вакцинация против коронавируса SARS-CoV-2 внесла чрезвычайно важный вклад в борьбу с пандемией, однако побочные эффекты вакцин и риск быстрых эволюционных изменений вируса требуют разработки новых подходов. Актуальность приобретают вакцины на основе вирусоподобных частиц (VLP) вследствие их иммуногенности и безопасности.

Цель — изучение влияния VLP, содержащих домен RBD белка S коронавируса SARS-CoV-2, на созревание дендритных клеток (ДК) человека.

Материалы и методы. VLP были получены в лаборатории иммунохимии ННИИЭМ им. академика И.Н. Блохиной с помощью слияния RBD с белком норовируса VP1 без Р-домена. ДК получали традиционным методом из моноцитов и инкубировали их с VLP. На 2-е сутки культивирования ДК с VLP клетки собирали для оценки экспрессии функционально значимых молекул при помощи цитофлуориметрического анализа. Надосадки использовали для оценки продукции цитокинов методом иммуноферментного анализа.

Результаты. Инкубация ДК с VLP способствовала увеличению экспрессии маркера зрелых ДК — молекулы CD83 и костимулирующей молекулы CD86, увеличению показателей геометрической средней интенсивности флюоресценции молекул HLA-DR, CD80 и CD86, возростала секреция цитокинов интерлейкина-6, интерлейкина-10 и фактора некроза опухоли- α .

Заключение. Показано, что RBD-содержащие VLP стимулировали созревание ДК, что проявлялось в увеличении экспрессии функционально значимых молекул на клетках и усилении продукции цитокинов. Полученные данные свидетельствуют об иммуногенности VLP и возможности создания вакцин на их основе.

ВЫЯВЛЕНИЕ ПОЛИМОРФИЗМОВ, АССОЦИИРОВАННЫХ С РИСКОМ 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*

IDENTIFICATION OF POLYMORPHISMS ASSOCIATED WITH THE RISK OF DEVELOPMENT OF LIVER CIRRHOSIS AND HEPATOCELLULAR CANCER 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 серьёзной проблемой для здравоохранения во всём мире, т.к. может вызывать развитие цирроза печени (ЦП) и гепатоцеллюлярной карциномы (ГЦК). Согласно данным литературы, некоторые однонуклеотидные полиморфизмы (ОНП) могут быть ассоциированы с особенностями течения ХГС и риском развития осложнений.

Целью исследования являлось определение аллелей ОНП в генах *TRM5* (rs886277), *AP3S2* (rs2290351), *DEGS1* (rs4290029) и *AQP2* (rs2878771), ассоциированных с риском развития ЦП и ГЦК у больных ХГС.

Материалы и методы. В исследование включено 138 больных, 67 образцов взяты от больных ХГС, 35 — от больных ХГС-ЦП, 36 — от больных ХГС-ЦП и ГЦК. Определение аллелей проводили с помощью полимеразной цепной реакции.

Результаты. Частоты редких аллелей для группы больных ХГС, ХГС-ЦП и ХГС-ЦП и ГЦК составили: rs2290351-A — 21%, rs886277-C — 39%, rs2878771-C — 19% и rs4290029-C — 14%; rs2290351-A — 26%, rs886277-C — 39%, rs2878771-C — 26% и rs4290029-C — 11%; rs2290351-A — 32%, rs886277-C — 51%, rs2878771-C — 17% и rs4290029-C — 8% соответственно. Частота редкого в европейской популяции аллеля rs4290029-C, представленного в базе данных Ensembl, составляющая 19%, отличалась от частоты редкого аллеля rs4290029-C для всех трех групп. В группе ХГС-ЦП и ГЦК наблюдается значимое отличие частоты аллеля rs4290029-C от частот в группах ХГС и ХГС-ЦП. В группе ХГС-ЦП и ГЦК частота аллеля rs886277-C отличается от частоты аллеля, представленного в базе Ensembl для европейской популяции, составившей 36%. Для статистического подтверждения полученных результатов запланировано увеличение выборки, а также сопоставление полученных данных с клиническими параметрами (пол, биохимические и вирусологические показатели).

СОВЕРШЕНСТВОВАНИЕ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО МОНИТОРИНГА ЗА SARS-COV-2 С ПРИМЕНЕНИЕМ АНАЛИТИЧЕСКОЙ ПЛАТФОРМЫ EPIDSMART

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, молекулярно-генетический мониторинг

IMPROVING MOLECULAR GENETIC MONITORING OF SARS-COV-2 USING THE EPIDSMART ANALYTICAL PLATFORM

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, molecular genetic monitoring

*Адрес для корреспонденции: gasanov@cmd.su

Актуальность. В настоящий момент на платформе VGARus представлена информация о более 318 тыс. геномных последовательностях SARS-CoV-2. Для про-

ведения оперативного эпидемиологического анализа такого объёма требуется автоматизация процесса, что позволяет разработанная платформа EpidSmart.

Цель — совершенствование молекулярно-генетического мониторинга за SARS-CoV-2 с применением разработанной аналитической платформы EpidSmart.

Материалы и методы. Изучены возможности, предоставляемые разработанной аналитической платформой для проведения оперативного молекулярно-генетического мониторинга за SARS-CoV-2.

Результаты. Внедрение в разработанную аналитическую платформу базы данных платформы VGARus позволило организовать оперативный молекулярно-генетического мониторинга изолятов SARS-CoV-2. Информация из аналитической платформы VGARus загружается автоматически. Разработанная аналитическая платформа привносит элемент интерактивности при проведении эпидемиологического анализа, отвечая на изменение интересующих исследователя параметров, реализованных с помощью фильтров. Реализована возможность фильтровать данные по отдельным субъектам РФ, по необходимым временным рамкам, группировать данные по дате забора материала или дате готовности результата или вести поиск интересующего штамма на территории и во временном промежутке. Платформа предоставляет возможность визуализации данных в виде графиков, диаграмм, таблиц и дашбордов, что позволяет легче интерпретировать результаты и делать выводы на основе визуального представления информации.

Заключение. Внедрение в аналитическую платформу данных молекулярно-генетического мониторинга позволяет оперативно и с минимальными затратами времени осуществлять оценку распространённости новых и уже известных геновариантов на исследуемой территории.

КОРЬ В 2023 ГОДУ — ПРОБЛЕМЫ И РЕШЕНИЯ

Гасанов Г.А.^{1*}, Ниналалов М.А.², Тагирова З.Г.¹, Понежева Ж.Б.¹

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

²Республиканский центр инфекционных болезней, профилактики и борьбы со СПИДом им. С.М. Магомедова, Махачкала, Россия

Ключевые слова: корь, осложнения, тяжесть течения, вакцинация, ревакцинация

MEASLES IN 2023 — PROBLEMS AND SOLUTIONS

Gasanov G.A.^{1*}, Ninalalov M.A.², Tagirova Z.G.¹, Ponezheva J.B.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;

²Republican Center for Infectious Diseases, Prevention and Control of AIDS named after S.M. Magomedov, Makhachkala, Russia

Keywords: measles, complications, severity of course, vaccination, revaccination

*Адрес для корреспонденции: gasanov@cmd.su

Актуальность. Корь опасна для здоровья и жизни людей любого возраста, но больше всего рискуют заболеть дети от 1 года до 5 лет из-за особенностей работы ещё несформировавшегося иммунитета.

Цель — изучить эпидемиологические и клинические особенности кори в Республике Дагестан в 2023 г.

Материалы и методы. Проанализировано 164 случая кори в Республике Дагестан за период с мая по октябрь 2023 г., среди переболевших детей было 123, взрослых 41.

Результаты и обсуждение. Корь подтверждена выявлением РНК вируса методом ПЦР в материале мазка из носоглоточной слизи.

Большинство переболевших детей — 121 (98,4%) — не были вакцинированы. Среди взрослых пациентов все получили вакцинацию и ревакцинацию в 6 лет, но не получили повторную вакцинацию/ревакцинацию. Из 164 пациентов контакт с больными корью не был установлен у 6 (3,66%) пациентов, у остальных 96,34% эпидемиологический анамнез был отягощён дома, на производстве или в иных условиях. Неосложнённое течение кори имело место у 135 (82,3%) пациентов. Осложнения кори в виде пневмонии наблюдались у 18 (10,98%) пациентов, 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. Корь в большинстве случаев протекала в среднетяжёлой форме у 154 (93,9%) пациентов, у 9 (5,5%) пациентов — непривитых детей — отмечалось тяжёлое течение кори и лишь у 1 (0,61%) пациентки 27 лет имело место лёгкое течение.

Заключение. Вспышка кори в Республике Дагестан обусловлена низким охватом вакцинацией и недостаточной ревакцинацией взрослого населения.

Для снижения заболеваемости корью необходимо усилить противоэпидеми-ческие мероприятия и улучшить диагностику.

ЧАСТОТА ВЫЯВЛЕНИЯ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНФЕКЦИЙ, ПЕРЕДАВАЕМЫХ ПОЛОВЫМ ПУТЁМ, У МУЖЧИН В ЭКСТРАГЕНИТАЛЬНЫХ ЛОКУСАХ

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: инфекции, передаваемые половым путём, мужчины, полимеразная цепная реакция

SEXUALLY TRANSMITTED INFECTIONS WITH EXTRAGENITAL LOCALIZATION AMONG MEN

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

Актуальность. Возбудители инфекций, передаваемых половым путём (ИППП), могут выявляться не только в области гениталий, но и в экстрагенитальных локусах, особенно у лиц с рискованным сексуальным поведением. В этом случае отягощающим фактором является часто бессимптомное течение заболевания.

Цель работы — оценить частоту выявления возбудителей ИППП у мужчин в экстрагенитальных локусах.

Материалы и методы. В исследование был включен 81 пациент, обратившийся в 2023 г. в Центральную медицинскую клинику CMD ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора. Средний возраст пациентов составил $34,0 \pm 8,5$ года. Забор биологического материала проводил врач-дерматовенеролог в 5 локусах: отделяемое слизистой оболочки ротоглотки, уретры, прямой кишки, конъюнктивы, эрозии. Экстракцию и амплификацию ДНК проводили с помощью набора реагентов производства ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора.

Результаты. 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 экстрагени-

тальных локусах. Всего ДНК возбудителей ИППП были выявлены: в 14 (17,3%) образцах уретры, в 44 (54,3%) прямой кишки, в 22 (27,2%) ротоглотки, в 8 (9,9%) конъюнктивы, в 8 (9,9%) эрозии.

Выводы. Полученные результаты свидетельствуют о большом количестве выявленных случаев ИППП у мужчин в экстрагенитальных локусах. Целесообразно проводить лабораторное обследование у мужчин как в генитальных, так и в экстрагенитальных локусах.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ОСОБЕННОСТЕЙ HBV, СВЯЗАННЫХ С ИСХОДАМИ ВИРУСНОГО ГЕПАТИТА В

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

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

²Московский физико-технический институт, Москва, Россия

Ключевые слова: вирусный гепатит В, мутации, цирроз, гепатоцеллюлярная карцинома, NGS

DETERMINING HBV GENETIC FEATURES ASSOCIATED WITH HEPATITIS B VIRAL OUTCOMES

Glushchenko A.G.^{1,2*}, Chanyshev M.D.¹, Vlasenko N.V.¹, Makashova V.V.¹, Khafizov K.F.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;

²Moscow Institute of Physics and Technology (National Research University), Dolgoprudny, Russia

Keywords: HBV, mutations, cirrhosis, HCC, NGS

*Адрес для корреспонденции: albinaglushchenko@gmail.com

Актуальность. Вирусный гепатит В представляет серьёзную проблему для здравоохранения как в России, так и во всём мире. Заболевание может приводить к таким исходам, как цирроз печени (ЦП) и гепатоцеллюлярная карцинома (ГЦК).

Цель — определение мутаций вируса гепатита В (ВГВ), потенциально связанных с развитием ЦП и ГЦК.

Материалы и методы. В рамках клинического исследования на базе ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора (ЛЭК № 133 от 02.03.2023) были отобраны 109 образцов крови, полученных от пациентов г. Москвы с диагнозом ВГВ. У 15 пациентов диагностирован ЦП, у 5 — ГЦК. С помощью разработанной нами панели HBV-seq получены нуклеотидные последовательности ВГВ. Для оценки ассоциации мутаций и исходов использовался точный тест Фишера ($p < 0,05$).

Результаты. Нами были определены мутации, потенциально связанные с исходами ВГВ. Среди пациентов с ГЦК чаще встречались мутации 150T>G

(L-HBsAg L173R), 289T>G (P-белок Y400D), 472T>A (P-белок L461M), 773A>C (P-белок Q561P/S, L-HBsAg S381R), 918T>A (P-белок D609E), 2513A>G (референс X02763). Была обнаружена потенциальная связь мутаций 111C>A (L-HBsAg P160H) и 1023C>A с риском появления ЦП. Также в области гена X замена V21L значительно чаще определяется в геноме вируса у пациентов с ЦП и ГЦК.

Заключение. Полученные данные открывают перспективы для продолжения исследования и увеличения выборки пациентов. Кроме того, при наличии сформированной базы данных мутаций становится возможным с определённой вероятностью предоставить прогноз течения заболевания для конкретного пациента, а также рекомендации для терапии.

ВЫЯВЛЕНИЕ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНФЕКЦИЙ МОЧЕВЫВОДЯЩИХ ПУТЕЙ И МАРКЕРОВ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ 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, антибиотикорезистентность, полимеразная цепная реакция

DETECTION OF URINARY TRACT INFECTIONS AND MARKERS OF ANTIBIOTIC RESISTANCE 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, antibiotic resistance, PCR

***Адрес для корреспонденции:** gorshkova@cmd.su

Актуальность. Инфекция мочевыводящих путей (ИМП) — воспалительный процесс уротелия в отделах мочевого тракта, возникающий при появлении патогенных микроорганизмов в мочевыводящих путях.

Цель — изучить частоту выявления возбудителей ИМП и маркеров антибиотикорезистентности у детей в 2021–2023 гг.

Материалы и методы. Проведён анализ образцов мочи 2458 детей (0–18 лет), находящихся в урологическом отделении. Для выявления возбу-

дителей ИМП и маркеров антибиотикорезистентности использованы наборы производства ЦНИИ эпидемиологии Роспотребнадзора.

Результаты. Чаще всего выявлялась ДНК *Escherichia coli* — 75,7%, *Klebsiella pneumoniae* — 48,3%, *Enterococcus* spp. — 46,7%. Реже встречалась ДНК *Staphylococcus* spp. — 22,6%, *Streptococcus* spp. — 21,3%, *Pseudomonas aeruginosa* — 6,8%, *Proteus* spp. — 4,9%, *Streptococcus agalactiae* — 3,3%.

Обнаружены генетические маркеры антибиотикорезистентности в образцах мочи: СТХ-М — 36,6% (274/614), ОХА-48 — 1,7% (15/614), КРС — 0,1% (1/614), VIM — 1,6% (14/614), NDM — 1,3% (11/614), vanA — 5,7% (3/151), vanB — 0,4% (1/151), mecA — 71,5% (62/93), MCR-1 — 1% (8/545).

Выводы. В 2021 г. ДНК *S. agalactiae* выявлялась статистически значимо чаще по сравнению с 2022 и 2023 гг. ($p < 0,0001$). В 2022 г. статистически значимо чаще выявлялась ДНК *E. coli* и *Staphylococcus* spp. по сравнению с 2021 и 2023 гг. ($p < 0,0001$).

Среди генетических маркеров антибиотикорезистентности ДНК генов группы СТХ-М выявлялась статистически значимо чаще в 2023 и 2022 гг. по сравнению с 2021 г. ($p = 0,004$). ДНК генов группы NDM выявлялась статистически значимо чаще в 2023 г. по сравнению с 2022 г. ($p = 0,003$).

ЛИСТЕРИОЗНЫЙ МЕНИНГОЭНЦЕФАЛИТ В ПОСТКОВИДНОМ ПЕРИОДЕ (КЛИНИЧЕСКИЙ СЛУЧАЙ)

Денисова А.С.*, Понежева Ж.Б., Тагирова З.Г., Музыка А.Д.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: иммуносупрессивная терапия, листериоз, менингоэнцефалит, спинномозговая жидкость, COVID-19

LISTERIOSIS MENINGOENCEPHALITIS IN THE POST-COVID PERIOD (CLINICAL CASE)

Denisova A.S.*, Ponezheva Zh.B., Tagirova Z.G., Muzyka A.D.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: immunosuppressive therapy, listeriosis, meningoenzephalitis, cerebrospinal fluid, COVID-19

*Адрес для корреспонденции: anuta.den2014@yandex.ru

Актуальность. В настоящее время всё чаще встречаются случаи листериозной инфекции, которые привлекают внимание клиницистов в связи с ростом заболеваемости, тяжёлым течением, высокой летальностью при генерализованных формах, трудностями диагностики и эффективностью лечения.

Цель — анализ течения и исхода листериозного менингоэнцефалита (ЛМЭ) у пациентки в постковидном периоде.

Материалы и методы. Проведён ретроспективный анализ данных пациентки с ЛМЭ, которая наблюдалась в ГБУЗ ИКБ № 2 ДЗМ. Известно, что в течение месяца она перенесла тяжёлое течение COVID-19, при поступлении исследована спинномозговая жидкость (СМЖ) методом полимеразной цепной реакции (ПЦР), обнаружена ДНК *Listeriosis monocytogenes*.

Результаты. Пациентка Т., 54 года, госпитализирована 10.11.2021 в многопрофильный стационар г. Москвы по поводу COVID-19, осложнённого двусторонней полисегментарной пневмонией тяжёлой формы. 28.11.2021 выписана в удовлетворительном состоянии. В январе 2022 г. стала отмечать частую головную боль в затылочной области, тошноту, периодически рвоту, повышение температуры тела до 37,7°C, госпитализирована в неврологическое отделение. При исследовании СМЖ с помощью ПЦР получена культура *Listeria monocytogenes*, в связи с чем переведена в ИКБ № 2, где находилась с диагнозом: ЛМЭ острой формы, тяжёлой степени тяжести. При динамическом исследовании СМЖ выявлено повышение цитоза, белка, а в крови повышение С-реактивного белка, фибриногена. Проведена терапия с положительным эффектом (при ПЦР СМЖ листерии не обнаружены). Выписана в удовлетворительном состоянии.

Заключение. Отсутствие настороженности в отношении листериоза у больных молодого и среднего возраста, перенёвших воздействие SARS-CoV-2, имеющих неврологическую симптоматику, приводит к поздней диагностике нейролистериоза и способствует длительному течению болезни и реабилитации.

ИНФОРМАЦИОННАЯ ПЛАТФОРМА ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО МОНИТОРИНГА В СИСТЕМЕ ЭПИДНАДЗОРА ЗА ИНФЕКЦИЯМИ, СВЯЗАННЫМИ С ОКАЗАНИЕМ МЕДИЦИНСКОЙ ПОМОЩИ, В ОТДЕЛЕНИЯХ КОЛОПРОКТОЛОГИЧЕСКОГО ПРОФИЛЯ

Джанабаев Р.Р.^{1*}, Углева С.В.², Акимкин В.Г.²

¹Городская клиническая больница № 24 Департамента здравоохранения города Москвы, Москва, Россия;

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

Ключевые слова: *электронный мониторинг, факторы риска, инфекции, связанные с оказанием медицинской помощи, отделения колопроктологического профиля*

INFORMATION PLATFORM FOR EPIDEMIOLOGICAL MONITORING IN THE HAIS SURVEILLANCE SYSTEM IN COLOPROCTOLOGICAL DEPARTMENTS

Dzhanabaev R.R.^{1*}, Ugleva S.V.², Akimkin V.G.²

¹City Clinical Hospital No. 24 of the Moscow Health Department, Moscow, Russia;

²Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *electronic monitoring, risk factors, health care-associated infections, coloproctological departments*

*Адрес для корреспонденции: dzhanabaevrr@zdrav.mos.ru

Актуальность. Ежегодно авторы отмечают, что во всём мире риск возникновения инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи (ИСМП), среди пациентов отделений колопроктологического профиля увеличивается после нескольких операций на органах брюшной полости и независимо от доступа (минимально инвазивный или открытый) или хирургической дисциплины. Вместе с тем при тенденции к ранней выписке данных пациентов часть ИСМП возникает на амбулаторном этапе, что затрудняет их регистрацию и своевременное выявление. Это способствует недоучёту новых случаев ИСМП, отсутствию данных об обуславливающих их факторах риска возникновения ИСМП и, соответственно, низкой эффективности лечения пациентов отделений колопроктологического профиля.

Цель — оценка эффективности эпидемиологического мониторинга на основе информационной системы (платформы) в отделениях колопроктологического профиля.

Материалы и методы. Опубликованные результаты исследований по изучаемой теме с 2019 по 2024 г.

Результаты. Обзор публикаций авторов подтверждают, что на уровне зарубежных отделений колопроктологического профиля уже применяются

цифровые технологии (ЦТ). В результате внедрения ЦТ в отделениях колопроктологического профиля у врачей появилась возможность своевременно проводить противоэпидемические и профилактические мероприятия, повысить достоверность эпидемиологического надзора за ИСМП.

Заключение. Электронный мониторинг факторов риска ИСМП необходим для облегчения работы медицинского персонала, повышения точности принятия клинических решений. Таким образом, врачи в свою практику смогут внедрить научно обоснованные меры профилактики и обеспечить эпидемиологическую безопасность медицинской помощи, рационально использовать финансовые ресурсы медицинской организации.

ПРОФИЛАКТИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ *SACCHAROMYCES BOULARDII* CNCM I-745 ПРИ АНТИБИОТИК-АССОЦИИРОВАННЫХ ОСЛОЖНЕНИЯХ У ДЕТЕЙ С ИНФЕКЦИЕЙ НИЖНИХ ДЫХАТЕЛЬНЫХ ПУТЕЙ

Дзотцоева Э.С.*, Горелов А.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: антибиотики, дети, микробиота

THE PREVENTIVE POTENTIAL OF *SACCHAROMYCES BOULARDII* CNCM I-745 IN ANTIBIOTIC-ASSOCIATED COMPLICATIONS IN CHILDREN WITH LOWER RESPIRATORY TRACT INFECTION

Dzotsoeva E.S.*, Gorelov A.V.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: antibiotics, children, microbiota

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

Актуальность. Инфекции нижних дыхательных путей (ИНДП) остаются серьёзной проблемой в структуре острых респираторных инфекций. Помимо риска тяжёлого течения и летального исхода, важно отметить антибиотик-ассоциированные нарушения микробиоты различных локусов.

Цель — оценить влияние *Saccharomyces boulardii* CNCM I-745 на развитие антибиотик-ассоциированных осложнений и нарушений микробиоценоза (желудочно-кишечного тракта, наружных половых органов (у девочек), ротовой полости) на фоне антибактериальной терапии (АБТ) у детей с ИНДП.

Материалы и методы. Обследовано 99 детей (1 до 14 лет), разделённых на группы: основную (ОГ), которая получала пробиотик вместе с АБТ, сравнения

(ГС) — только АБТ, контрольную — условно здоровые. В рамках исследования у детей брали образцы кала, мазки из ротоглотки и мазки вульвы у девочек для анализа микробиома методом секвенирования гена 16S рРНК.

Результаты. Наиболее частыми жалобами на фоне АБТ были снижение аппетита, вздутие живота, отсутствие стула, жидкий стул, у девочек — гиперемия вульвы, выделения из влагалища. После АБТ жалобы на жидкий стул сохранялись в 2 раза чаще в ГС в 38,1% случаев, а в ОГ — 15,8% случаев ($p = 0,026$). Стоматит диагностирован реже у детей, получавших пробиотик, — 7,9% против 38,1% ($p = 0,002$) детей ГС. У 46,1% девочек, получавших АБТ, развивался вульвовагинит, однако его частота в ОГ была достоверно ниже — 16,7%, в ГС — 71,4% ($p = 0,001$). На фоне *S. boulardii* CNCM I-745 не отмечено усугубления дисбиотических изменений.

Заключение. Применение *S. boulardii* CNCM I-745, у детей, получавших АБТ, препятствовало развитию и ускоряло регресс антибиотик-ассоциированных осложнений. Включение *S. boulardii* CNCM I-745 способствовало сохранению количества микроорганизмов фекальной и генитальной микробиоты.

КЛИНИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ИНФЕКЦИИ, ВЫЗВАННОЙ *BLASTOCYSTIS SPECIES*, У ДЕТЕЙ

Идрисова З.М., Погорелова О.О.*, Николаева С.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: инфекция, *Blastocystis species*, дети

CLINICAL FEATURE OF INFECTION CAUSED BY *BLASTOCYSTIS SPECIES* IN CHILDREN

Idrisova Z.M., Pogorelova O.O.*, Nikolaeva S.V.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: infection, *Blastocystis species*, children

*Адрес для корреспонденции: vickdok@rambler.ru

Диагностика и лечение бластоцистоза являются актуальной проблемой педиатрической практики.

Цель исследования — изучение особенностей течения инфекции, вызванной *Blastocystis spp.*, у детей.

Материалы и методы. Под наблюдением находились 12 детей (7 мальчиков и 5 девочек) в возрасте от 1 года до 7 лет, обратившихся за амбулаторной помощью в период с января 2023 г. по март 2024 г., у которых при копрологическом исследовании или методом ПЦР выявлена инфекция, вызванная *Blastocystis*

spp. Использовали стандартные методы лабораторного и инструментального обследования, в том числе ПЦР-скрининг на вирусные и бактериальные возбудители острых кишечных инфекций. Контрольное исследование кала на яйца гельминтов и простейшие проводили на базе клиничко-диагностической лаборатории Института медицинской паразитологии им. Марциновского (3 пробы кала в одном образце, в контейнере с консервантом Турдыева).

Результаты. При сборе эпидемиологического анамнеза установлено, что 5 (41,7%) детей посещали тропические страны (Тайланд, Египет, Сейшелы). При изучении клинической картины симптомы интоксикации установлены у 3 (25%) детей, диарейный синдром — у 9 (75%), перианальный дерматит — у 1. У 91% детей имела место лёгкая форма (гастроэнтерит/энтерит), средне-тяжёлая (дизентериеподобный гастроэнтероколит) — у 1. У 2 (16,7%) детей *Blastocystis* spp. выявлена при плановом исследовании кала на яйца гельминтов и простейшие.

Выводы. Инфекция, вызванная *Blastocystis* spp., у детей раннего возраста наиболее часто протекает в лёгкой форме, по типу гастроэнтерита, энтерита или энтероколита. Ранняя диагностика методом ПЦР позволяет назначить своевременную этиотропную терапию.

ЛЕКАРСТВЕННАЯ УСТОЙЧИВОСТЬ ВИРУСА ИММУНОДЕФИЦИТА ЧЕЛОВЕКА СРЕДИ ПАЦИЕНТОВ С ОПЫТОМ ТЕРАПИИ В СЕВЕРО-КАВКАЗСКОМ ФЕДЕРАЛЬНОМ ОКРУГЕ

Кириченко А.А.^{1*}, Киреев Д.Е.¹, Сыркина А.В.¹, Кочеткова П.С.¹, Лебедев А.В.², Быстрицкая Е.П.², Бобкова М.Р.²

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

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

Ключевые слова: ВИЧ, лекарственная устойчивость

HIV DRUG RESISTANCE AMONG TREATMENT-EXPERIENCED PATIENTS IN THE NORTH CAUCASUS FEDERAL DISTRICT

Kirichenko A.A.^{1*}, Kireev D.E.¹, Syrkina A.V.¹, Kochetkova P.S.¹, Lebedev A.V.², Bystritskaya E.P.², Bobkova M.R.²

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;

²I.I. Mechnikov Research Institute of Vaccines and Sera, Moscow, Russia

Keywords: HIV, drug resistance

*Адрес для корреспонденции: kirichenko@cmd.su

Актуальность. Лекарственная устойчивость (ЛУ) ВИЧ является основной причиной вирусологической неэффективности антиретровирусной терапии (АРТ). Единственным округом в России, для которого нет данных о ЛУ ВИЧ, является Северо-Кавказский федеральный округ (СКФО).

Цель исследования заключалась в изучении ЛУ ВИЧ среди пациентов с опытом АРТ, проживающих на территории СКФО.

Материалы и методы. В исследование включены 175 ВИЧ-инфицированных пациентов с опытом АРТ, проживающих в СКФО. Экстракцию ДНК ВИЧ из крови и секвенирование осуществляли с помощью набора реагентов «АмплиСенс HIV-Resist-Seq». Определение ЛУ ВИЧ проводили с использованием базы данных Стэнфордского университета.

Результаты. ЛУ ВИЧ была обнаружена у 31,4% пациентов к одному из препаратов классов: ненуклеозидные ингибиторы обратной транскриптазы (ННИОТ) (26,9%), нуклеозидные ингибиторы обратной транскриптазы (НИОТ) (16,0%) и ингибиторы протеазы (ИП) (1,1%).

Среди ННИОТ ЛУ ВИЧ была обнаружена чаще всего к NVP (21,1%), EFV (19,4%), что обусловлено наличием мутации *K103N*, а также к RPV (18,9%), что связано с мутациями *E138A/K*.

Среди класса ИП ЛУ ВИЧ была выявлена только к NFV (1,1%) и ATV (0,6%).

Среди НИОТ ЛУ ВИЧ чаще всего была установлена к ABC (14,9%), FTC (14,3%) и 3ТС (14,3%), что ассоциировано с мутациями *M184I/V*, которые также повышают восприимчивость вируса к TDF, ZDV и снижают репликацию вируса.

Заключение. Для повышения эффективности АРТ в СКФО необходимо минимизировать применение NVP, EFV и RPV.

Исследование выполнено за счет гранта Центрального научно-исследовательского института эпидемиологии Роспотребнадзора (НИОКТР 124013000775-4).

БИОЦЕНОЗСБЕРЕГАЮЩАЯ ТЕРАПИЯ ПРИ ИНВАЗИВНЫХ ОСТРЫХ КИШЕЧНЫХ ИНФЕКЦИЯХ

Крикун В.С.*, Горелов А.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: острые кишечные инфекции, микробиота

BIOCENOSIS-SAVING THERAPY FOR INVASIVE ACUTE INTESTINAL INFECTIONS IN CHILDREN

Krikun V.S.*, Gorelov A.V.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: acute intestinal infections, microbiota

*Адрес для корреспонденции: vikulchik2393@mail.ru

Актуальность. Большая часть детей в терапии острых кишечных инфекций (ОКИ) необоснованно получают антибактериальные препараты, состояние микробиоты у таких детей вызывает повышенный интерес. Мало работ, посвящённых оценке состояния микробиоценоза при ОКИ посредством генетических анализов.

Цель — совершенствование этиотропной терапии инвазивных ОКИ у детей на основе изучения изменений в микробиоценозе кишечника.

Материалы и методы. На 1-м этапе проведено рандомизированное исследование 674 выписных эпикризов детей с инвазивными ОКИ с целью учёта спектра применения антибактериальных препаратов различных групп. На 2-м этапе с использованием 16S рРНК-секвенирования обследовано 84 больных инвазивными ОКИ детей. Выделены группы: основная группа ($n = 48$) — получавшие нифуроксазид, группа сравнения ($n = 36$) — получавшая цефалоспорины III поколения. Оценка состава микробиоты кишечника проведена с использованием 16S рРНК-секвенирования. На 3-м этапе обследовано 24 ребёнка с *Clostridium difficile*-ассоциированной диареей. Выделены группы: основная группа ($n = 12$) — получавшие цефалоспорин III поколения с *Saccharomyces boulardii*, группа сравнения ($n = 12$) — получавшие цефалоспорин III поколения без *S. boulardii*.

Результаты. Структура лекарственных препаратов представлена нифуроксазидом (36%), цефалоспорины III поколения (21%), а 33% детей получали пробиотик. На фоне терапии нифуроксазидом возрастало и восстанавливалось разнообразие видов микроорганизмов (альфа-разнообразие) к моменту завершения курса антибиотикотерапии, в отличие от цефалоспоринов III поколения. Прием *S. boulardii* положительно сказался на функциональном состоянии кишечника, а также на сроках нормализации стула.

Заключение. Целесообразно широкое использование 16S рРНК-секвенирования в клинической практике. Препаратом выбора с учётом биоценозсберегающих эффектов является нифуроксазид, а с целью профилактики антибиотик-ассоциированной диареи — пробиотик *S. boulardii*.

ПОКАЗАТЕЛИ МОНОЦИТАРНОГО ЗВЕНА ИММУНИТЕТА У БОЛЬНЫХ ВИЧ С ЛАТЕНТНОЙ ТУБЕРКУЛЁЗНОЙ ИНФЕКЦИЕЙ

Кулабухова Е.И.^{1,2*}, Хохлова О.Н.¹

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

²Российский университет дружбы народов имени Патриса Лумумбы, Москва, Россия

Ключевые слова: ВИЧ-инфекция, латентная туберкулёзная инфекция, моноциты

BLOOD MONOCYTE PROFILES AMONG PEOPLE LIVING WITH HIV AND LATENT TUBERCULOSIS INFECTION

Kulabukhova E.I.^{1,2*}, Hohlova O.N.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;

²Peoples' Friendship University of Russia named after Patrice Lumumba, Moscow, Russia

Keywords: HIV-infection, latent tuberculosis infection, monocytes

*Адрес для корреспонденции: ekulabukhova@mail.ru

Актуальность. Показатели заболеваемости и смертности от туберкулёза у больных ВИЧ-инфекцией остаются высокими. На данный момент одной из актуальных научных задач является исследование биологических маркеров, позволяющих дифференцировать результаты положительных иммунологических тестов (латентную туберкулёзную инфекцию (ЛТИ), активный туберкулёз (ТБ), ТБ в анамнезе).

Цель — изучить показатели моноцитарного звена иммунитета у больных ВИЧ-инфекцией с ЛТИ и перенесённым ТБ.

Материалы и методы. Группа больных ВИЧ с ЛТИ (группа 1) составила 65 человек, группа больных ВИЧ и перенесённым ТБ в анамнезе (группа 2) — 11 человек (сняты с учёта по ТБ 8 лет назад и более). Пациенты не имели острых инфекций или обострения хронических заболеваний на момент исследования. Все пациенты получали антиретровирусные препараты и имели неопределяемую вирусную нагрузку РНК ВИЧ. Определение популяций классических, воспалительных и неклассических моноцитов (CD14⁺CD16⁻, CD14⁺CD16⁺, CD14_{low}CD16⁺) проводили методом проточной цитометрии.

Результаты. Количество классических моноцитов в группах 1 и 2 распределилось следующим образом: в пределах нормы — у 28 и 45%, выше

нормы — у 72 и 55% соответственно. Количество воспалительных моноцитов было в пределах нормы у 84 и 72%, выше нормы — у 14 и 28%, меньше нормы — у 2 и 0% пациентов групп 1 и 2 соответственно. Количество неклассических моноцитов в группах 1 и 2 в пределах нормы было лишь у 2 и 0%, ниже нормы — у 97 и 100%.

Заключение. Доля больных с повышенным количеством воспалительных моноцитов была в 2 раза выше среди пациентов с перенесённым ТБ, отмечалась тенденция к снижению числа классических моноцитов в этой группе по сравнению с больными группы с ЛТИ.

РОЛЬ ОПРЕДЕЛЕНИЯ РАЗЛИЧНЫХ ТИПОВ ВИРУСА ПАПИЛЛОМЫ ЧЕЛОВЕКА В ДИАГНОСТИКЕ ЦЕРВИКАЛЬНОЙ ИНТРАЭПИТЕЛИАЛЬНОЙ НЕОПЛАЗИИ ТЯЖЁЛОЙ СТЕПЕНИ

Кулешова О.Б.*, Домонова Э.А., Герасимов А.Н., Акимкин В.Г.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: ВПЧ, генотипирование, рак шейки матки

THE ROLE OF DIFFERENTIATION OF INDIVIDUAL TYPES OF HUMAN PAPILLOMAVIRUS FOR THE DIAGNOSIS OF CERVICAL SEVERE INTRAEPITHELIAL NEOPLASIA

Kuleshova O.B.*, Domonova E.A., Gerasimov A.N., Akimkin V.G.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: HPV, genotyping, cervical cancer

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

Актуальность. Эффективность выявления вируса папилломы человека (ВПЧ) доказана мировой практикой борьбы с раком шейки матки (РШМ), однако роль отдельных типов ВПЧ, кроме 16 и 18, в развитии предрака и РШМ обсуждается.

Цель — оценка предсказательной ценности выявления 14 типов ВПЧ для диагностики предрака шейки матки.

Материалы и методы. Использованы данные обследования 653 женщин (М = 33,55 года, Ме = 32,0 года, IQR: 26–38 лет), инфицированных ВПЧ 14 типов (16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 68), с отсутствием и наличием интраэпителиальной неоплазии шейки матки тяжёлой степени (HSIL). Оценивалась предсказательная ценность положительного результата (PPV) выявления каждого из 14 типов ВПЧ для диагностики HSIL. Иерархическое ранжирование

типов ВПЧ сформировано путём последовательного выбора максимального PPV среди вновь рассчитанных при исключении случаев, содержащих типы, расположенные выше в иерархии.

Результаты. При использовании ВПЧ-теста, определяющего не менее 12 типов вируса, диагностическая чувствительность лабораторного компонента составила 99,5%. HSIL чаще ассоциирована с вирусами филогенетической группы $\alpha 9$, чем $\alpha 7$ и $\alpha 5/\alpha 6$. Предсказательная ценность положительного результата для выявления HSIL уменьшается в зависимости от определяемого типа в следующем порядке (тип/PPV%): 16 (6,89%) > 33 (6,40) > 58 (4,89) > 35 (4,29) > 45 (3,71) > 31 (3,04) > 18 (2,85) > 52 (2,50) > 39 (2,24) > 59 (2,11) > 58 (1,87) > 56 (1,71) > 68 (1,56) > 66 (1,48).

Заключение. Расширенное генотипирование при помощи ВПЧ-теста дает более полное представление о риске наличия HSIL, что обуславливает дальнейшую тактику ведения пациентов.

ПОДХОДЫ К ОБНОВЛЁННОЙ МЕТОДИКЕ ОЦЕНКИ ЭКОНОМИЧЕСКОЙ ЗНАЧИМОСТИ ЗАБОЛЕВАНИЙ, ЭТИОЛОГИЧЕСКИ СВЯЗАННЫХ С ВИРУСОМ ЭПШТЕЙНА–БАРР

Лаврухина Е.В.¹, Соломай Т.В.², Воронин Е.М.^{2*}, Семенов Т.А.², Соболева В.В.¹, Мельниченко Ю.Р.², Приваленко А.А.², Герасимов А.Н.², Тутельян А.В.², Акимкин В.Г.²

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

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

Ключевые слова: вирус Эпштейна–Барр, экономическая значимость, методика, здравоохранение

APPROACHES TO THE UPDATED METHODOLOGY FOR ASSESSING THE ECONOMIC SIGNIFICANCE OF DISEASES ETIOLOGICALLY ASSOCIATED WITH THE EPSTEIN–BARR VIRUS

Lavrukina E.V.¹, Solomay T.V.², Voronin E.M.^{2*}, Semenenko T.A.², Soboleva V.V.¹, Melnichenko Yu.R.², Privalenko A.A.², Gerasimov A.N.², Tutelyan A.V.², Akimkin V.G.²

¹N.I. Pirogov Russian National Research Medical University, Moscow, Russia;

²Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: Epstein–Barr virus, economic significance, methodology, healthcare

*Адрес для корреспонденции: emvoronin@yandex.ru

Актуальность. Широкая распространённость вируса Эпштейна–Барр (ВЭБ), высокая инфицированность населения (~ 90%), отсутствие яркой спе-

цифической симптоматики при заболевании, этиологическая связь со значительным количеством инфекционных и соматических заболеваний, большой экономический ущерб от инфекционного мононуклеоза ставят вопрос о необходимости всесторонней оценки экономического ущерба (ЭУ) от заболеваний, вызываемых ВЭБ.

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, этиологически связанных с ВЭБ.

Результаты. Разработана обновлённая методика оценки величины ЭУ от ВЭБ и впервые в России рассчитана величина ЭУ от ВЭБ как причины ряда инфекционных и соматических заболеваний. Создана и зарегистрирована в Роспатенте база данных для расчёта ЭУ от ВЭБ. Внесено предложение о целесообразности замены позиции «ЭУ от ИМ» на «ЭУ от заболеваний, вызываемых ВЭБ».

Выводы. Полученная оценка ЭУ от ВЭБ позволяет ставить вопрос о необходимости поиска способов специфического контроля распространения ВЭБ, включая возможность разработки отечественной эффективной и безопасной вакцины против ВЭБ.

ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКАЯ СИТУАЦИЯ ПО ПРИРОДНО-ОЧАГОВЫМ ЗАБОЛЕВАНИЯМ В ТВЕРСКОЙ ОБЛАСТИ

Магомедова А.С.^{1,2*}, Лазарева Е.Н.¹, Шулакова Н.И.¹, Третьяков А.А.²

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

²Центральная медико-санитарная часть № 141, Удомля, Россия

Ключевые слова: клещевой вирусный энцефалит, иксодовый клещевой боррелиоз, эпидемиологическая ситуация

EPIDEMIOLOGICAL SITUATION OF TICK-BORNE VIRAL ENCEPHALITIS AND BORRELIOSIS IN THE TVER REGION

Magomedova A.S.^{1,2*}, Lazareva E.N.¹, Shulakova N.I.¹, Tretyakov A.A.²

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;

²Central Medical and Sanitary unit No. 141, Udomlya, Russia

Keywords: tick-borne viral encephalitis, ixodic tick-borne borreliosis, epidemiological situation

*Адрес для корреспонденции: aminka.magomedova.00@inbox.ru

Актуальность. По данным Роспотребнадзора, наиболее распространёнными природно-очаговыми трансмиссивными инфекционными заболеваниями (ПОТИЗ) в России являются иксодовые клещевые боррелиозы (ИКБ) и клещевой вирусный энцефалит (КВЭ).

Цель — проанализировать эпидемиологическую ситуацию по заболеваемости ИКБ и КВЭ на территории Тверской области за последние 10 лет.

Материалы и методы. Проведён ретроспективный анализ заболеваемости ИКБ и КВЭ по данным Роспотребнадзора РФ по Тверской области и данных организационно-методического кабинета г. Удомля.

Результаты. В результате проведённого анализа установлено, что в Тверской области уровни заболеваемости ПОТИЗ колебались от 1,5–7,7 на 100 тыс. населения. Ежегодное количество пострадавших от укусов клещей варьирует от 3036 до 10 418 человек, и только у 1% регистрировали клинические симптомы. Пиковые показатели заболеваемости КВЭ отмечали в 2012, 2014, 2017 гг., они находились в пределах 0,7–0,8 на 100 тыс. населения. При этом низкий уровень выпадал на 2020–2021 гг. Подъём частоты регистрации случаев ИКБ наблюдали в 2012, 2017 и 2023 гг. с показателем на уровне 5,5–6,9 на 100 тыс. населения, при этом в период пандемии показатель заболеваемости боррелиозом, по сравнению с КВЭ, не снижался.

Заключение. Данные анализа заболеваемости свидетельствуют о том, что проблема заболеваемости ИКБ и КВЭ остаётся актуальной, требует пристального внимания и проведения углублённого эпидемиологического мониторинга за этими инфекциями.

ЗНАЧЕНИЕ ИММУНОЛОГИЧЕСКИХ ПОКАЗАТЕЛЕЙ В ПРОЦЕССЕ РЕГРЕССА ФИБРОЗА ПЕЧЕНИ У БОЛЬНЫХ ХРОНИЧЕСКИМ ГЕПАТИТОМ С ПОСЛЕ ПРОТИВОВИРУСНОЙ ТЕРАПИИ

Маннанова И.В.*, Понежева Ж.Б., Макашова В.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: *фиброз печени, противовирусная терапия*

THE IMPORTANCE OF IMMUNOLOGICAL PARAMETERS IN THE PROCESS OF REGRESSION OF LIVER FIBROSIS IN PATIENTS WITH CHRONIC HEPATITIS C AFTER ANTIVIRAL THERAPY

Mannanova I.V.*, Ponezheva Zh.B., Makashova V.V.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *liver fibrosis, antiviral therapy*

***Адрес для корреспонденции:** irirnasemenova07@rambler.ru

Актуальность. Хронический гепатит С (ХГС) остаётся актуальной проблемой здравоохранения в России и мире.

Цель — выявить иммунологические показатели у больных ХГС с фиброзом печени (ФП) после противовирусной терапии (ПВТ).

Материалы и методы. В работе участвовали 40 человек: 23 (68%) мужчины и 17 (32%) женщин, средний возраст $48,3 \pm 2,3$ года. Контрольная группа — 30 условно здоровых лиц. По стадии ФП пациенты были разделены на группы: F0–1 — 18 (46%) человек, F2 — 11 (28%), F3–4 — 11 (26). На фоне препаратов прямого противовирусного действия у всех 40 пациентов с 4 нед отмечалась биохимическая ремиссия, и в 100% случаев через 1 год достигался устойчивый вирусологический ответ. Через 6 мес проводилась повторная фиброэластометрия: у 28 (70%) больных был отмечен регресс ФП, у 12 (30%) стадия ФП оставалась без изменения. Проведён сравнительный анализ иммунологических параметров до и после ПВТ.

Результаты. Через 6 мес после ПВТ была выявлена нормализация уровней Т-лимфоцитов, Т-хелперов, цитотоксических Т-лимфоцитов, повышение уровня активированных NKT-клеток ($p = 0,031$), Т-лимфоцитов, несущих рецепторы к α/β -интерферонам (CD118⁺), иммунорегуляторного индекса ($p = 0,026$); снижение активированных цитотоксических CD38⁺ и CD56⁺ по сравнению с группой контроля. У пациентов с F3–4 наблюдалось увеличение общего количества В-лимфоцитов и активированных Т-лимфоцитов с фенотипом HLA-DR⁺, снижение уровня NKT-клеток и нарастание числа

CD4⁺CD119⁺-лимфоцитов ($p < 0,01$). У пациентов с регрессом стадии ФП выявлено достоверное нарастание уровня Т-хелперов, экспрессирующих рецепторы к γ -интерферону (CD4⁺CD119⁺ и CD45⁺CD4⁺CD119⁺) и снижение уровней CD19⁺ и CD56⁺.

Заключение. У пациентов с ХГС после достижения устойчивого вирусологического ответа выявлены иммунологические закономерности, которые могут быть использованы как прогностические критерии прогрессирования фиброза печени.

ВОСПАЛЕНИЕ ПАРОДОНТА У ПАЦИЕНТОВ, ПЕРЕНЕСШИХ COVID-19, В ПЕРИОДЕ РЕКОНВАЛЕСЦЕНЦИИ

Маржохова А.Р.^{1*}, Балагова Л.Э.²

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

²Кабардино-Балкарский государственный университет имени Х.М. Бербекова, Нальчик, Россия

Ключевые слова: пародонтоз, коронавирусная инфекция, стадия реконвалесценции, локальный иммунитет

PERIODONTAL INFLAMMATION IN PATIENTS WHO UNDERWENT COVID-19 DURING THE CONVALESCENCE PERIOD

Marzhokhova A.R.^{1*}, Balagova L.E.²

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;

²Kabardino-Balkarian State University named after H.M. Berbekov, Nalchik, Russia

Keywords: periodontal disease, coronavirus infection, convalescence stage, local immunity

*Адрес для корреспонденции: asya_marzhoh@mail.ru

Актуальность. По данным некоторых авторов, нередко у пациентов, перенёвших COVID-19, развивается пародонтит. Актуальным является определение клинических и патогенетических особенностей пародонтита у пациентов в постковидном периоде.

Целью исследования явилось изучение особенностей цитокинового и свободно-радикального статуса у пациентов с пародонтитом, перенёвших COVID-19.

Материалы и методы. Обследовались пациенты врачей-пародонтологов стоматологической клиники. Всего обследовано 60 пациентов с пародонтитом средней тяжести. Все больные были разделены на две группы: имевшие в анамнезе COVID-19 и не имевшие. В контрольную группу входило 30 практически здоровых лиц.

У пациентов определяли содержание нитрат-нитритов, интерлейкина (ИЛ) -1 β , -6, -10, -17A в содержимом пародонтальных карманов, которое собиралось в области наиболее выраженного воспаления врачом-стоматологом.

Результаты. Выявлено достоверное повышение провоспалительных цитокинов (ИЛ-1 β , ИЛ-6, ИЛ-17A) в среднем в обеих группах обследованных относительно нормальных показателей, независимо от наличия ранее перенесённого COVID-19 в анамнезе. ИЛ-10 в среднем был достоверно ниже показателя у здоровых в обеих группах. Уровень ИЛ-6 и нитрат-нитритов в 1-й группе оказался в среднем достоверно выше, чем у 2-й группы больных.

Заключение. Обнаружены повышенные значения нитрат-нитритов и ИЛ-6 при пародонтите после перенесённой COVID-19 относительно группы сравнения, что, очевидно, может явиться причиной развития более значимого местного воспаления и могут привести к ряду отдалённых последствий и осложнений.

РОЛЬ МИКРОБИОЦЕНОЗА В ПАТОГЕНЕЗЕ COVID-19

Мартынова Н.С.^{1*}, Куликова Н.Г.¹, Битюмина Л.А.¹, Гришаева А.А.¹, Вдовина Е.Т.²

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

²Инфекционная клиническая больница № 2, Москва, Россия

Ключевые слова: COVID-19, патогенез, клиническая картина, кишечная микробиота, микробиоценоз

THE ROLE OF MICROBIOCENOSIS IN THE PATHOGENESIS OF COVID-19

Martynova N.S.^{1*}, Kulikova N.G.¹, Bityumina L.A.¹, Grishaeva A.A.¹, Vdovina E.T.²

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;

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

Keywords: COVID-19, pathogenesis, clinical picture, gut microbiota, microbiocenosis

*Адрес для корреспонденции: ninabistrova1210@mail.ru

Актуальность. Пандемия COVID-19 остаётся одной из наиболее серьёзных угроз здоровью населения по всему миру.

Цель исследования: исследовать взаимосвязь кишечной микробиоты с клинической картиной и лабораторными показателями у пациентов COVID-19 средней степени тяжести.

Материалы и методы. Под наблюдением 2023 г. в стационаре находились 64 пациента с COVID-19 средней степени тяжести: 27 (42%) женщин и 37 (58%)

мужчин, медиана возраста составила 59 [18; 75] лет, с основными жалобами на лихорадку, кашель, слабость, боль и першение в горле, ринит. На амбулаторном этапе антибактериальную терапию принимали 15,6% пациентов, в стационаре антибиотики были назначены 59,3% госпитализированным. Всем пациентам проведены общепринятые исследования согласно Временным методическим рекомендациям 17-й версии, а также проанализирован состав микробиоты кишечника методом полимеразной цепной реакции.

Результаты. В остром периоде заболевания дисбиотические нарушения толстого кишечника регистрировались у 95,4% пациентов, отмечалось снижение бактериального разнообразия кишечника, среднее значение индекса Шеннона составило $0,54 \pm 0,36$. Выявлена умеренная корреляционная связь астении и индекса разнообразия Шеннона ($r = 0,43$), ринита и *Bifidobacterium* spp. ($r = 0,43$), лактатдегидрогеназы и индекса разнообразия Шеннона ($r = 0,49$), D-димера и *Candida* spp. ($r = 0,52$).

Заключение. Результаты исследования указывают на потенциальную роль микробиоценоза в патогенезе COVID-19.

АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ ПИЩЕВЫХ ИЗОЛЯТОВ *L. MONOCYTOGENES*, ВЫДЕЛЕННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ В 2018–2023 гг.

Мартюшева И.Б.*, Куликова Н.Г., Битюмина Л.А., Михайлова Ю.В., Карпенко А.Е., Шеленков А.А., Манзенюк И.Н., Акимкин В.Г.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: пищевые патогены, устойчивость к противомикробным препаратам, детерминанты резистентности, NGS

ANTIBIOTIC RESISTANCE OF FOOD ISOLATES OF *L. MONOCYTOGENES* ISOLATED ON THE TERRITORY OF THE RUSSIAN FEDERATION IN 2018–2023

Martyusheva I.B.*, Kulikova N.G., Bityumina L.A., Mikhailova Yu.V., Karpenko A.E., Shelentov A.A., Manzenyuk I.N., Akimkin V.G.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: foodborne pathogens, antimicrobial resistance, resistance determinants, NGS

*Адрес для корреспонденции: martiusheva@cmd.su

Актуальность. Антибиотикорезистентность бактерий является актуальной проблемой для общественного здравоохранения большинства стран мира.

Цель — анализ профиля резистентности к антибиотикам бактерий *Listeria monocytogenes*, изолированных из пищевой продукции на территории России.

Материалы и методы. Всего за 2018–2023 гг. было изучено 2136 изолятов *L. monocytogenes* пищевого происхождения. Фенотипические профили резистентности культур к антибиотикам изучали методом минимальной подавляющей концентрации. Генотипический профиль резистентности определяли методом NGS на приборе «Illumina HiSeq1500».

Результаты. Фенотипическая резистентность к антибиотикам была подтверждена у $14,4 \pm 0,01\%$ пациентов. К тетрациклинам сохранялась 100% чувствительность. Доля резистентных *L. monocytogenes* к ко-тримаксозолу — $28,8 \pm 0,2\%$. Доля резистентных *L. monocytogenes* в отношении макролидов, карбапенемов и пенициллинов не превышала $8,0 \pm 0,07$, $3,3 \pm 0,03$ и $2,2 \pm 0,01\%$ соответственно. Множественной лекарственной устойчивостью (МЛУ) обладали $1,9 \pm 0,01\%$ *L. monocytogenes*.

Анализ резистентности МЛУ культур методом NGS показал, что ген *tet(M)*, отвечающий за устойчивость к тетрациклину, встречался у $11,6 \pm 0,7\%$ изолятов; гены устойчивости к макролидам *lsa(A)* и *msr(C)* — у $9,3 \pm 0,57\%$. Маркер ожидаемого фенотипа резистентности *L. monocytogenes* к фосфомицину был выявлен в $87,8 \pm 0,7\%$ изученных культур.

Заключение. Комплексность методов исследования фенотипических и генетических профилей устойчивости к противомикробным препаратам способствует всестороннему мониторингу за антибиотикорезистентными бактериями рода *Listeria* пищевого происхождения.

НОВЫЙ ПОДХОД К ОЦЕНКЕ 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

NEW APPROACH TO THE 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) (возбудитель — *Neisseria meningitidis*), характеризуется тяжёлым течением, возможной инвалидизацией, высоким числом осложнений и летальных исходов. В настоящее время экономическая значимость ГФМИ оценивается не в полной мере.

Цель — разработать новую методику для оценки экономического ущерба (ЭУ) от ГФМИ и провести предварительные расчеты ЭУ от ГФМИ в России за 2022 г.

Материалы и методы. База данных о заболеваемости и исходах ГФМИ Референс-центра по мониторингу за бактериальными менингитами в России за 2022 г. ЦНИИ эпидемиологии, демографические и экономические официальные данные, нормативные документы федерального и ведомственного уровня. Для статистической обработки данных использовали пакет «MS Excel», программное обеспечение для ЭВМ написано на языке Python.

Результаты. Разработана обновленная методика для оценки величины ЭУ, причиняемого ГФМИ, состоящего из суммы прямых медицинских расходов и непрямых потерь экономики, включая потерянные вследствие преждевременной смерти годы жизни. Сформирована база данных, разработано программное обеспечение для расчёта ЭУ от ГФМИ. Полученная предварительная величина суммарного ЭУ от ГФМИ многократно превышает ранее опубликованные официальные данные. Рассчитанный суммарный УЭ не противоречит ряду зарубежных публикаций в пересчете на 1 млн населения, эти значения имеют одинаковый порядок. База данных и программное обеспечение зарегистрированы в Роспатенте.

Выводы. Созданные база данных и программное обеспечение могут быть использованы для дальнейших расчетов ЭУ от ГФМИ по новой методике за любой год, для которого данные о заболеваемости внесены в базу данных.

СОЗДАНИЕ БАЗЫ ДАННЫХ НЕКОТОРЫХ ИНФЕКЦИОННЫХ АГЕНТОВ ДЛЯ ИНФЕКЦИЙ, СВЯЗАННЫХ С ОКАЗАНИЕМ МЕДИЦИНСКОЙ ПОМОЩИ, В 2018–2022 гг. В РОССИИ

Мельниченко Ю.Р., Морозов Г.В., Амбросимова О.А., Герасимов А.Н., Воронин Е.М.*, Тутельян А.В., Сычева Н.В., Приваленко А.А., Чекрызов В.В., Акимкин В.Г.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: *инфекции, связанные с оказанием медицинской помощи, стафилококк, золотистый стафилококк, эпидермальный стафилококк, клебсиелла, энтерококк, протей, кишечная палочка, грибковая инфекция, грибы*

CREATION OF A DATABASE OF SOME INFECTIOUS AGENTS FOR INFECTIONS RELATED TO MEDICAL CARE IN 2018–2022 IN RUSSIA

Melnichenko Yu.R., Morozov G.V., Ambrosimova O.A., Gerasimov A.N., Voronin E.M.*, Tutelyan A.V., Sycheva N.V., Privalenko A.A., Chekryzhov V.V., Akimkin V.G.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *infections related to medical care, staphylococcus, Staphylococcus aureus, Staphylococcus epidermidis, Klebsiella, Enterococcus, Proteus, Escherichia coli, fungal infection, fungus*

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

Актуальность. Оказание медицинской помощи тесно связано с риском возникновения инфекционных осложнений различной этиологии. На сегодняшний день ведущими формами инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи (ИСМП), являются инфекции нижних дыхательных путей (ИНДП), инфекции в области хирургического вмешательства (ИОХВ), инфекции мочевыводящих путей (ИМВП). Выявление различий и закономерностей по формам ИСМП, а также сезонным и географическим показателям поможет расширить возможности для корректировки тактики проводимых противоэпидемических мероприятий.

Цель — создать базу данных для регистрации, хранения, систематизации и дальнейшей оценки ведущих форм ИСМП.

Материалы и методы. Формы статистического учёта заболеваемости ИСМП за 2018–2022 гг. Программирование на языке Python.

Результаты. Реализованная база данных содержит сведения о заболеваемости ведущими группами ИСМП в 36 субъектах РФ и может быть использована для

выявления ведущих этиологических агентов ИНДП, ИОХВ, ИМВП, проведения эпидемиологического анализа этиологии с возможностью выявления различий и закономерностей по формам ИСМП, по регионам и во времени, корректировки тактики проводимых противоэпидемических мероприятий. База данных реализована с использованием языка SQL и зарегистрирована в Роспатенте.

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ИЗОЛЯТОВ *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* ГРУППЫ MRSA ДВУХ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ЛИНИЙ КЛИНИЧЕСКОГО И ПИЩЕВОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ

Молчанов А.Д.*, Шеленков А.А., Куликова Н.Г., Михайлова Ю.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: множественная лекарственная устойчивость, детерминанты антибиотикорезистентности, патогенный потенциал, геномная эпидемиология

COMPARATIVE ANALYSIS OF *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* MRSA ISOLATES GROUP OF TWO GENETIC LINES OBTAINED FROM PATIENTS AND FOOD PRODUCTS

Molchanov A.D.*, Shelenkov A.A., Kulikova N.G., Mikhailova Yu.V.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: multidrug resistance, virulence determinants, pathogenic potential, genomic epidemiology

*Адрес для корреспонденции: molchanov@cmd.su

Актуальность. Метициллин-резистентный золотистый стафилококк (MRSA) связан с высокими показателями заболеваемости и смертности. Способность *Staphylococcus aureus* вырабатывать ферменты, нейтрализующие антибиотики, привела к появлению многочисленных резистентных к антимикробным препаратам патогенов.

Цель: сравнительный полногеномный анализ антибиотикорезистентных изолятов MRSA эпидемиологически важных генетических линий разного происхождения.

Материалы и методы. Исследовано 35 изолятов *S. aureus* с помощью анализа данных полногеномного секвенирования с точки зрения клональной структуры, наличия детерминант устойчивости и вирулентности, а также последовательностей плазмидных репликонов.

Результаты. Исследуемые изоляты разделились по 2 сиквенс-типам: ST22 и ST5. 22 изолята относились к ST22, 13 — к ST5; 33 изолята *S. aureus* относились к MRSA. Все изоляты обладали генами *blaZ* и *mecA*. Изоляты ST5 от-

личались наличием гена *erm(C)*, отвечающим за устойчивость к макролидам. У всех исследуемых штаммов выявлен широкий спектр генов вирулентности, общими для всех изолятов были гены *aur*, *hlgABC*, *sak* и *scp*. Два клинических ST22-изолята (CrieP-78 и CrieP-65) находились в одном филогенетическом кластере с некоторыми пищевыми изолятами, что свидетельствует об их близком родстве.

Заключение. Сравнительный анализ изолятов *S. aureus* клинического и пищевого происхождения показал различия детерминант устойчивости к противомикробным препаратам, генов вирулентности и последовательностей плазмидных репликонов внутри одного сиквенс-типа, а также сходство некоторых пищевых и клинических изолятов ввиду небольшого количества отличающихся аллельных пар.

КОГНИТИВНЫЕ НАРУШЕНИЯ У ВЗРОСЛЫХ ПАЦИЕНТОВ МОЛОДОГО И СРЕДНЕГО ВОЗРАСТА В ПОСТКОВИДНОМ ПЕРИОДЕ

Музыка А.Д.*, Маржохова А.Р., Шапиева Н.Т., Провоторова М.П., Омарова Х.Г.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: COVID-19, постковидный синдром, постковидный синдром, когнитивные нарушения

COGNITIVE IMPAIRMENT IN YOUNG AND MIDDLE-AGED ADULT PATIENTS IN POST-COVID PERIOD

Muzyka A.D.*, Marzhokhova A.R., Shapieva N.T., Provotorova M.P., Omarova Kh.G.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: COVID-19, post-COVID-19 syndrome, PASC, cognitive impairment

*Адрес для корреспонденции: amyzika@cmd.su

Актуальность. Миллионы пациентов в мире страдают от различных проявлений постковидного синдрома (ПКС).

Цель — изучить когнитивные нарушения (КН) у взрослых пациентов молодого и среднего возраста в постковидном периоде.

Материалы и методы. Обследовано 90 пациентов, перенёсших лабораторно подтверждённый COVID-19. Проводились анкетирование, сбор анамнеза, оценка КН по Монреальской шкале (MoCA). Статистический анализ выполнен с использованием программы «StatTech v. 4.1.5». Количественные переменные описаны как медиана [Q₁; Q₃].

Основную группу (ОГ) составили 60 человек с ПКС: 51 (85%) женщина, 9 (15%) мужчин, возраст 45 [35,25; 54,0] лет; группу контроля — 30 пациентов без ПКС: 25 (83,3%) женщин, 5 (16,7%) мужчин, возраст 42 [33,25; 50,75] года.

Результаты. Жалобы на КН были самыми частыми в структуре ПКС — 53(88,3%). Длительность КН составила менее года у 21,7%, от 1 до 2 лет — 15%, 2 года и более — 55%. Оценка выраженности КН по пятибалльной шкале: 1 балл — 10%, 2 — 20%, 3 — 35%, 4 — 18,3%, 5 — 8,3%. В структуре КН преобладали нарушения концентрации внимания — 78,3% (24 [12,0; 35,5] мес), памяти — 71,7% (24 [10,5; 35,5] мес), заторможенность — 53,3% (12 [6; 24] мес), «мозговой туман» — 51,7% (12 [7; 24] мес).

КН по шкале МоСА (менее 26 баллов) в ОГ регистрировались у 30%, в контрольной — у 10% ($p = 0,034$). Пациенты ОГ с КН по МоСА предъявляли жалобы в течение 2 и более лет в 55,6% случаев, менее года — в 22,2%, от 1 до 2 лет — в 11,1%.

Заключение. КН выявлены у 88,3% пациентов, самыми частыми и наиболее продолжительными жалобами были нарушения концентрации внимания и памяти. У 30% лиц с ПКС оценка по МоСА — менее 26 баллов.

Исследование выполнено за счет гранта ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора (номер государственного учёта НИОКТР 123050400014-6).

МОНИТОРИНГ ЗА ЦИРКУЛЯЦИЕЙ РЕСПИРАТОРНЫХ ВИРУСОВ НА ТЕРРИТОРИИ РЕСПУБЛИКИ БАШКОРТОСТАН В ЭПИДЕМИЧЕСКИЙ СЕЗОН 2023–2024 гг.

Мулюкова М.Р.*, Казак А.А., Шакирова Е.С.

Управление Роспотребнадзора по Республике Башкортостан, Уфа, Россия

Ключевые слова: *грипп, ОРВИ, мониторинг*

MONITORING THE CIRCULATION OF RESPIRATORY VIRUSES IN THE TERRITORY OF THE REPUBLIC OF BASHKORTOSTAN DURING THE EPIDEMIC SEASON OF 2023–2024

Mulyukova M.R.*, Kazak A.A., Shakirova E.S.

Department of Rospotrebnadzor for the Republic of Bashkortostan, Ufa, Russia

Keywords: *influenza, VRI, monitoring*

***Адрес для корреспонденции:** mulyukova_mr@02.rospotrebnadzor.ru

В Республике Башкортостан мониторинг за спектром циркулирующих возбудителей гриппа и других острых респираторных вирусных инфекций осу-

ществляется методом полимеразной цепной реакции на базе Центра гигиены и эпидемиологии в Республике Башкортостан по городу Уфе с привлечением 13 медицинских организаций.

В целях равномерности и репрезентативности исследований еженедельно медицинскими организациями проводится отбор проб (мазков из носа и зева) от лиц с признаками респираторных заболеваний, с различными формами клинического течения, находящихся на стационарном и амбулаторном лечении, в возрастных группах: 0–12 мес; 1–2 года; 3–6, 7–15, 16–25, 26–64 года; > 65 лет. При этом количество людей, включённых в выборку каждой возрастной группы, составляет в неделю не менее 35 человек.

Всего в Центре гигиены и эпидемиологии начиная с 36-й недели 2023 г. по 13-ю неделю 2024 г. в рамках мониторинга обследовано 4816 человек, положительная детекция вирусов составила 24,5%.

Активная циркуляция вируса гриппа началась с декабря 2023 г. и продолжалась до февраля 2024 г., в циркуляции преобладал вирус гриппа А(Н3N2) — до 74,8%. Доля вируса гриппа А (Н1N1) — 0,1%, вируса гриппа В — 1,4%, нетипичного вируса гриппа А — 23,6%. Пик заболеваемости гриппом (1490 случаев; 3,7 на 10 тыс. населения) наблюдался на 3-й неделе (19.01–25.01.2024), детекция вируса гриппа в рамках мониторинга составила 98,4%.

На протяжении эпидсезона 2023–2024 гг. происходила смена в циркуляции доминирующих респираторных патогенов. Среди вирусов негриппозной этиологии в начале эпидсезона преобладали риновирус, аденовирус и SARS-CoV-2. К концу эпидемического сезона в исследуемых материалах от больных с признаками респираторных заболеваний увеличилась детекция метапневмовируса и РС-вируса без смены доминанты обнаружения коронавируса (возбудителя COVID-19).

МОНИТОРИНГ ВИРУСНЫХ ПАТОГЕНОВ ПРИ ПОМОЩИ МУЛЬТИПЛЕКСНОЙ ПОЛИМЕРАЗНОЙ ЦЕПНОЙ РЕАКЦИИ В СОЧЕТАНИИ С ТЕХНОЛОГИЯМИ СЕКВЕНИРОВАНИЯ НОВОГО ПОКОЛЕНИЯ

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 (национальный исследовательский университет), Долгопрудный, Россия

Ключевые слова: вирусы, NGS, полимеразная цепная реакция

SCREENING OF VIRAL PATHOGENS THROUGH MULTIPLEX PCR COUPLED WITH NGS TECHNOLOGIES

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

Сегодня технологии высокопроизводительного секвенирования (NGS) всё более плотно интегрируются в область диагностики вирусных инфекций. Геномные данные, получаемые посредством NGS, позволяют не только идентифицировать вирус, но и детально его изучить, что компенсирует недостатки традиционных молекулярно-генетических методов.

Ампликонное секвенирование дает возможность использовать «мультиплексные» праймерные панели. Формат «мультиплекс» подразумевает объединение множества пар праймеров, нацеленных на разные мишени, в одной или нескольких пробирках, что позволяет проводить одновременный анализ разных вирусных патогенов.

Мы разработали «мультиплексную» праймерную панель для амплификации и секвенирования коротких участков геномов 28 вирусных патогенов, вызывающих респираторные заболевания. Эффективность работы созданной панели была подтверждена на клинических образцах, содержащих заведомо известные вирусы.

На данном этапе нами проводится диагностика двух групп образцов. Первая группа ($n = 500$) состоит из образцов, прошедших тестирование на SARS-CoV-2

и имевших отрицательный результат. Вторая группа ($n = 200$) представлена образцами, ранее исследованными посредством тест-системы, рассчитанной на выявление сразу нескольких патогенов.

В результате секвенирования части успешно амплифицированных образцов ($n = 60$) из 1-й группы мы установили, что 50% образцов были представлены вирусом Эпштейна–Барр, в 22% образцов был обнаружен вирус гриппа А (H3N2), 11% образцов содержали респираторно-синцитиальный вирус, а по 5,5% от общего количества пришлось на вирус гриппа А (H1N1), адено-вирус и метапневмовирус.

РАЗРАБОТКА НАБОРА РЕАГЕНТОВ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ *PLASMODIUM* SPP. МЕТОДОМ LAMP

Обухова Е.А.*, Петров В.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: малярия, петлевая изотермическая амплификация

DEVELOPMENT OF A REAGENT KIT FOR DETECTION OF *PLASMODIUM* SPP. BY LAMP

Obukhova E.A.*, Petrov V.V.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *plasmodium*, malaria, loop-mediated isothermal amplification, LAMP

***Адрес для корреспонденции:** obukhova@cmd.su

Малярия — трансмиссивное инфекционное заболевание, вызываемое простейшими рода *Plasmodium*, передаётся при укусах комаров рода *Anopheles*, сопровождается лихорадкой. Наиболее распространён и опасен вид *P. falciparum*, вызывающий тропическую малярию, симптомы которой схожи с другими лихорадками. Дифференциальная диагностика неосложнённой малярии от большинства острых вирусных заболеваний достаточно проблематична.

Цель работы — разработка набора реагентов для выявления ДНК всех видов малярийных плазмодиев (*Plasmodium* spp.) с помощью петлевой изотермической амплификации (loop-mediated isothermal amplification, LAMP) с колориметрической детекцией продуктов амплификации.

Материалы и методы. Для разработки использованы обезличенные образцы биологического материала, содержащие ДНК малярийных плазмодиев, количественно охарактеризованные в ПЦР. В качестве молекулярной мишени

выбрана 5'-нетранслируемая область митохондриальной ДНК, консервативная для видов: *P. falciparum*, *P. vivax*, *P. malariae*, *P. ovale* и *P. knowlesi*.

Результаты. Набор реагентов позволяет проводить полное исследование, включающее быструю экстракцию (5 мин) ДНК из образцов биологического материала (цельная венозная кровь человека) и изотермическую амплификацию ДНК с колориметрической детекцией по «конечной точке». Визуальная оценка результатов амплификации даёт возможность проводить исследование без использования детектирующих амплификаторов, в отличие от ПЦР. Предел обнаружения набора реагентов составил 10^3 ГЭ (копий)/мл с комплектом реагентов для экстракции ДНК РИБО-преп и 10^6 ГЭ (копий)/мл с быстрой экстракцией ДНК. Диагностическая чувствительность и специфичность составила 100% (95% ДИ 83,2–100,0%).

Заключение. Новый набор реагентов позволяет выявлять ДНК *Plasmodium* spp. за 30–40 мин и подходит для скрининга пациентов с лихорадкой неясной этиологии, для проведения анализа потребуется только термостат с температурой 65–95°C.

ИЗУЧЕНИЕ ЧАСТОТЫ ВЫЯВЛЕНИЯ ИНФЕКЦИЙ, ПЕРЕДАВАЕМЫХ ПОЛОВЫМ ПУТЁМ, У ЖЕНЩИН С РАЗНЫМ ВИЧ-СТАТУСОМ В ХАНТЫ-МАНСИЙСКОМ АВТОНОМНОМ ОКРУГЕ — ЮГРЕ

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

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

²Сургутский государственный университет, Сургут, Россия;

³Сургутский окружной клинический центр охраны материнства и детства, Ханты-Мансийск, Россия

Ключевые слова: ИППП, ВИЧ, ПЦР

PREVALENCE OF SEXUALLY-TRANSMITTED INFECTIONS IN THE GROUP OF WOMEN WITH DIFFERENT HIV-STATUS IN KHANTY-MANSIYSK AUTONOMOUS REGION

Perevezentseva M.A.^{1*}, Skachkova T.S.¹, Domonova E.A.¹, Romanyuk T.N.¹, Popova A.A.¹, Belotserkovtseva L.D.^{2,3}, Maier Yu.I.^{2,3}, Konareva I.G.³

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;

²Surgut State University, Surgut, Russia;

³Surgut District Clinical Center of Maternity and Childhood Health Care, Surgut, Russia

Keywords: STIs, HIV, PCR

*Адрес для корреспонденции: perevezentseva@cmd.su

Введение. Инфекции, передаваемые половым путём (ИППП), являются ведущими причинами воспалительных заболеваний органов малого таза и оказывают серьёзное негативное воздействие на репродуктивное здоровье 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-положительных и ВИЧ-негативных).

Материалы и методы. Исследование проводилось в группе пациенток в возрасте 18–68 лет из 5 городов Ханты-Мансийского автономного округа — Югры. Обследовали 100 ВИЧ-положительных и 350 ВИЧ-негативных женщин. Наличие ИППП анализировали в отделяемом слизистой оболочки влагалища и анального канала.

Результаты. У ВИЧ-положительных женщин возбудители ИППП выявлялись статистически значимо чаще в отделяемом слизистой оболочки влагалища ($p = 0,0128$) и отделяемом слизистой оболочки анального канала ($p = 0,0013$). У 3,4% ВИЧ-негативных и 9% ВИЧ-положительных пациенток возбудители ИППП выявлялись только в отделяемом слизистой оболочки анального канала.

Выводы. Возбудители ИППП чаще обнаруживались у ВИЧ-положительных пациенток. Наличие возбудителей ИППП в отделяемом слизистой оболочки анального канала у обеих групп пациенток говорит о необходимости дополнительного скрининга на ИППП в экстрагенитальных локусах.

ВНЕБОЛЬНИЧНЫЕ ПНЕВМОНИИ, ВЫЗВАННЫЕ *MYCOPLASMA PNEUMONIAE*, У ДЕТЕЙ В 2022–2024 гг.

Преображенская Д.В.^{1*}, Мелехина Е.В.^{1,2}, Сабина Т.С.¹, Кремлевская С.П.^{1,2}, Яцышина С.Б.¹, Барыкин В.И.²

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

²Химкинская областная больница, Химки, Россия

Ключевые слова: *этиология внебольничных пневмоний, постковидный период, Mycoplasma pneumoniae*

COMMUNITY-ACQUIRED PNEUMONIA CAUSED BY *MYCOPLASMA PNEUMONIAE* IN CHILDREN IN 2022–2024

Preobrazhenskaia D.V.^{1*}, Melekhina E.V.^{1,2}, Sabinina T.S.¹, Kremplevskaya S.P.^{1,2}, Yatsyshina S.B.¹, Barykin V.I.²

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;

²Khimki Regional Hospital, Khimki, Russia

Keywords: *etiology of community-acquired pneumonia, post-COVID period, Mycoplasma pneumoniae*

*Адрес для корреспонденции: dariapreob@yandex.ru

Актуальность. Внебольничная пневмония, вызванная *Mycoplasma pneumoniae* (ВПМП), — причина неэффективности эмпирической антибактериальной терапии респираторных инфекций, затяжного кашля.

Цель — установить сравнительные особенности ВПМП у детей в 2022–2024 гг.

Материалы и методы. Обследовано 126 детей (46% девочек и 54% мальчиков) — пациентов Химкинской областной больницы — с 04.03.2022 по 15.03.2024 в возрасте от 1 мес до 17 лет 11 мес с диагнозом ВПМП нетяжёлой ($n = 65$) и тяжёлой ($n = 61$) форм. Сравнивали периоды с 03.2022 по 03.2023 ($n = 79$), с 03.2023 по 03.2024 ($n = 47$). Диагноз устанавливали при обнаружении в материале из ротоглотки и/или трахеи ДНК *M. pneumoniae* наборами Ампли-Сенс и/или специфических IgM и/или IgG к *M. pneumoniae*.

Результаты. В 2023–2024 гг. увеличилась доля ВПМП — ДНК выявляли у 23,4%/5,1% ($p < 0,05$). ВПМП в 2022–2023 гг. была у 53,2%/32,9% ($p < 0,05$). Всего ВПМП установлена у 40,5% пациентов. Чаще болели дети 7 лет и старше — 43,1%, с 3 до 7 лет — 35,3%, до 3 лет — 21,6%; $p < 0,05$. ВПМП чаще протекала в нетяжёлой форме — у 80,4%, в тяжёлой — 19,6%; $p < 0,05$. ВПМП чаще протекала в форме моноинфекции — 68,6%/31,4% микст-инфекция. Доля микст-инфекции выросла в 2023–2024 гг. 36,0%/26,9%; $p > 0,05$. В 2022–2023 гг. *M. pneumoniae* сочеталась с *Haemophilus influenzae* и риновирусом — по 15,4%. В 2023–2024 гг. — с *H. influenzae* (24,0%), *Streptococcus pneumoniae* (16,0%).

При тяжёлых ВПМП чаще выявляли бокавирус (30%), риновирус (20%); при нетяжёлых — *H. influenzae* (24,4%), *S. pneumoniae* (9,8%).

Выводы. Доля ВПМП в 2023–2024 гг. возросла, чаще диагностировалась у старших детей, отмечены нетяжёлые формы, моноинфекции. При микст-инфекциях ВПМП чаще сочеталась с *H. influenzae*; при тяжёлых формах — с вирусами, при нетяжёлых — с бактериями.

ЭТИОЛОГИЯ ВНЕБОЛЬНИЧНЫХ ПНЕВМОНИЙ У ДЕТЕЙ ОТ ПАНДЕМИИ ДО 2024 г.

Преображенская Д.В.^{1*}, Мелехина Е.В.^{1,2}, Сабинина Т.С.¹, Кремлевская С.П.^{1,2},
Яцышина С.Б.¹, Барыкин В.И.²

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

²Химкинская областная больница, Химки, Россия

Ключевые слова: *этиология внебольничных пневмоний у детей, постковидный период*

ETIOLOGY OF COMMUNITY-ACQUIRED PNEUMONIA IN CHILDREN FROM THE PANDEMIC TO 2024

Preobrazhenskaia D.V.^{1*}, Melekhina E.V.^{1,2}, Sabinina T.S.¹, Kremlevskaya S.P.^{1,2},
Yatsyshina S.B.¹, Barykin V.I.²

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;

²Khimki Regional Hospital, Khimki, Russia

Keywords: *etiology of community-acquired pneumonia in children, post-COVID period*

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

Актуальность. Пандемия повлияла на этиологию внебольничных пневмоний (ВП) — пейзаж возбудителей меняется.

Цель — выявить этиологические особенности ВП у детей в 2022–2023 и 2023–2024 гг.

Материалы и методы. Обследовано 126 детей (46% девочек и 54% мальчиков) в возрасте от 1 мес до 17 лет 11 мес, госпитализированных в Химкинскую областную больницу с марта 2022 г. по март 2024 г. с диагнозом ВП нетяжёлой ($n = 65$) и тяжёлой ($n = 61$) форм. Исследован материал из ротоглотки и/или трахеи методом ПЦР наборами «АмплиСенс» (мазки и/или аспираты): в 2022–2023 гг. — 79 детей, в 2023–2024 гг. — 47.

Результаты. Нуклеиновые кислоты возбудителей выделены в 2022–2023 гг. в 81% случаев, в 2023–2024 гг. — в 93,6%. Бактерии обнаружены у 71,4% пациентов: чаще в 2023–2024 гг. — 78,7 и 67,1%, вирусы — у 55,6%, чаще

в 2022–2023 гг. — 58,2 и 51,1%. Доля моноинфекций выросла в 2023–2024 гг.: 44,7 и 27,8%, $p > 0,05$. В 2022–2023 гг. вирусно-бактериальная этиология была у 43,0%, вирусная — у 15,2%, бактериальная — у 24,1%. В 2023–2024 гг. доли вирусно-бактериальных (38,3%), вирусных (12,8%) возбудителей были ниже, а бактериальных — выше (40,4%), $p > 0,05$. В 2022–2023 гг. из бактерий преобладали *Klebsiella pneumoniae* — 22,8%, *Acinetobacter baumannii* и *Streptococcus pneumoniae* — по 18,9%, *Haemophilus influenzae* — 15,2%; среди вирусов — риновирус (20,3%), бокавирус (15,2%), РС-вирус (8,9%), гриппа (8,9%). В 2023–2024 гг. — *S. pneumoniae* (27,7%), *M. pneumoniae* (23,4%), *H. influenzae* и *MS Staphylococcus aureus* (по 21,3%), РС-вирус (14,9%), бокавирус и корона-вирусы (OC43, 229E, HKUI, NL63) — по 6,4%.

Выводы. В этиологии ВП возросла роль бактерий (*S. pneumoniae*, *M. pneumoniae*, *H. influenzae*, *MS S. aureus*), чаще в форме моноинфекций.

ПРОГНОЗ НЕБЛАГОПРИЯТНОГО ИСХОДА ЗАБОЛЕВАНИЯ COVID-19 У ВИЧ-ИНФИЦИРОВАННЫХ БОЛЬНЫХ НА СТАДИИ ВТОРИЧНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ МЕТОДАМИ ИСКУССТВЕННОГО ИНТЕЛЛЕКТА

Приваленко А.А.¹, Цыганкова А.В.², Герасимов А.Н.^{1*}, Воронин Е.М.¹

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

²Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова (Сеченовский Университет), Москва, Россия

Ключевые слова: ВИЧ-инфицированные, COVID-19, летальность, факторы риска, искусственный интеллект, машинное обучение

PROGNOSIS OF AN UNFAVORABLE OUTCOME OF COVID-19 DISEASE IN HIV-INFECTED PATIENTS AT THE STAGE OF SECONDARY DISEASES USING ARTIFICIAL INTELLIGENCE METHODS

Privalenko A.A.¹, Tsigankova A.V.², Gerasimov A.N.^{1*}, Voronin E.M.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;

²I.M. Sechenov First Moscow State Medical University (Sechenov University), Moscow, Russia

Keywords: HIV-infected, COVID-19, mortality, risk factors, artificial intelligence, machine learning

*Адрес для корреспонденции: andr-gerasim@yandex.ru

Актуальность. COVID-19 очень тяжело протекает у пациентов с отягощённой коморбидностью, в том числе у ВИЧ-инфицированных. У пациентов с ВИЧ на стадии вторичных заболеваний летальность составляет около 50%.

Цель — анализ точности прогнозирования риска летального исхода при COVID-19 у пациентов с ВИЧ на стадии вторичных заболеваний с использованием методов искусственного интеллекта (методы машинного обучения)

Материалы и методы. Данные о ходе лечения 500 ВИЧ-инфицированных на стадии вторичных заболеваний, больных COVID-19 и проходивших лечение в клинике инфекционных болезней № 2, Москва. Набор методов машинного обучения.

Результаты. Найдены факторы риска летального исхода для пациентов данной группы. В ходе многофакторного анализа с использованием методов машинного обучения были получены решающие правила для 7 разных методов прогнозирования. Было получено, что наибольшую точность прогнозирования продемонстрировал метод CatBoost (площадь под ROC-кривой составила 91,2%), тогда как наиболее употребимый метод логистической регрессии показал средние результаты с площадью под кривой в 75%.

Заключение. При сравнении факторов риска неблагоприятного исхода был также выявлен такой специфический для этой группы фактор, как «ВИЧ впервые выявлен», т.к. больные, скрывающие свой ВИЧ-статус или не знающие о нём, при лечении в неспециализированных инфекционных стационарах получают лечение, существенно ухудшающее их состояние.

ИНФОРМИРОВАННОСТЬ ВИЧ-ИНФИЦИРОВАННЫХ ЖЕНЩИН О ПАПИЛЛОМАВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИИ В СТРАНАХ ВОСТОЧНОЙ ЕВРОПЫ И ЦЕНТРАЛЬНОЙ АЗИИ

Прилепская Д.Р.*, Домонова Э.А., Попова А.А.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: папилломавирусная инфекция, ВПЧ, рак шейки матки, ВИЧ

AWARENESS OF HIV-INFECTED WOMEN ABOUT PAPILLOMAVIRUS INFECTION IN EASTERN EUROPE AND CENTRAL ASIA

Prilepskaya D.R.*, Domonova E.A., Popova A.A.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *papillomavirus infection, HPV, cervical cancer, HIV*

***Адрес для корреспонденции:** prilepskaya.d@cmd.su

Введение. Во многих странах мира сохраняются высокие уровни заболеваемости раком шейки матки (РШМ) и смертности. У женщин, живущих с ВИЧ, риск развития РШМ в 6 раз выше по сравнению с женщинами из общей популяции. Своевременное проведение скрининга РШМ способствует

снижению заболеваемости и смертности. Охват женщин скринингом зависит от информированности, мотивации и доступности.

Цель: изучение информированности ВИЧ-инфицированных женщин о папилломавирусной инфекции в странах ВЕЦА.

Материалы и методы. Набор участников исследования проводили с января по ноябрь 2023 г. на базе 6 центров 5 стран ВЕЦА (Российская Федерация, Азербайджанская Республика, Республика Беларусь, Кыргызская Республика, Республика Таджикистан). В исследовании приняли участие 600 женщин (возраст $39,8 \pm 9,1$ года), 97,8% получали антиретровирусную терапию. В работе использовали психологический — вербально-коммуникативный (анкетирование), аналитический и статистический методы.

Результаты. При анализе ответов респондентов установлено, что среди ВИЧ-инфицированных женщин России 79% (158/200, 95% ДИ 31,2–40,6) информированы о вирусе папилломы человека (ВПЧ) и его роли в развитии РШМ. В странах ВЕЦА, кроме России, этот показатель составил 35,8% (143/400, 95% ДИ 72,8–84,1). Получено статистически значимое различие при сравнении данных в зависимости от изучаемого региона ($p < 0,01$).

Выводы. Среди ВИЧ-инфицированных женщин информированность о ВПЧ и его влиянии на развитие РШМ выше в России по сравнению с другими изучаемыми регионами ВЕЦА, однако в целом не превышала 80%. Полученные данные могут свидетельствовать о сниженной мотивации ВИЧ-инфицированных женщин к прохождению скрининга РШМ. Важное значение имеет усиление проведения информационных кампаний по профилактике РШМ среди ВИЧ-инфицированных женщин в странах ВЕЦА.

Исследование проведено в рамках распоряжения Правительства РФ от 02.04.2022 № 735-р.

БАСТРОВИРУСЫ В ЛЕТУЧИХ МЫШАХ ИЗ РОССИИ

Роев Г.В.^{1,2*}, Борисова Н.И.¹, Чистякова Н.В.³, Выходцева А.В.¹, Акимкин В.Г.¹,
Хафизов К.Ф.¹

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

²Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет),
Долгопрудный, Россия;

³Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва, Россия

Ключевые слова: *бастровирусы, метагеномика, летучие мыши*

BASTROVIRUSES IN BATS FROM RUSSIA

Roev G.V.^{1,2*}, Borisova N.I.¹, Chistyakova N.V.³, Vyhodtseva A.V.¹, Akimkin V.G.¹,
Khafizov K.F.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;

²Moscow Institute of Physics and Technology (National Research University), Dolgoprudny, Russia;

³A.N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution of the Russian Academy of Sciences, Moscow,
Russia

Keywords: *bastroviruses, metagenomics, bats*

***Адрес для корреспонденции:** roev@cmd.su

Бастровирусы — это РНК-вирусы, которые были впервые обнаружены в 2016 г. при анализе образцов кала людей с использованием метагеномного секвенирования. Генетически бастровирусы родственны астровирусам и вирусу гепатита Е. Длина генома составляет около 6000 оснований. Пока не установлено, есть ли связь между бастровирусами и возникновением заболеваний.

По данным различных источников, бастровирусы широко распространены среди различных видов животных, таких как свиньи, речные моллюски и летучие мыши, а также среди людей. Однако до сих пор не описано обнаружение бастровирусов на территории России.

В феврале 2023 г. в России нами были собраны образцы фекалий летучих мышей вида *Nyctalus noctula* и проведено их метагеномное секвенирование. Для анализа данных использовано специализированное программное обеспечение вместе с методами машинного обучения для оценки зоонозного потенциала обнаруженных вирусов.

В ходе исследования нами *de novo* был собран и аннотирован почти полный геном нового бастровируса, длина которого составляет около 5800 оснований, в одном из образцов. Используя его в качестве референса, мы также собрали геном в другом образце. Идентичность собранных геномов с ближайшими гомологами не превышает 77% для неструктурных полипротеинов (NSP) и 63% для структурных полипротеинов (SP). Обнаружена рекомбинация между SP

и NSP этого вируса. Зоонозный потенциал нового вируса был оценен как высокий с использованием методов машинного обучения.

HELICOBACTER PYLORI-СПЕЦИФИЧНЫЕ CD4⁺-ЛИМФОЦИТЫ У ИНФИЦИРОВАННЫХ ЛИЦ, ПРЕИМУЩЕСТВЕННО ПРЕДСТАВЛЕННЫЕ В CD4⁺CCR6⁺-СУБПОПУЛЯЦИИ

Светлова М.В.*, Воронина Е.В., Талаев В.Ю., Заиченко И.Е., Бабайкина О.Н., Неумоина Н.В., Перфилова К.М.

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

Ключевые слова: *H. pylori*, Т-клетки, иммунный ответ, активация, хемокиновые рецепторы

HELICOBACTER PYLORI-SPECIFIC CD4⁺-LYMPHOCYTES IN INFECTED INDIVIDUALS ARE PREDOMINANTLY REPRESENTED IN THE CD4⁺CCR6⁺-SUBPOPULATION

Svetlova M.V.*, Voronina E.V., Talayev V.Yu., Zaichenko I.Ye., Babaykina O.N., Neumoina N.V., Perfilova K.M.

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

Keywords: *Helicobacter pylori*, T cells, immune response, activation, chemokine receptors

*Адрес для корреспонденции: marya.talaeva@yandex.ru

Актуальность. *Helicobacter pylori* способен вызывать различные патологии — от гастрита до рака желудка. Было показано, что при *H. pylori*-инфекции в крови значительно возрастает содержание зрелых CD4⁺CCR6⁺-Т-лимфоцитов, способных к миграции в слизистую желудка, и в этой группе лимфоцитов увеличивается доля провоспалительных Т-хелперов.

Цель — оценка участия CD4⁺CCR6⁺-Т-клеток в иммунном ответе на *H. pylori*.

Материалы и методы. Обследовали лиц с подтверждённым наличием и отсутствием *H. pylori*. Из крови выделяли моноциты и лимфоциты. Моноциты инкубировали с *H. pylori* и без него, у них оценивали экспрессию CD80 и CD86. Также моноциты использовали для стимуляции сингенных лимфоцитов. Реакцию лимфоцитов на антиген оценивали по пролиферации и экспрессии OX40 на CD4⁺CCR6⁺- и CD4⁺CCR6⁻-Т-клетках.

Результаты. Инкубация моноцитов с *H. pylori* вызывает усиление экспрессии CD80 и CD86, а также увеличение способности стимулировать пролиферацию лимфоцитов. Часть CD4⁺-Т-клеток у пациентов с *H. pylori*-инфекцией реагировали экспрессией OX40 на антигены *H. pylori*. У инфици-

рованных лиц CD4⁺CCR6⁺-субпопуляция лимфоцитов содержала большее количество клеток, специфичных к антигенам возбудителя, по сравнению с CD4⁺CCR6⁻-субпопуляцией. У доноров группы сравнения антигены возбудителя не оказывали существенного влияния на средние показатели активации CD4⁺-Т-лимфоцитов.

Заключение. Кровь пациентов с *H. pylori*-инфекцией содержит *H. pylori*-специфичные CD4⁺-Т-клетки, преимущественно представленные в CD4⁺CCR6⁺-субпопуляции.

ПРОФИЛИРОВАНИЕ Т-КЛЕТОЧНОГО РЕПЕРТУАРА У ПАЦИЕНТА С ХРОНИЧЕСКОЙ ЦИТОМЕГАЛОВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИЕЙ

Сикамов К.В.^{1,2*}, Уразаева Д.Р.^{1,2}, Горбачев А.Ю.¹

¹Федеральный научно-клинический центр Физико-химической медицины имени Ю.М. Лопухина, Москва, Россия;

²Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет), Долгопрудный, Россия

Ключевые слова: Т-клеточные рецепторы, профилирование TCR репертуара, цитомегаловирусная инфекция, секвенирование кДНК

PROFILING THE T-CELL REPERTOIRE IN A PATIENT WITH CHRONIC CYTOMEGALOVIRUS INFECTION

Sikamov K.V.^{1,2*}, Urazaeva D.R.^{1,2}, Gorbachev A.Yu.¹

¹Lopukhin Federal Research and Clinical Center of Physical-Chemical Medicine, Moscow, Russia;

²Moscow Institute of Physics and Technology (National Research University), Dolgoprudny, Russia

Keywords: T-cell receptors, TCR repertoire profiling, cytomegalovirus infection, cDNA sequencing

*Адрес для корреспонденции: sikamov2000@gmail.com

Актуальность. Репертуар Т-клеточных рецепторов (TCR) может иметь ключевое значение в диагностике и разработке потенциальных методов лечения различных аутоиммунных, онкологических и других заболеваний, в борьбе против которых критическую роль играют Т-клетки с уникальными последовательностями в регионе CDR3 мРНК, ассоциированными с данным заболеванием.

Цель — исследовать во времени TCR-репертуар у пациента с хронической цитомегаловирусной инфекцией (ЦМВ).

Материалы и методы. Периферические мононуклеарные клетки изолировали из крови пациента при помощи фикола, РНК выделяли тризольным методом. Синтез кДНК осуществляли с использованием Mint-ревертазы. Использовали «Template Switching» и полимеразную цепную реакцию для до-

бавления технических последовательностей — адаптеров для секвенирования на платформе «MGISEQ-2000». Секвенирование проводили в режиме PE-150. Данные обрабатывали с использованием Trimmomatic и FastQC, последовательности TCR собирали с помощью MiXCR. Для анализа данных использовали R и специализированные пакеты («Immunarch»).

Результаты. Идентифицированы наиболее распространённые клонотипы TCR (Т-клетки с одинаковыми CDR3-регионами). Анализ их аминокислотных последовательностей указывает на возможность распознавания ими антигенов (IE1 и pp65), ассоциированных с ЦМВ-инфекцией. Подтверждён хронический характер заболевания.

Заключение. Исследован TCR-репертуар у пациента с хронической ЦМВ-инфекцией, определены представленные клонотипы TCR, ассоциированные с антигенами ЦМВ.

РАСПРОСТРАНЁННОСТЬ ПОЛИМОРФИЗМА CCR5-Δ32 СРЕДИ ВИЧ-ИНФИЦИРОВАННЫХ ПАЦИЕНТОВ НА ТЕРРИТОРИИ РОССИИ

Сыркина А.В.*, Дрибноходова О.П., Миронов К.О., Киреев Д.Е.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: CCR5-Δ32, полиморфизм, ВИЧ-1

PREVALENCE OF CCR5-Δ32 POLYMORPHISM AMONG HIV-INFECTED PATIENTS IN RUSSIA

Syrkina A.V.*, Dribnokhodova O.P., Mironov K.O., Kireev D.E.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: CCR5-Δ32, polymorphism, HIV-1

***Адрес для корреспонденции:** syrkina@cmd.su

Актуальность. Анализ литературы показывает, что делеция 32 нуклеотидов гена хемокинового рецептора CCR5 (Δ32, rs333) оказывает влияние на риск заражения ВИЧ-1. Наряду с данными о том, что наличие полиморфизма в гомозиготном состоянии связывают со значительным снижением восприимчивости к ВИЧ-1, носительство гетерозиготного генотипа может свидетельствовать об умеренно повышенном риске инфицирования.

Цель — оценить распространённость полиморфизма CCR5-Δ32 в гомо- и гетерозиготном состоянии в когортах ВИЧ-положительных и ВИЧ-негативных граждан России.

Материалы и методы. Материалом для исследования послужила ДНК человека, выделенная из лейкоцитов крови 109 ВИЧ-позитивных пациентов. В качестве контроля были использованы 149 образцов крови ВИЧ-негативных пациентов. Генотипирование проводили методом полимеразной цепной реакции в режиме реального времени с конформационно-блокированными (LNA) зондами.

Результаты. В результате исследования целевой группы обнаружено 14 гетерозиготных по CCR5-Δ32 образцов, что составляет 12,9% от общего числа пациентов. У 95 (87,1%) пациентов наблюдался гомозиготный генотип дикого типа. В контрольной группе частота встречаемости гетерозиготного генотипа составила 17,4% (26 образцов), а гомозиготного дикого типа — 81,9% (122 образца). Кроме того, 1 образец из контрольной группы был гомозиготой по делеции, что представляет собой 0,7% от общего числа образцов.

Статистически значимые различия между выборками пациентов не выявлены ($p = 0,38$). Частота аллеля с делецией составила в целевой группе 6,4%, в контрольной группе — 9,4%.

Заключение. Увеличение числа исследуемых образцов позволит получить более точные данные, которые могут способствовать разработке новых стратегий профилактики и контроля распространения ВИЧ-инфекции, учитывая потенциальную защитную роль гомозиготного генотипа CCR5-Δ32.

ПРОГНОЗИРОВАНИЕ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОЙ СИТУАЦИИ ПО ГЕПАТИТУ А И ОЦЕНКА НЕОБХОДИМОГО УРОВНЯ ОХВАТА ВАКЦИНАЦИЕЙ В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Тараторкин Ф.Ф.^{1*}, Карлсен А.А.^{1,2}, Лопатухина М.А.^{1,2}, Кюрегян К.К.^{1,2}, Михайлов М.И.^{1,2}

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

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

Ключевые слова: ВГА, популяционный иммунитет, вакцинация против гепатита А, математическая модель

PROGNOSE OF EPIDEMIOLOGICAL SITUATION ON HEPATITIS A AND EVALUATION OF NECESSARY LEVEL OF VACCINATION IN THE RUSSIAN FEDERATION

Taratorkin F.F.^{1*}, Karlsen A.A.^{1,2}, Lopatukhina M.A.^{1,2}, Kyuregyan K.K.^{1,2}, Mikhailov M.I.^{1,2}

¹Mechnikov Research Institute of Vaccines and Sera, Moscow, Russia;

²Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: HAV, herd immunity, vaccination against hepatitis A, mathematical model

*Адрес для корреспонденции: taratorkinfed@gmail.com

Актуальность. Гепатит А (ГА) — потенциально вакциноуправляемая инфекция. В 2001–2007 гг. за счёт улучшения санитарных условий в России резко снизилась циркуляция вируса ГА (ВГА) среди детей, что снизило популяционный иммунитет и повысило риск симптоматического течения среди взрослых.

Цель — прогнозирование эпидемиологической ситуации по ГА на территории России и в ряде регионов до 2036 г. и определение объёмов вакцинации, необходимых для контроля ГА.

Материалы и методы. Разработана компартментная модель SEIRV на Python, делящая население на 5 категорий по инфекционному статусу и учитывающая демографические характеристики, распространённость антител к ВГА и охват вакцинации. Модель откалибрована на данных за 2008–2021 гг. и использовалась для прогноза до 2036 г.

Результаты. Прогнозируется падение серопревалентности у лиц старше 20 лет при росте заболеваемости до 10–35 случаев на 100 тыс. населения при охвате вакцинацией на уровне 2022 г. Снижение охвата на 4% в год, наблюдаемое с 2014 г., приведёт к экспоненциальному росту заболеваемости в ряде регионов, расширение программы на 4% в год снизит заболеваемость в 2 раза. Для достижения заболеваемости < 1 : 100,000 к 2031 г. необходимо расширение охвата на 32% в год при вакцинации в возрасте 1–6 года и на 35% при вакцинации в возрасте 1–17 лет.

Заключение. Полученная модель прогнозирует рост заболеваемости ГА в ближайшее время, особенно среди взрослых. Для предотвращения данного сценария целесообразно ввести массовую вакцинацию детей.

ЗНАЧИМОСТЬ ОПРЕДЕЛЕНИЯ БИОМАРКЕРОВ У БОЛЬНЫХ С ЦИРРОЗОМ ПЕЧЕНИ В ИСХОДЕ ХРОНИЧЕСКОГО ГЕПАТИТА С

Терешкин Н.А.*, Макашова В.В., Омарова Х.Г., Понежева Ж.Б., Музыка А.Д.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: *хронический гепатит С, цирроз, биомаркеры*

SIGNIFICANCE OF BIOMARKERS DETERMINATION IN PATIENTS WITH CIRRHOSIS IN THE OUTCOME OF CHRONIC HEPATITIS C

Tereshkin N.A.*, Makashova V.V., Omarova Kh.G., Ponezheva Zh.B., Muzyka A.D.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *chronic hepatitis C, cirrhosis, biomarkers*

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

Актуальность. Хронический гепатит С (ХГС) является глобальной проблемой здравоохранения, т.к. остаётся одной из ведущих причин развития фиброза, цирроза печени (ЦП) и гепатоцеллюлярной карциномы. При хроническом воспалении в печени происходит активация звёздчатых клеток (ЗК) и их трансдифференцировка в миофибробласты. Они являются ключевым источником коллагена и других белков внеклеточного матрикса. Взаимодействие ЗК с другими клетками (в основном с повреждёнными гепатоцитами) контролируется различными факторами роста, цитокинами и хемокинами. Данные литературы свидетельствуют о том, что остеоопонтин (OPN), лиганд рецептора программируемой клеточной гибели 1 (PD-L1) и фактор роста гепатоцитов (HGF) выступают регуляторами этого процесса.

Цель. Определить значение уровня сывороточных биомаркеров OPN, PD-L1 и HGF у больных с ХГС и ЦП в его исходе.

Материалы и методы. Наблюдали 107 пациентов, которые были разделены на две группы: ХГС — 61,7% и пациенты с ЦП — 38,3%. Всем пациентам проведено комплексное обследование и определено содержание OPN, PD-L1 и HGF в сыворотке крови методом иммуноферментного анализа.

Результаты. При анализе содержания биомаркеров в зависимости от диагноза были выявлены статистически значимые различия: в группе пациентов с ЦП медиана показателя OPN была выше в 2,7 раза, чем у больных ХГС, PD-L1 — в 1,6, а HGF — в 2,9 раза ($p < 0,001$, $p = 0,021$, $p < 0,001$ соответственно).

Заключение. У пациентов с ЦП в исходе ХГС отмечается значимое увеличение содержания факторов фиброза в сыворотке крови по сравнению с больными ХГС. Это имеет прогностическую значимость для ранней диагностики ЦП в исходе ХГС.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ЧАСТОТ АЛЛЕЛЕЙ В ПОЛИМОРФНЫХ ЛОКУСАХ ГЕНОВ *OAS3*, *TLR3* И *TLR4* У ПАЦИЕНТОВ С КЛЕЩЕВЫМИ ИНФЕКЦИЯМИ

Титков А.В.^{1,3}, Миронов К.О.^{1*}, Белокрылова Ж.П.², Саламайкина С.А.¹, Колясникова Н.М.^{1,2}

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

²Федеральный научный центр исследований и разработки иммунобиологических препаратов имени М.П. Чумакова (Институт полиомиелита), Москва, Россия;

³Российский университет дружбы народов имени Патриса Лумумбы, Москва, Россия

Ключевые слова: *генетический полиморфизм, клещевые инфекции*

DETERMINATION OF ALLELE FREQUENCIES IN POLYMORPHIC LOCI OF *OAS3*, *TLR3* AND *TLR4* GENES IN PATIENTS WITH TICK-BORNE INFECTIONS

Titkov A.V.^{1,3}, Mironov K.O.^{1*}, Belokrylova J.P.², Salamaikina S.A.¹, Kolyasnikova N.M.^{1,2}

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;

²Chumakov Federal Scientific Center for Research and Development of Immune-and-Biological Products (Polio Institute), Moscow, Russia;

³Peoples' Friendship University of Russia named after Patrice Lumumba, Moscow, Russia

Keywords: *genetic polymorphism, tick-borne infections*

*Адрес для корреспонденции: mironov@pcr.ru

Актуальность. Определение генетической предрасположенности к развитию инфекций, передающихся при присасывании клещей, способствует оптимизации персонализированного подхода в терапии и организации своевременной профилактики в группах риска на эндемичных территориях. Потенциальными генетическими факторами риска развития инфекционного процесса могут быть полиморфизмы в генах, ассоциированных с особенностями функционирования врождённого иммунитета, в частности rs2285933 (*OAS3*), rs3775291 (*TLR3*) и rs4986790 (*TLR4*).

Цель — выявить особенности распределения данных полиморфизмов в группе пациентов с клещевыми инфекциями.

Материалы и методы. С помощью разработанной методики ПЦР-РПВ исследовано 98 образцов биологического материала от пациентов из Свердловской области, обратившихся с жалобами после присасывания клеща. У 70% пациентов подтверждена одна или сочетание нескольких инфекций: у 13% — вирусный клещевой энцефалит (ВКЭ), у 22% — иксодовый клещевой боррелиоз (ИКБ), у 35% — микст-инфекция.

Результаты. Сравнение частот редких аллелей в исследуемой выборке с частотами европейских популяций из базы данных www.ensembl.org не выявило различий ($p > 0,05$). Однако при сравнении частот генотипов отдельно по нозологиям показано, что частота редкого аллеля rs2285933-G в группе пациентов с ИКБ значимо ниже, чем в группе пациентов с ВКЭ, — 16 и 35% соответственно (тест Фишера с поправкой Бонферрони $p = 0,036$).

Заключение. В дальнейшем планируется расширить выборку и включить в исследование дополнительные локусы.

СЕРОЛОГИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ ПОПУЛЯЦИОННОГО ИММУНИТЕТА НАСЕЛЕНИЯ К ГЕМОРРАГИЧЕСКОЙ ЛИХОРАДКЕ С ПОЧЕЧНЫМ СИНДРОМОМ

Хусаинова Р.М.^{1,2*}, Савицкая Т.А.¹, Трифонов В.А.¹, Серова И.В.¹, Агафонова Е.В.^{1,2}, Исаева Г.Ш.^{1,2}

¹Казанский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, Казань, Россия;

²Казанский государственный медицинский университет, Казань, Россия

Ключевые слова: *геморрагическая лихорадка с почечным синдромом, серологический мониторинг*

SEROLOGICAL MONITORING OF POPULATION IMMUNITY TO HEMORRHAGIC FEVER WITH RENAL SYNDROME

Khusainova R.M.^{1,2*}, Savitskaya T.A.¹, Trifonov V.A.¹, Serova I.V.¹, Agafonova E.V.^{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

Актуальность. Геморрагическая лихорадка с почечным синдромом (ГЛПС) — острое вирусное природно-очаговое заболевание, широко распространённое на территории России. В 2023 г. в России зарегистрировано 5093 случая ГЛПС (3,47 на 100 тыс. населения). Более 80% случаев заболеваний ежегодно ГЛПС регистрируется в Приволжском федеральном округе.

Цель — проанализировать результаты серологического мониторинга популяционного иммунитета населения к возбудителям ГЛПС.

Материалы и методы. На базе КНИИЭМ Роспотребнадзора в 2023 г. в рамках серологического мониторинга состояния популяционного иммунитета к возбудителю ГЛПС было исследовано 1005 сывороток крови лиц, ранее

не болевших ГЛПС, из 5 субъектов РФ: Кировская область, Пермский край, Республики Татарстан (РТ), Башкортостан (РБ) и Марий Эл (РМЭ). Для серологических исследований использовали твердофазный иммуноферментный анализ и коммерческую тест-систему «ВектоХанта-IgG».

Результаты. Процент серопозитивности к вирусам ГЛПС составил: по РТ — 12,0%, по РБ — 17,0%, РМЭ — 10,0%, Кировской области — 12,0%, Пермскому краю — 10,0%. По уровням заболеваемости населения: РМЭ, РТ, РБ и Кировская область относятся к территориям с высоким уровнем заболеваемости, Пермский край — к территориям со средним уровнем заболеваемости. Высокий уровень серопозитивных сывороток населения Пермского края свидетельствует о недостаточной диагностике, неполной регистрации случаев заболеваний или латентном течении ГЛПС на этой территории.

Заключение. Результаты серологического мониторинга популяционного иммунитета населения к ГЛПС подтверждают высокую интенсивность эпидемического процесса ГЛПС на территории Приволжского федерального округа и необходимость проведения серологического мониторинга на территориях с различными уровнями заболеваемости.

КОНТРОЛЬ КОНТАМИНАЦИИ CONCON

Чанышев М.Д.^{1*}, Глущенко А.Г.^{1,2}, Гришаева А.А.¹, Хафизов К.Ф.¹

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

²Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет), Долгопрудный, Россия

Ключевые слова: NGS, контаминация, UNG

CONTAMINATION CONTROL CONCON

Chanyshev M.D.^{1*}, Glushchenko A.G.^{1,2}, Grishaeva A.A.¹, Khafizov K.F.¹

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia;

²Moscow Institute of Physics and Technology (National Research University), Dolgoprudny, Russia

Keywords: NGS, contamination, UNG

***Адрес для корреспонденции:** chanish@mail.com

Актуальность. Контаминация при лабораторной работе представляет актуальную проблему. Мы разработали систему контроля контаминации ConCon, которая позволяет количественно оценивать уровень контаминации.

Цель — разработка системы для количественного измерения контаминации в NGS лаборатории и оценка её эффективности при секвенировании вируса гепатита В (ВГВ).

Материалы и методы. Нами был разработаны и собраны искусственные ампликоны, содержащие часть гена белка GFP, а также область баркода из 12N, которые обеспечивают примерно 17 млн уникальных баркодов, что сопоставимо с количеством прочтений MiSeq. Ампликоны содержат ID из 4 нуклеотидов, которые обеспечивают возможность проведения различных экспериментов и смену ампликонов. На концах ампликоны фланкированы стандартными адаптерами «Illumina». Данные ампликоны добавляли к ПЦР-продуктам на различных этапах пробоподготовки ВГВ для оценки эффективности системы ConCon.

Результаты. В рамках борьбы с контаминацией на этапе индексации библиотеки ВГВ нами было добавлено использование UNG. Для оценки эффективности данной меры перед ПЦР-индексацией в смесь с ампликонами ВГВ добавлялись ампликоны ConCon, при этом образец с ID1 состоял из 4 стандартных нуклеотидов *ACGT*, образец с ID2 содержал *U* вместо *T*. Ампликоны добавлялись в количестве 50 нг, а также разведёнными в 10^2 , 10^4 и 10^6 раз. Без UNG было получено 93 574, 8993, 70 и 6 прочтений ConCon с ID1 и 123 376, 5850, 13 и 18 прочтений ConCon с ID2. В то же время при добавлении UNG было получено 84 210, 7444, 18 и 7 прочтений ConCon с ID1 и 15, 4, 0 и 0 прочтений ConCon с ID2 соответственно. Таким образом, было показано, что UNG эффективно устраняет *U*-содержащие ампликоны в широком диапазоне концентраций, а ConCon может быть использован для контроля контаминации.

Заключение. Система ConCon может быть использована для контроля контаминации в NGS-лаборатории.

РАЗРАБОТКА ВЕБ-ПРИЛОЖЕНИЯ ДЛЯ РАСЧЁТА ГРУППЫ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИХ ПОКАЗАТЕЛЕЙ НА ОСНОВЕ БАЗЫ ДАННЫХ ОБ ИНФЕКЦИОННЫХ БОЛЕЗНЯХ И ПОЛОВОЗРАСТНОМ СОСТАВЕ НАСЕЛЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Шаипов Д.М.¹, Возиянова М.А.¹, Герасимов А.Н.², Воронин Е.М.^{2*}

¹Московский инженерно-физический институт, Москва, Россия;

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

Ключевые слова: веб-приложение, инфекционные болезни, половозрастной состав, регионы России, эпидемиологические показатели

DEVELOPMENT OF A WEB APPLICATION FOR CALCULATING A GROUP OF EPIDEMIOLOGICAL INDICATORS BASED ON A DATABASE OF INFECTIOUS DISEASES AND THE GENDER AND AGE COMPOSITION OF THE POPULATION OF THE RUSSIAN FEDERATION

Shaipov D.M.¹, Voziyanova M.A.¹, Gerasimov A.N.², Voronin E.M.^{2*}

¹Moscow Engineering Physics Institute, Moscow, Russia;

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: web application, infectious diseases, gender and age structure, regions of Russia, epidemiological indicators

*Адрес для корреспонденции: emvoronin@yandex.ru

Актуальность. Проведение эпидемиологического анализа для территорий России с различиями в демографической структуре и региональными особенностями систем здравоохранения затруднено для выполнения в ручном режиме в силу разнородности видов, структуры и объёмов исходной информации.

Цель — разработка веб-приложения для расчёта и визуализации ряда эпидемиологических показателей на основе базы данных об инфекционных болезнях и половозрастном составе населения России.

Материалы и методы. Данные о заболеваемости инфекционными болезнями и половозрастной структуре населения России. Язык программирования TypeScript.

Результаты. Разработано веб-приложение, позволяющее проводить в автоматическом режиме расчёт ряда эпидемиологических показателей и визуализировать полученные результаты в удобном формате (таблицы, графики), что существенно снижает трудозатраты специалистов и позволяет сконцентрироваться на аналитической части.

Заключение. Разработанное веб-приложение позволяет рассчитывать ряд эпидемиологических показателей, дающих представление о характере эпидемического процесса для исследуемых заболеваний в выбранных субъектах и Российской Федерации в целом. Существенно сокращено количество рутинных операций при выполнении эпидемиологического анализа заболеваемости в субъектах Российской Федерации.

РАЗРАБОТКА ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ ДЛЯ РАСЧЁТА ГРУППЫ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИХ ПОКАЗАТЕЛЕЙ НА ОСНОВЕ ПРЕДОБРАБОТАННЫХ ДАННЫХ О НАСЕЛЕНИИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Шаипов Д.М.¹, Возиянова М.А.¹, Герасимов А.Н.², Воронин Е.М.^{2*}

¹Московский инженерно-физический институт, Москва, Россия;

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

Ключевые слова: *стандартизованная заболеваемость, контактное число*

DESIGNING SOFTWARE FOR CALCULATING A GROUP OF EPIDEMIOLOGICAL METRICS BASED ON PRE-PROCESSED DATA OF RUSSIAN FEDERATION SUBJECTS

Shaipov D.M.¹, Voziyanova M.A.¹, Gerasimov A.N.², Voronin E.M.^{2*}

¹Moscow Engineering Physics Institute, Moscow, Russia;

¹Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: *standardization diseases, basic ratio index*

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

Актуальность. Для корректного поиска факторов риска путём сравнения инфекционной заболеваемости в регионах желательно оценивать также различия в контактном числе и выявляемости.

Материалы и методы. Данные о заболеваемости и демографической структуре, язык программирования TypeScript.

Результаты. Разработано веб-приложение, которое дает возможность получать срез населения по выбранным регионам Российской Федерации, определять коэффициенты половозрастной коррекции, а также визуализировать полученные данные. В веб-приложении предусмотрена также возможность экспорта полученных данных в Excel-таблицу. Кроме того, веб-приложение позволяет проводить расчёт ряда эпидемиологических показателей: интенсивности заболеваемости (а также доверительные интервалы для неё), стандарти-

зованной по выбранным регионам абсолютной и интенсивной заболеваемости, риск инфицирования, выявляемость заболевания, а также контактное число.

Заключение. Количество рутинных операций, которые требуется выполнять эпидемиологам при анализе заболеваемости в субъектах Российской Федерации, может быть существенно сокращено с помощью разработанного программного комплекса. Данный комплекс позволяет в автоматическом режиме получать данные о населении в интересующих пользователя субъектах Российской Федерации, а также проводить расчёт ряда эпидемиологических показателей, дающих представление о распространении заболевания в выбранных субъектах и Российской Федерации в целом.

ОПТИМИЗАЦИЯ ПРОБОПОДГОТОВКИ ФЕКАЛИЙ ТРАВояДНЫХ ЖИВОТНЫХ ДЛЯ ПОВЫШЕНИЯ ЭФФЕКТИВНОСТИ ПОЛИМЕРАЗНОЙ ЦЕПНОЙ РЕАКЦИИ

Шарафутдинова Р.Р.*, Альварес Фигероа М.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Ключевые слова: фекалии травоядных, пробоподготовка, экстракция ДНК бактерий, ингибирующие вещества, бактериальные кишечные инфекции

IMPROVING PCR EFFICIENCY BY OPTIMIZING HERBIVORE FECAL SAMPLE PREPARATION

Sharafutdinova R.R.*, Álvarez Figueroá M.V.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: bacterial enteric infections, herbivore feces, fecal sample preparation, bacterial DNA extraction, inhibitory substances

*Адрес для корреспонденции: sharafutdinova@cmd.su

Актуальность. Для усовершенствования диагностики бактериальных кишечных инфекций в животноводстве необходимо оптимизировать пробоподготовку фекалий, в которых содержатся различные ингибирующие вещества.

Цель — разработать эффективную универсальную методику пробоподготовки образцов фекалий травоядных.

Материалы и методы. Применялось моделирование искусственно инфицированных образцов фекалий от 29 животных путём подготовки нескольких реплик 10% суспензии с добавлением вакцинного штамма *Mycobacterium bovis* BCG. Образцы подвергались воздействию различных физических или химических факторов для определения их наилучшего сочетания по элиминации

ингибирующих ПЦР веществ. Разработанная методика пробоподготовки сравнивалась с действующей в ветеринарных тест-системах ЦНИИ Эпидемиологии при помощи количественной ПЦР, учитывающей также концентрацию ДНК экзогенного внутреннего контрольного образца (ВКО).

Результаты. Действующая пробоподготовка с преципитационным методом экстракции ДНК давала 34,5% ложноотрицательных результатов, а в сочетании с сорбционным методом — 13,8%. Новая методика позволила достичь отсутствия ложноотрицательных результатов и увеличения выхода ДНК до уровня контрольных значений. Сравнение эффективности методик показало статистически значимое различие — в случае преципитационного метода $\chi^2 = 34,58$, $p < 0,0001$ (при оценке ДНК микобактерий и ДНК ВКО), а в случае сорбционного метода $\chi^2 = 12,62$, $p = 0,0004$ (ДНК микобактерий) и $\chi^2 = 6,13$, $p = 0,0133$ (ДНК ВКО).

Выводы. Разработанная методика пробоподготовки фекалий на основе сочетания различных процедур позволила адаптировать её под возможности практической ветеринарной лаборатории.

ЗНАЧЕНИЕ ДИСПАНСЕРНОГО НАБЛЮДЕНИЯ В ВЫЯВЛЕНИИ ДИСЛИПИДЕМИИ, АССОЦИИРОВАННОЙ С ПОВЫШЕННЫМ РИСКОМ СЕРДЕЧНО-СОСУДИСТЫХ СОБЫТИЙ, У ПАЦИЕНТОВ С ВИЧ-ИНФЕКЦИЕЙ

Шилов А.М.*, Покровская А.В.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

Ключевые слова: ВИЧ-инфекция, диспансерное наблюдение, дислипидемия

THE IMPORTANCE OF DISPENSARY OBSERVATION IN DETECTING DYSLIPIDEMIA ASSOCIATED WITH AN INCREASED RISK OF CARDIOVASCULAR EVENTS IN PATIENTS WITH HIV INFECTION

Shilov A.M.*, Pokrovskaya A.V.

Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia

Keywords: HIV infection, dispensary observation, dyslipidemia

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

Актуальность. Дислипидемия вносит значительный вклад в десятилетний риск сердечно-сосудистых событий среди людей, живущих с ВИЧ (ЛЖВ), высокоприверженных антиретровирусной терапии (АРТ). Диспансерное наблюдение (ДН) таких пациентов является инструментом, позволяющим

своевременно выявлять признаки нарушения липидного обмена и корректировать его.

Цель — изучение роли диспансерного наблюдения в выявлении дислипидемии, ассоциированной с повышенным риском сердечно-сосудистых событий, у ЛЖВ.

Материалы и методы. Выполнен анализ данных, полученных по результатам плановых лабораторных исследований ЛЖВ в рамках ДН в ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора с 2022 по 2023 г. Изучены материалы медицинских карт 227 пациентов, которым проведён биохимический анализ крови с липидограммой. Доля мужчин — 64,3%, женщин — 35,7%, средний возраст — $44,07 \pm 7,24$ года. Выполнена обработка частот выявления признаков дислипидемии, повышенного риска сердечно-сосудистых событий по шкалам SCORE-2 и SCORE-2-OP.

Результаты. У 78,4% обследованных выявлялись признаки дислипидемии: повышение уровня общего холестерина (38,2%), триглицеридов (21,8%), липопротеинов низкой плотности (64,9%), снижение содержания липопротеинов высокой плотности (ЛПВП) — 79,2%. Расчетный показатель не-ЛПВП (разница между ЛПВП и суммой остальных фракций) был повышен у 43,1% пациентов. При определении сердечно-сосудистого риска по шкалам SCORE-2 и SCORE-2-OP низкий/умеренный риск был выявлен у 11,1%, высокий — у 26,3%, очень высокий — у 63,7%.

Заключение. Диспансерное наблюдение ЛЖВ — важный метод выявления дислипидемии и повышенного сердечно-сосудистого риска. Настороженность в отношении сердечно-сосудистых событий требует применения оценочных шкал в рамках ДН, независимо от приверженности АРТ.

Научное издание

Проблемы эпидемиологии, терапии и лабораторной диагностики инфекционных заболеваний — 2024

Сборник тезисов Научно-практической конференции
молодых учёных и специалистов
ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора
(Москва, 29–30 мая 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 5,25 п.л. Тираж 30 экз.
Отпечатано в ООО «Сведи»
E-mail: expokadr@mail.ru
<https://svedi.org/>

