

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-211>

© БУРЦЕВА Е.И., КОЛОБУХИНА Л.В., ПАНОВА А.Д., МУКАШЕВА Е.А., КРАСНОСЛОБОДЦЕВ К.Г., КИРИЛЛОВА Е.С., БРЕСЛАВ Н.В., ТРУШАКОВА С.В., КОМАРОВА И.А., ФЕОДОРИТОВА Е.Л., МЕРКУЛОВА Л.Н., ХЛОПОВА И.Н., КРУЖКОВА И.С., ИГНАТЬЕВА А.В., КРЕПКАЯ А.С., КОМИССАРОВ А.Б., ПОЧТОВЫЙ А.А., КУСТОВА Д.Д., ГУЩИН В.А., ТЮРИН И.Н., САМКОВ А.А., АНТИПЯТ Н.А., 2024

Свойства вирусов гриппа, вызвавших эпидемические подъемы заболеваемости в России и странах мира в 2022–2023 гг. Эффективность вакцинопрофилактики

Бурцева Е.И.¹✉, Колобухина Л.В.¹, Панова А.Д.¹, Мукашева Е.А.¹, Краснослободцев К.Г.¹, Кириллова Е.С.¹, Бреслав Н.В.¹, Трушакова С.В.¹, Комарова И.А.², Феодоритова Е.Л.¹, Меркулова Л.Н.¹, Хлопова И.Н.¹, Кружкова И.С.¹, Игнатъева А.В.¹, Крепкая А.С.¹, Комиссаров А.Б.³, Почтовый А.А.¹, Кустова Д.Д.¹, Гущин В.А.¹, Тюрин И.Н.⁴, Самков А.А.⁴, Антипят Н.А.⁴

¹ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии им. почетного академика Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, 123098, г. Москва, Россия;

²ФГБОУ ВО «Тихоокеанский государственный медицинский университет» Минздрава России, 690002, г. Владивосток, Россия;

³ФГБУ «Научно-исследовательский институт гриппа им. А.А. Смородинцева» Минздрава России, 197022, г. Санкт-Петербург, Россия;

⁴ГБУЗ «Инфекционная клиническая больница № 1» Департамента здравоохранения города Москвы, 125310, г. Москва, Россия

Резюме

Основная цель настоящей работы заключалась в определении особенностей циркуляции разных вирусных респираторных патогенов в период эпидемического сезона 2022–2023 гг. на фоне продолжающейся эволюционной изменчивости вируса SARS-CoV-2.

Материалы и методы. В статье использованы методы, применяемые в «традиционном» и «госпитальном» эпидемиологическом надзоре за ОРВИ.

Результаты и обсуждение. На фоне относительно низкой активности SARS-CoV-2 и его новых вариантов период с октября 2022 г. по сентябрь 2023 г. характеризовался ранней и высокой активностью вируса гриппа А(Н1N1)pdm09 (ноябрь–декабрь), на смену которому пришел вирус гриппа В (январь–март); активность вируса гриппа А(Н3N2) была крайне низкой. По антигенным свойствам популяции эпидемических штаммов были близкородственны вирусам, входившим в состав гриппозных вакцин и рекомендованных экспертами Всемирной организации здравоохранения для текущего сезона в странах Северного полушария. Подтверждена эффективность вакцинопрофилактики гриппа у привитых (75,0%). Все изученные штаммы вирусов гриппа А(Н1N1)pdm09, А(Н3N2) и В сохранили чувствительность к препаратам с антинейраминидазной активностью. Структура и долевое участие других возбудителей ОРВИ по сравнению с предыдущим сезоном несколько изменились: выявлена тенденция к росту активности HAdV и HMPV, практически равнозначная активность HRsV, HRV, HCoV и HBoV и снижение активности HPIV. При этом частота других возбудителей ОРВИ не достигла показателей предпандемического по COVID-19 периода. Дано обоснование актуализации состава гриппозных вакцин для стран Северного полушария в сезоне 2023–2024 гг.

Ключевые слова: эпидемический сезон 2022–2023 гг.; грипп; SARS-CoV-2; ОРВИ; антигенные свойства; генетические свойства; состав гриппозных вакцин для стран Северного (2023–2024 гг.) и Южного полушарий (2024 г.)

Для цитирования: Бурцева Е.И., Колобухина Л.В., Панова А.Д., Мукашева Е.А., Краснослободцев К.Г., Кириллова Е.С., Бреслав Н.В., Трушакова С.В., Комарова И.А., Феодоритова Е.Л., Меркулова Л.Н., Хлопова И.Н., Кружкова И.С., Игнатъева А.В., Крепкая А.С., Комиссаров А.Б., Почтовый А.А., Кустова Д.Д., Гущин В.А., Тюрин И.Н., Самков А.А., Антипят Н.А. Свойства вирусов гриппа, вызвавших эпидемические подъемы заболеваемости в России и странах мира в 2022–2023 гг. Эффективность вакцинопрофилактики. *Вопросы вирусологии.* 2024; 69(1): 42–55. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-211> EDN: <https://elibrary.ru/zqtfnx>

Финансирование. Исследование проведено в рамках выполнения темы Государственного задания в период 2022–2024 гг. «Создание панели стандартных образцов (клинических, вирусных, бактериальных) для валидации и актуализации тест-систем, используемых в диагностике, прогнозировании течения заболевания и оценке эффективности лечения и профилактики SARS-CoV-2, гриппа и других ОРЗ».

Благодарности. За многолетнее сотрудничество в надзоре за циркуляцией вирусов гриппа в Российской Федерации авторы глубоко благодарны коллегам 10 опорных баз, представленных Территориальными управлениями и ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии» Роспотребнадзора в Европейской части (Харламову М.В., г. Новгород Великий; Савельеву С.И., г. Липецк; Буланову М.В., г. Владимир; Карпову Н.Л., г. Ярославль; Рябининой Т.В., г. Пенза; Московской С.В., г. Чебоксары), на Урале (Верещагину Н.Н., г. Оренбург), в Сибири (Шихину А.В., г. Томск) и на Дальнем Востоке (Букликову А.В., г. Биробиджан; Романовой Л.Б., г. Владивосток).

Конфликт интересов. Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

Этическое утверждение. Исследование проводилось при добровольном информированном согласии пациентов. Протокол исследования одобрен Этическим комитетом ГБУЗ г. Москвы «Инфекционная клиническая больница №1 Департамента здравоохранения города Москвы» (Протокол № 8 от 28.12.2022).

ORIGINAL STUDY ARTICLE

DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-211>

Properties of influenza viruses that caused epidemic increases in morbidity in Russia and countries of the world during 2022–2023. The effectiveness of vaccine prophylaxis

Elena I. Burtseva¹✉, Ludmila V. Kolobukhina¹, Anna D. Panova¹, Evgeniya A. Mukasheva¹, Kirill G. Krasnoslobodtsev¹, Elena S. Kirillova¹, Natalia V. Breslav¹, Svetlana V. Trushakova¹, Irina A. Komarova², Elena L. Feodoritova¹, Liliya N. Merkulova¹, Irina N. Khlopova¹, Irina S. Kruzhkova¹, Anna V. Ignatieva¹, Anastasia S. Krepkaia¹, Andrey B. Komissarov³, Andrei A. Pochtovyi¹, Daria D. Kustova¹, Vladimir A. Gushchin¹, Igor N. Tyurin⁴, Alexey A. Samkov⁴, Natalya A. Antipyat⁴

¹National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, 123098, Moscow, Russia;

²Pacific State Medical University of the Ministry of Health of the Russian Federation, 690002, Primorsky Krai, Vladivostok, Russia;

³Research institute of influenza named after A.A. Smorodintsev of Ministry of Health, 197022, St. Petersburg, Russia;

⁴Clinical Hospital for Infectious Diseases No. 1, Department of Health of Moscow, 125367, Moscow, Russia

Abstract

The purpose of this work was to determine the characteristics of the circulation of various viral respiratory pathogens during the epidemic season 2022–2023 against the background of the ongoing evolutionary variability of SARS-CoV-2.

Materials and methods. The article uses methods used in «traditional» and «hospital» epidemiological surveillance of acute respiratory viral infections.

Results and discussion. The period from October 2022 to September 2023 was characterized by early and high activity of influenza A(H1N1)pdm09 virus, which was replaced by influenza B virus. The antigenic and genetic properties of strains were closely related to influenza vaccines viruses recommended by WHO experts for the current season. The effectiveness of influenza vaccines was confirmed (75.0%). All of the studied influenza A(H1N1)pdm09, A(H3N2) and B epidemic strains retained sensitivity to drugs with antineuraminidase activity. The structure and share of other ARVI pathogens have changed somewhat compared to the previous season: There was a tendency to increase the activity of HAdV and HMPV; almost equivalent activity of HRsV, HRV, HCoV and HBoV; and a decrease in HPIV activity. At the same time, the frequency of other ARVI pathogens did not reach the indicators of the pre-pandemic COVID-19 period. The rationale for updating the composition of influenza vaccines for the countries of the Northern Hemisphere in the 2023–2024 season is given.

Keywords: *epidemic season 2021–2022; influenza; SARS-CoV-2; ARVI; co-infections; the composition of influenza vaccines for the countries of the Northern Hemisphere (2023–2024) and Southern Hemisphere (2024)*

For citation: Burtseva E.I., Kolobukhina L.V., Panova A.D., Mukasheva E.A., Krasnoslobodtsev K.G., Kirillova E.S., Breslav N.V., Trushakova S.V., Komarova I.A., Feodoritova E.L., Merkulova L.N., Khlopova I.N., Kruzhkova I.S., Ignatieva A.V., Krepkaya A.S., Komissarov A.B., Pochtovyi A.A., Kustova D.D., Gushchin V.A., Tyurin I.N., Samkov A.A., Antipyat N.A. Properties of influenza viruses that caused epidemic increases in morbidity in Russia and countries of the world during 2022–2023. The effectiveness of vaccine prophylaxis. *Problems of Virology (Voprosy Virusologii)*. 2024; 69(1): 42–55. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-211> EDN: <https://elibrary.ru/zqtfnx>

Funding. The study was conducted as part of the implementation of the topic of the State task in the period 2022–2024. Creation of a panel of reference samples (clinical, viral, bacterial) for validation and updating of test systems used in

the diagnosis, prognosis of the course of the disease and evaluation of the effectiveness of treatment and prevention of SARS-CoV-2, influenza and other acute respiratory infections.

Acknowledgement. For the long-term cooperation in the supervision of the circulation of influenza viruses in the Russian Federation the authors are deeply grateful to the colleagues of 10 reference bases represented by the Territorial Administrations and the Center of Hygiene and Epidemiology of Rospotrebnadzor in the European part (Kharlamov M.V., Novgorod the Great; Savelyev S.I., Lipetsk; Bulanov M.V., Vladimir; Karpov N.L., Yaroslavl; Ryabinina T.V., Penza; Moskovskaya S.V., Cheboksary), in the Urals (Vereshchagin N.N., Orenburg), Siberia (Shikhin A.V., Tomsk) and the Far East (Buklikov A.V., Birobidzhan and Romanova L.B., Vladivostok).

Conflict of interest. The authors declare no apparent or potential conflicts of interest related to the publication of this article.

Ethics approval. The study was conducted with the informed consent of the patients. The protocol of the study was approved by the Ethics Committee of the Infectious Clinical Hospital No. 1 of the Moscow Department of Health (Protocol No. 8 dated 12/28/2022).

Введение

11 марта 2020 г. Всемирная организация здравоохранения (ВОЗ) объявила о начале пандемии COVID-19, вызванной новым коронавирусом SARS-CoV-2, а 5 мая 2023 г. – о том, что этот вирус перестал представлять чрезвычайную угрозу в области здравоохранения для всех стран мира, однако наносимый им ущерб продолжает вызывать опасения [1]. Пандемия COVID-19 стала причиной серьезных социально-экономических последствий, затронула практически все сферы деятельности человека, включая трудовую, научно-образовательную, спортивную, политическую, культурную и др. В связи с введением карантинно-ограничительных мероприятий изменилась структура инфекционной заболеваемости, и прежде всего, интенсивность эпидемий гриппа, долевое участие других респираторных вирусных патогенов, вовлеченность возрастных групп, эффективность профилактики [1–6]. Многими исследователями было показано, что в период 2020–2022 гг. интенсивность эпидемических подъемов заболеваемости напрямую была связана с активностью SARS-CoV-2 и его новыми вариантами (в особенности вариантов Omicron), подавлением активности других респираторных вирусных патогенов вплоть до спорадических случаев (вирусы гриппа в сезоне 2020–2021 гг.), большим вовлечением в эпидпроцесс взрослого населения, высокими показателями госпитализации, тяжелых форм острых респираторных инфекций (ТОРИ), осложнений и летальности. Необходимо отметить также, что существующие рекомендации и правила по ежегодной актуализации штаммового состава гриппозных вакцин с применением традиционных технологий не были поддержаны в отношении вакцин против COVID-19 и требуют проведения дополнительных клинических исследований при смене штамма, что на сегодняшний день представляет определенную проблему в связи с низкой эффективностью вакцин на основе первого «Уханьского» варианта в отношении новых вариантов Omicron.

Эпидемический сезон 2022–2023 гг. – третий сезон с начала циркуляции SARS-CoV-2. Стало очевидным, что, несмотря на продолжающуюся эволюционную изменчивость нового коронавируса, он в определенной степени занял свою «нишу» в структуре циркулирующих острых респираторных вирусных заболеваний (ОРВИ), снизив свою вирулентность и патогенность,

приобретя статус «сезонного респираторного патогена». Каждый из «постковидных» эпидемических сезонов имел свои особенности, в связи с чем определенный интерес представляло оценить развитие эпидемии гриппа и частоту случаев других респираторных патогенов у пациентов с ОРВИ в сезоне 2022–2023 гг., что явилось **целью** настоящей работы.

Материалы и методы

Был выполнен сбор данных по заболеваемости и лабораторной диагностике возбудителей ОРВИ. В рамках эпидемиологического надзора за циркуляцией вирусов гриппа и ОРВИ в РФ Центр экологии и эпидемиологии гриппа (ЦЭЭГ) Института вирусологии им. Д.И. Ивановского ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России в сотрудничестве с 10 опорными базами, представленными территориальными управлениями и ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии» Роспотребнадзора в Европейской части (Новгород Великий, Липецк, Владимир, Ярославль, Пенза, Чебоксары), на Урале (Оренбург), в Сибири (Томск) и на Дальнем Востоке (Биробиджан и Владивосток), провел анализ показателей заболеваемости, госпитализации, этиологически связанной с возбудителями ОРВИ, в разных возрастных группах населения, а также результатов лабораторной диагностики. Наблюдения проводили с 40-й недели (октябрь) 2022 г. по 39-ю неделю (сентябрь) 2023 г.

Анализ заболеваемости гриппом и ОРВИ в разных возрастных группах, изоляция вирусов гриппа, постановка полимеразной цепной реакции (ПЦР) с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР), реакции торможения гемагглютинации, оценка чувствительности к противогриппозным препаратам, а также статистическая обработка полученных результатов описаны ранее [5, 6]. В рамках традиционного надзора объем исследований с помощью лабораторных методов составил: на вирусы гриппа – 39 745 образцов, ОРВИ – 35 340 образцов и SARS-CoV-2 – 18 873 образцов; в рамках дозорного надзора (только Москва) – 719 образцов на все патогены.

Эффективность вакцинопрофилактики гриппа оценивали у госпитализированных пациентов с симптомами ОРВИ по анамнестическим данным (со слов пациента) согласно рекомендациям ВОЗ, используя тест-негативный подход (test-negative design approach) [7].

Полногеномная амплификация вирусов гриппа А и В была проведена по ранее описанной методике [8, 9]. Библиотека комплементарной ДНК была приготовлена с использованием набора SQK-LSK109 (Oxford Nanopore, Великобритания) с последующим секвенированием на приборе MinION (Oxford Nanopore, Великобритания). Биоинформационную обработку данных осуществляли с использованием пакетов программного обеспечения guppy ver.6.3.8, porechop ver.0.2.4, nanofilt ver.2.3.0, minimap2 ver.2.24, medaka ver.1.7.2 и bcftools ver.1.13, MEGA 7.0.26.

Исследование проводилось при добровольном информированном согласии пациентов. Протокол исследования одобрен Этическим комитетом ГБУЗ г. Москвы «Инфекционная клиническая больница №1 Департамента здравоохранения города Москвы» (Протокол № 8 от 28.12.2022).

Результаты

В период с октября 2022 г. (40-я неделя) по сентябрь 2023 г. (39-я неделя) на сотрудничающих с ЦЭЭГ территориях превышения эпидемического порога заболеваемости ОРВИ по отношению к среднему показателю по РФ (72,6 на 10 тыс. населения) регистрировали в периоды 46–52 недель 2022 г. (за счет активности вируса гриппа А(H1N1)pdm09), 5–9 нед 2023 г. (роста активности вируса гриппа В), 37–39 нед 2023 г. (активности ОРВИ негриппозной этиологии). Максимальную заболеваемость по совокупному населению (среднее значение по данным 10 городов РФ) регистрировали на 50-й неделе 2022 г. (157,0 на 10 тыс.), в течение которой частота положительных проб на SARS-CoV-2 составила 7,3%, ОРВИ – 15,6% (ПЦР) и гриппа – 28,3%.

Необходимо отметить, что средний показатель заболеваемости ОРВИ был незначительно ниже по сравнению с показателем предыдущего сезона (71,6 на 10 тыс. населения), в то же время регистрировали его некоторый рост у детей 0–2 лет (среднее значение 294,4 с интервалом 9,2–475,2 и среднее – 246,8 (7,3–423,2) соответственно) и 3–6 лет (273,9 (10,5–425,4) и 223,4 (8,3–437,1) соответственно). Заболеваемость у школьников была сравнима с показателями предыдущего года (141,8 (9,4–218,3)); при этом отмечено его снижение у взрослых (43,6 (19,4–54,3) и 51,1 (35,3–77,8) соответственно).

Клинический диагноз «грипп» был выставлен 9531 пациенту, 2563 (27,0%) из которых были госпитализированы, в том числе в возрасте 0–2 года – 529 (20,0%), 3–6 лет – 417 (16,0%), 7–14 лет – 404 (15,8%) и 65 лет и старше – 1213 (47,3%). Поступила информация о 6 случаях гриппозной инфекции с летальными исходами: мужчина 18 лет, лабораторно подтвержден грипп А(H1N1)pdm09 (Пенза, декабрь 2022 г.); женщина 73 лет, диагноз выставлен по клинико-эпидемиологическим данным (Липецк, декабрь 2022 г.); мужчина 81 года и женщина 84 лет, диагноз выставлен по клинико-эпидемиологическим данным (Оренбург, декабрь 2022 г.); женщина 33 лет и женщина 81 года, лабораторно подтвержден грипп А(H1N1)pdm09 (Оренбург, январь 2023 г.).

Динамика частоты положительных находок на вирусы гриппа А и В, SARS-CoV-2 и ОРВИ (в том числе HPIV, HAdV, HRsV, HRV, HBoV, HMPV, HCoV) методом ОТ-ПЦР в период с октября 2022 г. по сентябрь 2023 г. представлена на **рис. 1**.

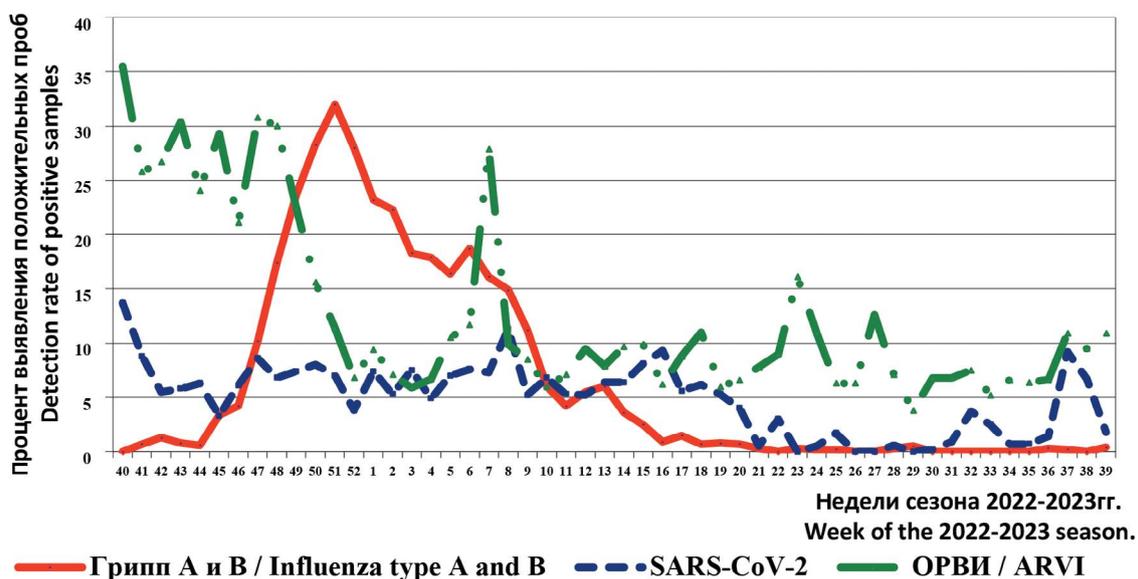


Рис. 1. Частота выявления положительных проб на грипп, SARS-CoV-2 и ОРВИ в период эпидемического сезона 2022–2023 гг. на отдельных территориях РФ.

Fig. 1. The frequency of positive samples for influenza, SARS-CoV-2 and ARVI during the epidemic season 2022–2023 in certain territories of the Russian Federation

Таблица 1. Результаты ПЦР-диагностики гриппа, SARS-CoV-2 и некоторых ОРВИ в период октября 2022 г. – сентября 2023 г. в ЦЭЭГ НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи и на сотрудничающих с ним территориях РФ

Table 1. The results of PCR diagnostics of influenza, SARS-CoV-2 and some acute respiratory infections in the period October 2022 – September 2023 at the National Research Centre of N.F. Gamaleya and in the territories of the Russian Federation cooperating the Center

Центры гигиены и эпидемиологии городов, областей, республик Centers of Hygiene and Epidemiology of cities, regions, republics	Число образцов, изученных на наличие респираторных патогенов методом ОТ-ПЦР The number of samples examined for the presence of respiratory pathogens by RT-PCR											
	грипп influenza viruses		ОРВИ, сезонные Acute respiratory infections, seasonal								SARS-CoV-2	
	число образцов number of samples	% «+»	число образцов number of samples	HPiV % «+»	HAAdV % «+»	HRsV % «+»	HRV % «+»	HCoV % «+»	HBoV % «+»	HMPV % «+»	число образцов number of samples	% «+»
ЦЭЭГ, Москва Center for Ecology and Epidemiology of Influenza, Moscow	1222	14,5	596	2,7	2,5	4,0	12,9	3,0	1,3	2,2	1224	8,5
Великий Новгород Veliky Novgorod	1728	7,7	1349			1,1						
Липецк Lipetsk	1214	5,5	1214	2,1	3,3	2,7	1,6	0,2	0,7	1,0	1214	
Владимир Vladimir	1481	17,3	971	2,4	6,3	6,5	15,9	3,6	2,3	3,4	972	
Ярославль Yaroslavl	3578	17,3	1683	1,0	1,3	6,6	12,7	2,3	1,1	3,6	2083	5,9
Пенза Penza	1875	10,1	1136	1,8	2,4	3,5	11,6	2,6	2,0	2,6	1136	5,0
Чебоксары Cheboksary	3448	20,1	3443	0,2	0,3	0,7		0,2		0,3	6121	9,0
Оренбург Orenburg	19 194	4,0	19 320	0,3	0,2	0,9	1,6	0,6	0,3	0,6		
Томск Tomsk	2062	13,8	2062	1,6	2,3	4,4	6,9	3,2	0,5	1,4	2062	9,5
Владивосток Vladivostok	2241	15,2	2241	0,8	1,9	1,5	4,0	0,8	0,5	0,6	2241	0,9
Биробиджан Birbidzhan	1702	16,6	1325	14,6	4,6	8,5	16	4,8	4,2	2,6	1820	6,3
Всего Total	39 745	9,6	35 340	1,2	1,0	2,0	3,8	1,1	0,6	1,0	18 873	6,2
% из числа положительных % of the positive samples				10,9	9,4	18,8	35,6	10,3	5,8	9,2		

Эпидемический сезон 2022–2023 гг. стартовал с относительно высоких показателей частоты положительных проб на ОРВИ негриппозной этиологии (40-я неделя 2022 г. – 35,5%). В то же время в этот период частота выявления положительных проб на SARS-CoV-2 была значительно ниже (13,7%), а вирусы гриппа не детектировали.

На фоне снижающейся активности патогенов ОРВИ негриппозной этиологии и относительно «стабильной» частоты выявления положительных проб на SARS-CoV-2 (до 8,6%) в период 40–52-й недель 2022 г. отмечен относительно ранний и резкий рост числа положительных проб на грипп, в основном подтипа A(H1N1)pdm09. Первые случаи гриппа A(H1N1)pdm09 были детектированы в октябре 2022 г. в городах Европейской части РФ (2-я неделя октября),

несколько позже – на Урале, в Сибири и на Дальнем Востоке (2-я половина ноября 2022 г.). В декабре все сотрудничающие с ЦЭЭГ города РФ регистрировали рост активности вируса гриппа A(H1N1)pdm09 (до 30,3% положительных проб) и спорадические случаи гриппа В (до 3,0%). Эти тенденции коррелировали с динамикой показателей заболеваемости ОРВИ, пиковые значения которой были отмечены в декабре 2022 г.

С началом 2023 г. активность вирусов гриппа стала снижаться, при этом показатели выявления положительных проб выше 10% регистрировали до начала марта 2023 г. Интересным, но закономерным является факт поочередной активности вирусов гриппа: на смену вирусу гриппа A(H1N1)pdm09 в январе 2023 г. пришел вирус гриппа В, при этом его наиболее высоко

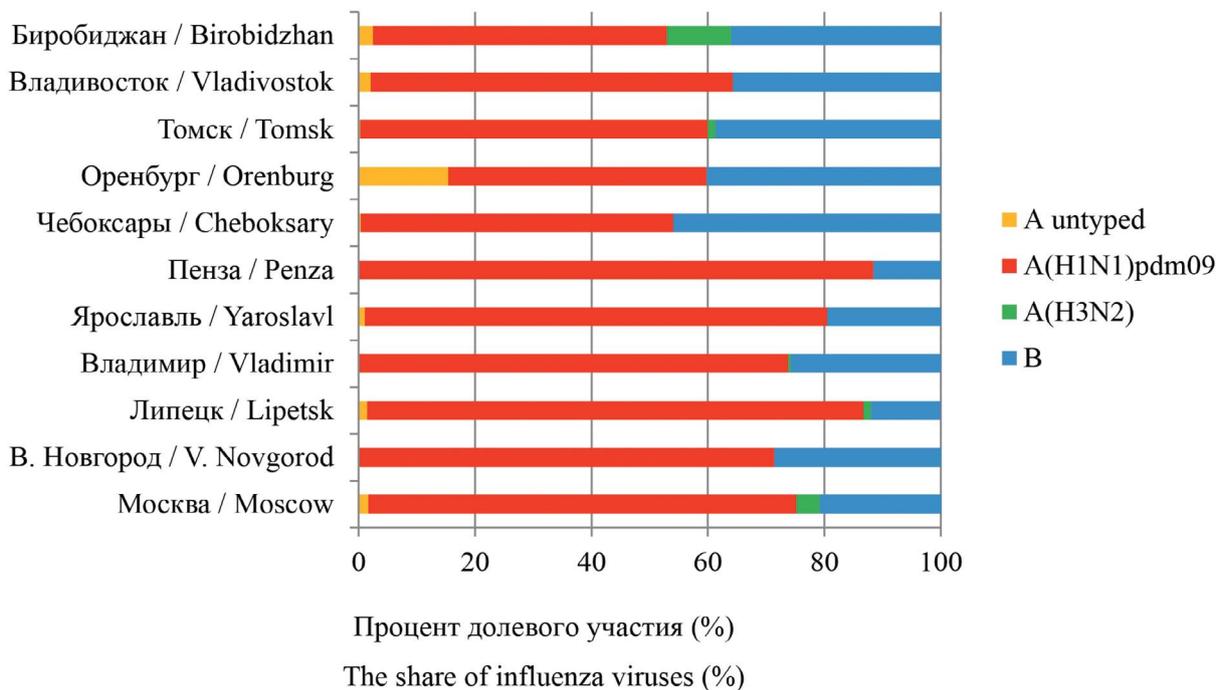


Рис. 2. Долевое участие вирусов гриппа в период эпидемического сезона 2022–2023 гг. в разных регионах РФ (по данным центров гигиены и эпидемиологии городов, областей, республик).

Fig. 2. The share of influenza viruses during the epidemic season 2022–2023 in different regions of the Russian Federation (according to the Centers of Hygiene and Epidemiology of cities, regions, republics).

кая частота в период одной недели была значительно ниже (14,3%). Последние случаи были детектированы в июне–июле 2023 г. в г. Москве и июне–июле, сентябре – в Оренбурге.

Вторая, менее высокая и краткосрочная волна роста активности возбудителей ОРВИ была отмечена во время 7-й недели 2023 г. с максимальной частотой выявления числа положительных проб (27,9%). В период этой недели в отличие от предыдущих и последующих была отмечена высокая частота положительных проб на HRsV (9,9%) и HRV (6,5%) в Оренбурге и Владивостоке.

С 20-й недели 2023 г. на фоне снижения активности вирусов гриппа и SARS-CoV-2 регистрировали относительно небольшой рост активности других патогенов ОРВИ (до 16,1% в начале мая 2023 г.). С середины сентября 2023 г. отмечали также рост числа положительных проб на SARS-CoV-2 (до 9,2%).

Частота положительных находок по результатам ПЦР в анализируемый период в целом за эпидемический сезон 2022–2023 гг. составила: грипп – 9,6% (из 39 746 обследованных), ОРВИ – 10,7% (из 35 340 обследованных) и SARS-CoV-2 – 6,2% (из 18 873 обследованных). При этом их активность различалась в разных городах РФ (табл. 1).

Наиболее высокая частота выявления положительных проб на грипп была отмечена в Чебоксарах, Владимире и Ярославле; сезонных ОРВИ – в Биробиджане, SARS-CoV-2 – в Москве, Чебоксарах и Томске. Тройку «лидеров» в структуре сезонных ОРВИ составили HRV (35,6%), HRsV (18,8%) и HPIV (10,9%).

В рамках дозорного надзора частота выявления положительных проб составила (из 719 обследованных): грипп – 18,0%, SARS-CoV-2 – 4,2% и ОРВИ – 22,3% (в том числе, HRsV – 4,7% и HRV – 5,9%).

Регионы России отличались также и по долевого участию типов/подтипов вируса гриппа (рис. 2). Представленные данные показывают, что вирус гриппа А доминировал в сезоне 2022–2023 гг. на всех территориях, сотрудничающих с ЦЭЭГ. В структуре вируса гриппа А большую активность проявил A(H1N1)pdm09, долевого участие которого составило 67%; вирус гриппа A(H3N2) детектировали в единичных случаях не на всех сотрудничающих территориях, и его долевого участие составило 3,4%. Штаммы вируса гриппа В выявляли в 1/3 (33,0%) случаев, при этом в отдельных городах (Чебоксары, Оренбург, Томск, Владивосток и Биробиджан) его активность была выше по сравнению с другими городами Европейской части РФ.

В рамках дозорного надзора долевого участие вируса гриппа A(H1N1)pdm09 составило 77,0%.

Результаты антигенной характеристики 150 штаммов определили родство 118 из них к вирусу гриппа A(H1N1)pdm09, 9 – к A(H3N2) и 23 – к вирусу гриппа типа В (табл. 2). Исследования проводили в отношении вирусов гриппа, вошедших в состав гриппозных вакцин в сезоне 2022–2023 гг. для стран Северного полушария [8].

Штаммы A(H1N1)pdm09 были выделены во всех лабораториях, проводивших изоляцию. Первый штамм был выделен от пациента, заболевшего 24.10.2022 (Москва), последний – 31.01.2023 (Москва). По дан-

Таблица 2. Антигенные свойства эпидемических штаммов вирусов гриппа А и В, выделенных в эпидемическом сезоне 2022–2023 гг.

Table 2. Antigenic properties of epidemic strains of influenza A and B viruses isolated in the epidemic season 2022–2023

Тип/подтип вируса гриппа Type/subtype of the influenza virus	Штаммы вирусов гриппа, вошедшие в состав гриппозных вакцин в сезоне 2022–2023 гг. (отношение к гомологичному титру) Influenza virus strains included in influenza vaccines in the 2022–2023 season (relative to homologous titer)	Число штаммов, близкородственных эталонной сыворотке/число изученных The number of strains closely related to the reference serum/the number of studied	Общее число изученных штаммов The total number of strains studied
A(H1N1)pdm09	A/Виктория/2570/19 A/Victoria/2570/19 (1-1/2 : 1/4)	116 (98,0%)/ 2 (2,0%)	119
	Дрейф-вариант Drift variant (< 1/4)	0	
A(H3N2)	A/Дарвин/9/21 A/Darwin/9/21 (1-1/2 : 1/4)	3 (33,3%)/ 3 (33,3%)	9
	Дрейф-вариант Drift variant (< 1/4)	3 (33,3%)	
В	Линия Виктория-подобных Victoria-Like Line В/Австрия/135941/21(D3) (1-1/2) В/Austria/135941/21	6 (25,0%)/ 15 (65,0%)	23
	Линия Виктория-подобных Victoria-Like Line Дрейф-вариант Drift variant (< 1/4)	2 (9,0%)	
	Линия В/Ямагата-подобных Line B/Yamagata-like В/Пхукет/3073/13 B/Phuket/3073/13	0	

ным взаимодействия в РТГА со спектром диагностических сывороток, определено близкое родство всех 118 штаммов вируса гриппа А(H1N1)pdm09 референс-вирусу А/Виктория/2570/19 (вакцинный штамм в сезоне 2022–2023 гг.).

Штаммы А(H3N2) были выделены от спорадических случаев и не во всех сотрудничающих лабораториях. Первый штамм был выделен в Биробиджане от пациента, заболевшего 15.01.2023; последний – в Москве от пациента, заболевшего 20.09.2023. Три (33,3%) из 9 изученных штаммов взаимодействовали с сывороткой к вирусу А/Дарвин/9/21 (вакцинный) от 1/2 до полного гомологичного титра; 3 (33,3%) изоляты взаимодействовали до 1/4 гомологичного титра и 3 (33,3%) – до 1/8 гомологичного титра.

Из 23 выделенных штаммов вируса гриппа В (первый – в октябре 2022 г., Ярославль; последний – 17.03.2023, Москва) 6 (25,0%) были близкородственны эталону В/Австрия/135941/21 (вакцинный) и взаимодействовали с сывороткой к этому вирусу до полного гомологичного титра; 15 (65,0%) штаммов взаимодействовали до 1/4 гомологичного титра и 2 (9,0%) – до 1/8 гомологичного титра.

В рамках проведения мониторинга чувствительности популяции циркулирующих штаммов вируса гриппа были изучены свойства 72 эпидемических штаммов вирусов гриппа, в том числе 53 штамма

А(H1N1)pdm09, 2 – А(H3N2) и 17 – гриппа В, к препаратам с антинейраминидазной активностью. Штаммы были выделены в разных регионах РФ, и у всех из них обнаружена нормальная чувствительность к озельтамивиру и занамивиру; средняя концентрация препаратов (IC₅₀) составила 0,47 и 0,42 нМ соответственно для штаммов А(H1N1)pdm09; 0,3 и 0,6 нМ соответственно для штаммов вируса гриппа А(H3N2) и 39,25 и 6,12 нМ соответственно для штаммов вируса гриппа В.

Молекулярно-генетические исследования были проведены в отношении 52 эпидемических штаммов, в том числе 30 штаммов вируса гриппа А(H1N1)pdm09, 20 штаммов вируса гриппа В и 2 штаммов вируса гриппа А(H3N2), выделенных в разных регионах РФ.

Эпидемические штаммы вирусов гриппа А(H1N1)pdm09 были выделены в Москве (26), Ярославле (1), Оренбурге (2), Томске (1): EPI_ISL_16738404, EPI_ISL_16738405, EPI_ISL_16738406, EPI_ISL_16738407, EPI_ISL_16738408, EPI_ISL_16738409, EPI_ISL_16738410, EPI_ISL_16738411, EPI_ISL_16738412, EPI_ISL_16738413, EPI_ISL_16738414, EPI_ISL_16738415, EPI_ISL_17395563, EPI_ISL_17395562, EPI_ISL_17395561, EPI_ISL_17395560, EPI_ISL_17395559, EPI_ISL_17395558, EPI_ISL_17395557, EPI_ISL_17395556, EPI_ISL_17395555,

EPI_ISL_17395554, EPI_ISL_17831605, EPI_ISL_17831604, EPI_ISL_17831603, EPI_ISL_17831602, EPI_ISL_17831601, EPI_ISL_17831600, EPI_ISL_18054497, EPI_ISL_18054498. Все они были отнесены к клайду 6B.1A.5a.2a и несли дополнительные мутации K54Q, A186T, Q189E, E224A, R259K, K308R, I418V в гемагглютинине (HA) по отношению к вакцинному штамму А/Висконсин/588/2019 (культуральный аналог эмбрионального вакцинного вируса А/Виктория/2570/19). Два штамма (А/Москва/46/2022 и А/Москва/32/2022) также несли мутацию D222N в HA. Один штамм (А/Москва/32/2022) нес дополнительные мутации V152I и E172K (сайт Ca1 в HA). При исследовании двух штаммов вируса гриппа А(H1N1)pdm09, изолированных на клеточных линиях MDCK и пассированных на куриных эмбрионах (А/Москва/32/2022, А/Москва/37/2022), были обнаружены мутации N162K, D222G.

Вирусы гриппа А(H3N2) были выделены в Москве (1) и Биробиджане (1) и отнесены к клайду 3C.2a1b.2a.2b (2b), представленному вирусом А/Дарвин/6/2021 с дополнительными мутациями в HA (E50K, G53D, F79I, T135A(-GLY), I140K, S156H, S262N): EPI_ISL_17395564 и EPI_ISL_17831606.

Эпидемические штаммы вирусов гриппа В были выделены в Москве (8), Ярославле (1), Оренбурге (1), Томске (1), Биробиджане (2) и Владивостоке (5), Великом Новгороде (2): EPI_ISL_17395553, EPI_ISL_17395552, EPI_ISL_17395551, EPI_ISL_17395550, EPI_ISL_17395549, EPI_ISL_17831599, EPI_ISL_17831598, EPI_ISL_17831597, EPI_ISL_17831596, EPI_ISL_17831595, EPI_ISL_18054497, EPI_ISL_18054498, EPI_ISL_18054490, EPI_ISL_18054491, EPI_ISL_18054492, EPI_ISL_18054493, EPI_ISL_18054494, EPI_ISL_18054495, EPI_ISL_18054499. Все они были отнесены к генетической линии В/Виктория-подобных (клайд V1A.3a.2), представленному В/Австрия/1359417/2021. В ходе филогенетического анализа была обнаружена генетическая гетерогенность вирусов гриппа В: часть штаммов несли замены в HA по отношению к вакцинному В/Австрия/1359417/2021; 12 штаммов – замены E128K, A154E, S205P, из них 3 штамма (В/В.Новгород/6/2023, В/В.Новгород/7/2023, В/Москва/5/2023) несли дополнительные мутации V87I и T121N. Другие 5 штаммов несли замену D194E из них 1 штамм из Биробиджана (В/Биробиджан/2/2023) нес дополнительные замены R80G, E181K.

Среди исследованных штаммов вирусов гриппа не было выявлено генетических маркеров резистентности к противовирусным препаратам группы ингибиторов нейраминидазы.

В рамках проведения дозорного надзора за пациентами с ОРВИ были получены данные об эффективности вакцинопрофилактики гриппа среди госпитализированных пациентов. Из числа госпитализированных (719 пациентов) 15 пациентов имели в анамнезе вакцинацию против гриппа; при этом только у 3 из них была подтверждена гриппозная инфекция (у 2 – А(H1N1)pdm09 и у 1 – грипп В).

Эффективность вакцинации, согласно расчету с применением тест-негативного подхода (ВОЗ), составила 75,0%. Это в первую очередь подтверждает тот факт, что вакцинация может предупредить развитие более тяжелых форм гриппозной инфекции, требующих госпитализации пациентов. Оценить эффективность вакцинопрофилактики по другим показателям, таким как тяжесть течения заболевания, частота осложнений, летальность, в данной работе не представилось возможным по причине небольшой выборки привитых пациентов с лабораторно подтвержденной гриппозной инфекцией.

Обсуждение

В отличие от предыдущего сезона в России, как и в странах Северного полушария, в период эпидемического сезона 2022–2023 гг. был зафиксирован относительно ранний рост активности вирусов гриппа и, несмотря на увеличение объема тестируемых образцов, частота положительных проб на грипп не достигла показателей предпандемического по SARS-CoV-2 сезона 2018–2019 гг. [5, 10, 12]. Однако по сравнению с предыдущими эпидемическими сезонами (2020–2022 гг.) отмечена более высокая активность вирусов гриппа как в России, так и других странах мира с характерной цикличностью смены доминирующего подтипа вируса гриппа А.

Другая особенность рассматриваемого периода заключается в том, что активность нового коронавируса во всех странах была значительно ниже по сравнению с предыдущим сезоном, за исключением стран Тихоокеанского региона, где в период декабря 2022 г. – января 2023 г. регистрировали резкий рост активности SARS-CoV-2 [1].

По данным ВОЗ, с 1 октября 2022 г. по 30 июня 2023 г. во всех странах мира было проведено исследование около 9 млн образцов клинических материалов, из которых 11,2% оказались положительными на вирусы гриппа [13]. Активность вирусов гриппа имела двухволновый характер, что было обусловлено этиологически разными подтипами гриппа А: первая волна была отмечена в ноябре 2022 г. – январе 2023 г. (с пиковыми показателями до 21,0% положительных проб в период 48–52-й недели 2022 г.) и связана с большей активностью вируса гриппа А(H3N2); вторую волну регистрировали в период марта–апреля 2023 г. (с пиковыми показателями до 11,0% положительных проб в период 9–12-й недели), и она была связана с большей активностью вируса гриппа А(H1N1)pdm09 и гриппа В. К 26-й неделе 2023 г. частота положительных проб на вирусы гриппа из числа тестируемых составила 2,6%, за исключением нескольких стран, где показатели были выше, среди которых Норвегия (до 25,0%), Ирак (до 25,0%), Сенегал (до 40,0%) и др.; частота положительных проб на SARS-CoV-2 составила 9,2%, за исключением нескольких стран, таких как Норвегия (до 44,0%), Украина (до 57,0%), Чили (до 49,0%) и др.

За весь анализируемый период долевое участие распределилось следующим образом: грипп типа А – 82,8% и грипп типа В – 17,2%; 51,0% среди

субтипированных вирусов гриппа А пришлось на А(Н1N1)pdm09 и 49,0% – на А(Н3N2); все из изученных образцов, положительных на вирус гриппа В, были отнесены к линии В/Виктория-подобных.

Были прослежены, как и в предыдущие сезоны, различия по долевого участию вирусов гриппа в странах и регионах ВОЗ.

В странах Европейского региона ВОЗ активность вирусов различалась в том числе по доминирующему вирусу гриппа [11]. В таких странах, как Швейцария, Турция, Люксембург, Словакия, Испания и Швеция, в начале сезона доминировал вирус гриппа А(Н3N2), на смену которому в феврале–марте 2023 г. пришел вирус гриппа В; в Норвегии, Молдавии, Румынии и Великобритании, как и в России, вирус гриппа В сменил вирус гриппа А(Н1N1)pdm09; этиологию эпидемий на Мальте и в Португалии вызвал вирус гриппа А(Н3N2), в Сербии – А(Н1N1)pdm09.

В большинстве стран Американского региона ВОЗ доминировал вирус гриппа А(Н3N2), исключение составили Аргентина (грипп В), Венесуэла (А(Н1N1)pdm09) и Канада (А(Н1N1)pdm09+А(Н3N2)) [14, 15].

В странах Юго-Восточного региона ВОЗ была прослежена активность всех 3 вирусов гриппа; долевого участие вируса гриппа А(Н3N2) было доминирующим в период с октября 2022 г. до середины марта 2023 г., далее отмечалась социркуляция вирусов гриппа А(Н3N2) и В. При этом в Бангладеш доминировал вирус гриппа В, в Индии – во второй половине сезона регистрировали социркуляцию всех 3 вирусов [15].

В странах Западного Тихоокеанского региона ВОЗ была зафиксирована социркуляция А(Н1N1)pdm09 (доминировал) и А(Н3N2) [15].

В странах Африканского региона ВОЗ с октября 2022 г. регистрировали большую активность вируса гриппа А(Н1N1)pdm09, в апреле – социркуляцию вирусов гриппа А, в мае – большую активность вируса гриппа А(Н3N2); вирус гриппа В диагностировали в спорадических случаях [15].

В странах Восточного Средиземноморского региона ВОЗ в рассматриваемый период было установлено доминирование вируса гриппа А (преимущественно А(Н3N2)), причем в ряде стран была отмечена большая активность вируса гриппа А(Н1N1)pdm09 – в Афганистане, Иордании и Пакистане; социркуляцию А(Н1N1)pdm09 и В регистрировали в Тунисе и Ираке; грипп В – в Саудовской Аравии [15].

Изучение антигенных и генетических свойств популяции циркулировавших штаммов (более 10 тыс. в США и странах европейского региона) продемонстрировало в основном их полное соответствие штаммам, входившим в состав гриппозных вакцин в сезоне 2022–2023 гг. для стран Северного полушария (исключение составил вирус гриппа А(Н1N1)pdm09) [11, 14]. При этом выявленные мутации не изменяли антигенных свойств эпидемических штаммов популяции в целом, что также не повлияло на эффективность вакцин.

В работе наших коллег ФГБУ «НИИ гриппа им. А.А. Смородинцева» Минздрава России представ-

лены данные по оценке эффективности вакцинопрофилактики гриппа в контексте данных, полученных при изучении антигенных и генетических свойств вирусов гриппа, циркулировавших в России в сезоне 2022–2023 гг. [10]. Образцы были взяты от пациентов в рамках выполнения дозорного (ТОРИ – 1631 пациент) и традиционного надзоров (гриппоподобное заболевание и ОРИ – 1178 пациентов). Авторы отметили низкий охват прививками пациентов обеих групп (0,7% – ТОРИ и 6,6% – гриппоподобное заболевание и ОРИ), при этом эффективность вакцинопрофилактики среди привитых пациентов составила 92,7 и 54,7% соответственно (в среднем – 80,0%). Эти данные согласуются с результатами настоящего исследования по эффективности вакцинопрофилактики в отношении частоты госпитализации пациентов с гриппозной инфекцией, хотя и были получены на меньшей выборке пациентов.

К февралю 2023 г. популяция эпидемических штаммов вируса гриппа А(Н1N1)pdm09 была представлена двумя филогенетическими кладами: 5a.1 и 5a.2, с большей частотой представительства последнего из кладов. С 2022 г. были прослежены дальнейшие процессы в приобретении новых мутаций в НА представителей клада 5a.2 с формированием субкладов: 5a.2a (+K54Q, A186T, Q189E, E224A, R259K и K308R в сайте Sb); 5a.2a.1, представленный А/Висконсин/67/22 (P137S, K142R, D260E, T277A и для большинства из них – T216A). При изучении уровней специфических антител, приобретенных добровольцами после вакцинации рекомендованным составом на эпидемический сезон 2022–2023 гг., в феврале 2023 г. регистрировали значительное снижение средней геометрических титров (СГТ) в большинстве образцов к циркулирующим штаммам вируса гриппа А(Н1N1)pdm09 субкладов 5a.2a и 5a.2a.1. В связи с этим эксперты ВОЗ пересмотрели состав гриппозных вакцин для стран Северного полушария в 2023–2024 гг. с заменой только одного из компонентов – А(Н1N1)pdm09 (А/Виктория/2579/2019 на А/Виктория/4897/2022). 25 февраля 2023 г. ВОЗ опубликовала рекомендации по составу гриппозных вакцин для стран Северного полушария в сезоне 2023–2024 гг. [16]. Трехвалентные вакцины на основе куриного эмбриона будут содержать вирус, подобный А/Виктория/4897/2022 (Н1N1)pdm09; вирус, подобный А/Дарвин/9/2021 (Н3N2), и вирус, подобный В/Австрия/1359417/2021 (линия В/Виктория-подобных). В состав четырехвалентных вакцин на основе куриного эмбриона рекомендован вирус гриппа В/Пхукет/3073/2013 (линия В/Ямагата-подобных).

К сентябрю 2023 г. стало очевидным, что популяция штаммов вируса гриппа А(Н3N2), клайд 3С.2a1b.2a2 также изменилась по отношению к последнему из эталонных вариантов – А/Дарвин/16/2021 (2a), и была представлена генетическими группами 2a (с вариантами 2a–2d) и доминирующей 2a.3a.1 (А/Таиланд/8/2022). Для стран мира были отмечены различия по доминированию того или иного варианта вируса гриппа А(Н3N2): варианты 2a1b циркулировали

в основном в странах Европы и Северной Америки; 2a.3a.1 – в странах Африки, Азии, Северной Америки и Океании; 2b – во всех странах мира. При изучении уровней специфических антител, приобретенных добровольцами после вакцинации рекомендованным составом на эпидемический сезон 2022–2023 гг. (Северное полушарие) и 2023 г. (Южное полушарие), регистрировали значительное снижение СГТ в большинстве образцов к циркулирующим штаммам вируса гриппа A(H3N2)pdm09 субклайда 2a.3a.1. В связи с этим эксперты ВОЗ пересмотрели состав гриппозных вакцин для стран Южного полушария в 2024 г. с заменой компонента вируса гриппа A(H3N2)pdm09 (А/Дарвин/16/2021 на А/Таиланд/8/2022) [17]. Эти изменения в свойствах вируса гриппа A(H3N2) могут стать причиной более низкой эффективности гриппозных вакцин (ЭГВ) в странах Северного полушария в текущем сезоне (2023–2024), и особенно в тех странах, где его активность будет доминирующей (например, в России).

Был проведен анализ 6 исследований по оценке ЭГВ в сезоне 2022–2023 гг. на основе данных, полученных 16 европейскими странами в период мониторинга гриппа среди амбулаторных и госпитализированных пациентов, в том числе в отделения интенсивной терапии [18]. Как уже упоминалось выше, долевое участие вирусов гриппа в период эпидемического подъема различалось по странам Европейского региона, в частности, частота положительных проб на грипп А была в пределах от 17,0 до 95,0%. Предварительные данные показали, что эффективность вакцинопрофилактики в отношении гриппа этого типа вируса составляла от 27,0 до 44,0%, вируса гриппа В – более 50,0%, при этом показатель был выше у детей (50,0–90,0%) по сравнению со взрослыми (12,0–49,0%). В отношении вируса гриппа А(H1N1)pdm09 ЭГВ варьировала от 28,0 до 46,0%, в то же время отмечались такие же различия у детей (49,0–77,0%) и взрослых (21,0–56,0%); в отношении вируса гриппа A(H3N2) показатели колебались от 2,0 до 44,0% и в возрастных группах составляли 62,0–70,0 и 36,0–42,0% соответственно; в отношении гриппа В показатели были представлены в работе только для детей младше 18 лет (88,0–90,0%) и 2–6 лет (87,0–95,0%). Авторы отметили близкое родство эпидемических штаммов по антигенным свойствам к вакцинному вирусу (А/Дарвин/6/2021) и их принадлежность к клайду 3С.2a1b.2a.2, при этом с достаточно высокой частотой генетического разнообразия популяции в целом, что могло повлиять на различия, полученные другими авторами. Например, канадские исследователи привели данные, несколько отличные от вышеупомянутых по странам европейского региона: эффективность вакцины в отношении вируса гриппа A(H3N2) среди всех пациентов составила 58,0–59,0% (выше) и у детей – 47,0% (ниже) [19]. Авторы сделали предположение о возможном влиянии мутации (Т135К) в НА с потерей сайта гликозилирования, которая с большей частотой встречалась в популяции эпидемических штаммов, выделенных от пациентов младше 25 лет.

В странах Европейского региона вирусы гриппа В имели относительно низкую активность в период эпидемических подъемов, начиная с 2019–2020 гг., при этом эффективность вакцин была более высокой [20]. Такие же данные по В-вирусному компоненту вакцин были получены и в других странах мира (Канада и США) [21, 22]. Результаты молекулярно-генетических исследований популяции штаммов вируса гриппа В в период 2020–2023 гг. показали их принадлежность к линии В/Виктория-подобных, кладе V1A.3a.2 [11, 14, 19]. Эпидемические штаммы последних лет содержали замены в позициях, приводящих к фенотипической «реверсии» к вирусам со сходными антигенными свойствами, циркулировавшими более 50 лет назад [23]. Различия по эффективности гриппозных вакцин в разных возрастных группах могут быть также объяснены потенциальными эффектами импринтинга (иммунологическая память человека о ранее встречаемых вирусах гриппа).

Как уже упоминалось выше, современные четырехвалентные гриппозные вакцины содержат два вируса гриппа (А(H1N1)pdm09 и А(H3N2)) и два вируса гриппа В разных эволюционных линий (В/Виктория-подобный и В/Ямагата-подобный), разделение которых произошло в 1970-х годах и с этого периода регистрировали их социркуляцию [24, 25]. С марта 2020 г. все страны мира, осуществляющие надзор за циркуляцией вирусов гриппа, начали отмечать отсутствие в активной циркуляции вирусов гриппа В/Ямагата-подобных. В связи с этим ВОЗ рекомендует не приостанавливать надзор за этим вариантом вируса гриппа В и расширить молекулярно-генетические исследования (секвенирование) в отношении образцов, не типизируемых тест-системами, которые применяют в практическом здравоохранении. В случае официального признания исчезновения вируса гриппа В линии В/Ямагата-подобных актуальность четырехвалентных вакцин может быть пересмотрена, например, с переходом на трехвалентные препараты или добавлением какого-либо компонента других типов/подтипов вируса гриппа [24].

Исследования более 13 тыс. образцов эпидемических штаммов вирусов гриппа, изученных в США и странах Европейского региона, определили их благоприятный профиль чувствительности к препаратам с антинейраминидазной активностью (озельтамивиру и занамивиру) и ингибитору фермента в полимеразной кислой субъединице комплекса вирусной РНК-полимеразы (балоксавиру): пониженную чувствительность к препаратам регистрировали в единичных случаях, что составляло не более 1,0% [10, 13]. Необходимо отметить, что только в отношении вирусов гриппа А и В разработаны и применяются препараты с прямым механизмом действия, эффективность которых доказана многими исследователями, сделаны стратегические запасы на случай новой пандемии гриппа [26, 27].

Кроме того, очевидным на сегодняшний день является комплексный подход в вопросе прогнозирования развития эпидемического процесса ОРВИ на фоне

появления новых возбудителей (болезнь X) с привлечением таких возможных методов, как наблюдение, дескриптивные (описательно – оценочные модели/методы), аналитические и экспериментальные методы, математическое моделирование.

Заключение

Эпидемический сезон 2022–2023 гг. имел свои особенности и, в частности, на фоне относительно низкой активности SARS-CoV-2 и его новых вариантов характеризовался более ранним началом, наибольшей активностью вируса гриппа А, причем страны мира различались по доминирующему подтипу (А(Н1N) pdm09 и А(Н3N2)), а также доле участия вируса гриппа В линии В/Виктория-подобных; вирус гриппа В линии В/Ямагата-подобных не проявляет свою активность с марта 2020 г. В зависимости от активности типа/подтипа вируса гриппа в определенные периоды сезона отмечены различия по показателям заболеваемости, вовлеченности возрастных групп, летальности и эффективности гриппозных вакцин. По антигенным и молекулярно-генетическим свойствам популяция эпидемических штаммов вирусов гриппа была близка вирусам, входившим в состав гриппозных вакцин, рекомендованных экспертами ВОЗ в сезоне 2022–2023 гг., при этом более высокая эффективность была зафиксирована в отношении компонента А(Н1N) pdm09 (особенно в странах, где он доминировал), более низкая – в отношении компонента А(Н3N2), что стало причиной его замены в составе вакцин для стран Южного полушария на сезон 2024 г.; сохранен благоприятный профиль чувствительности к препаратам с антинейраминидазной активностью, а также ингибитору фермента, синтезирующего матричную РНК вируса гриппа. Все вышесказанное указывает на актуальность исследований и полученных данных в рамках проводимого надзора за циркулирующей вирусом гриппа.

ЛИТЕРАТУРА

1. WHO. Coronavirus disease (COVID-19). Available at: <https://who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>
2. Sanz I., Perez D., Rojo S., Dominguez-Gil M., de Lejarazu R.O., Eiros J.M. Coinfections of influenza and other respiratory viruses are associated to children. *An. Pediatr. (Engl. Ed)*. 2022; 96(4): 334–41. <https://doi.org/10.1016/j.anpede.2021.03.002>
3. Соминина А.А., Даниленко Д.М., Столяров К.А., Карпова Л.С., Бакаев М.И., Леванюк Т.П. и др. Интерференция SARS-CoV-2 с другими возбудителями респираторных вирусных инфекций в период пандемии. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2021; 20(4): 28–39. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2021-20-4-28-39> <https://elibrary.ru/cdrnsj>
4. Акимкин В.Г., Попова А.Ю., Плоскирева А.А., Углева С.В., Семенов Т.А., Пшеничная Н.Ю. и др. COVID-19: эволюция пандемии в России. Сообщение 1: проявления эпидемического процесса COVID-19. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2022; 99(3): 269–86. <https://doi.org/10.36233/0372-9311-276> <https://elibrary.ru/xzgtfd>
5. Бурцева Е.И., Колобухина Л.В., Воронина О.Л., Игнатьева А.В., Мукашева Е.А., Панова А.Д. и др. Особенности циркуляции возбудителей ОРВИ на фоне появления и широкого распространения SARS-CoV-2 в 2018–2021 годы. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2022; 21(4): 16–26. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2022-21-4-16-26> <https://elibrary.ru/rnyfoi>
6. Бурцева Е.И., Панова А.Д., Колобухина Л.В., Игнатьева А.В., Кириллова Е.С., Бреслав Н.В. и др. Эпидемический сезон 2021–2022 годов. Частота ко-инфекции респираторными вирусными патогенами. *Эпидемиология и инфекционные болезни*. 2023; 28(2): 67–77. <https://doi.org/10.17816/EID321873> <https://elibrary.ru/mdoeta>
7. WHO. Evaluation of influenza vaccine effectiveness. A guide to the design and interpretation of observational studies; 2017. Available at: <https://who.int/publications/i/item/9789241512121>
8. Zhou B., Lin X., Wang W., Halpin R.A., Bera J., Stockwell T.B., et al. Universal influenza B virus genomic amplification facilitates sequencing, diagnostics, and reverse genetics. *J. Clin. Microbiol.* 2014; 52(5): 1330–7. <https://doi.org/10.1128/JCM.03265-13>
9. Zhou B., Donnelly M.E., Scholes D.T., St. George K., Hatta M., Kawaoka Y., et al. Single-reaction genomic amplification accelerates sequencing and vaccine production for classical and Swine origin human influenza A viruses. *J. Virol.* 2009; 83(19): 10309–13. <https://doi.org/10.1128/JVI.01109-09>
10. Somnina A., Danilenko D., Komissarov A.B., Pisareva M., Fadeev A., Konovalova N., et al. Assessing the intense influenza A(H1N1)pdm09 epidemic and vaccine effectiveness in the post-COVID season in the Russian Federation. *Viruses*. 2023; 15(8): 1780. <https://doi.org/10.3390/v15081780>
11. WHO. Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2022–2023 northern hemisphere influenza season; 2022. Available at: <https://who.int/publications/m/item/recommended-composition-of-influenza-virus-vaccines-for-use-in-the-2022-2023-northern-hemisphere-influenza-season>
12. ECDC. Seasonal influenza – Annual epidemiological report for 2022/2023. Available at: <https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/seasonal-influenza-annual-epidemiological-report-20222023>
13. WHO. Global influenza programme. Influenza updates. Available at: <https://who.int/teams/global-influenza-programme/surveillance-and-monitoring/influenza-updates>
14. CDC. Weekly U.S. Influenza Surveillance Report; 2024. Available at: <http://cdc.gov/flu/weekly/index.htm/>
15. WHO. Global influenza programme. Influenza surveillance outputs. Available at: <https://who.int/teams/global-influenza-programme/surveillance-and-monitoring/influenza-surveillance-outputs>
16. ВОЗ. Объявлен состав вакцин против гриппа, рекомендованных для применения в Северном полушарии в сезон гриппа 2023–2024 гг.; 2023. Available at: <https://who.int/ru/news/item/24-02-2023-recommendations-announced-for-influenza-vaccine-composition-for-the-2023-2024-northern-hemisphere-influenza-season>
17. ВОЗ. Объявлен состав вакцин против гриппа, рекомендованных для применения в Южном полушарии в сезон гриппа 2023–2024 гг.; 2023. Available at: <https://who.int/ru/news/item/24-02-2023-recommendations-announced-for-influenza-vaccine-composition-for-the-2023-2024-southern-hemisphere-influenza-season>
18. Kissling E., Maurel M., Emborg H.D., Whitaker H., McMena-min J., Howard J., et al. Interim 2022/23 influenza vaccine effectiveness: six European studies, October 2022 to January 2023. *Euro Surveill.* 2023; 28(21): 2300116. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.21.2300116>
19. Skowronski D.M., Chuang E.S., Sabaiduc S., Kaweski S.E., Kim S., Dickinson J.A., et al. Vaccine effectiveness estimates from an early-season influenza A(H3N2) epidemic, including unique genetic diversity with reassortment, Canada, 2022/23. *Euro Surveill.* 2023; 28(5): 2300043. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.5.2300043>
20. Rose A., Kissling E., Emborg H.D., Larrauri A., McMenamin J., Pozo F., et al. Interim 2019/20 influenza vaccine effectiveness: six European studies, September 2019 to January 2020. *Euro Surveill.* 2020; 25(10): 2000153. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.10.2000153>
21. Skowronski D.M., Zou M., Sabaiduc S., Murti M., Olsha R., Dickinson J.A., et al. Interim estimates of 2019/20 vaccine effectiveness during early-season co-circulation of influenza A and B viruses, Canada, February 2020. *Euro Surveill.* 2020; 25(7): 2000103. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.7.2000103>
22. Dawood F.S., Chung J.R., Kim S.S., Zimmerman R.K., Nowalk M.P., Jackson M.L., et al. Interim Estimates of 2019–20 Seasonal Influenza Vaccine Effectiveness – United States, February 2020. *MMWR Morb. Mortal. Wkly Rep.* 2020; 69(7): 177–82. <https://doi.org/10.15585/mmwr.mm6907a1>

23. Rosu M.E., Lexmond P., Bestebroer T.M., Hauser B.M., Smith D.J., Herfst S., et al. Substitutions near the HA receptor binding site explain the origin and major antigenic change of the B/Victoria and B/Yamagata lineages. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 2022; 119(42): e2211616119. <https://doi.org/10.1073/pnas.2211616119>
24. Paget J., Caini S., Del Riccio M., van Waarden W., Meijer A. Has influenza B/Yamagata become extinct and what implications might this have for quadrivalent influenza vaccines? *Euro Surveill*. 2022; 27(39): 2200753. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.39.2200753>
25. Virk R.K., Jayakumar J., Mendenhall I.H., Moorthy M., Lam P., Linster M., et al. Divergent evolutionary trajectories of influenza B viruses underlie their contemporaneous epidemic activity. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 2020; 117(1): 619–28. <https://doi.org/10.1073/pnas.1916585116>
26. CDC. Influenza Antiviral Medications: Summary for clinicians. Available at: <https://cdc.gov/flu/professionals/antivirals/summary-clinicians.htm>
27. Uyeki T.M., Bernstein H.H., Bradley J.S., Englund J.A., File T.M., Fry A.M., et al. Clinical practice guidelines by the infectious diseases society of America: 2018 update on diagnosis, treatment, chemoprophylaxis, and institutional outbreak management of seasonal influenza. *Clin. Infect. Dis*. 2019; 68(6): 895–902. <https://doi.org/10.1093/cid/ciy874>

REFERENCES

1. Coronavirus infection (COVID-19). Available at: <https://who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>
2. Sanz I., Perez D., Rojo S., Dominguez-Gil M., de Lejarazu R.O., Eiros J.M. Coinfections of influenza and other respiratory viruses are associated to children. *An. Pediatr. (Engl. Ed)*. 2022; 96(4): 334–41. <https://doi.org/10.1016/j.anpede.2021.03.002>
3. Somnina A.A., Danilenko D.M., Stolyarov K.A., Karpova L.S., Bakaev M.I., Levanyuk T.P., et al. Interference of SARS-CoV-2 with other respiratory viral infections agents during pandemic. *Epidemiologiya i vaksinoprofilaktika*. 2021; 20(4): 28–39. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2021-20-4-28-39> <https://elibrary.ru/cdrnsj> (in Russian)
4. Akimkin V.G., Popova A.Yu., Ploskireva A.A., Ugleva S.V., Semnenko T.A., Pshenichnaya N.Yu., et al. COVID-19: the evolution of the pandemic in Russia. Report I: manifestations of the covid-19 epidemic process. *Zhurnal mikrobiologii, epidemiologii i immunobiologii*. 2022; 99(3): 269–86. <https://doi.org/10.36233/0372-9311-276> <https://elibrary.ru/xzgtfd> (in Russian)
5. Burtseva E.I., Kolobukhina L.V., Voronina O.L., Ignat'eva A.V., Mukasheva E.A., Panova A.D., et al. Features of the circulation of ARVI pathogens during of emergence and widespread of SARS-CoV-2 in the 2018–2021. *Epidemiologiya i vaksinoprofilaktika*. 2022; 21(4): 16–26. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2022-21-4-16-26> <https://elibrary.ru/rnyfoi> (in Russian)
6. Burtseva E.I., Panova A.D., Kolobukhina L.V., Ignat'eva A.V., Kirillova E.S., Breslav N.V., et al. Epidemic season 2021–2022: frequency of co-infection by respiratory viral pathogens. *Epidemiologiya i infektsionnye bolezni*. 2023; 28(2): 67–77. <https://doi.org/10.17816/EID321873> <https://elibrary.ru/mdoeta> (in Russian)
7. WHO. Evaluation of influenza vaccine effectiveness. A guide to the design and interpretation of observational studies; 2017. Available at: <https://who.int/publications/i/item/9789241512121>
8. Zhou B., Lin X., Wang W., Halpin R.A., Bera J., Stockwell T.B., et al. Universal influenza B virus genomic amplification facilitates sequencing, diagnostics, and reverse genetics. *J. Clin. Microbiol*. 2014; 52(5): 1330–7. <https://doi.org/10.1128/JCM.03265-13>
9. Zhou B., Donnelly M.E., Scholes D.T., St. George K., Hatta M., Kawaoka Y., et al. Single-reaction genomic amplification accelerates sequencing and vaccine production for classical and Swine origin human influenza A viruses. *J. Virol*. 2009; 83(19): 10309–13. <https://doi.org/10.1128/JVI.01109-09>
10. Somnina A., Danilenko D., Komissarov A.B., Pisareva M., Fadeev A., Konovalova N., et al. Assessing the intense influenza A(H1N1)pdm09 epidemic and vaccine effectiveness in the post-COVID season in the Russian Federation. *Viruses*. 2023; 15(8): 1780. <https://doi.org/10.3390/v15081780>
11. WHO. Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2022–2023 northern hemisphere influenza season; 2022. Available at: <https://who.int/publications/m/item/recommended-composition-of-influenza-virus-vaccines-for-use-in-the-2022-2023-northern-hemisphere-influenza-season>
12. ECDC. Seasonal influenza – Annual epidemiological report for 2022/2023. Available at: <https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/seasonal-influenza-annual-epidemiological-report-20222023>
13. WHO. Global influenza programme. Influenza updates. Available at: <https://who.int/teams/global-influenza-programme/surveillance-and-monitoring/influenza-updates>
14. CDC. Weekly U.S. Influenza Surveillance Report; 2024. Available at: <http://cdc.gov/flu/weekly/index.htm/>
15. WHO. Global influenza programme. Influenza surveillance outputs. Available at: <https://who.int/teams/global-influenza-programme/surveillance-and-monitoring/influenza-surveillance-outputs>
16. WHO. Recommendations announced for influenza vaccine composition for the 2023-2024 northern hemisphere influenza season. Available at: <https://who.int/news/item/24-02-2023-recommendations-announced-for-influenza-vaccine-composition-for-the-2023-2024-southern-hemisphere-influenza-season>
17. WHO. Recommendations announced for influenza vaccine composition for the 2023-2024 southern hemisphere influenza season. Available at: <https://who.int/news/item/24-02-2023-recommendations-announced-for-influenza-vaccine-composition-for-the-2023-2024-northern-hemisphere-influenza-season>
18. Kissling E., Maurel M., Emborg H.D., Whitaker H., McMenamin J., Howard J., et al. Interim 2022/23 influenza vaccine effectiveness: six European studies, October 2022 to January 2023. *Euro Surveill*. 2023; 28(21): 2300116. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.21.2300116>
19. Skowronski D.M., Chuang E.S., Sabaiduc S., Kaweski S.E., Kim S., Dickinson J.A., et al. Vaccine effectiveness estimates from an early-season influenza A(H3N2) epidemic, including unique genetic diversity with reassortment, Canada, 2022/23. *Euro Surveill*. 2023; 28(5): 2300043. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.5.2300043>
20. Rose A., Kissling E., Emborg H.D., Larrauri A., McMenamin J., Pozo F., et al. Interim 2019/20 influenza vaccine effectiveness: six European studies, September 2019 to January 2020. *Euro Surveill*. 2020; 25(10): 2000153. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.10.2000153>
21. Skowronski D.M., Zou M., Sabaiduc S., Murti M., Olsha R., Dickinson J.A., et al. Interim estimates of 2019/20 vaccine effectiveness during early-season co-circulation of influenza A and B viruses, Canada, February 2020. *Euro Surveill*. 2020; 25(7): 2000103. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.7.2000103>
22. Dawood F.S., Chung J.R., Kim S.S., Zimmerman R.K., Nowalk M.P., Jackson M.L., et al. Interim Estimates of 2019-20 Seasonal Influenza Vaccine Effectiveness – United States, February 2020. *MMWR Morb. Mortal. Wkly Rep*. 2020; 69(7): 177–82. <https://doi.org/10.15585/mmwr.mm6907a1>
23. Rosu M.E., Lexmond P., Bestebroer T.M., Hauser B.M., Smith D.J., Herfst S., et al. Substitutions near the HA receptor binding site explain the origin and major antigenic change of the B/Victoria and B/Yamagata lineages. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 2022; 119(42): e2211616119. <https://doi.org/10.1073/pnas.2211616119>
24. Paget J., Caini S., Del Riccio M., van Waarden W., Meijer A. Has influenza B/Yamagata become extinct and what implications might this have for quadrivalent influenza vaccines? *Euro Surveill*. 2022; 27(39): 2200753. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.39.2200753>
25. Virk R.K., Jayakumar J., Mendenhall I.H., Moorthy M., Lam P., Linster M., et al. Divergent evolutionary trajectories of influenza B viruses underlie their contemporaneous epidemic activity. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 2020; 117(1): 619–28. <https://doi.org/10.1073/pnas.1916585116>
26. CDC. Influenza Antiviral Medications: Summary for clinicians. Available at: <https://cdc.gov/flu/professionals/antivirals/summary-clinicians.htm>
27. Uyeki T.M., Bernstein H.H., Bradley J.S., Englund J.A., File T.M., Fry A.M., et al. Clinical practice guidelines by the infectious diseases society of America: 2018 update on diagnosis, treatment, chemoprophylaxis, and institutional outbreak management of seasonal influenza. *Clin. Infect. Dis*. 2019; 68(6): 895–902. <https://doi.org/10.1093/cid/ciy874>

Информация об авторах:

Бурцева Елена Ивановна[✉] – д-р мед. наук, руководитель лаборатории ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: elena-burtseva@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0003-2518-6801>

Колобухина Людмила Васильевна – д-р мед. наук, профессор, руководитель отдела ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: kolobuchina@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0001-5775-3343>

Панова Анна Дмитриевна – младший научный сотрудник ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: ainushgnomello@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0002-5688-5309>

Мукашева Евгения Андреевна – научный сотрудник ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: mukasheva_evgeniya@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-5688-5309>

Краснослободцев Кирилл Геннадьевич – научный сотрудник ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: kk87@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0003-1745-9128>

Кириллова Елена Сергеевна – канд. мед. наук, ведущий научный сотрудник ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: esshevchenko@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0001-7977-7530>

Бреслав Наталья Владимировна – канд. биол. наук, старший научный сотрудник ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: n.belyakova1983@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0002-6946-5119>

Трушакова Светлана Викторовна – канд. биол. наук, старший научный сотрудник ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: s.trushakova@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0002-9610-3041>

Комарова Ирина Александровна – ассистент кафедры инфекционных болезней ФГБОУ ВО ТГМУ Минздрава России, Владивосток, Россия. E-mail: mikhaira@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0003-0483-7433>

Феодоритова Елена Леонидовна – научный сотрудник «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: flulab@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-1472-1357>

Меркулова Лилия Николаевна – канд. мед. наук, ведущий научный сотрудник ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: merkulova0320@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-7260-0879>

Хлопова Ирина Николаевна – канд. мед. наук, ведущий научный сотрудник, Институт вирусологии им. Д.И. Ивановского ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: khloпова.ira@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-7419-590X>

Кружкова Ирина Сергеевна – младший научный сотрудник ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: irina-kru@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-1983-481X>

Игнатъева Анна Викторовна – канд. биол. наук, старший научный сотрудник ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: valgella@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0001-6206-2299>

Крепкая Анастасия Сергеевна, младший научный сотрудник Института вирусологии им. Д.И. Ивановского ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: nasya18-96@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-7272-4011>

Комиссаров Андрей Борисович – заведующий лабораторией молекулярной вирусологии ФГБУ «НИИ гриппа им. А.А. Смородиной» Минздрава России, Санкт-Петербург. E-mail: andrey.komissarov@influenza.spb.ru; <https://orcid.org/0000-0003-1733-1255>

Почтовый Андрей Андреевич – канд. биол. наук, старший научный сотрудник лаборатории механизмов популяционной изменчивости патогенных микроорганизмов ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: a.pochtovyy@gamaleya.org; <https://orcid.org/0000-0003-1107-9351>

Кустова Дарья Дмитриевна – младший научный сотрудник лаборатории механизмов популяционной изменчивости патогенных микроорганизмов ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России; аспирант кафедры вирусологии Биологического факультета МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия. E-mail: kustovad70@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0002-8382-275X>

Гущин Владимир Алексеевич – д-р биол. наук, заведующий лабораторией механизмов популяционной изменчивости патогенных микроорганизмов и референс-центра по коронавирусной инфекции ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России; старший научный сотрудник каф. вирусологии Биологического факультета МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия. E-mail: wowaniada@gmail.com; <http://orcid.org/0000-0002-9397-3762>

Тюрин Игорь Николаевич – канд. мед. наук, главный врач ГБУЗ «ИКБ № 1» Департамента здравоохранения Москвы, Москва, Россия. E-mail: tyurin.dti@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-5696-1586>

Самков Алексей Александрович – заместитель главного врача по медицинской части ГБУЗ «ИКБ № 1» Департамента здравоохранения Москвы, Москва, Россия. E-mail: a.a.samkov@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-0365-3096>

Антипят Наталья Александровна – заместитель главного врача по медицинской части ГБУЗ «ИКБ № 1» Департамента здравоохранения Москвы, Москва, Россия. E-mail: natadoc70@bk.ru; <https://orcid.org/0000-0001-8578-2838>

Участие авторов: Бурцева Е.И. – организация и дизайн исследования, анализ результатов, подготовка статьи; Колобухина Л.В. – организация и дизайн исследования, сбор материала; Панова А.Д. – анализ и статистическая обработка полученных результатов; Мукашева Е.А. – ПЦР-исследования; изучение антигенных свойств эпидемических штаммов; Краснослободцев К.Г. – ПЦР-исследования, депонирование данных в GenBank; Кириллова Е.С. – изоляция и типирование эпидемических штаммов; Бреслав Н.В. – изучение чувствительности эпидемических штаммов к противогриппозным препаратам; Трушакова С.В. – ПЦР-исследования, пробоподготовка к секвенированию; Комарова И.А. – сбор и обработка данных по заболеваемости и госпитализации; Феодоритова Е.Л. – сбор и обработка данных по заболеваемости и госпитализации, данным лабораторной диагностики; Меркулова Л.Н. – сбор клинических материалов и информации по ТОРИ; Хлопова И.Н. – сбор клинических материалов и информации по ТОРИ; Кружкова И.С. – сбор клинических образцов; Игнатъева А.В. – изоляция и типирование эпидемических штаммов; Крепкая А.С. – изоляция и типирование эпидемических штаммов; Комиссаров А.Б. – секвенирование эпидемических штаммов; Почтовый А.А. – секвенирование эпидемических штаммов; Кустова Д.Д. – секвенирование эпидемических штаммов; Гущин В.А. – секвенирование эпидемических штаммов; Тюрин И.Н. – организационно-методическая работа по дизайну исследования; Самков А.А. – организационно-методическая работа по дизайну исследования; Антипят Н.А. – организационно-методическая работа по дизайну исследования.

Information about the authors:

Elena I. Burtseva[✉] – Dr. Sci. (Medicine), Head of influenza etiology and epidemiology laboratory National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: elena-burtseva@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0003-2518-6801>

Ludmila V. Kolobukhina – Dr. Sci. (Medicine), prof., Head of Department, National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: kolobukhina@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0001-5775-3343>

Anna D. Panova – junior researcher, National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: ainushgnomello@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0002-5688-5309>

Evgeniya A. Mukasheva – researcher, National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: mukasheva_evgeniya@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-5688-5309>

Kirill G. Krasnoslobodtsev – researcher, National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: kkg_87@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0003-1745-9128>

Elena S. Kirillova – PhD (Medicine), leading researcher, National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: esshevchenko@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0001-7977-7530>

Natalia V. Breslav – PhD (Biology), senior researcher, National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: n.belyakova1983@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0002-6946-5119>

Svetlana V. Trushakova – PhD (Biology), senior researcher, National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: s.trushakova@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0002-9610-3041>

Irina A. Komarova – assistant, Department of Infectious Diseases, Pacific State Medical University of the Ministry of Health of the Russian Federation, Primorsky Krai, Vladivostok, Russia. E-mail: mikhaira@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0003-0483-7433>

Elena L. Feodoritova – researcher, National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: flulab@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-1472-1357>

Liliya N. Merkulova – PhD (Medicine), leading researcher, National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: merkulova0320@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-7260-0879>

Irina N. Khlopova – PhD (Medicine), leading researcher, National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: khlopova.ira@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-7419-590X>

Irina S. Kruzhkova – junior researcher, National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: irina-kru@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-1983-481X>

Anna V. Ignatieva – PhD (Biology), senior researcher, National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: valgella@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0001-6206-2299>

Anastasia S. Krepkaya – junior researcher, National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: nastya18-96@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-7272-4011>

Andrey B. Komissarov – Head of molecular virology laboratory, Research institute of influenza named after A.A. Smorodintsev of Ministry of Health, St. Petersburg, Russia. E-mail: andrey.komissarov@influenza.spb.ru; <https://orcid.org/0000-0003-1733-1255>

Andrei A. Pochtovyi – PhD (Biology), senior researcher, National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: a.pochtovyi@gamaleya.org; <https://orcid.org/0000-0003-1107-9351>

Daria D. Kustova – junior researcher, National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: kustovad70@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0002-8382-275X>

Vladimir A. Gushchin – Dr. Sci. (Biology), Head of laboratory, National Research Centre of Epidemiology and Microbiology named after honorary academician N.F. Gamaleya of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: wowaniada@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0002-9397-3762>

Igor N. Tyurin – PhD (Medicine), chief physician, Clinical Hospital for Infectious Diseases No. 1, Department of Health of Moscow, Moscow, Russia. E-mail: tyurin.dti@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-5696-1586>

Alexey A. Samkov – deputy chief physician, Clinical Hospital for Infectious Diseases No. 1, Department of Health of Moscow, Moscow, Russia. E-mail: a.a.samkov@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-0365-3096>

Natalya A. Antipyat – deputy chief physician, Clinical Hospital for Infectious Diseases No. 1, Department of Health of Moscow, Moscow, Russia. E-mail: natadoc70@bk.ru; <https://orcid.org/0000-0001-8578-2838>

Contribution: Burtseva E.I. – organization and design of the study, analysis of the results, preparation of the article; Kolobukhina L.V. – organization and design of the study, collection of material; Panova A.D. – analysis and statistical processing of the results; Mukasheva E.A. – PCR studies; study of antigenic properties of epidemic strains; Krasnoslobodtsev K.G. – PCR studies, depositing data in GenBank; Kirillova E.S. – isolation and typing of epidemic strains; Breslav N.V. – study of the sensitivity of epidemic strains to anti-influenza drugs; Trushakova S.V. – PCR studies, sample preparation for sequencing; Komarova I.A. – collection and processing of data on morbidity and hospitalization; Feodoritova E.L. – collection and processing of data on morbidity and hospitalization, laboratory diagnostic data; Merkulova L.N. – collection of clinical materials and information on TORI; Khlopova I.N. – collection of clinical materials and information on TORI; Kruzhkova I.S. – collection of clinical samples; Ignatieva A.V. – isolation and typing of epidemic strains; Krepkaya A.S. – isolation and typing of epidemic strains; Komissarov A.B. – sequencing of epidemic strains; Pochtovyi A.A. – sequencing of epidemic strains; Kustova D.D. – sequencing of epidemic strains; Gushchin V.A. – sequencing of epidemic strains; Tyurin I.N. – organizational and methodological work on research design; Samkov A.A. – organizational and methodological work on research design; Antipyat N.A. – organizational and methodological work on research design.

Received 28 December 2023

Accepted 08 February 2024

Published 28 February 2024