

В.Г. Акимкин¹, Т.А. Семенов², С.В. Углева¹,
Д.В. Дубоделов¹, С.Н. Кузин¹, С.Б. Яцышина¹,
К.Ф. Хафизов¹, В.В. Петров¹, А.С. Черкашина¹, Г.А. Гасанов¹, С.Х. Сванадзе¹



¹Центральный НИИ эпидемиологии, Москва, Российская Федерация

²Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии
имени почетного академика Н.Ф. Гамалеи, Москва, Российская Федерация

COVID-19 в России: эпидемиология и молекулярно-генетический мониторинг

Обоснование. Пандемия COVID-19 выявила проблемы здравоохранения, но в то же время стала мощным импульсом для развития новых научных исследований в области эпидемиологии, клиники инфекционных болезней, диагностики, биоинформатики и цифровых методов. На базе ФБУН «ЦНИИ эпидемиологии» Роспотребнадзора (ЦНИИ эпидемиологии) разработаны новые уникальные тест-системы для обнаружения РНК SARS-CoV-2 на основе ПЦР в режиме реального времени с использованием технологии петлевой изотермической амплификации (ИТ), которая позволяет исследовать образцы быстрее в 3–4 раза, чем разработанные ранее методы. В ЦНИИ эпидемиологии разработана и введена в действие российская платформа агрегации информации о геномах вирусов — VGARus, которая содержит информацию о нуклеотидных последовательностях вирусов SARS-CoV-2 и их мутациях, а также создана интеграционная платформа SOLAR для быстрой передачи результатов ПЦР-исследований всем заинтересованным гражданам Российской Федерации. **Цель исследования** — изучение проявлений эпидемического процесса COVID-19 и распространенности геновариантов вируса SARS-CoV-2 на территории Российской Федерации. **Методы.** Проведен ретроспективный эпидемиологический анализ заболеваемости COVID-19 с 30 марта 2020 по 17 мая 2022 г. на территории Российской Федерации. Использована база данных, сформированная на основе материалов формы отчета Роспотребнадзора № 970 «Информация о случаях инфекционных заболеваний у лиц с подозрением на новую коронавирусную инфекцию», использованы данные ВОЗ, отечественного информационного портала Стопкоронавирус.рф и сервиса визуализации и анализа данных Yandex DataLens, информация по геновариантам SARS-CoV-2 базы данных VGARus. **Результаты.** При анализе проявлений эпидемического процесса COVID-19 на территории Российской Федерации за 2020–2022 гг. выделены два этапа. Первый характеризовался быстрым распространением вируса SARS-CoV-2 из мегаполисов в другие субъекты РФ и применением мер неспецифической профилактики. Начало второго этапа было обусловлено эволюцией вируса SARS-CoV-2 и изменением его биологических свойств, с последующей сменой преобладающих геновариантов на территории России. **Заключение.** В результате исследования установлено, что с каждым последующим ростом заболеваемости COVID-19 происходило снижение тяжести течения и доли пневмоний в структуре клинических форм заболевания.

Ключевые слова: COVID-19, эпидемический процесс, SARS-CoV-2, секвенирование, база данных VGARus, тест-системы

Для цитирования: Акимкин В.Г., Семенов Т.А., Углева С.В., Дубоделов Д.В., Кузин С.Н., Яцышина С.Б., Хафизов К.Ф., Петров В.В., Черкашина А.С., Гасанов Г.А., Сванадзе С.Х. COVID-19 в России: эпидемиология и молекулярно-генетический мониторинг. Вестник РАМН. 2022;77(4):254–260. doi: <https://doi.org/10.15690/vramn2121>

Обоснование

Пандемия новой коронавирусной инфекции (COVID-19), захватившая все страны мира и длившаяся в течение двух лет, выявила все проблемы здравоохранения и в то же время стала мощным катализатором научного прогресса во многих областях медицинской и биологической науки. Эпидемия COVID-19 в Российской Федерации (РФ) заставила усилить санитарно-эпидемиологическую службу, ее лабораторную базу, развернуть новые научные исследования, усовершенствовать молекулярно-генетический мониторинг и эпидемиологический анализ ситуации, внедрить новые подходы к организации профилактической и противоэпидемической работы [1–9].

Цель исследования — изучение проявлений эпидемического процесса COVID-19 и распространенности геновариантов вируса SARS-CoV-2 на территории РФ.

Методы

Проведен ретроспективный эпидемиологический анализ заболеваемости COVID-19 за период с 30 марта 2020 по 17 мая 2022 г. на территории РФ. Данные о динамике заболевания COVID-19 взяты с отечественного информационного портала Стопкоронавирус.рф и сервиса визуализации и анализа данных Yandex DataLens.

Информация о пациентах (возраст, пол, форма заболевания, дата заболевания) извлечена из базы данных, сформированной на основе информации из формы отчета Роспотребнадзора № 970 «Информация о случаях инфекционных заболеваний у лиц с подозрением на новую коронавирусную инфекцию» (за период с 30 марта 2020 по 1 мая 2022 г. в связи с отменой данной формы). Для анализа геновариантов SARS-CoV-2 на различных этапах пандемии использованы данные о секвенировании, представленные на платформе агрегации информации о геномах вирусов VGARus.

Для статистической обработки использованы стандартные методы описательной статистики Microsoft Excel и Statistica 12.0 (StatSoft), 95%-й доверительный интервал (ДИ) рассчитывали по методу Клоппера–Пирсона (точный метод).

Результаты

Изучение проявлений эпидемического процесса COVID-19 за 2020–2022 гг. позволило выделить два этапа развития эпидемиологической ситуации на территории РФ, каждый из которых имеет свои особенности. Для первого этапа (март–январь 2021 г.) характерно

быстрое распространение вируса SARS-CoV-2 в период «завоза» возбудителя (2–30 марта 2020 г.) из мегаполисов за счет социальной активности населения, пересечения внутренних и международных транспортных потоков с последующим постепенным вовлечением в эпидемический процесс населения других регионов РФ с запада на восток. Первый этап характеризовался гетерогенностью взаимодействующих популяций возбудителя и человека и был связан с введением режимно-ограничительных мероприятий по всей стране, основанных на неспецифической профилактике. На первом этапе эпидемии COVID-19 на территории РФ были зафиксированы два подъема уровня заболеваемости населения, регулируемые социальными и природными факторами.

1. Начало второго этапа (январь 2021 г. — по настоящее время) было обусловлено изменением биологических свойств вируса SARS-CoV-2 с последующей сменой преобладающих геновариантов (Alpha, Delta и Omicron) и введением массовой вакцинопрофилактики против новой коронавирусной инфекции. На втором этапе подъема заболеваемости COVID-19 (третий, четвертый и пятый) происходили на фоне массовой вакцинации и связаны с эволюцией вируса и становлением его эпидемического варианта (фазовое развитие эпидемического процесса в соответствии с теорией саморегуляции академика В.Д. Белякова) [10, 11].

2. За весь период наблюдения (с 30 марта 2020 по 17 мая 2022 г.) на территории РФ всего зарегистрировано 18 268 958 случаев заболевания, из них 377 869 (2,06%) закончилось летальным исходом. Среднее значение уровня заболеваемости COVID-19 в РФ за 2021–2022 гг. состави-

ло 112,5 на 100 тыс. населения. Максимальное значение показателя заболеваемости, зафиксированное в пятый период подъема уровня заболеваемости (с 10 января 2021 по 27 февраля 2022 г.), составило 905,37 на 100 тыс. населения (рис. 1).

При сравнительной оценке эпидемического процесса на различных территориях РФ установлено, что начало эпидемического роста в мегаполисах происходило раньше, чем в других регионах. Например, в г. Москве начало роста заболеваемости было зарегистрировано на 14-й нед 2020 г. (30 марта — 5 апреля) с пиком заболеваемости на 19-й нед 2020 г. (4–10 мая) — 325,04 на 100 тыс. населения, а в остальных субъектах РФ — на 17-й нед 2020 г. (20–26 апреля) с максимальным уровнем заболеваемости на 24-й нед 2020 г. (8–14 июня) — 37,75 на 100 тыс. населения. Эта тенденция сохранялась на протяжении последующих четырех подъемов заболеваемости COVID-19 в РФ.

Проведенный эпидемиологический анализ данных за 2020–2022 гг. позволил установить в гендерно-возрастной структуре заболевших COVID-19 доминирование женщин и мужчин в возрасте 50–64 лет (24,2 и 21,8% соответственно) и 65+ лет (20,8 и 15,7% соответственно). Важно заметить, что в общей структуре заболевших отмечается увеличение доли детей в возрасте от 0 до 17 лет — от 10% в 2020 г. до 18% в 2022-м [9].

При анализе клинических проявлений заболеваемости COVID-19 на территории РФ на протяжении пяти периодов роста заболеваемости COVID-19 выявлено, что удельный вес тяжелых случаев снижался, составив в общей структуре клинических форм течения болез-

V.G. Akimkin¹, T.A. Semenenko², S.V. Ugleva¹, D.V. Dubodelov¹, S.N. Kuzin¹, S.B. Yacyshina¹,
K.F. Khafizov¹, V.V. Petrov¹, A.S. Cherkashina¹, G.A. Gasanov¹, S.Kh. Svanadze¹

¹ Central Research Institute of Epidemiology, Moscow, Russian Federation

² National Research Center of Epidemiology and Microbiology named after Honorary Academician N.F. Gamaleya, Moscow, Russian Federation

COVID-19 in Russia: Epidemiology and Molecular Genetic Monitoring

Background. The COVID-19 pandemic has exposed health problems, but at the same time has become a powerful impetus for the development of new scientific research in the field of epidemiology, clinic of infectious diseases, diagnostics, bioinformatics and digital methods. On the basis of the Central Research Institute of Epidemiology of Rospotrebnadzor, new unique test systems for the detection of SARS-CoV-2 RNA based on real-time PCR based on loop isothermal amplification (IT) technology have been developed, which allows you to examine samples 3–4 times faster than those developed previously. The Central Research Institute of Epidemiology of Rospotrebnadzor has developed and put into operation the Russian Platform for Aggregation of Information on Virus Genomes (VGARus). The VGARus database contains information about the nucleotide sequences of the SARS-CoV-2 viruses and their mutations, and the SOLAR Integration Platform has been created to quickly transfer the results of PCR studies to all interested citizens of the Russian Federation. **Aims** — to study the manifestations of the epidemic process of COVID-19 and the prevalence of genovariants of the SARS-CoV-2 virus in the Russian Federation. **Methods.** A retrospective epidemiological analysis of the incidence of COVID-19 was carried out from March 30, 2020 to May 17, 2022 in the Russian Federation. The database was formed on the basis of the materials of the Rospotrebnadzor report form No. 970 “Information on cases of infectious diseases in persons with suspected new coronavirus infection”, data from the WHO, the domestic information portal Stopkoronavirus.rf and the Yandex DataLens data visualization and analysis service were used, information on SARS-CoV-2 genovariants in the VGARus database. **Results.** When analyzing the manifestations of the COVID-19 epidemic process in the Russian Federation for 2020–2022. Two stages have been identified. The first stage was characterized by the rapid spread of the SARS-CoV-2 virus from megacities to other regions of the country and the use of non-specific prevention measures. The beginning of the second was due to the evolution of the SARS-CoV-2 virus and a change in its biological properties, followed by a change in the prevailing genovariants on the territory of the Russian Federation. **Conclusion.** As a result of the study, it was found that with each subsequent increase in the incidence of COVID-19, there was a decrease in the severity of the course and the proportion of pneumonia in the structure of the clinical forms of the disease.

Keywords: COVID-19, epidemic process, SARS-CoV-2, sequencing, VGARus database, test systems

For citation: Akimkin VG, Semenenko TA, Ugleva SV, Dubodelov DV, Kuzin SN, Yacyshina SB, Khafizov KF, Petrov VV, Cherkashina AS, Gasanov GA, Svanadze SKh. COVID-19 in Russia: Epidemiology and Molecular Genetic Monitoring. *Annals of the Russian Academy of Medical Sciences.* 2022;77(4):254–260. doi: <https://doi.org/10.15690/vramn2121>

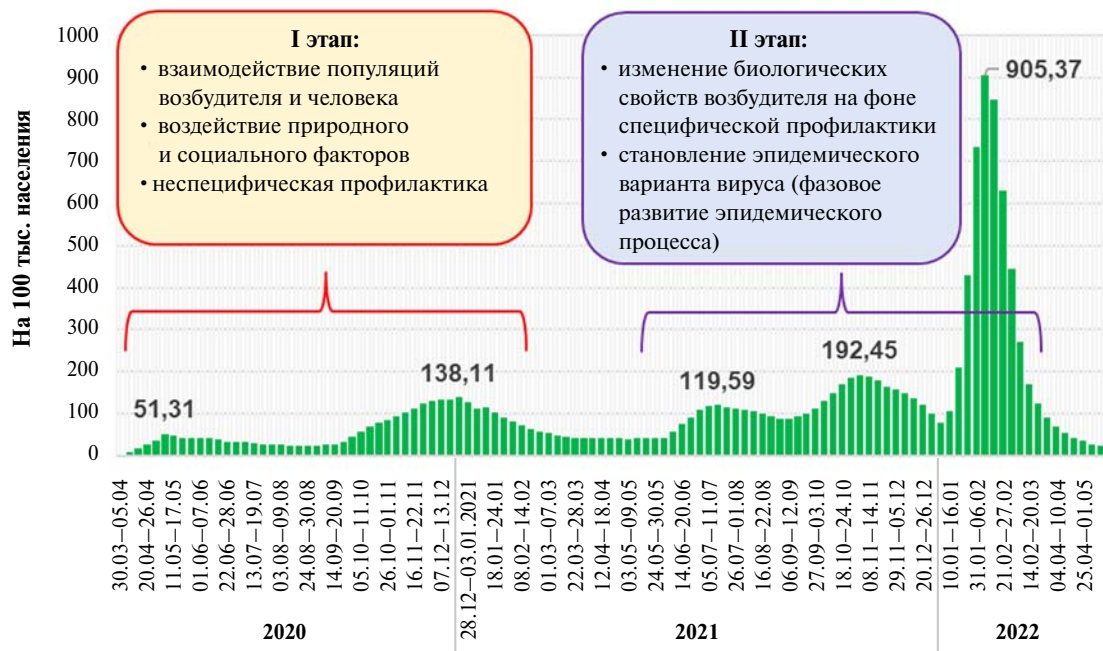


Рис. 1. Динамика заболеваемости COVID-19 в Российской Федерации, 2020–2022 гг., на 100 тыс. населения

256

ни, %: в первый период 4,5; во второй — 3,1; в третий — 2,6; в четвертый — 2,2; в пятый период — 0,4. При анализе клинических форм COVID-19 на территории РФ по периодам подъема заболеваемости установлено, что на протяжении четырех периодов роста преобладал диагноз пневмонии — в $83,7 \pm 5,8\%$ случаев, диагноз ОРВИ встречался в $16,3 \pm 6,1\%$ случаев, а в пятый период подъема заболеваемости произошло смещение в структуре клинических форм: ОРВИ — 71,0%, пневмонии — 29%. Можно предположить, что данная тенденция связана с совершенствованием тактики лечения и диагностики больных коронавирусной инфекцией, а также с ослаблением патогенных свойств вируса.

Поскольку лечение COVID-19 в основном симптоматическое, а программа массовой вакцинации в мире далека от завершения, оперативное обнаружение SARS-CoV-2 — один из ключевых факторов в борьбе с пандемией. Поэтому возникает острая необходимость в чувствительных и недорогих методах диагностики COVID-19 для массового скрининга.

В связи с этим специалистами ФБУН «Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии» Роспотребнадзора (ЦНИИ эпидемиологии) были разработаны следующие тест-системы.

1. Создана тест-система на основе ПЦР для выявления РНК SARS-CoV-2 «АмплиСенс® Cov-Bat-FL» (№ РЗН 2014/1987 от 07.04.2020), которая обладает достаточно высокими показателями чувствительности и специфичности. С помощью данной тест-системы можно проводить диагностику на SARS, MERS, SARS-CoV-2.

2. Разработан и зарегистрирован новый набор реагентов «АмплиСенс® COVID-19-FL» (№ РЗН 2021/14026 от 09.04.2021) с возможностью количественного определения концентрации РНК вируса в исследуемых образцах. Особенность технологии — совмещение этапа обратной транскрипции (ОТ) с ПЦР с детекцией в режиме реального времени, обеспечивающее большую информативность в условиях клинической практики и более высокую чувствительность обнаружения РНК SARS-CoV-2. Набор «АмплиСенс® COVID-19-FL» не имеет аналогов в мире.

3. Разработано и налажено производство набора реагентов для выявления РНК коронавируса SARS-CoV-2 методом ОТ-ИТ «АмплиСенс® SARS-CoV-2-ИТ» (№ РЗН 2021/13357 от 03.02.2021). Прогрессивная технология петлевой изотермической амплификации (ИТ) позволяет исследовать образцы быстрее, чем в ПЦР. Однако ни в РФ, ни в мире ИТ, совмещенная с этапом обратной транскрипции (ОТ-ИТ), ранее в диагностических целях широко не использовалась. Этот метод сопоставим по стоимости с ПЦР и существенно увеличивает возможности диагностических лабораторий за счет сокращения в 3–4 раза времени постановок реакций амплификации. Один из ключевых компонентов в наборе реагентов для создания тест-систем на основе метода ИТ нуклеиновых кислот является Bst-полимераза, поэтому важнейшей задачей было получение фермента отечественного производства, не уступающего по качеству зарубежным аналогам. Менее чем за 4 мес (2020–2021 гг.) в ЦНИИ эпидемиологии было налажено серийное промышленное производство этого фермента. Отечественная технология производства Bst-полимеразы позволяет получать фермент, обладающий межсерийной воспроизводимостью качественных и количественных характеристик. Создание на базе ЦНИИ эпидемиологии отечественной ферментной базы обеспечило полное импортозамещение и независимость от поставок ферментов для разработки и производства диагностических тест-систем из-за рубежа, что исключительно важно для сохранения биологической безопасности РФ. Крайне значимо и то, что разработка набора реагентов «АмплиСенс® SARS-CoV-2-ИТ» заложила фундамент нового научно-практического направления — создание и производство наборов реагентов на основе метода ИТ.

4. Разработана NGS-панель для выявления самых значимых мутаций в гене S-белка («АмплиСенс® SARS-CoV-2-N501Y-ИТ» по ТУ 21.20.23-416-01897593-2021 от 21.07.2021). Это достаточно быстрый, эффективный и дешевый способ секвенирования. В начале 2021 г. после появления штамма Alpha вируса SARS-CoV-2 Управление по санитарному надзору за качеством пищевых продуктов

и медикаментов США предупредило, что новый вариант SARS-CoV-2 способен «уходить» от детекции рядом тест-систем. На тот момент были известны геноварианты Alpha, Британский (B.1.1.7), Beta, Южноафриканский (B.1.351), Бразильский (P.1) и другие эпидемиологически значимые штаммы вируса N501Y, все они выявляются данной панелью.

5. Разработан и зарегистрирован набор реагентов AmpliSens® SC2-IT. Набор предназначен для качественного определения РНК SARS-CoV-2 в биологическом материале (мазках со слизистой оболочки носо- и ротоглотки) методом обратной транскрипции и изотермической амплификации (ОТ-ИТ) с флуоресцентной детекцией продуктов амплификации. Набор реагентов используется для комплексной лабораторной диагностики COVID-19.

Важная задача для осуществления эпидемиологического надзора — оценка динамики циркулирующих известных и новых геновариантов SARS-CoV-2 на территории РФ. В соответствии с постановлением Правительства РФ от 23.03.2021 № 448 «Об утверждении Временного порядка предоставления данных расшифровки генома возбудителя новой коронавирусной инфекции (COVID-19)» в ЦНИИ эпидемиологии разработана и введена в действие российская платформа агрегации информации о геномах вирусов VGARus, которая содержит информацию о нуклеотидных последовательностях вируса SARS-CoV-2 и их мутациях, распространенных в тех или иных регионах РФ, и может быть использована для хранения, систематизации и выборки данных для выявления мутаций, определения штаммов вирусов и проведения оперативного мониторинга мутационной изменчивости вируса SARS-CoV-2. Молекулярно-генетические исследования выступают основой для принятия управленческих решений в области проведения профилактических и противоэпидемических мероприятий по предотвращению дальнейшего распространения SARS-CoV-2 и формируют платформу для создания новых вакцинных препаратов [12–14].

Молекулярно-генетический мониторинг мутационной изменчивости коронавирусов, выявленных на терри-

тории РФ, осуществляется с декабря 2020 г. при обнаружении первого случая «завоза» (28 декабря) геноварианта Alpha (B.1.1.7).

Всего в национальной базе данных VGARus зарегистрировано 133 925 геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 (данные на 17 мая 2022 г.), полученных в результате полногеномного и фрагментного секвенирования, из них 67 209 (50,2%) полногеномных, 66 209 (49,8%) фрагментных сиквентов. Среди загруженных полногеномных последовательностей 112 344 (86,2%) относится по классификации ВОЗ (согласно пересмотру от 11 апреля 2022 г.) к вариантам VOCs и VOIs, из них: к варианту Alpha — 746 (1,1%) последовательностей; Beta — 54 (0,1%); Gamma — 28 (< 0,1%); Delta — 33 707 (50,2%); к варианту Omicron — 23 237 (34,6%). 9437 (14,2%) загруженных последовательностей не относится к вариантам VOCs и VOIs.

Геновариант Alpha был распространен на территории РФ зимой 2021 г. Геноварианты Beta и Gamma также встречались в начале 2021 г., однако заметного распространения не получили. Геновариант Delta распространился на территории страны во второй половине апреля 2021 г. и превалировал до января 2022 г. Геновариант Omicron обнаружен в стране в декабре 2021 г. и с января 2022 г. является доминирующим на территории РФ. Динамика циркуляции геновариантов вируса SARS-CoV-2 представлена на рис. 2.

В результате полногеномного секвенирования за период с 30 марта 2020 по 17 мая 2022 г. на платформу VGARus загружено 67 209 идентифицированных образцов, из них: 722 (1,07%) образцов классифицированы как геновариант B.1.1.523; 1330 (1,98%) — как B.1.1.317; 3907 (5,81%) — как B.1.1; 746 (1,11%) — как Alpha (B.1.1.7); 3560 (5,30%) — как другие геноварианты; 23 237 (34,57%) — Omicron (B.1.1.529 + BA*); 33707 (50,15%) образцов — Delta (B.1.617.2 + AY*) (рис. 3).

Генетический вариант Delta (B.1.617.2 + AY*) с мая по декабрь 2021 г. превалировал на территории РФ — его доля среди всех выявленных вариантов составляла до 100%. Доминирующим во все месяцы наблюдения

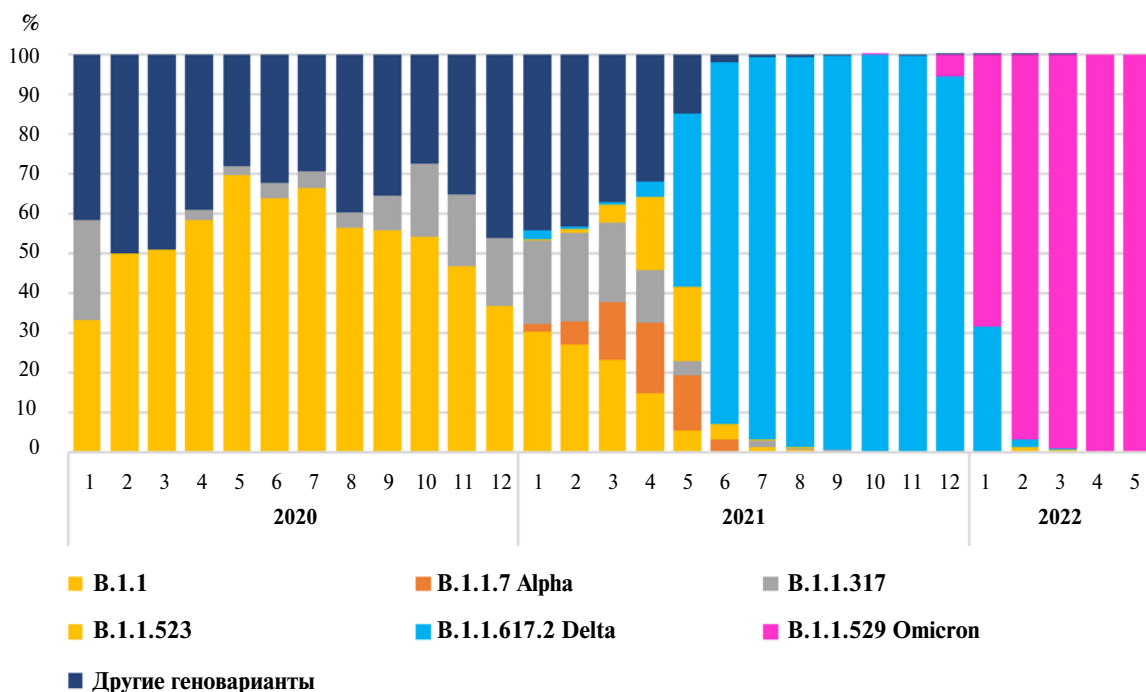


Рис. 2. Динамика геновариантов SARS-CoV-2 на территории Российской Федерации, 2020–2022 гг.

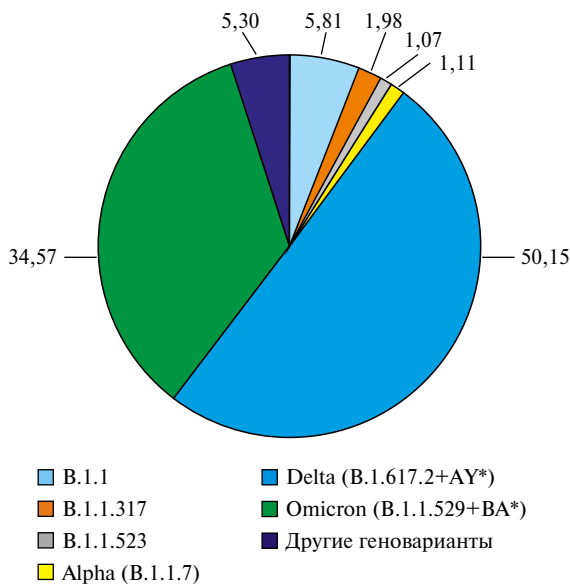


Рис. 3. Структура геновариантов в образцах биоматериала на территории Российской Федерации, по данным платформы VGARus, дата забора — с 28 декабря 2020 по 17 мая 2022 г., %

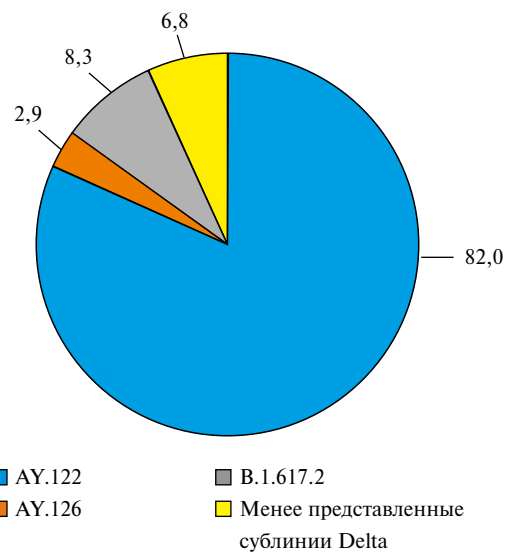


Рис. 4. Структура субвариантов линии Delta (B.1.617.2 + AY*), выделенных в Российской Федерации, по данным платформы VGARus, %

258

с момента начала регистрации геноварианта Delta являлся вариант, которому с 26 ноября 2021 г. классификатор Pangolin присвоил название AY.122 (82,0%).

Помимо AY.122 наиболее часто встречались такие субварианты Delta, как «материнский» B.1.617.2 (8,3%), AY.126 (2,9%) и др. Прочие субварианты представлены единичными образцами и составляли суммарно 6,8% от всех последовательностей Delta. Всего на территории РФ выделено 117 (без «материнской» линии) сублиний геноварианта Delta (рис. 4).

Вариант Omicron начал стремительное распространение с декабря 2021 г., и в настоящее время он полностью доминирует на территории РФ (100% всех исследованных образцов).

Анализ данных национальной базы VGARus позволил выявить диссоциацию генетической линии Omicron на территории РФ с наибольшей частотой циркуляции субвариантов BA.1 (13,1%), BA.1.1 (51,1%), BA.1.1.15 (4,8%), BA.1.1.17.2 (4,8%), BA.2 (17,2%). Субвариант BA.3 не получил столь значимого распространения, на сегодняшний день составляя 0,8% в общей структуре популяции Omicron. На долю других менее значимых субвариантов генетической линии Omicron приходится 8,2%. Следует отметить, что в структуре линии Omicron (B.1.1.529 + BA*) с 1 марта 2022 г. начал преобладать субвариант BA.2, что по времени совпало со снижением уровня заболеваемости COVID-19. В общей структуре на сегодняшний день он занимает свыше 80% (рис. 5).

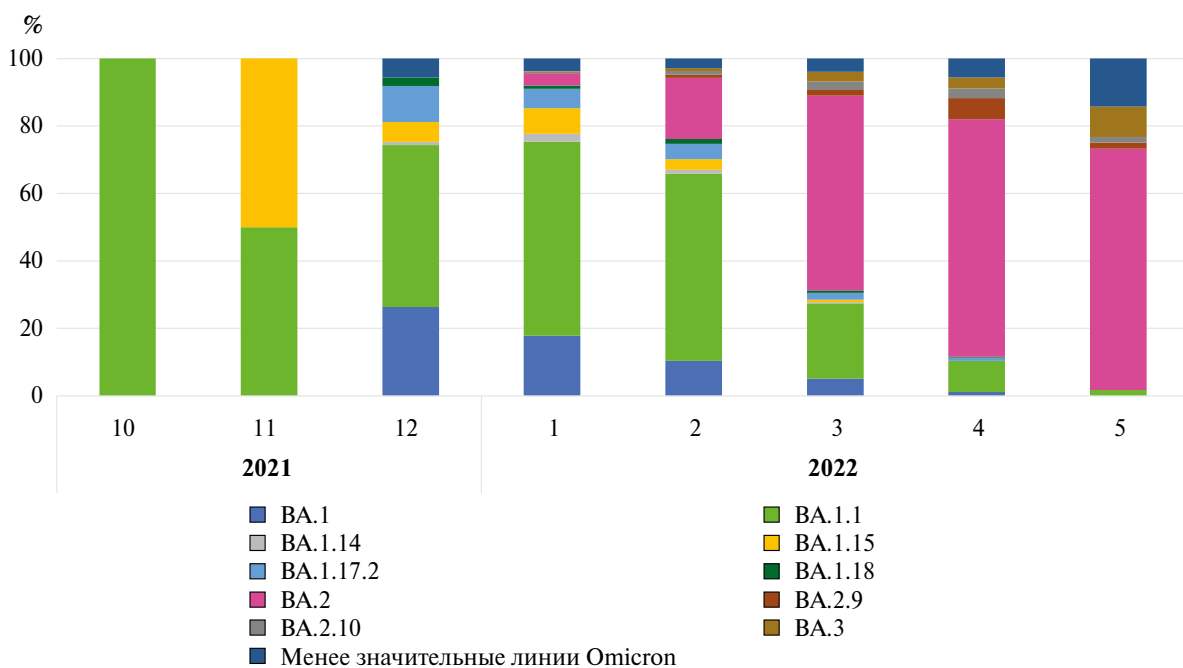


Рис. 5. Динамика субвариантов линии Omicron (B.1.1.529 + BA*), выделенных в Российской Федерации, по данным национальной базы VGARus, %

Еще одна особенность реагирования на пандемию COVID-19 — широкое использование цифровых методов для выявления контактных лиц, передачи и контроля тестирования граждан, формирования кодов здоровья и QR-кодов вакцинации. Специалистами ЦНИИ эпидемиологии в рамках постановления Правительства РФ от 27.03.2021 № 452, распоряжения Правительства РФ от 16.03.2020 № 635-р (в ред. от 10.12.2021) создана интеграционная платформа SOLAR для быстрой передачи результатов ПЦР-исследований всем заинтересованным гражданам РФ. Время передачи составляет менее 60 мин с момента выгрузки информации в базу данных. В настоящий момент к этой платформе подключено более 1 тыс. лабораторий (в том числе сетевых), 85 регионов передают данные в автоматическом режиме. Также создано приложение «Путешествую без COVID-19», в рамках которого более 6 тыс. результатов выгружается каждый месяц, 3200 точек забора биоматериала подключены к приложению, в приложение выгружено более 50 тыс. результатов.

Обсуждение

Развитие коронавирусной инфекции COVID-19 в очередной раз подтвердило правильность теории академика В.Д. Белякова, согласно которой основу развития эпидемического процесса составляет фазовое изменение гетерогенности биологических свойств взаимодействующих популяций возбудителя и человека, основанное на обратных отрицательных связях в процессе саморегуляции, при этом важное значение играет роль социальных и природных факторов. В соответствии с теорией саморегуляции паразитарных систем изменения связаны не только с генетической вариабельностью, но и с другими характеристиками возбудителя: при появлении новых геновариантов вирус SARS-CoV-2 стал менее патогенным для человека, но более контагиозным. Это обстоя-

тельство является важным не только для теоретической, но и для практической эпидемиологии, так как дает возможность прогнозировать возможные направления развития эпидемической ситуации.

Заключение

Пандемия COVID-19 дала огромный импульс научным исследованиям в области эпидемиологии, клиники, молекулярно-генетических методов диагностики, биоинформатики и цифровых технологий, что позволяет с большей точностью и оперативно отслеживать ситуацию на территории РФ и своевременно принимать эффективные управленческие решения.

Дополнительная информация

Источник финансирования. Поисково-аналитическая работа проведена за счет бюджетных средств организации по месту работы авторов.

Конфликт интересов. Авторы данной статьи подтвердили отсутствие конфликта интересов, о котором необходимо сообщить.

Участие авторов. В.Г. Акимкин — разработка концепции исследования; Т.А. Семененко — редактирование текста статьи; С.В. Углева — разработка концепции исследования, написание текста, редактирование статьи на этапе подготовки к публикации; Д.В. Дубоделов — подбор методик; С.Н. Кузин — разработка концепции исследования; С.Б. Яцышина — подбор методик; К.Ф. Хафизов — подбор методик; В.В. Петров — подбор методик; А.С. Черкашина — подбор методик; Г.А. Гасанов — статистическая обработка материала; С.Х. Сванадзе — статистическая обработка материала. Все авторы внесли значимый вклад и одобрили рукопись перед публикацией.

259

ЛИТЕРАТУРА

1. COVID-19: научно-практические аспекты борьбы с пандемией в Российской Федерации / под ред. д-ра мед. наук, проф. А.Ю. Поповой. — Саратов: Амрит, 2021. — 608 с. [COVID-19: nauchno-prakticheskie aspekty bor'by s pandemiej v Rossijskoj Federacii / pod red. d-ra med. nauk, prof. A.Yu. Popovoj. Saratov: Amirit; 2021. 608 s. (In Russ.)]
2. Акимкин В.Г., Кузин С.Н., Семененко Т.А., и др. Характеристика эпидемиологической ситуации по COVID-19 в Российской Федерации в 2020 г. // *Вестник РАМН*. — 2021. — Т. 76. — № 4. — С. 412–422. [Akimkin VG, Kuzin SN, Semenenko TA, et al. Characteristics of the COVID-19 Epidemiological Situation in the Russian Federation in 2020. *Annals of the Russian Academy of Medical Sciences*. 2021;76(4):412–422. (In Russ.)] doi: <https://doi.org/10.15690/vramn1505>
3. Пшеничная Н.Ю., Лизинфельд И.А., Журавлев Г.Ю., и др. Эпидемический процесс COVID-19 в Российской Федерации: промежуточные итоги. Сообщение 1 // *Инфекционные болезни*. — 2020. — Т. 18. — № 3. — С. 7–14. [Pshenichnaya NYu, Lizinfeld IA, Zhuravlev GYu, et al. Epidemic process of COVID-19 in the Russian Federation: interim results. 1th report. *Infekc. Bolezni (Infectious Diseases)*. 2020;18(3):7–14. (In Russ.)] doi: <https://doi.org/10.20953/1729-9225-2020-3-7-14>
4. Кутырев В.В., Попова А.Ю., Смоленский В.Ю., и др. Эпидемиологические особенности новой коронавирусной инфекции (COVID-19). Сообщение 1: Модели реализации профилактических и противоэпидемических мероприятий // *Проблемы особо опасных инфекций*. — 2020. — № 1. — С. 6–13. [Kutyrev VV, Popova AYU, Smolensky VYu, et al. Epidemiological Features of New Coronavirus Infection (COVID-19). Communication 1: Modes of Implementation of Preventive and Anti-Epidemic Measures. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii (Problems of Particularly Dangerous Infections)*. 2020;1:6–13. (In Russ.)] doi: <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2020-1-6-13>
5. Акимкин В.Г., Кузин С.Н., Колосовская Е.Н., и др. Характеристика эпидемиологической ситуации по COVID-19 в Санкт-Петербурге // *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. — 2021. — № 5. — С. 497–511. [Akimkin VG, Kuzin SN, Kolosovskaya EN, et al. Assessment of the COVID-19 epidemiological situation in St. Petersburg. *Journal of Microbiology, Epidemiology and Immunobiology = Zhurnal Mikrobiologii, Èpidemiologii i Immunobiologii*. 2021;98(5):497–511. (In Russ.)] doi: <https://doi.org/10.36233/0372-9311-154>
6. Задорожный А.В., Пшеничная Н.Ю., Углева С.В., и др. Сравнительный анализ заболеваемости COVID-19 среди населения Москвы и в организованных коллективах в учреждениях общественного проживания в период пандемии // *Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы*. — 2021. — № 2. — С. 36–41. [Zadoroshnyi AV, Pshenichnaya NYu, Ugleva SV, et al. Comparative analysis of the incidence of COVID-19 among the population of Moscow and

- the organized groups of dormitories during the pandemic. Epidemiology and infectious diseases. 2021;(2):36-41. (In Russ.)] doi: <https://doi.org/10.18565/epidem.2021.11.2.36-41>
7. Пшеничная Н.Ю., Лизинфельд И.А., Журавлев Г.Ю., и др. Эпидемический процесс COVID-19 в Российской Федерации: промежуточные итоги. Сообщение 2 // *Инфекционные болезни*. — 2021. — Т. 19. — № 1. — С. 10–15. [Pshenichnaya NYu, Lizinfeld IA, Zhuravlev GYu, et al. Epidemic process of COVID-19 in the Russian Federation: interim results. 2nd report. *Infekts. Bolezni (Infectious Diseases)*. 2021;19(1):10–15. (In Russ.)] doi: <https://doi.org/10.20953/1729-9225-2021-1-10-15>
 8. Акимкин В.Г., Кузин С.Н., Семенов Т.А., и др. Закономерности эпидемического распространения SARS-CoV-2 в условиях мегаполиса // *Вопросы вирусологии*. — 2020. — Т. 65. — № 4. — С. 203–211. [Akimkin VG, Kuzin SN, Semenenko TA, et al. Patterns of the SARS-CoV-2 epidemic spread in a megacity. *Problems of Virology*. 2020;65(4):203–211. (In Russ.)] doi: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-2020-65-4-203-211>
 9. Акимкин В.Г., Кузин С.Н., Семенов Т.А., и др. Гендерно-возрастная характеристика пациентов с COVID-19 на разных этапах эпидемии в Москве // *Проблемы особо опасных инфекций*. — 2020. — № 3. — С. 27–35. [Akimkin VG, Kuzin SN, Semenenko TA, et al. Gender-Age Distribution of Patients with COVID-19 at Different Stages of Epidemic in Moscow. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii (Problems of Particularly Dangerous Infections)*. 2020;3:27–35. (In Russ.)] doi: <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2020-3-27-35>
 10. Беляков В.Д. Внутренняя регуляция эпидемического процесса (ответы на замечания и вопросы, поднятые при обсуждении теории) // *Журнал микробиологии*. — 1987. — № 10. — С. 78–89. [Belyakov VD. Vnutrennyaya regulyaciya epidemicheskogo processa (otvety na zamechaniya i voprosy, podnyaty pri obsuzhdenii teorii). *Zhurnal Mikrobiologii*. 1987;10:78–89. (In Russ.)]
 11. Беляков В.Д., Голубев Д.Б., Каминский Г.Д., и др. Саморегуляция паразитарных систем. — Ленинград: Медицина, 1987. [Belyakov VD, Golubev DB, Kaminskij GD, i dr. *Samo-regulyaciya parazitarnyh sistem*. Leningrad: Medicina; 1987. (In Russ.)]
 12. Kapteleva VV, Bukharina AY, Shipulina OY, et al. Case report: change of dominant strain during dual SARS-CoV-2 infection. *BMC Infectious Diseases*. 2021;21(1):959. doi: <https://doi.org/10.1186/s12879-021-06664-w>
 13. Борисова Н.И., Котов И.А., Колесников А.А., и др. Мониторинг распространения вариантов SARS-CoV-2 (Coronaviridae: Coronavirinae: Betacoronavirus; Sarbecovirus) на территории Московского региона с помощью таргетного высокопроизводительного секвенирования // *Вопросы вирусологии*. — 2021. — Т. 66. — № 4. — С. 269–278. [Borisova NI, Kotov IA, Kolesnikov AA, et al. Monitoring the spread of the SARS-CoV-2 (Coronaviridae: Coronavirinae: Betacoronavirus; Sarbecovirus) variants in the Moscow region using targeted high-throughput sequencing. *Problems of Virology (Voprosy Virusologii)*. 2021;66(4):269–278. (In Russ.)] doi: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-72>
 14. Проект VGARus (Virus Genome Aggregator of Russia) — российской платформы агрегации информации о геномах вирусов. Available from: <https://genome.cri.ru/app/index> (accessed: 28.05.2022).

260

КОНТАКТНАЯ ИНФОРМАЦИЯ

Углева Светлана Викторовна, д.м.н., доцент [Svetlana V. Ugleva, MD, PhD, Associate Professor]; **адрес:** 11123, Москва, ул. Новогиреевская, д. 3а [address: 3a, Novogireevskaya str., 11123, Moscow, Russia]; **e-mail:** uglevas@bk.ru, **SPIN-код:** 8840-5814, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0002-1322-0155>

Акимкин Василий Геннадьевич, д.м.н., профессор, академик РАН [Vasily G. Akimkin, MD, PhD, Professor, Academician of the RAS]; **e-mail:** vgakimkin@yandex.ru, **SPIN-код:** 4038-7455, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0003-4228-9044>

Семенов Татьяна Анатольевна, д.м.н., профессор [Tatiana A. Semenenko, MD, PhD, Professor]; **e-mail:** meddy@inbox.ru, **SPIN-код:** 8375-2270, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0002-6686-9011>

Дубоделов Дмитрий Васильевич, к.м.н. [Dmitry V. Dubodelov, MD, PhD]; **e-mail:** dubodelov@cmd.su, **SPIN-код:** 4860-7909, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0003-3093-5731>

Кузин Станислав Николаевич, д.м.н., профессор [Stanislav N. Kuzin, MD, PhD, Professor]; **e-mail:** kuzin@cmd.su, **SPIN-код:** 1372-7623, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0002-0616-9777>

Яцьшина Светлана Борисовна, к.б.н., с.н.с. [Svetlana B. Yacyshina, PhD in Biology, Senior Research Associate]; **e-mail:** svetlana.yatsyshina@pcr.ms, **SPIN-код:** 7156-2948, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0003-4737-941X>

Хафизов Камил Фаридович, к.б.н. [Kamil F. Khafizov, PhD in Biology]; **e-mail:** khafizov@cmd.su, **SPIN-код:** 9082-5749, **ORCID:** <http://orcid.org/0000-0001-5524-0296>

Петров Вадим Викторович [Vadim V. Petrov]; **e-mail:** petrov@pcr.ms, **SPIN-код:** 9852-8292, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0002-3503-2366>

Черкашина Анна Сергеевна, к.х.н. [Anna S. Cherkashina, PhD in Chemistry]; **e-mail:** cherkashina@pcr.ms, **SPIN-код:** 7854-7358, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0001-7970-7495>

Гасанов Гасан Алиевич [Gasan A. Gasanov]; **e-mail:** gasanovgt500@gmail.com, **SPIN-код:** 9726-9380, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0002-0121-521X>

Сванадзе Нино Хвичиевна [Nino Kh. Svanadze]; **e-mail:** svanadze@cmd.su, **SPIN-код:** 2345-4460, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0001-7524-3080>