

ЭВОЛЮЦИЯ ВИРУСА SARS-COV-2 В ПРИМОРСКОМ КРАЕ В 2020-2023 гг.

А.А. Белик, Е.В. Персиянова, Н.В. Крылова, Ю.А. Белов, О.В. Иунихина, М.Ю. Щелканов

НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора, Владивосток, Россия

EVOLUTION OF SARS-COV-2 VIRUS IN THE PRIMORSKY KRAI DURING THE PERIOD FROM 2020 to 2023

A.A. Belik, E.V. Persyanova, N.V. Krylova, Yu.A. Belov, O.V. Iunichina, M.Yu. Shchelkanov.

G.P. Somov Scientific research institute of epidemiology and microbiology of the Federal service for surveillance on consumers rights protection and human wellbeing (Rospotrebnadzor), Vladivostok, Russia

Возникшее в конце 2019 г. в китайской провинции Хубэй и распространившееся затем по всем странам новое коронавирусное заболевание – COVID-19 – этиологически связанное с SARS-CoV-2 (Nidovirales: Coronaviridae, *Betacoronavirus*, подрод *Sarbecovirus*), стала первой в истории человечества документированной пандемией, вызванной коронавирусом [1-3] (хотя опасные эпидемические вспышки и эпидемии, связанные с коронавирусами, уже регистрировались в начале XXI века [4-6]). SARS-CoV-2 является природно-очаговым вирусом [7, 8], естественным резервуаром которого являются летучие мыши (Chiroptera, Microchiroptera) [9-13]. Используя панголинов в качестве промежуточных хозяев, SARS-CoV-2 преодолел межвидовой барьер [1, 14], вырвался «на эпидемический простор» и положил начало полномасштабной пандемии [1, 3, 7, 15, 16]. Хотя, на сегодняшний день, ВОЗ официально объявила о завершении пандемии [17], SARS-CoV-2 продолжает циркулировать в человеческой популяции и продолжает эволюционировать, что повышает риск возникновения новых вариантов и новых эпидемических подъёмов заболеваемости. Благодаря молекулярно-генетическому мониторингу были выявлены генетические варианты SARS-CoV-2, которые циркулировали в различных регионах РФ во время пандемии [3, 16]. Однако информация о характеристиках эпидемического процесса COVID-19 и генетическом разнообразии вариантов SARS-CoV-2 в Приморском крае остается ограниченной.

Нами было проведено полногеномное секвенирование 302 образцов назофарингеальных смывов, предоставленных Центром молекулярной диагностики НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора [18]. Секвенирование проводилось при помощи нанопоровых технологий на приборе MinION (Oxford Nanopore Technologies, Великобритания) [19]. В анализ были также включены 502 полногеномные последовательности образцов SARS-CoV-2, полученные в Приморском крае за указанный период и загруженные в базу данных VGARus другими учреждениями Роспотребнадзора и Минздрава.

Было установлено, что из 804 рассматриваемых последовательностей 7 % принадлежали к линии B.1.1; 5,5 % – к линиям B.1.1.x; 22 % – к линиям Дельта B.1.617.2.x (B.1.617.2 и AY.x); 20 % – к линии Омикрон BA.1; 8,3 % – к Омикрон BA.2; 24,2 % – к Омикрон BA.5; 13 % – к линиям Омикрон XBB.x. Анализ динамики эпидемического процесса COVID-19 на территории Приморского края в 2020-2023 гг. показал, что в целом развитие эпидемического процесса проходило аналогично, но с некоторым отставанием (приблизительно на 2 недели) по сравнению с Россией в целом.

К концу 2022 г. разнообразие субвариантов Омикрона значительно возросло, и один из них, XBB, быстро распространился по всему миру. Японскими исследователями было показано, что XBB появился в результате рекомбинации двух коциркулирующих линий BA.2: BJ.1 и BM.1.1.1 (потомок BA.2.75), летом 2022 г. [20]. В первой половине 2023 года в РФ и в Приморском крае XBB.x стал преобладающим. Первый представитель XBB в Приморском крае был зафиксирован 31.01.2023 (линия XBB.1.14). К концу марта в крае стало наблюдаться преобладание линии XBB.1.5.24 (подвид варианта XBB.1.5 «Кракен»), а к 05 мая доминирующим стал вариант XBB.1.5.24 XBB.1.9.1 «Гиперион» (45 %).

К концу апреля – началу мая 2023 года закономерности распределения основных генетических линий SARS-CoV-2 в крае оставался близким к таковому в РФ. Высокий удельный вес линий XBB.1.5.24 (9 % в ПК и 6 % в РФ) и XBB.1.9.1 (45 % в ПК и 51 % в РФ) резко контрастировал с сопредельными странами. Однако в крае также наблюдалась повышенная по сравнению с остальной Россией доля вариантов XBB.1.9.2 (5 %) и XBB.1.16 «Арктур» (3 %). В то же время доля варианта XBB.1.9.2 была наиболее велика в Южной Корее (7 %), а варианта XBB.1.16 – в Японии (12 %). Эти данные позволяют предполагать некоторое участие сопредельных стран АТР в формировании генетического ландшафта SARS-CoV-2 в Приморье на заключительном этапе пандемии.

Филогенетический анализ изолятов, относящихся к слабо представленной в России, но характерной для Южной Кореи линии Омикрон BN.x, показал, что из трех обнаруженных на территории края представителей данной линии один имел значительно большее сходство с образцами из Южной Кореи, чем с образцами из других регионов России. Данный факт также может свидетельствовать о различных путях проникновения вируса в регион.

Литература

1. Щелканов МЮ, Колобухина ЛВ, Бургасова ОА и др. COVID-19: этиология, клиника, лечение. Инфекция и иммунитет. 2020;10(3):421-445.
2. Никифоров ВВ, Колобухина ЛВ, Сметанина СВ и др. Новая коронавирусная инфекция (COVID-19): этиология, эпидемиология, клиника, диагностика, лечение и профилактика. М.: Департамент здравоохранения города Москвы, 2020. 71 с.
3. Щелканов МЮ. Этиология COVID-19. В кн.: COVID-19: от этиологии до вакцинопрофилактики. Руководство для врачей. М.: ГЭОТАР-Медиа, 2023. 11-53.
4. Щелканов МЮ, Колобухина ЛВ, Львов ДК. Коронавирусы человека (Nidovirales, Coronaviridae): возросший уровень эпидемической опасности. Лечащий врач. 2013;10:49-54.
5. Щелканов МЮ, Ананьев ВЮ, Кузнецов ВВ, Шуматов ВБ. Ближневосточный респираторный синдром: когда вспыхнет тлеющий очаг? Тихоокеанский медицинский журнал. 2015;(2):94-98.
6. Щелканов МЮ, Ананьев ВЮ, Кузнецов ВВ, Шуматов ВБ. Эпидемическая вспышка Ближневосточного респираторного синдрома в Республике Корея (май-июль 2015 г.): причины, динамика, выводы. Тихоокеанский медицинский журнал. 2015;(3):25-29.
7. Щелканов МЮ, Аристова ВА, Чумаков ВМ, Львов ДК. Историография термина «природный очаг». В сб.: Новые и возвращающиеся инфекции в системе биобезопасности Российской Федерации. М.: Изд-во Первого МГМУ им. И.М. Сеченова, 2014. 21-32.
8. Щелканов МЮ, Леонова ГН, Галкина ИВ, Андрюков БГ. У истоков концепции природной очаговости. Здоровье населения и среда обитания. 2021;(5):16-25.
9. Щелканов МЮ, Дунаева МН, Москвина ТВ и др. Каталог вирусов рукокрылых (2020). Юг России: экология, развитие. 2020;15(3):6-30.
10. Щелканов МЮ, Табакаева ТВ, Щелканов ЕМ и др. Насекомые-эктопаразиты рукокрылых. Владивосток: Изд-во ДВФУ, 2022. 242 с.
11. Щелканов МЮ, Табакаева ТВ, Щелканов ЕМ и др. Паукообразные-эктопаразиты рукокрылых. Владивосток: Изд-во ДВФУ, 2022. 126 с.
12. Щелканов ЕМ, Уколов СС, Дунаева МН и др. Эхолокация рукокрылых (Chiroptera Blumenbach, 1779) как элемент их экологической пластичности. Юг России: экология, развитие. 2020;15(4):6-20.
13. Щелканов МЮ, Щелканов ЕМ, Уколов СС и др. Биоэхолокация. Владивосток: Изд-во ДВФУ, 2021. 250 с.
14. Щелканов МЮ, Попова АЮ, Дедков ВГ и др. История изучения и современная классификация коронавирусов (Nidovirales: Coronaviridae). Инфекция и иммунитет. 2020;10(2):221-246.
15. Щеглов БО, Семейкина ЛМ, Щелканов ЕМ и др. Программа для прогнозирования эпидемической динамики COVID-19. Свидетельство о государственной регистрации программы для ЭВМ в Российской Федерации № 2022611150. Дата государственной регистрации: 20.01.2022.
16. Акимкин ВГ, Попова АЮ, Хафизов КФ и др. COVID-19: эволюция пандемии в России. Сообщение II: динамика циркуляции геновариантов вируса SARS-CoV-2. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2022;99(4):382-396.
17. World Health Organization. Statement on the fifteenth meeting of the International Health Regulations Emergency Committee regarding the coronavirus disease (COVID-19) pandemic (05 May 2023). URL: <https://www.who.int/news/item/05-05-2023-statement-on-the-fifteenth-meeting-of-the-international-health-regulations-%282005%29-emergency-committee-regarding-the-coronavirus-disease-%28covid-19%29-pandemic>
18. Запорожец ТС, Беседнова НН, Калинин АВ и др. 80 лет на страже биологической безопасности у восточных рубежей России. Здоровье населения и среда обитания. 2021;(5):5-15.
19. Freed NE, Volkova M, Faisal MB, et al. Rapid and inexpensive whole-genome sequencing of SARS-CoV-2 using 1200 bp tiled amplicons and Oxford Nanopore Rapid Barcoding. Biology Methods and Protocols. 2020;5(1):bpaa014.
20. Tamura T, Ito J, Uriu K, et al. Virological characteristics of the SARS-CoV-2 XBB variant derived from recombination of two Omicron subvariants. Nature Communications. 2023;14(1):2800.