

уровнем в крови. Мы установили, что содержание БСЖК в РЖ снижалось при старении. Однако данный результат был получен только по стандартизованным значениям, а не абсолютным [7]. На полученный результат могли повлиять различные факторы: относительно низкое содержание БСЖК в РЖ или влияние способа стандартизации, ведь содержание общего белка значительно повышалось у людей пожилого возраста. Необходимы дополнительные исследования, в особенности, оценивающие связь между уровнем БСЖК в крови и РЖ.

Необходимо отметить, что данное исследование обладает рядом ограничений, требующих дальнейшего изучения. В частности, необходима дополнительная оценка влияния факторов, таких как диета, физическая активность и генетические особенности, на возрастные изменения уровня БСЖК. Кроме того, важно определение прогностической значимости изменений уровня БСЖК в контексте риска развития возраст– ассоциированных заболеваний и потенциального влияния на продолжительность жизни. Также целесообразно исследование взаимосвязи БСЖК с другими общепризнанными биомаркерами старения.

### **ВЫВОДЫ**

Настоящее исследование показало отсутствие связи между содержанием ХС и возрастом. Полученные результаты ставят под сомнение целесообразность использования ХС РЖ для мониторинга процессов старения. В то же время, было выявлено, что содержание БСЖК претерпевает возраст– ассоциированные изменения. Полученные данные позволяют предположить, что БСЖК может рассматриваться в качестве потенциального биомаркера старения, хотя механизмы, лежащие в основе выявленных изменений, требует дальнейшего изучения. Определение возраст– специфичных изменений БСЖК может помочь в создании персонализированных стратегий для поддержания здоровья и активного образа жизни в пожилом возрасте.

### **СПИСОК ИСТОЧНИКОВ**

1. Бельская, Л.В. Корреляционные взаимосвязи состава слюны и плазмы крови в норме/Л.В.Бельская, Е.А.Сарф, В.К.Косенок//Клиническая лабораторная диагностика. – 2018 – Т.63, №8 – С.477– 482.
2. FABP3– mediated membrane lipid saturation alters fluidity and induces ER stress in skeletal muscle with aging / Lee, SM., Lee, S.H., Jung, Y. [et al.]// Nature Communicationes. – 2020 – Vol.11, №5661
3. Saher, G. Cholesterol Metabolism in Aging and Age– Related Disorders / G. Saher // Annu. Rev. Neurosci. – 2023. – Vol. 46. – P. 59– 78.
4. Cholesterol metabolism and aging / R. A. Kreisberg, S. Kasim // The American J of Medicine. – 1987 – Vol. 82, №1 – P.54– 60
5. Trends in LDL– C and Non– HDL– C Levels with Age / P. Zhang, Q.Su, X. Ye [et al.]// Aging and Disease. – 2020 – Vol.11, №5 – P.1046– 1057
6. Circulating Levels of Heart– Type Fatty Acid– Binding Protein in a General Japanese Population: Effects of Age, Gender and Physiologic Characteristics / T. Niizeki, Y. Takeishi, N. Takabatake [et al.]// Circulation Journal. – 2007 – Vol.71, №9 – P.1452– 1457
7. Биохимические особенности ротовой жидкости при старении / М. А. Копенкин, Л. Г. Полушина, Е. А. Семенцова [и др.]// Клиническая лабораторная диагностика. – 2024. – Т. 69, № 3. – С. 108– 115.

### **Сведения об авторах**

Е. А. Семерикова\*– студент  
М. А. Копенкин – младший научный сотрудник  
В. В. Базарный – доктор медицинских наук

### **Information about the authors**

E. A. Semerikova\* – Student  
M. A. Kopenkin – Researcher  
V. V. Bazarnyi – Doctor of Sciences (Medicine)

\*Автор, ответственный за переписку (Corresponding author):  
katsemerikova@yandex.ru

УДК: 578.2

## **РЕЗУЛЬТАТЫ ГЕНОТИПИРОВАНИЯ РОТАВИРУСОВ ГРУППЫ А НА ТЕРРИТОРИИ СВЕРДЛОВСКОЙ ОБЛАСТИ В 2023– 2024 ГГ.**

Старикова Полина Константиновна, Итани Тарек Мохамедович, Семёнов Александр Владимирович  
ФБУН ФНИИВИ «Виром» Роспотребнадзора  
Екатеринбург, Россия

## Аннотация

**Введение.** Ротавирусы вызывают более 250 млн случаев заболеваний в год, являясь частой причиной детской смертности от острых кишечных инфекций. В 2014 г. в Календарь профилактических прививок была введена вакцинация против ротавирусной инфекции, что способствовало значительному снижению случаев заболевания. **Цель исследования** – охарактеризовать молекулярно– генетические особенности ротавирусов, циркулировавших на территории Свердловской области в 2023– 2024 гг. **Материал и методы.** В 2023– 2024 гг. исследованы образцы клинического материала n=254 (фекалии) от больных инфекционных отделений из г. Екатеринбург, г. Каменск– Уральский и г. Невьянск. Молекулярно– генетическое типирование ротавирусов было выполнено методом секвенирования по Сэнгеру. **Результаты.** По классификации G[P] успешно генотипировано 180 штаммов ротавируса. Превалирующим генотипом явился G3P[8] (n=129). **Выводы.** Разнообразие циркулирующих генотипов свидетельствует о важности молекулярно– генетического мониторинга, для последующих корректировок как в профилактических, так и в противоэпидемических мероприятиях в отношении данной инфекции.

**Ключевые слова:** ротавирус, ротавирусная инфекция, молекулярно– генетический мониторинг, Екатеринбург.

## GENOTYPING RESULTS OF GROUP A ROTAVIRUSES IN THE SVERDLOVSK REGION IN 2023– 2024.

Starikova Polina Konstantinovna, Itani Tarek Mohamedovich, Semenov Aleksandr Vladimirovich  
Federal Budgetary Institution of Science «Federal Scientific Research Institute of Viral Infections «Virome»», Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, Yekaterinburg, Russia

### Abstract

**Introduction.** Rotaviruses, which cause acute intestinal infections, are one of the leading causes of child mortality and morbidity. In 2014, rotavirus vaccination was included in the Calendar of preventive vaccinations in Russia, which significantly reduced the incidence of rotavirus infection. However, the molecular and genetic characteristics of circulating rotavirus strains remain poorly understood. **The aim of the study** was to characterize the molecular and genetic characteristics of rotaviruses circulating in the Sverdlovsk Region from 2023 to 2024. This will assess the epidemiological situation and the effectiveness of preventive measures. **Material and methods.** We analyzed 254 fecal samples from patients from infectious diseases departments in the cities of Yekaterinburg, Kamensk– Uralsky and Nevyansk. Molecular genetic typing was performed by Sanger sequencing. **Results.** A total of 180 rotavirus strains were successfully genotyped. The prevailing genotype was G3P[8] (n=129 cases). **Conclusions.** The results point to the diversity of circulating rotavirus genotypes, which underscores the importance of molecular genetic monitoring for assessing the effectiveness of vaccination and epidemiological surveillance, the development of targeted vaccination strategies, and the implementation of effective public health interventions.

**Keywords:** rotavirus, rotavirus infection, molecular epidemiology, Yekaterinburg.

## ВВЕДЕНИЕ

Острые кишечные инфекции (ОКИ) являются одним из наиболее распространенных заболеваний человека и занимают пятое место по частоте причин смерти среди детей в возрасте до 5 лет во всем мире [1]. Широкий спектр кишечных инфекций может вызывать диарею, однако именно ротавирусы ответственны за более чем 250 млн случаев в год и занимают третье место среди патогенов, способствующих детской смертности [1,2]. Возбудители ротавирусной инфекции распространены повсеместно, обладают высокой контагиозностью и представляют значительный социально– экономический ущерб для здравоохранения.

Высокое число случаев ротавирусной в России до 2010 г. обусловлено как объективным ростом заболеваемости, так и повышением качества лабораторной диагностики. В России вакцинация против ротавирусной инфекции была введена в Календарь профилактических прививок по эпидемическим показаниям в 2014 г., а в ряде субъектов (Москва, Краснодар, Свердловская область, Смоленск, Тюмень, Ярославль, Владивосток, Санкт– Петербург, Сахалин) – в региональные календари. Благодаря массовой иммунизации против ротавируса группы А, проведенной в рамках пилотных проектов в 2014– 2018 гг., произошло снижение заболеваемости и сокращение числа госпитализаций с диагнозом острый гастроэнтерит во всех возрастных группах, особенно среди детей [3, 4]. Таким образом, в Российской Федерации с 2012 г. разрешена к медицинскому применению живая пероральная пентавалентная ротавирусная вакцина «РотаТек» (Merck Sharp & Dohme LLC, США), включающая в себя 5 реассортантных штаммов ротавируса серотипов G1– G4 и G9, которая

долгое время оставалась доступной на российском рынке. В 2020 г. Минздравом России была одобрена новая живая пероральная пентавалентная ротавирусная вакцина под торговым названием «Рота- V- Эйд» (Serum Institute of India, Индия), состав которой идентичен «РотаТек».

По данным Государственного доклада «О состоянии санитарно–эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2023 году» заболеваемость ОКИ в 2023 г. установленной этиологии в половине случаев (44,62%) приходится на ротавирусную инфекцию. В 8 субъектах Российской Федерации показатель заболеваемости в 2023 г. превышает показатель по стране более чем в два раза, при этом Свердловская область занимает среди таких субъектов 2 место.

Ротавирус относится к семейству Sedoreoviridae, роду Rotavirus и классифицируется на 7 различных групп (от А до G) [5], где наибольшая значимость принадлежит группе А, вызывая до 90% случаев заболевания [6]. Вирус имеет трехслойный капсид, окружающий геном, состоящий из 11 сегментов двухцепочечной РНК. Компоненты внешнего капсида представлены двумя структурными белками – VP4 (Р– генотип, протеаза) и VP7 (G– генотип, гликопротеин), являющиеся основными антигенами, вызывая продукцию нейтрализующих антител в организме человека.

**Цель исследования** – охарактеризовать молекулярно– генетические особенности ротавирусов, циркулировавших на территории Свердловской области в 2023– 2024 гг.

#### **МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ**

За весь период наблюдений проанализировано n=254 образца фекального материала (в 2023 г. n=161, в 2024 г. n=93) от больных инфекционных отделений г. Екатеринбург, г. Каменск– Уральский и г. Невьянск находящиеся в Свердловской области.

Для выделения вирусной РНК из образцов биоматериала использовались наборы реагентов «РИБО– преп» (Центральный научно– исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора (ЦНИИЭ), Россия). Реакцию обратной транскрипции проводили с использованием набора «РЕВЕРТА– L» (Центральный научно– исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора (ЦНИИЭ), Россия). Амплификацию фрагмента генов ротавируса VP4 и VP7 проводили с праймерами, описанными ранее [7]. Детекцию положительных образцов проводили с помощью электрофореза в 2% агарозном геле при окрашивании бромистым этидием. Очистку целевого фрагмента из геля проводили набором реагентов «Cleanup Standard» (ЗАО Евроген, Россия), согласно инструкции производителя. Нуклеотидные последовательности участков генома ротавируса определяли методом секвенирования по Сэнгеру при помощи набора реагентов «BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit» (Applied Biosystems, США) на генетическом анализаторе «3130 DNA Analyzer» (Applied Biosystems, США) и генетическом анализаторе «LOCUS Seqtor 1616» (Helicon, Россия). Полученные генетические последовательности анализировали с применением сервиса BLAST NCBI.

#### **РЕЗУЛЬТАТЫ**

Возраст больных, у которых диагноз ротавирусная инфекция чаще всего подтверждался методом ИФА, чем ПЦР– РВ варьировался от 0 до 17 лет.

По классификации G[P] всего было успешно генотипировано n=126 образцов в 2023 г. и n=54 в 2024 г., что составило 78,2% и 58,0% от числа проб, взятых в работу.

В 2023 г. генетический состав исследованных штаммов ротавирусов выявил доминирование генотипа G3P[8] (n=95) в общей структуре, в то время как генотипы G9P[4] (n=10) и G3P[9] (n=7) встречались реже. В 2024 г. ротавирусный пейзаж не сильно изменился, так, генотип G3P[8] (n=34) остается на лидирующей позиции, за которым следовали G8P[8] (n=14) и G9P[4] (n=4). Помимо этого, обнаружен генотип G8P[8], который ранее не регистрировался на данной территории, в отличие от других субъектов Российской Федерации. В 2023 г. был выявлен редкий генотип G12P[6], который не встречался в 2024 г. в Свердловской области. Спектр G– генотипов нетипированных по [P]– генотипу в основном представлен G3 (n=13), G8 (n=1) и G9 (n=2), спектр по P– генотипу нетипированных по G–

генотипу – P[8] (n=38) и P[4] (n=2). Количество нетипированных образцов по G– генотипу и по [P]– генотипу составило n=4 (3,1%) в 2023 г. и n=14 (25,9%) в 2024 г. (Таблица 1.).

Таблица 1.

Генетическое разнообразие циркулирующих геновариантов ротавируса в 2023 г. и в (2024 г.)

	P[4]	P[8]	P[6]	P[9]	Нетипированные по [P]– генотипу	Всего
G1	0	3	0	0	0	3
G2	2	0	0	0	0	2
G3	1 (1)	95 (34)	0	7	11 (2)	138
G8	0	3 (14)	0	0	0 (1)	18
G9	10 (4)	4 (1)	0	0	1 (1)	21
G12	0	0	1	0	0	1
Нетипированные по G– генотипу	2	17 (21)	0	0	0	40
Всего	20	192	1	7	16	–

### ОБСУЖДЕНИЕ

В 2023 г. и в 2024 г. в Свердловской области доминировал генотип G3P[8]. Сопоставление ротавирусов, циркулировавших на данной территории, выявило совпадение по некоторым геновариантам с таковыми из г. Москва и г. Нижний Новгород, где преобладали штаммы G9P[8], G3P[8] и G4P[8]. В 2023 г. на территории Свердловской области не был выявлен генотип G4P[8], занимающий одну из лидирующих позиций в генотипической структуре ротавирусной популяции в других городах.

По данным Государственного доклада «О состоянии санитарно–эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2023 году» доминирование генотипа G3P[8] сохранилось, сформировавшееся в 2022 г. В том же году генотипы G9P[8] и G1P[8] занимали последующие места по частоте распространения в общей структуре.

Спектр циркулирующих генотипов показывает совпадение по штаммам входящих в состав ротавирусных вакцин, зарегистрированных в России. Таким образом, массовая вакцинация детей пентавалентной вакциной против ротавирусной инфекции позволит не только снизить заболеваемость, но может также рассматриваться как экономически эффективное вмешательство.

Результаты позволяют сделать вывод о том, что в Свердловской области наблюдается несущественные колебания циркулирующих ротавирусов. При этом отмечается своеобразие спектра выявляемых генотипов в сравнении с другими субъектами Российской Федерации. Проведение дальнейшего мониторинга позволит более точно оценить ситуацию, выявить причины особенностей разнообразия ротавирусов и разработать рекомендации для профилактики и контроля ротавирусной инфекции в Свердловской области.

### ВЫВОДЫ

Тренд многолетнего мониторинга циркулирующих генотипов свидетельствует о большом разнообразии ротавирусов в Свердловской области, что подтверждает необходимость проведения постоянного молекулярно–генетического мониторинга с целью точной оценки эпидемиологической ситуации в отношении данной инфекции. Такой подход позволит в случае необходимости внести своевременные корректировки в профилактические и противоэпидемические мероприятия, направленные на ликвидацию вспышек и распространения ротавирусной инфекции.

### СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Global, regional, and national age–sex specific mortality for 264 causes of death, 1980–2016: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2016 / Mohsen Naghavi, Amanuel Alemu Abajobir, Cristiana Abbafati [et al.] // Lancet. – 2017. – Vol. 390, № 10100. – P. 1151–1210.
2. Rotavirus Vaccination and the Global Burden of Rotavirus Diarrhea Among Children Younger Than 5 Years / Christopher Troeger, Ibrahim A. Khalil, Puja C. Rao // JAMA Pediatr. – 2018. – Vol. 172, № 10. – P. 958–965.
3. Смирнова С.С. Опыт вакцинации против ротавирусного гастроэнтерита в Свердловской области / Смирнова С.С., Голубкова А.А., Колтунов С.В. Опыт вакцинации против ротавирусного гастроэнтерита в Свердловской области // Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. – 2018; – №3. – С. 68–73.

4. Феблисова Л.В. Результаты массовой иммунизации против ротавирусной инфекции детей первого года жизни на отдельной территории Московской области / Феблисова Л.В., Шаповалова Р.Ф. // Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. – 2019 – №18(3): – С. 75– 81.
5. ICTV Virus Taxonomy Profile: Sedoreoviridae 2022 / Jelle Matthijnsens, Houssam Attoui, Krisztián Bányai [et al.] // Journal of General Virology. Microbiology Society. – 2022. – Vol. 103, № 10.
6. Real– Time RT– PCR Assay for Genotyping of Rotavirus / Mousavi– Nasab S.D., Farzaneh Sabahi, Hooman Kaghazian [et al.] // Iran Biomed. J. – 2020. – Vol. 24, № 6. – P. 399–404.
7. Sensitive and specific nested PCR assay for detection of rotavirus A in samples with a low viral load / Slavica Mijatovic– Rustempasica, Mathew D. Esonaa, Alice L. Williamsb, and Michael D. Bowena // Journal of Virological Methods. – 2016. – Vol. 236. – P. 41– 46.

### **Сведения об авторах**

Старикова П.К.\* – ординатор, аспирант, младший научный сотрудник

Итани Т.М. – кандидат биологических наук

Семёнов А.В. – доктор биологических наук, профессор

### **Information about the authors**

Starikova P.K.\* – Postgraduate student, Researcher

Itani T.M. – Candidate of Sciences (Biology)

Semenov A.V. – Doctor of Sciences (Biology), Professor

**Автор, ответственный за переписку (Corresponding author)**

starikova\_pk@niivrom.ru

УДК 614.47

## **АКТУАЛИЗАЦИЯ ПРИОРИТЕТНЫХ НАПРАВЛЕНИЙ ИССЛЕДОВАНИЙ В ОБЛАСТИ ВАКЦИНОПРОФИЛАКТИКИ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МЕТОДА БИБЛИОМЕТРИЧЕСКОГО АНАЛИЗА ТЕКСТА**

Царалунга Эрика Викторовна, Нечитайло Александр Сергеевич, Башкирова Елена Сергеевна  
Кафедра эпидемиологии, социальной гигиены и организации госсанэпидслужбы  
ФГБОУ ВО «Уральский государственный медицинский университет» Минздрава России  
Екатеринбург, Россия

### **Аннотация**

**Введение.** Вакцинация является одной из основных мер защиты населения от инфекционных заболеваний, пройдя путь от эмпирических наблюдений до высокотехнологичных решений. Несмотря на значительные успехи, современная вакцинология сталкивается с вызовами, такими как снижение доверия к вакцинам и распространение дезинформации. **Цель исследования** – провести библиометрический анализ научных публикаций для выявления основных направлений исследований в области вакцинологии. **Материал и методы.** Поиск выполнен в базе данных PubMed по ключевому слову "Vaccination" за период 1799–2024 гг., выявлено 589 694 публикации. Анализ проводился с использованием VOSviewer v1.6.20. Ключевые слова с частотой упоминания  $\geq 847$  были визуализированы (1 001 термин). Динамика исследовательской активности оценивалась с помощью полиномиальных трендов в Microsoft Excel 2016. **Результаты.** Исторический анализ показал низкую активность до середины XX века, с ростом после 1945 года благодаря развитию иммунологии и глобальным программам вакцинации. Выделено шесть ключевых кластеров: (1) Разработка и тестирование вакцин; (2) Эпидемиология и общественное здоровье; (3) Противодействие пандемиям; (4) Применение вакцины БЦЖ; (5) Профилактика зоонозов; (6) Бактериальные инфекции и антибиотикорезистентность. Интерес достиг пика во время пандемии COVID– 19, стимулируя развитие мРНК– вакцин. **Выводы.** Исследования в области вакцинации эволюционировали от фундаментальной иммунологии к комплексным подходам, включая технологические и социальные аспекты. Пандемия ускорила внедрение новых технологий, но также усилила недоверие к вакцинам. Современные методы коммуникации, такие как социальные медиа и мобильные приложения, необходимы для повышения информированности населения.

**Ключевые слова:** иммунопрофилактика, вакцинация, библиометрический анализ, публикационная активность, недоверие к вакцинам.

## **ACTUALIZATION OF PRIORITY RESEARCH AREAS IN THE FIELD OF VACCINE PROPHYLAXIS USING BIBLIOMETRIC TEXT ANALYSIS METHOD**

Tsaralunga Erika Viktorovna, Nechitaylo Alexander Sergeevich, Bashkirova Elena Sergeevna  
Department of Epidemiology, Social Hygiene and Organization of the State Sanitary and  
Epidemiological Service