

распространения микроспории. Наибольшее количество случаев заражения микроспории зарегистрировано от животных, причем в большей степени от домашних. В случаях заражения от животных заболеваемость микроспорией носит чаще спорадический характер.

ВЫВОДЫ

1. На территории г. Екатеринбурга сформирован стойкий очаг микроспории.
2. Основной группой риска по заболеваемости микроспорией в г. Екатеринбурге являются организованные дети с 3х до 6ти лет.
3. Периоды подъема заболеваемости были обусловлены распространением микроспории в семейно– квартирных очагах и в организованных коллективах, при этом формирование очагов с повторными случаями чаще происходило в организованных коллективах.
4. В текущей эпидемической ситуации по микроспории необходимо посредством межведомственного взаимодействия повышать уровень осведомленности населения г. Екатеринбурга по проблеме, своевременно проводить комплекс противоэпидемических мероприятий как системных, так и в очагах.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Эпидемиология, лечение и профилактика поверхностных микозов кожи. / Е.В. Свирщевская, Е.В. Матушевская, М.А. Иванова [и др.] // Медицинский совет – 2024 – №18 – с. 222.
2. Микроспория: современное представление о проблеме (описание клинических случаев и обзор литературы). / Т.В. Медведева, Г.А. Чилина, Я.Г. Петунова, И.М. Пчелин// Проблемы медицинской микологии 2020 – т. 22 №2 – с. 12.
3. Gräser Y., Monod M., Bouchara J.P., et al. New insights in dermatophyte research. *Med Mycol.* 2018; 56 (suppl.1): 2
4. Rezaei– Matehkolaei A., Makimura K., de Hoog G.S., et al. Multilocus differentiation of the related dermatophytes *Microsporum canis*, *Microsporum ferrugineum* and *Microsporum audouinii*. *J. Med. Microbiol.* 2012; 61 (Pt 1): 57
5. Риск– ориентированный подход к профилактике дерматомикозов в современных условиях (по материалам обследования пациентов г. Екатеринбурга) / С.Б. Антонова, М.А.Уфимцева, А.А. Голубкова, А.А. Косова // Проблемы медицинской микологии – 2020 – Т.22, №2 – с.32

Сведения об авторах

Громова Н.С. – ординатор

Сомова А.В. – кандидат медицинских наук, доцент кафедры

Information about the authors

N.S. Gromova – Postgraduate student

A.V. Somova – Candidate of Sciences (Medicine), Associate Professor

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

Gromova_NS@66.rosпотребнадзор.ru

УДК: 579.2

РОЛЬ CRISPR– CAS СИСТЕМ В АДАПТАЦИИ И ЭВОЛЮЦИИ БАКТЕРИЙ

Екимова Дарья Михайловна, Проценко Дарья Александровна

Кафедра медицинской микробиологии и клинической лабораторной диагностики

ФГБОУ ВО «Уральский государственный медицинский университет» Минздрава России

Екатеринбург, Россия

Аннотация

Введение. Системы CRISPR– Cas являются важным компонентом иммунной системы прокариот. Адаптация и эволюция микроорганизмов представляют собой процессы, которые вызывают глубокий интерес в области микробиологии и генетики, а CRISPR– Cas системы оказываются важным связующим звеном в этих механизмах.

Цель исследования – анализ связи систем CRISPR– Cas и процессов адаптации и эволюции бактерий. **Материал и методы.** Анализ научных публикаций, статей и результатов исследований, связанных со значением систем CRISPR– Cas. **Результаты.** Получены сведения о влиянии систем CRISPR– Cas на процессы адаптации и эволюции бактерий. **Выводы.** CRISPR– Cas системы играют ключевую роль в эволюционных процессах бактерий. Изучение этих систем позволит понять механизмы адаптации и эволюции микроорганизмов, а также откроет новые перспективы для применения CRISPR– технологий в биотехнологии и медицине.

Ключевые слова: бактерии, CRISPR– Cas системы, адаптация, эволюция.

THE ROLE OF CRISPR– CAS SYSTEMS IN BACTERIAL ADAPTATION AND EVOLUTION

Ekimova Daria Mikhailovna, Proschenko Daria Alexandrovna

Abstract

Introduction. CRISPR– Cas systems are an important component of the prokaryotic immune system. Adaptation and evolution of microorganisms are processes that are of great interest in the field of microbiology and genetics, and CRISPR– Cas systems are an important link in these mechanisms. **The aim of the study** is to analyze the relationship between CRISPR– Cas systems and the processes of bacterial adaptation and evolution. **Material and methods.** Analysis of scientific publications, articles and research results related to the importance of CRISPR– Cas systems. **Results.** Information was obtained on the influence of CRISPR– Cas systems on the processes of bacterial adaptation and evolution. **Conclusions.** CRISPR– Cas systems play a key role in evolutionary processes, influencing the evolution of bacteria in response to changes in environmental conditions. Studying these systems will help understanding the mechanisms of adaptation and evolution of microorganisms, and will also open up new prospects for the application of CRISPR technologies in biotechnology and medicine.

Keywords: bacteria, CRISPR– Cas systems, adaptation, evolution.

ВВЕДЕНИЕ

В последние десятилетия системы CRISPR– Cas (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats и CRISPR– associated proteins) привлекли значительное внимание исследователей благодаря своей роли не только в редактировании генома, но и как важного компонента иммунной системы прокариот. Адаптация и эволюция микроорганизмов представляют собой процессы, которые вызывают глубокий интерес в области микробиологии и генетики, а CRISPR– Cas системы оказываются важным связующим звеном в этих механизмах. Системы CRISPR представляют собой последовательности ДНК, которые фиксируют фрагменты генетического материала вирусов, ранее инфицировавших бактерии. Эти фрагменты служат «памятью» для бактерий, позволяя им распознавать и эффективно защищаться от повторного заражения [1].

Цель исследования – опираясь на научную литературу, выявить связь между системами CRISPR– Cas и процессами адаптации и эволюции бактерий, рассмотреть возможность использования этих систем в биотехнологиях.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Проведение анализа научной литературы в виде публикаций, статей и исследований на темы, связанные с системами CRISPR– Cas и ролью этих систем в жизнедеятельности бактерий. Изучение основных компонентов систем и процессов их работы, а также экспериментальных подходов к исследованию.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Системы CRISPR– Cas представляют собой уникальный механизм адаптивного иммунитета, который позволяет бактериям защищаться от инфекций вирусов и других мобильных генетических элементов.

Основные компоненты CRISPR– Cas систем включают: 1) CRISPR– локусы, состоящие из повторяющихся последовательностей и промежуточных последовательностей (спейсеров), которые представляют собой фрагменты генов вирусов; 2) белки Cas, которые играют активную роль в распознавании и уничтожении инвазивного генетического материала; 3) молекулы РНК, которые необходимы для проведения информации о вредоносных ДНК [2].

Процесс работы CRISPR– Cas систем можно представить в виде трех основных этапов: адаптация, экспрессия и интерференция. На этапе адаптации, когда бактерия впервые сталкивается с вирусом, происходит интеграция нового фрагмента вирусной ДНК в CRISPR– локус, что позволяет бактерии запоминать вторжение. На этапе экспрессии происходит транскрипция всего CRISPR– локуса, в результате чего образуется короткая молекула РНК, которая соответствует встраиваемой последовательности. Эта РНК — пространственно комплементарна вирусной ДНК и служит направляющей для белков Cas. На этапе интерференции комплекс Cas и РНК распознаёт заражённую вирусом ДНК, что приводит к ее разрушению [3].

Функциональная значимость CRISPR– Cas систем для бактерий заключается не только в защите от инфекций, но и в их способности к адаптации к динамично изменяющейся среде. Благодаря способности к быстрому накоплению массива спейсеров, микробы могут сохранять свою генетическую память об инфекции, что положительно сказывается на их выживаемости [4,17].

Экспериментальные подходы. Изучение роли систем CRISPR– Cas в адаптации бактерий требует применения различных экспериментальных подходов, которые могут быть сгруппированы в молекулярно– биологические и генетические методы. Одним из ключевых молекулярно– биологических методов является секвенирование ДНК, которое используется для анализа CRISPR– локусов и определения пространственного распределения последовательностей спейсеров у различных штаммов бактерий. Это позволяет отслеживать изменения в памяти о вирусах и оценивать, как разные условия окружающей среды влияют на этот процесс, а также провести сравнительный анализ разных популяций [5,18].

Широко применяются методы CRISPR– редактирования, такие как CRISPR– Cas9, для создания мутантных линий бактерий. Эти мутанты могут быть использованы для изучения функции конкретных генов, связанных с адаптацией и устойчивостью к вирусам [6]. Еще одним методом является использование флуоресцентной микроскопии, которая позволяет визуализировать динамику взаимодействия бактерий с вирусами в реальном времени. С помощью специфических меток, прикрепленных к молекулам РНК и белкам Cas, можно отслеживать, как бактерии реагируют на вирусные атаки и какие механизмы они мобилизуют для защиты [7].

Использование этих подходов позволяет получить целостное представление о том, как CRISPR– Cas системы влияют на механизмы адаптации бактерий. С помощью генетического анализа можно выявить конкретные механизмы, задействованные в адаптации к антибиотикам или другим стрессовым условиям, что открывает новые направления для исследований в области микробиологии [8].

Влияние на адаптацию. Адаптация бактерий к изменяющимся условиям является ключевым аспектом их выживания. Одним из основных механизмов, способствующих адаптации, являются системы CRISPR– Cas, которые предоставляют бактериям уникальные возможности для защиты от бактериофагов и других внешних угроз. Исследования показывают, что CRISPR– Cas системы не только обеспечивают защиту, но и способствуют эволюции бактерий, позволяя им быстро адаптироваться к новым условиям [9].

Данные, собранные в результате многочисленных экспериментов, показывают, что бактерии, обладающие системами CRISPR– Cas, формируют значительно более высокую устойчивость к бактериофагам, чем те, которые таких систем не имеют. Например, в одном из исследований было установлено, что штаммы *Escherichia coli* с активными CRISPR– кассетами могут эффективно вырабатывать специфические РНК, которые распознают и уничтожают вирусные геномы, внедряющиеся в клетку [10,19].

Кроме того, анализ данных показывает, что наличие CRISPR– Cas систем позволяет бактериям быстрее адаптироваться к антибиотикам и другим стрессовым факторам. Устойчивость к антибиотикам может быть связана с эффективностью интеграции вспомогательных генов в CRISPR– локусы, что позволяет бактериям сохранять информацию о различных антибиотиках и адаптироваться к их действию. В экспериментах с использованием мутаций в CRISPR– кассетах было установлено, что потеря функций этих систем приводит к значительным изменениям в фенотипе бактерий, включая снижение их способности к адаптации и выживаемости в неблагоприятных условиях [11,20].

Таким образом, влияние CRISPR– Cas систем на адаптацию бактерий является многогранным и многоуровневым процессом, который требует дальнейших исследований во всех аспектах их функциональности и механизмов действия. Изучение этих систем не только способствует дальнейшему пониманию процессов эволюции и адаптации микробов, но и открывает новые горизонты для разработки современных стратегий борьбы с бактериальными инфекциями и устойчивостью к антибиотикам [12].

Влияние на эволюцию. Система CRISPR– Cas является фактором, направляющим естественный отбор внутри популяции. Наличие эффективных систем защиты у бактерий способствует их успешному размножению, что ведет к распространению соответствующих генов в популяциях. Примером является жесткая конкуренция между различными штаммами *Streptococcus thermophilus*, где штаммы с более развитыми системами CRISPR– Cas демонстрировали существенно лучшие результаты в борьбе против бактериофагов, чем менее защищенные [13].

Негативным аспектом использования CRISPR– Cas систем у бактерий может также привести к эволюции бактериофагов.

ВЫВОДЫ

1. Системы CRISPR– Cas представляют собой важнейший компонент адаптивного иммунитета у бактерий, играя ключевую роль в их защите от бактериофагов и других мобильных генетических элементов. Результаты нашего исследования подтверждают, что эти системы не только обеспечивают защиту, но и значительно влияют на эволюционное развитие и адаптацию бактерий к изменяющимся условиям окружающей среды.

2. Системы CRISPR– Cas демонстрируют способность к быстрой интеграции генетической информации о столкновениях с вирусами, что позволяет бактериям развивать долгосрочную память об инфекциях. Этот механизм обеспечивает выживаемость популяций в различных условиях [14].

3. Наличие активных систем CRISPR– Cas способствует повышению генетического разнообразия среди микробов, что позволяет успешно справляться с бактериофагами [15].

4. Системы CRISPR– Cas не только способствуют защитным механизмам, но также влияют на динамику микробных сообществ. Бактерии, обладающие эффективными системами защиты, могут конкурировать с менее защищенными штаммами, что способствует выживанию и размножению.

5. Системы CRISPR– Cas применяются в биотехнологиях. Их использование в редактировании генома позволяет создавать генетически модифицированные организмы, имеющие повышенную стойкость к патогенам [6,16].

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Дорогокупец, В.С. Биореволюция: возможности и риски/ В.С. Дорогокупец, Л.К. Пипия // Наука за рубежом. – 2020. – № 91. – С. 1–61.
2. Влияние антропогенных и биотических факторов на популяцию пчелиных колоний в Рязанском регионе/ Д.В. Свищук, Е.П. Лапынина // Вестник Рязанского государственного агротехнического университета им. П.А. Костычева. – 2021. Том 13, №1. – С. 23–30.
3. Биопленкообразующая активность и феномен персистенции микроорганизмов/ Д. Н. Лазакович, Н. А. Сидорова, А. И. Савушкин, Борисова, М.И. // Journal of Biomedical Technologies. – 2015. – № 2. – С. 28–35.
4. Сравнительный анализ мишеней спейсеров CRISPR– Cas заквасочных структур/ А.А. Фаткулин, Т.А. Чуксина, Н.П. Сорокина, И.Т. Смыков [и др.] // Acta Naturae (русскаяязычная версия). – 2024. – Т.16, №4. – С. 81–85.
5. CRISPR– Cas системы *Mycobacterium tuberculosis*: структура модуля, изменение в процессе эволюции у различных линий, возможная роль в формировании вирулентности и лекарственной устойчивости/ Н. В. Захаревич, М.С. Чекалина, В. Н. Даниленко, Зайчикова, М.В. // Вестник Российского государственного медицинского университета. – 2018. – №2. – С. 5–14.
6. . Генетические ножицы как инструмент редактирования генома/ Василевич, Н.И., Н.И. Василевич. – Текст: электронный // Лаборатория и производство. – 2020. – №5. – С. 24–29. – URL: .
7. Генетические факторы антибиотикорезистентности *Klebsiella pneumoniae*/ Руденкова, Т.В. С.А. Костюк, Ю.Л. Горбич // Педиатрия Восточная Европа. – 2022. – Том 10, №3. – С. 387–399.
8. Возможности использования CRISPR– Cas– системы для диагностических целей в медицинской микробиологии / Дятлов, И.А. // Бактериология. – 2017. – Т. 2, № 4. – С. 5–6.
9. Структура CRISPR– Cas в геноме полирезистентных штаммов *Pseudomonas aeruginosa*/ А.Е. Алексеева, Н.Ф. Бруснигина // Инфекционные болезни в современном мире: эволюция, текущие и будущие угрозы: сборник трудов XVI Ежегодного Всероссийского Конгресса по инфекционным болезням им. Академика В.И. Покровского. Москва, 2024. – С.12.
10. Биопленкообразующая активность и феномен персистенции микроорганизмов/ Д. Н. Лазакович, Н. А. Сидорова, А. И. Савушкин. Борисова, М.И. // Journal of Biomedical Technologies. – 2015. – № 2. – С. 28–35.
11. Результаты подбора нового производственного штамма бактерий *mannheimia haemolytica* «кл – визв» для изготовления средств специфической профилактики манheimиоза крупного и мелкого рогатого скота/ А.И. Лаишевцев // RJOAS. – 2017, Т. 67, №7. – С. 288–297.
12. Перспективность изучения адаптивной иммунной CRISPR– Cas системы бактерий рода *Lactobacillus*/ Г.А. Тетерина, А.И. Носова, В.П. Саловарова // Оценка качества и безопасность потребительских материалов: Материал II Всероссийской научно–практической конференции молодых ученых. – Иркутск, 2020. – С. 96–99.
13. Умеренные бактериофаги: тайное оружие бактерий или их ахиллесова пята? / Евдокимова, Н.В., Т. В. Черненко // Патологическая физиология и экспериментальная терапия. – 2023. – Т. 67, №1. – С. 117–123.

14. Cas13a: получение и использование для определения вирусной РНК/ Савинова, А.С., Е.Ю. Коптев, Е.В. Усачев [и др.]// Вестник Российского государственного медицинского университета. – 2018. – №2. – С.22–27.
15. Современные взгляды на эволюцию: о роли горизонтального переноса генов/С.Ю. Щеголев //Известия вузов «ПНД». – 2013.–Т.21, №4.– С.43–76.
16. Роль системы CRISPR– Cas в редактировании генома / Селина, М.Ю.// Тенденции и проблемы развития современной науки. Сборник статей Международной научно–практической конференции. Петрозаводск, 2023. – С. 319– 323.
17. CRISPR– Cas системы/А.В. Чемерис//Биомика. –2017. – Т.9, №3. – С. 148– 154.
18. Локусный состав CRISPR– Cas системы Yersinia Pseudotuberculosis различных генетических вариантов/Н.П.Перетолочина, В.Т.Климов, Е.А.Воскресенская, Г.И.Кокорина [и др.]//Эпидемиология и вакцинопрофилактика. – 2020. – Т.19, №2. – С. 31– 39.
19. Поиск и анализ CRISPR– Cas системы в штамме Escherichia coli HS и детектируемых спейсерами его CRISPR– кассеты фаговых рас методами биоинформатики/ Иванова, Е.И., Ю. П. Джигоев, А.Б. Борисенко, Н. П. Перетолочина [и др]. – Текст: электронный//Вестник Российского государственного медицинского университета. – 2018. – №2.– С. 28–32. – URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/poisk-i-analiz-crispr-cas-sistemy-v-shtamme-escherichia-coli-hs-i-detektiruemyh-speyserami-ego-crispr-kassety-fagovyh-ras-metodami-viewer> (дата обращения 10.03.2025).
20. Хеликобактер пилори: клиническое значение и принципы диагностики/ Бордин, Д.С., М.И. Шенгелия, В.А. Иванова, И. Н.Войнован. – Текст: электронный // Инфекционные болезни: Новости. Мнения. Обучение. – 2022. – Т. 11, №1. – С. 119– 129. –URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/helicobacter-pylori-klinicheskoe-znachenie-i-printsipy-dagnostiki/viewer> (дата обращения: 08.03.2025).

Сведения об авторах

Д.М. Екимова* – студент

Д.А. Прошенко – старший преподаватель

Information about the authors

D.M. Ekimova – Student

D.A. Proschenko – Senior Lecturer

*Автор, ответственный за переписку (Corresponding author)

ekimovad2005@gmail.com

УДК 616.1

КАРТИРОВАНИЕ ТЕНДЕНЦИЙ: БИБЛИОМЕТРИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ИССЛЕДОВАНИЙ В ОБЛАСТИ ЭПИДЕМИОЛОГИИ БОЛЕЗНЕЙ СИСТЕМЫ КРОВООБРАЩЕНИЯ

Ерофеева Дарья Сергеевна, Коршунова Юлия Николаевна, Нургалиев Азат Нурланович, Башкирова Елена Сергеевна

Кафедра эпидемиологии, социальной гигиены и организации госсанэпидслужбы
ФГБОУ ВО «Уральский государственный медицинский университет» Минздрава России
Екатеринбург, Россия

Аннотация

Введение. Сердечно–сосудистые заболевания (ССЗ) являются ведущей причиной смертности в мире и занимают первое место среди хронических неинфекционных болезней. По прогнозам ВОЗ, число случаев ССЗ продолжит расти, достигнув пика к 2030 году. Высокая распространенность болезней системы кровообращения (БСК) стимулирует активное изучение данной проблемы научным сообществом, что подтверждается значительным объемом публикаций в этой области. **Цель исследования** – изучить публикационную активность в области эпидемиологии БСК на основе базы данных PubMed и выявить ключевые тенденции с использованием программы VOSviewer. **Материал и методы.** Проведен библиометрический анализ ключевых слов, указанных в 411 249 статьях на тему эпидемиологии БСК, из базы PubMed за период с 1945 по 2025 год. Для визуализации и анализа данных использовался инструмент VOSviewer. С целью повышения точности кластеризации ключевых слов был составлен тезаурус, содержащий 178 понятий. Условное обозначение полученных кластеров проводилось с использованием искусственной нейронной сети Qwen chat 2.5–Max. **Результаты.** Анализ выявил устойчивый рост публикационной активности начиная с 1965 года, с пиком в 2020–2021 годах. На основе анализа были выделены пять основных кластеров: эпидемиология ССЗ, детская кардиология, факторы риска, сосудистая хирургия и острые состояния. Динамика исследований показала переход от изучения проявлений кардиоваскулярных заболеваний и их факторов риска к современным вызовам, таким как метаболический синдром и влияние пандемии COVID– 19. **Выводы.** Исследования в области БСК остаются приоритетными, демонстрируя значительный рост научного интереса. Инструменты визуализации, такие как VOSviewer, позволяют эффективно анализировать большие массивы данных, выявляя ключевые тенденции и направления исследований.

Ключевые слова: эпидемиология болезней системы кровообращения, сердечно–сосудистые заболевания, анализ публикационной активности, VOSviewer.