ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ
DOI: https://doi.org/10.36233/0507-4088-302

© БУРЦЕВА Е.И., БРЕСЛАВ Н.В., МУКАШЕВА Е.А., КРАСНОСЛОБОДЦЕВ К.Г., КИРИЛЛОВА Е.С., ТРУШАКОВА С.В., КОМАРОВА И.А., ФЕОДОРИТОВА Е.Л., ПАНОВА А.Д., КИСТЕНЕВА Л.Б., ХЛОПОВА И.Н., КРУЖКОВА И.С., КРЕПКАЯ А.С., МОРОЗОВА Е.О., ИГНАТЬЕВА А.В., КОМИССАРОВ А.Б., ТЮРИН И.Н., САМКОВ А.А., АНТИПЯТ Н.А., 2025

Эпидемический сезон 2023–2024 гг.: палитра возбудителей ОРВИ на некоторых территориях РФ и в регионах ВОЗ

Бурцева Е.И.[1]✉, Бреслав Н.В.[1], Мукашева Е.А.[1], Краснослободцев К.Г.[1], Кириллова Е.С.[1], Трушакова С.В.[1], Комарова И.А.[2], Феодоритова Е.Л.[1], Панова А.Д.[1], Кистенева Л.Б.[1], Хлопова И.Н.[1], Кружкова И.С.[1], Крепкая А.С.[1], Морозова Е.О.[1], Игнатьева А.В.[1], Комиссаров А.Б.[3], Тюрин И.Н.[4], Самков А.А.[4], Антипят Н.А.[4]

[1]ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии им. почетного академика Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, 123098, г. Москва, Россия;
[2]ФГБОУ ВО «Тихоокеанский государственный медицинский университет» Минздрава России, 690002, г. Владивосток, Россия;
[3]ФГБУ «Научно-исследовательский институт гриппа им. А.А. Смородинцева» Минздрава России, 197022, г. Санкт-Петербург, Россия;
[4]ГБУЗ «Инфекционная клиническая больница № 1» Департамента здравоохранения города Москвы, 125310, г. Москва, Россия

Резюме
Цель настоящей работы заключалась в определении особенностей циркуляции возбудителей острых респираторных вирусных инфекций (ОРВИ), в том числе вирусов гриппа и SARS-CoV-2, в период эпидемического сезона 2023–2024 гг. в регионах Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ) и ряде регионов РФ.
Материалы и методы. В статье использованы вирусологические, иммунологические и статистические методы, а также аналитический материал сайта ВОЗ для оценки особенностей циркуляции возбудителей ОРВИ в регионах ВОЗ и на отдельных территориях РФ.
Результаты и обсуждение. Частота выявления положительных проб в клинических материалах составила: вирусов гриппа 7,7%, ОРВИ – 17,1% и SARS-CoV-2 – 6,5%. По антигенным и молекулярно-генетическим свойствам популяция доминирующего подтипа вируса гриппа A(H3N2) была гетерогенной и отличалась от вакцинного штамма. Сохранен благоприятный профиль чувствительности эпидемических штаммов к препаратам с антинейраминидазной активностью (осельтамивиру и к занамивиру) и ингибитору кэп-зависимой эндонуклеазы (балоксавиру марбоксилу). Отмечена тенденция к росту активности таких респираторных патогенов, как: HPIV, HAdV, HRsV, HRV, HCoV и HMPV. Экспертами ВОЗ выработаны рекомендации по составу гриппозных вакцин для стран Северного и Южного полушарий с заменой компонента вируса гриппа A(H3N2): A/Дарвин/9/2021 на A/Таиланд/8/2022 и A/Хорватия/10136RV/2023 соответственно. Продолжают регистрировать случаи инфицирования людей вирусами гриппа птиц и свиней.
Заключение. На фоне относительно низкой циркуляции новых вариантов SARS-CoV-2 в сезоне 2023-2024гг., в странах Северного полушария регистрировали эпидемическую активность вирусов гриппа в традиционные сроки. В глобальном масштабе его начало было связано с вирусом гриппа A(H3N2), затем регистрировали рост активности вируса гриппа A(H1N1) pdm09 и гриппа B. Прослежены, как и в предыдущие сезоны, различия по долевому участию вирусов гриппа в регионах ВОЗ, в том числе, и по городам РФ.

Ключевые слова: *эпидемический сезон 2023–2024 гг.; грипп; SARS-CoV-2; ОРВИ; антигенные свойства; генетические свойства; состав гриппозных вакцин для стран Северного полушария (2024–2025 гг.)*

Для цитирования: Бурцева Е.И., Бреслав Н.В., Мукашева Е.А., Краснослободцев К.Г., Кириллова Е.С., Трушакова С.В., Комарова И.А., Феодоритова Е.Л., Панова А.Д., Кистенева Л.Б., Хлопова И.Н., Кружкова И.С., Крепкая А.С., Морозова Е.О., Игнатьева А.В., Комиссаров А.Б., Тюрин И.Н., Самков А.А., Антипят Н.А. Эпидемический сезон 2023–2024 гг.: палитра возбудителей ОРВИ на некоторых территориях РФ и в регионах ВОЗ. *Вопросы вирусологии*. 2025; 70(3): 234–245. DOI: https://doi.org/10.36233/0507-4088-302
EDN: https://elibrary.ru/mqxomb

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. Авторы выражают глубокую благодарность за многолетнее сотрудничество в надзоре за циркуляцией вирусов гриппа в Российской Федерации коллегам 10 опорных баз, представленными ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии» Роспотребнадзора, в Европейской части: М.В. Харламову (г. Новгород Великий), С.А. Ушакову (г. Липецк), М.В. Буланову (г. Владимир), Б.А. Малицкому (г. Ярославль), Т.В. Рябининой (г. Пенза), Е.Г. Прокопьевой (г. Чебоксары); на Урале: Д.С. Константинову (г. Оренбург); в Сибири: А.В. Шихину (г. Томск), на Дальнем Востоке: А.В. Букликову (г. Биробиджан) и Л.Б. Романовой (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/10.36233/0507-4088-302

Epidemic season 2023–2024: the palette of ARVI pathogens in some territories of the Russian Federation and WHO regions

Elena I. Burtseva[1]✉, Natalya V. Breslav[1], Evgenia A. Mukasheva[1], Kirill G. Krasnoslodotsev[1], Elena S. Kirillova[1], Svetlana V. Trushakova[1], Irina A. Komarova[2], Elena L. Feodoritova[1], Anna D. Panova[1], Lidiya B. Kisteneva[1], Irina N. Khlopova[1], Irina S. Kruzhkova[1], Anastasiya S. Krepkaia[1], Ekaterina O. Morozova[1], Anna V. Ignatieva[1], Andrey B. Komissarov[3], Igor N. Tyurin[4], Aleksey A. Samkov[4], Natalya A. Antipjat[4]

[1]The N.F. Gamaleya Research Center of Epidemiology and Microbiology of Ministry of Health, 123098, Moscow, Russia;
[2]Pacific State Medical University of the Ministry of Health of the Russian Federation, 690002, Vladivostok, Russia;
[3]Research institute of influenza named after A.A. Smorodintsev of Ministry of Health, 197022, St. Petersburg, Russia;
[4]Clinical Hospital for Infectious Diseases No. 1, Department of Health of Moscow, 125310, Moscow, Russia

Abstract
The purpose of this work was to determine the characteristics of the circulation of acute respiratory viral infection (ARVI) pathogens during the epidemic season of 2023–2024 in the WHO regions and Russian Federation.
Materials and methods. The article uses virological, immunological, and statistical methods, analytical material from the WHO website, to assess the circulation of ARVI pathogens in the Russian Federation and WHO regions.
Results and discussion. The detection rate of positive samples in clinical materials was as follows: influenza viruses – 7.7%, ARVI – 17.1% and SARS-CoV-2 – 6.5%. According to antigenic and molecular genetic properties, the population of the dominant subtype of the influenza A(H3N2) virus was heterogeneous and differed from the vaccine strain. The favorable sensitivity profile of epidemic strains to drugs with antineuraminidase activity (oseltamivir and zanamivir) and cap-dependent endonuclease inhibitor (baloxavir marboxil) was preserved. There was a tendency to increase the activity of respiratory pathogens such as HPIV, HAdV, HRsV, HRV, HCoV and HMPV. WHO experts have developed recommendations on the composition of influenza vaccines for the countries of the Northern and the Southern hemispheres with the replacement of the component of the influenza A(H3N2) virus: A/Darwin/9/2021 with A/Thailand/8/2022 and A/Croatia/13601RV/2023 accordingly. Cases of human infection with avian and swine influenza viruses continue to be registered.
Conclusion. Against the background of a relatively low circulation of new SARS-CoV-2 variants in the 2023-2024 season, epidemic activity of influenza viruses was recorded in the countries of the Northern hemisphere at the traditional time. Globally, its onset was associated with the influenza A(H3N2) virus, followed by an increase in the activity of the influenza A(H1N1) pdm09 virus and influenza B. As in previous seasons, differences in the proportion of influenza viruses in WHO regions, including cities of the Russian Federation, were traced.

Keywords: *epidemic season 2023–2024; influenza; SARS-CoV-2; ARVI; antigenic properties; genetic properties; the composition of influenza vaccines for the countries of the Northern hemisphere (2024–2025)*

For citation: Burtseva E.I., Breslav N.V., Mukasheva E.A., Krasnoslodotsev K.G., Kirillova E.S., Trushakova S.V., Komarova I.A., Feodoritova E.L., Panova A.D., Kisteneva L.B., Khlopova I.N., Kruzhkova I.S., Krepkaia A.S., Morozova E.O., Ignatieva A.V., Komissarov A.B., Tyurin I.N., Samkov A.A., Antipjat N.A. Epidemic season 2023–2024: the palette of ARVI pathogens in some territories of the Russian Federation and WHO regions. *Problems of Virology* (*Voprosy Virusologii*). 2025; 70(3): 234–245. DOI: https://doi.org/10.36233/0507-4088-302 EDN: https://elibrary.ru/mqxomb

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 Federal State Budgetary Institution Center of Hygiene and Epidemiology of Rospotrebnadzor in the European part: M.V. Kharlamov (Novgorod the Great), S.A. Ushakov (Lipetsk), M.V. Bulanov (Vladimir), B.A. Malitskiy (Yaroslavl), T.V. Ryabinina (Penza), E.G. Prokop'eva (Cheboksary); in the Urals: D.S, Konstantinov (Orenburg); Siberia: A.V. Shikhin (Tomsk), the Far East: A.V. Buklikov (Birobidzhan), L.B. Romanova (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 voluntary informed consent of the patients. The study protocol was approved by the Ethics Committee of the Moscow State Medical University «Infectious Clinical Hospital No. 1 of the Moscow Department of Health» (Protocol No. 8 dated 12/28/2022).

Введение

На фоне продолжающейся циркуляции нового коронавируса SARS-CoV-2 активность других респираторных патогенов, в том числе гриппа, в течение последних 3 эпидемических сезонов (2020–2023 гг.) была ниже по сравнению с предпандемическим по COVID-19 периодом [1–4]. Несмотря на это, была отмечена изменчивость популяций вирусов SARS-CoV-2 и гриппа, что не могло не повлиять на особенности эпидемического процесса острых респираторных вирусных инфекций (ОРВИ) в постковидный период[1] [5, 6]. Изучение особенностей изменчивости вирусных патогенов, а также способность к прогнозированию эволюционных связей может повысить уровень контроля над возбудителями ОРВИ и, в первую очередь, вирусами гриппа и SARS-CoV-2, в отношении которых разработаны вакцины [7]. При продолжении ранее проводимых ежегодных исследований определенный интерес представляла оценка особенностей развития эпидемии гриппа 2023–2024 гг. по частоте встречаемости и спектру респираторных патогенов на отдельных территориях РФ, а также в регионах Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ). Очевидной является необходимость анализа результатов изучения эволюционной изменчивости вирусов гриппа птиц и свиней, случаи которых были детектированы у людей в разных странах мира, для оценки рисков преодоления межвидового барьера и возможного формирования нового пандемического варианта[2].

Цель настоящей работы заключалась в определении особенностей циркуляции возбудителей ОРВИ, в том числе вирусов гриппа и SARS-CoV-2, в период эпидемического сезона 2023–2024 гг. в ряде регионов РФ и ВОЗ.

Материалы и методы

Сбор данных по заболеваемости и лабораторной диагностике возбудителей ОРВИ. В рамках осуществления 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 «Центры гигиены и эпидемиологии» Роспотребнадзора в Европейской части (гг. Новгород Великий, Липецк, Владимир, Ярославль, Пенза, Чебоксары), на Урале (г. Оренбург), Сибири (г. Томск) и Дальнем Востоке (гг. Биробиджан и Владивосток), провели анализ показателей заболеваемости и госпитализации в разных возрастных группах населения, а также результатов лабораторной диагностики респираторных патогенов. Период наблюдения – с 40-й недели (октябрь) 2023 г. по 39-ю неделю (сентябрь) 2024 г.

Анализ заболеваемости гриппом и ОРВИ в разных возрастных группах, изоляция вирусов гриппа, постановка полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР), реакции торможения гемагглютинации, оценка чувствительности к противогриппозным препаратам, а также статистическая обработка полученных результатов описаны ранее [1, 2]. В рамках традиционного надзора объем исследований с помощью лабораторных методов составил: для вирусов гриппа – 44 719 клинических образцов/изолятов/штаммов, ОРВИ – 40 277 клинических образцов и SARS-CoV-2 – 30 890 клинических образцов.

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). Биоинформационная обработка данных проведена с использованием пакетов программного обеспечения guppy вер.6.3.8, porechop вер.0.2.4, nanofilt вер.2.3.0, minimap2 вер.2.24, medaka вер.1.7.2 и bcftools вер.1.13.

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).

Результаты

В период с октября 2023 г. (40-я неделя) по сентябрь 2024 г. (39-я неделя) на сотрудничающих с ЦЭЭГ территориях превышение эпидемического порога заболеваемости ОРВИ по отношению к среднему показателю по РФ (72,6 на 10 тыс. населения) регистрировали в периоды 47–52-й недели 2023 г., 2–7-й недели, 9-й и 11-й недели 2024 г. Максимальную заболеваемость по совокупному населению (среднее значение по данным 10 городов РФ) регистрировали на 51-й неделе 2023 г. (135,9) – в те же сроки, что и в предыдущем сезоне, но с более низким показателем (157,0). В этот период частота положительных проб на респираторные патогены составила 34,2%, в том числе вирусы гриппа – 18,9%, SARS-CoV-2 – 5,7%, другие ОРВИ – 9,6%.

Средний показатель заболеваемости ОРВИ за весь сезон был незначительно ниже по сравнению с показателем предыдущего периода (69,1 и 71,6 соответственно); в то же время отмечали незначительный рост показателя у детей 0–2 лет (среднее 303,1 с интервалом 6,9–553,8 и 294,4 (9,2–475,2) соответственно); в других возрастных группах отмечено снижение: у детей 3–6 лет (264 (6,4–409,6) и 273,9 (10,5–425,4) соответственно), школьников (137,6 (5,5–225,6) и 141,4 (9,4–218,3) соответственно) и взрослых (41,6 (29,0–58,3) и 43,6 (19,4–54,3) соответственно).

[1]COVID-19 epidemiological update – 9 October 2024. Edition 172. Доступно по: https://www.who.int/publications/m/item/covid-19-epidemiological-update-edition-172

[2]Risk assessments and summaries of influenza at the human-animal interface. Доступно по: https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/avian-influenza/monthly-risk-assessment-summary

Динамика частоты положительных находок для вирусов гриппа A и B, SARS-CoV-2 и ОРВИ (в том числе: вирусы парагриппа 1, 2, 3 и 4-го типов (human Parainfluenza virus-1–4, HPIV); аденовирусы групп B, C и E ((human Adenovirus B, C, E, HAdV); респираторно-синцитиальный вирус (human Respiratory Syncytial virus, HRsV); риновирус (human Rhinovirus, HRV); бокавирус (human Bocavirus, HBoV); метапневмовирус человека (human Metapneumovirus, HMPV); коронавирус (human Coronavirus, HCoV)) методом ОТ-ПЦР в период октября 2023 г. – сентября 2024 г. представлена на **рис. 1**.

Эпидемический сезон 2023–2024 гг., как и предыдущий, стартовал с высоких показателей частоты положительных проб на ОРВИ негриппозной этиологии (28,3%). На фоне снижающейся активности патогенов ОРВИ и относительно «невысокой» частоты выявления положительных проб на SARS-CoV-2 (до 9,1%) был отмечен рост активности вирусов гриппа с максимальными показателями числа положительных проб (31,5%) в период 1-й недели 2024 г. Эти данные указывают на высокую эпидемическую активность вирусов гриппа в этот период и коррелируют с показателями заболеваемости ОРВИ.

В период 3–24-й недели 2024 г. регистрировали рост активности других респираторных патогенов с максимальными показателями частоты положительных проб до 26,0%; и вплоть до 27-й недели 2024 г. частота выявления положительных проб была не менее 10,0%. Рост показателей был отмечен также в период 37–39-й недели 2024 г. (до 14,1%).

Наибольшая активность SARS-CoV-2 была прослежена в период 11–16-й недели 2024 г.

Частота положительных находок по результатам ПЦР в период 40-й недели 2023 г. – 26-й недели 2024 г. составила: для гриппа – 7,7% (из 38 070 обследованных), ОРВИ – 17,1% (из 33 869 обследованных) и SARS-CoV-2 – 6,5% (из 26 257 обследованных); в период июня–сентября 2024 г. (27–39-я неделя 2024 г.) показатели были значительно ниже и составили: для ОРВИ – 9,7% (из 6408 обследованных) и SARS-CoV-2 – 4,9% (из 4633 обследованных). При этом их активность различалась в разных городах РФ (**табл. 1**).

Наиболее высокая частота выявления положительных проб на грипп была отмечена в гг. Москве, Владивостоке, Томске и Биробиджане; SARS-CoV-2 – в гг. Москве, Чебоксарах, Владивостоке и Ярославле. Тройку «лидеров» в структуре сезонных ОРВИ составили HRV (5,9%), HRsV (2,4%) и HCoV (2,1%), при этом более высокие показатели положительных проб на HPIV выявляли в гг. Биробиджане, Владимире и Ярославле; на HAdV – в гг. Москве, Биробиджане и Ярославле; HRV – в гг. Москве, Биробиджане и Владивостоке; HCoV – в гг. Ярославле, Москве и Владимире; HBoV – в гг. Владимире, Владивостоке и Биробиджане; HMPV – в гг. Ярославле, Оренбурге и Биробиджане.

В то же время регионы России не различались по долевому участию типов/подтипов вирусов гриппа (**рис. 2**). Вирус гриппа A доминировал в сезоне 2023–2024 гг. на всех территориях, сотрудничающих с ЦЭЭГ НИЦЭМ. В структуре вируса гриппа A большую активность проявил A(H3N2), долевое участие которого составило 95,0%. Штаммы вируса гриппа B выявляли только в 5,0% случаев, при этом в отдельных городах его активность была выше по сравнению с другими городами Европейской части РФ: в гг. Москве (10,3%), Липецке (15,3%), Владимире (7,5%), Ярославле (5,5%) и Владивостоке (8,7%).

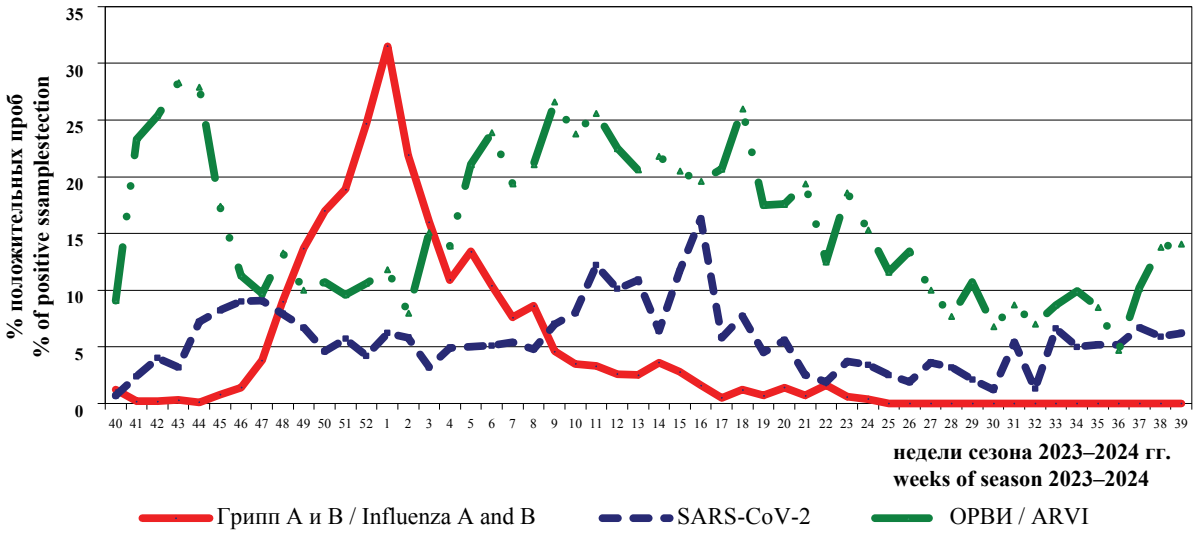

Рис. 1. Динамика частоты выявления положительных образцов на вирусные респираторные возбудители (%) в клинических материалах методом ОТ-ПЦР в период эпидемического сезона 2023–2024 гг.

Fig. 1. Dynamics of the frequency of detection of positive samples for virus respiratory pathogens (%) in clinical samples by RT-PCR during epidemic season 2023–2024.

Таблица 1. Результаты ПЦР-диагностики гриппа, SARS-CoV-2 и некоторых ОРВИ в период октября 2023 г. – сентября 2024 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 2023 – September 2024 at the Centre of Ecology and Epidemiology of Influenza (CEEI) in National Research Centre of N.F. Gamaleya and in the territories of the Russian Federation cooperating with it

Центры гигиены и эпидемиологии городов, областей, республик Canters 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 % «+»	HAdV % «+»	HRsV % «+»	HRV % «+»	HCoV % «+»	HBoV % «+»	HMPV % «+»	число образцов number of samples	% «+»
ЦЭЭГ, Москва CEEI, Moscow	1404	13,8	595	1,5	3,4	2,7	12,9	3,7	0,2	2,0	1404	13,6
Вел. Новгород Vel. Novgorod	1222	1,8	1024	0,7	0	2,3	0	0	0	0	0	0
Липецк Lipetsk	4117	1,5	4117	0,5	0,3	0,3	0,5		0,4	0,6	4117	0,8
Владимир Vladimir	2330	5,7	1663	2,4	1,3	5,5	6,8	2,1	2,4	2,2	2234	3,2
Ярославль Yaroslavl	6196	8,5	4159	1,7	2,3	2,7	8,3	3,9	1,0	4,1	4587	8,2
Пенза Penza	4058	4,2	3549	1,1	1,6	2,3	5,0	1,1	0,4	0,5	3549	1,3
Чебоксары Cheboksary	3348	6,2	3348	0,7	0,6	0,9	0,03	1,6	0	0	3422	10,0
Оренбург Orenburg	10 817	1,7	10 817	1,5	1,0	2,1	4,6	1,5	0,8	2,6	0	0
Томск Tomsk	3265	12,9	3254	1,32	1,5	2,9	8,8	2,1	0,8	1,2	3265	6,3
Владивосток Vladivostok	5345	13,1	5345	1,9	1,8	4,7	10,5	4,0	1,0	3,1	5345	8,3
Биробиджан Birobidzhan	2617	12,7	2406	2,9	2,5	1,1	12,6	4,2	0,9	2,5	2967	8,0
Всего Total	44 719	6,6	40 277	1,5	1,3	2,4	5,9	2,1	0,8	2,0	30 890	6,3

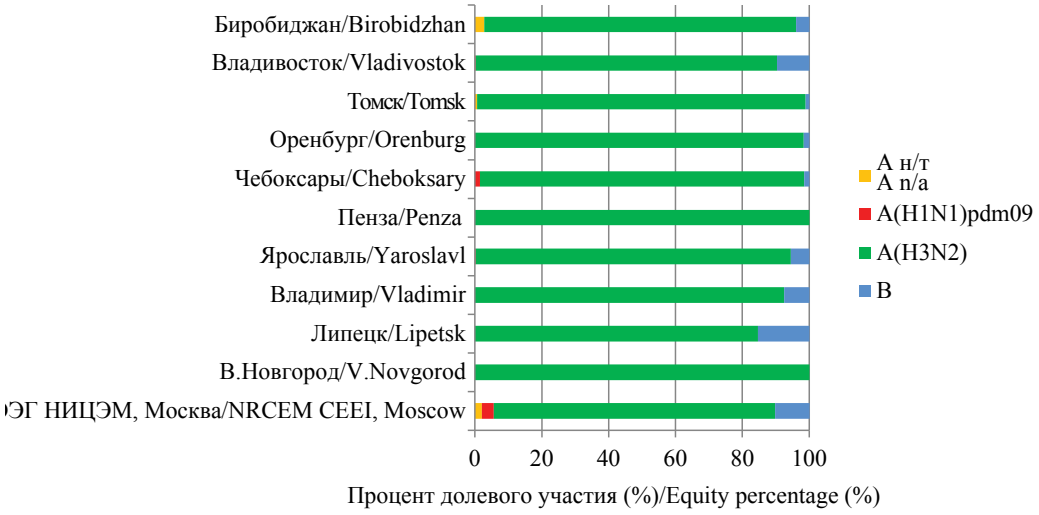

Рис. 2. Долевое участие вирусов гриппа в период эпидемического сезона 2023–2024 гг. в разных регионах РФ (по данным Центров гигиены и эпидемиологии городов, областей, республик).

Fig. 2. The share of influenza viruses during the epidemic season 2023–2024 in different regions of the Russian Federation (according to the Centers of Hygiene and Epidemiology of cities, regions, republics).

Таблица 2. Антигенные свойства эпидемических штаммов вирусов гриппа А и В, выделенных в эпидемическом сезоне 2023–2024 гг.
Table 2. Antigenic properties of epidemic strains of influenza A and B viruses isolated in the epidemic season 2023–2024

Тип/подтип вируса гриппа Type/subtype of the influenza virus	Штаммы вирусов гриппа, вошедшие в состав гриппозных вакцин в сезоне 2023–2024 гг. (отношение к гомологичному титру) Influenza virus strains included in influenza vaccines in the 2023–2024 season (relation 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/4897/22 A/Victoria/4897/22 (1–1/2 : 1/4)	2 (100%) : 0	2
	Дрейф-вариант Drift variant (< 1/4)	0	
A(H3N2)	A/Дарвин/9/21 A/Darwin/9/21 (1–1/2 : 1/4)	52 (27,8%) : 103 (55,1,0%)	187
	Дрейф-вариант Drift variant (< 1/4)	32 (17,1%)	
B	Линия Виктория-подобных Victoria-like lineage B/Австрия/135941/21(D3) (1–1/2) B/Austria/135941/21	0 : 6 (46,2%)	13
	Линия Виктория-подобных Victoria-like lineage Дрейф-вариант Drift variant (< 1/4)	7 (53,8%)	

Результаты антигенной характеристики эпидемических штаммов представлены в **табл. 2.** Исследования проводили в отношении вирусов гриппа, вошедших в состав вакцин в сезоне 2023–2024 гг. для стран Северного полушария[3].

В рассматриваемый период со спектром специфических референс-сывороток были изучены антигенные свойства 202 гемагглютинирующих изолятов, выделенных в гг. Москве, Великом Новгороде, Ярославле, Томске, Оренбурге, Биробиджане и Владивостоке: 187 изолятов проявили родство к вирусу гриппа A(H3N2), причем 17,1% из них представляли собой дрейф-варианты и взаимодействовали с сывороткой к вакцинному вирусу A/Дарвин/9/21(H3N2) до 1/8 и ниже гомологичного титра; два изолята проявили близкое родство с вирусом гриппа A(H1N1) pdm09; 13 изолятов, имели родство к вирусу гриппа B и взаимодействовали с сывороткой к вакцинному вирусу B/Австрия/1359417/21 от 1/16 до 1/4 гомологичного титра.

Изучена чувствительность эпидемических штаммов вирусов гриппа, выделенных в разных городах РФ, к препаратам с антинейраминидазной активностью. Данные представлены в **табл. 3**.

[3]Опубликованы рекомендации по штаммовому составу вакцин против сезонного гриппа на 2024–2025 гг. для Северного полушария; 2024. Доступно по: https://www.who.int/ru/news/item/23-02-2024-recommendations-announced-for-influenza-vaccine-composition-for-the-2024-2025-northern-hemisphere-influenza-season

Все из протестированных штаммов проявили нормальную чувствительность к осельтамивиру и занамивиру, за исключением 2 штаммов вируса гриппа A(H3N2) – A/Москва/26/2023 и A/Москва/3/2024 (H3N2), в отношении которых обнаружена сниженная чувствительность к осельтамивиру и занамивиру.

Методом высокопроизводительного секвенирования получены полногеномные последовательности для 62 штаммов вирусов гриппа А, в том числе 58 штаммов A(H3N2) и 4 штаммов A(H1N1)pdm09, выделенных в разных регионах РФ.

Вирусы гриппа A(H3N2) были отнесены к клайду 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 (2a.3a.1), представленному вирусом A/Таиланд/8/2022. В отношении 72,0% популяции выявлены общие замены N122D, K276E, характерные для субклайда J.2 (референс-штамм A/Сидней/878/2023); кроме того, были выявлено 12 штаммов, которые так же несли дополнительные мутации в HA, как I25V, V347M, что больше характерно для субклайда J.1 (референс-штамм A/Сидней/856/2023); на Дальнем Востоке были выявлены оригинальные штаммы (13), несущие дополнительные замены F79L, P239S в HA по отношению к клайду J.2: (EPI_ISL_18807375, EPI_ISL_18808360, EPI_ISL_18808361, EPI_ISL_18808362, EPI_ISL_18808363,EPI_ISL_18808364,EPI_ISL_18808365, EPI_ISL_18808371, EPI_ISL_19072582, EPI_ISL_19072580,EPI_ISL_19072579,EPI_ISL_19072578, EPI_ISL_19072577, EPI_ISL_19072576, EPI_ISL_19072575,EPI_ISL_19072574,EPI_ISL_19072573,

Таблица 3. Чувствительность эпидемических штаммов вирусов гриппа А и В, выделенных в сезоне 2023–2024 гг., к препаратам с антинейраминидазной активностью

Table 3. The susceptibility of influenza epidemic strains A and B, isolated in season 2023–2024 to inhibitors of neuraminidase

ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии» Роспотребнадзора Center for Hygiene and Epidemiology of Rospotrebnadzor	Число штаммов Number of strains	Штаммы вируса гриппа Influenza virus strains	IC_{50} (nM) к антинейраминидазным препаратам (интервалы среднего значения) IC_{50} (nM) to antineuraminidase drugs (mean value intervals)	
			осельтамивиру oseltamivir	занамивиру zanamivir
ЦЭЭГ, НИЦЭМ, Москва NRCEM CEEI, Moscow	2	A(H1N1)pdm09	0,5–0,7	0,4–0,9
	56	A(H3N2)	0,3–5,0	0,9–8,3
	3	B	35,6–38,9	4,5–5,1
Новгородской области / Novgorod region	2	A(H3N2)	0,9–3,1	1,9–4,3
Ярославской области / Yaroslavl region	2	A(H3N2)	0,5–0,6	0,5–1,6
Оренбургской области / Orenburg region	10	A(H3N2)	0,3–0,9	0,6–4,2
Томской области / Tomsk region	5	A(H3N2)	0,4–0,6	0,9–1,2
Приморского края / Primorsky Krai	10	A(H3N2)	0,4–0,7	0,8–2,0
	4	B	22,0–42,7	2,0–7,3
Еврейской АО / Jewish Autonomous District	4	A(H3N2)	0,4–1,0	0,8–4,1
ИТОГО TOTAL	2	A(H1N1)pdm09	0,5–0,7	0,4–0,9
	89	A(H3N2)	0,3–5,0	0,5–8,3
	7	B	22,0–42,7	2,0–7,3

EPI_ISL_19072572, EPI_ISL_19072571, EPI_ISL_19072570,EPI_ISL_19072569,EPI_ISL_19072524, EPI_ISL_19072523, EPI_ISL_19072522, EPI_ISL_19072521,EPI_ISL_19072520,EPI_ISL_19072519, EPI_ISL_19072518, EPI_ISL_19072517, EPI_ISL_19072516,EPI_ISL_19072515,EPI_ISL_19072514, EPI_ISL_19072513, EPI_ISL_19072512, EPI_ISL_19072511,EPI_ISL_19072510,EPI_ISL_19072509, EPI_ISL_19072508, EPI_ISL_19072507, EPI_ISL_19072506, EPI_ISL_19072505, EPI_ISL_19072504,EPI_ISL_19072503,EPI_ISL_19072502, EPI_ISL_19072501, EPI_ISL_19072500, EPI_ISL_19072499,EPI_ISL_19072498,EPI_ISL_19072497, EPI_ISL_19072496, EPI_ISL_19072495, EPI_ISL_19072494,EPI_ISL_19072493,EPI_ISL_19072492, EPI_ISL_19072491, EPI_ISL_19072490, EPI_ISL_19072489, EPI_ISL_19072488).

Штаммы вируса гриппа A(H1N1)pdm09 (4) были близкородственны вакцинному вирусу A/Виктория/2570/19, представленному клайдом 6B.1A.5a.2a (EPI_ISL_18809332, EPI_ISL_18809333, EPI_ISL_18809334, EPI_ISL_18809335).

Среди изученных штаммов генетических маркеров, ответственных за снижение чувствительности к ингибиторам нейраминидазы (осельтамивира, занамивира) и полимеразного комплекса (балоксавира марбоксила), не выявлено.

Обсуждение

Ранний рост активности вирусов гриппа на фоне относительно низкой активности и продолжающейся эволюционной изменчивости SARS-CoV-2 был отмечен в рассматриваемый период в большинстве стран Северного полушария[4–6].

По данным ВОЗ, с 1 октября 2023 г. по 30 июня 2024 г. во всех странах мира было проведено исследование более 10 млн образцов клинических материалов, из которых 12,3% оказались положительными на вирусы гриппа. Увеличение показателя выявления положительных проб на вирусы гриппа было отмечено с начала октября 2023 г., с превышением 10% порогового значения в период 47-й недели 2023 г. (11,0%); максимальные показатели были зарегистрированы в период последней недели 2023 г. (33,0%); уменьшение этого показателя началось с 14-й недели 2024 г.; к концу сезона (39-я неделя 2024 г.) он составил 4,0%, что было выше по сравнению с предыдущим сезоном (1,4%). За анализируемый период долевое участие вирусов гриппа распределилось следующим образом: грипп типа А – 78,0% и грипп типа В – 22,0%; 25,0% среди субтипированных вирусов гриппа А были отнесены к A(H1N1)pdm09 и 75,0% – к A(H3N2); все из субтипированных вирусов гриппа В были отнесены к линии В/Виктория-подобных. Прослежены, как и в предыдущие сезоны, различия по долевому уча-

[4]Global influenza programme. Influenza updates. Доступно по: https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/surveillance-and-monitoring/influenza-updates

[5]Seasonal influenza – Annual Epidemiological Report for 2023/2024. Доступно по: https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/seasonal-influenza-annual-epidemiological-report-20232024

[6]Weekly U.S. Influenza Surveillance Report. Доступно по: http://www.cdc.gov/flu/weekly/index.htm/

стию вирусов гриппа в странах, температурных зонах и регионах ВОЗ.

В странах ***Европейского региона ВОЗ*** рост показателей числа положительных проб на респираторные патогены был связан с вирусом гриппа A(H3N2) с максимальными значениями на 5-й неделе 2024 г. (26,1%); снижением в период 9-й недели 2024 г. (9,8%)[5]. Вирус гриппа B детектировали с 13-й недели 2024 г., в основном в спорадических случаях. За анализируемый период долевое участие распределилось следующим образом: грипп типа A – 43741 (93,4%) и грипп типа B – 3066 (6,4%); 10,4% среди субтипированных вирусов гриппа A пришлось на A(H1N1)pdm09 и 89,6% – на A(H3N2); все из субтипированных вирусов гриппа B (159) были отнесены к линии B/Виктория-подобных.

В странах ***Американского региона ВОЗ*** длительность эпидемии гриппа составила 15 нед (с 49-й недели 2023 г.) с максимальными показателями активности в конце декабря 2023 г. (18,1%), при этом были отмечены различия по доминирующему типу вируса: в странах *Северной Америки* доминировал вирус гриппа типа A(H1N1)pdm09 (76,5% из числа типированных штаммов вируса гриппа A)[6]; в *Центральной Америке* и на *Карибских островах* доминировал A(H3N2) с частотой положительных проб до 81,0%.

В странах ***Юго-Восточного региона ВОЗ*** регистрировали относительно низкую активность вирусов гриппа (до 10,0% положительных проб из числа тестируемых), причем детектировали практически равнозначную активность всех 3 вирусов гриппа.

В странах ***Западного Тихоокеанского региона ВОЗ*** прослежена большая активность A(H3N2) с пиковыми показателями числа положительных проб на 49-й неделе (34,1%); с 10-й недели 2024 г. регистрировали рост активности вируса гриппа A(H1N1)pdm09 с максимальными показателями в период 13-й недели 2024 г.

В странах ***Африканского региона ВОЗ*** с 40-й недели 2023 г. регистрировали со-циркуляцию вирусов гриппа A, причем большую активность A(H1N1) pdm09 отмечали в период некоторых недель сезона, при этом вирус гриппа B выявляли только в спорадических случаях. Показатели, превышающие пороговый уровень (10,0%), регистрировали в период с 40-й недели 2023 г. до 3-й недели 2024 г. и с 18-й до 26-й недели 2024 г. (до 250 положительных проб в неделю). В странах *центральной Африки* долевое участие вирусов гриппа составило: для гриппа A – 62,0% с равнозначным участием обеих подтипов; гриппа B – 38,0%. В странах *восточной Африки* долевое участие вирусов гриппа составило: для гриппа A – 87,0%, в том числе гриппа A(H3N2) – 72,0%; гриппа B – 13,0%.

В странах ***Восточного Средиземноморского региона ВОЗ*** начало сезона было отмечено относительно высокими показателями числа положительных проб на вирусы гриппа (22,7% в период 40-й недели 2023 г.) с максимальными показателями к 43-й неделе 2023 г. (29,1%). В этот период в ряде стран была отмечена большая активность вирусов гриппа A(H1N1)pdm09 и B – в Бахрейне, Египте и Ливане; социркуляцию A(H3N2) и B регистрировали в Афганистане; A(H1N1)pdm09 и A(H3N2) – в Тунисе.

Изучение генетических свойств популяции циркулировавших штаммов выявило неполное соответствие штаммам, входившим в состав гриппозных вакцин в сезоне 2023–2024 гг., для стран Северного полушария.

Популяция циркулировавших штаммов вируса гриппа A(H1N1)pdm09 была представлена вариантами клайда 5a.2a (субклайдов – C.1, C.7, C.1.7.2, C.8. C.1.9) и клайда 5a.2a.1 (субклайдов C.1.1, D, D.1, D.2, D.3, D.4), включающих эталоны – A/Виктория/2570/2017 (вакцинный), A/Сидней/5/2021, A/Висконсин/67/2022. Наибольшая активность была отмечена в отношении субклайда C.1.9, который доминировал в большинстве регионов, за исключением стран Северной Америки, Центральной и Южной Америки, где доминировали штаммы субклайда D.

Штаммы вируса гриппа A(H3N2) были отнесены к клайду 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 (субклайды J.1–J.4; A/Таиланд/18/2022) с доминированием субклайда J.2., представители которого имели специфические замены в гемагглютинине (HA) – N122D и R276E. Штаммы субклайда J.1 (I25V, V347M) социркулировали с небольшой частотой во многих странах, за исключением стран Азии и Африки, где было отмечено их доминирование. В ряде стран западной Африки выявляли циркуляцию субклайдов G.1.3.1 (2a.3a) и J.4 (2a.3a.1).

Вирусы гриппа B были менее активны, и все из типированных вирусов принадлежали к линии B/Виктория-подобных, клайду V1A.3a.2 (B/Австрия/1359417/2021); представители линии B/Ямагата-подобных детектированы не были.

Учитывая особенности свойств циркулировавших штаммов, эксперты ВОЗ провели замену состава гриппозных вакцин компонента вируса гриппа A(H3N2): A/Дарвин/9/2021 (клайд 2a) на A/Таиланд/8/2022 (клайд 2a.3a.1, субклайд J). Необходимо отметить, что в период февраля–сентября 2024 г. в популяции штаммов вирусов гриппа продолжали регистрировать гетерогенность популяций и в большей степени это коснулось вируса гриппа A(H3N2) (доминирующего в России и странах Европы), что стало причиной его замены в составе гриппозных вакцин для стран Южного полушария на более актуальный (A/Таиланд/8/2022, клайд 2a.3a.1, субклайд J на A/Хорватия/10136RV/2023, клайд).

Согласно данным, полученным ВОЗ в период сезона 2023–2024 гг., была протестирована чувствительность более 15 000 штаммов вирусов гриппа A и B к препаратам с антинейраминидазной активностью и около 10 000 – к балоксавирусу марбоксилу. Результаты показали хороший профиль чувствительности ко всем препаратам; в целом пониженная чувствительность к препаратам с антинейраминидазной активностью была определена среди штаммов A(H1N1)pdm09 в 1,6%, A(H3N2) в 0,01% и гриппа B в 0,2%; к балоксавиру марбоксилу в 0,1, 0,3 и 0% соответственно.

Второй респираторный патоген, в отношении которого страны проводят международный мониторинг, – новый коронавирус SARS-CoV-2[1]. В рассматриваемом эпидемическом сезоне его активность была значительно ниже по сравнению с предыдущими сезонами (в основном частота положительных проб не превышала 10,0%, за исключением летних месяцев, в период которых регистрировали максимальные показатели – до 13,0%), при этом его наибольшая активность была отмечена в странах Европейского региона ВОЗ. Суммарно к 15 сентября 2024 г. в мире было зарегистрировано 776 301 484 случая инфицирования SARS-CoV-2, 7 066 329 (0,9%) из которых – с летальным исходом. Тройку лидеров по числу инфицированных составили страны Европы (36,0%), Тихоокеанского региона (27,0%) и Америки (25,0%). В то же время тройку лидеров по частоте летальных исходов составили страны Европы (32,0%), Америки (43,0%) и Юго-Восточной Азии (11,0%). Прослежена зависимость активности SARS-CoV-2 от активности вирусов гриппа; складывается впечатление, что в отличие от предыдущих лет на фоне высокой активности вирусов гриппа снижается активность SARS-CoV-2. Можно предположить, что SARS-CoV-2 «занял свою нишу» в структуре классических ОРВИ.

Кроме того, в популяции этого вируса также были отмечены новые варианты с доминированием в определенные периоды. В начале сезона (октябрь 2023 г.) наиболее часто детектировали варианты XBB 1,5+F456 (64,5%), BA.2 (20,0%) и BA.2.75 (8,0%). В последующие месяцы был отмечен рост варианта BA.2.86 (с ноября 2023 г.), и уже к январю 2024 г. его долевое участие составило 92,0%. Далее в циркуляцию вошли новые варианты по линии BA.2.86, в частности JN.1, изменчивость которого регистрировали в последующие месяцы. JN.1 стал «родоначальником» популяции штаммов, получившей название FLiRT. В период сентября 2024 г. среди наиболее распространенных субклайдов FLiRT в Европейском регионе стали такие представители, как KP.3.1.1 (45%), XEC (13%), KP.3.1 (11%), JN.1 (9%), JN.1.11 (3%), JN.1.16 (3%), JN.1.9 (3%), KP.2 (3%)[5].

А.А. Соминина и соавт. сообщили об изменениях в этиологической структуры средней и тяжелой форм ОРВИ в период пандемии COVID-19, в частности, значительном снижении частоты детекции вирусов гриппа и HRsV (2020–2021 гг.), росте числа случаев HMPV- и HRV-инфекций; росте удельного веса HRsV-инфекции у детей на фоне достоверного снижения частоты COVID-19 (2022–2023 гг.) [3]. В отделениях реанимации и интенсивной терапии у детей в постпандемический период чаще всего выявляли HRsV-инфекцию, у взрослых – SARS-CoV-2. Полученные в рамках настоящей работы данные в определенной степени подтверждают выявленные ранее тенденции.

Особую обеспокоенность продолжает вызывать способность вирусов гриппа птиц и свиней инфицировать людей, что нередко приводит к тяжелым случаям заболевания[7] [10]. Среди наиболее патогенных – вирусы гриппа А с подтипом гемагглютинина H5, H7 и H9.

В период сентября 2023 г. – августа 2024 г. в некоторых странах мира инфицирование вирусом гриппа птиц A(H5N1) было подтверждено в 23 случаях (Камбоджа – 14, США – 6, по 1 случаю в Китае, Австралии и Вьетнаме), A(H5N6) – 5 случаев (Китай), A(H9N2) – 14 случаев (Китай – 11, по 1 случаю в Гане, Индии и Вьетнаме), A(H10N3) – 1 случай (Китай), A(H10N5) – 1 случай (Китай); инфицирование вирусами гриппа свиней A(H1N1)v – 5 случаев (США, Вьетнам, Бразилия, Испания, Швейцария, A(H1N2 v – 5 случаев (США – 4, Великобритания – 1), A(H3N2)v – 1 случай (Канада)[8].

С 2024 г. в США регистрируют случаи инфицирования фермеров вирусом гриппа птиц A(H5N1) от коров (клайд 2.3.4.4.b, генотип B3.13) и от птиц на птицефабриках (генотипа D1.1)[6]. При этом случаев передачи от человека к человеку не регистрировали с 2007 г. Возможно, это коррелирует с данными в опытах на хорьках, где было показано, что вирус клайда 2.3.4.4.b, включая генотип B3.13, достаточно хорошо передавался при прямом контакте и крайне ограниченно – при воздушно-капельном [11]. Современные вирусологические и эпидемиологические данные показывают, что несмотря на способность вирусов гриппа птиц инфицировать людей, по своим свойствам они остаются птичьими без «признаков» адаптации к млекопитающим, хотя события 2024 г. в США утверждают обратное: вирус гриппа птиц A(H5N1) смог инфицировать коров, а от коров произошло инфицирование людей. Все вышесказанное определяет необходимость дальнейших исследований и контроля.

Заключение

Эпидемический сезон 2023–2024 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 (A(H1N)pdm09 или A(H3N2)), а также долевому участию вируса гриппа В линии В/Виктория-подобных; вирус гриппа линии В/Ямагата-подобных не проявлял 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. По антигенным и молекулярно-генетическим свойствам популяция эпидемических штаммов вирусов гриппа была близка вирусам,

[7]Опубликованы рекомендации по штаммовому составу вакцин против гриппа на эпидемический сезон 2025 г. в Южном полушарии; 2024. Доступно по: https://www.who.int/ru/news/item/27-09-2024-recommendations-announced-for-influenza-vaccine-composition-for-the-2025-southern-hemisphere-influenza-season

[8]Influenza (avian and other zoonotic). Доступно по: https://www.who.int/health-topics/influenza-avian-and-other-zoonotic#tab=tab_1

входившим в состав гриппозных вакцин, рекомендованных экспертами ВОЗ в сезоне 2022–2023 гг., что предполагает их высокую эффективность; сохранен благоприятный профиль чувствительности к препаратам с антинейраминидазной активностью, а также ингибитору фермента, синтезирующего матричную РНК вируса гриппа. Тройку «лидеров» в структуре сезонных ОРВИ представляли HRV (5,9%), HRsV (2,4%) и HCoV (2,1%). В странах мира продолжают регистрировать случаи инфицирования людей вирусами гриппа птиц и свиней. Все вышесказанное указывает на актуальность исследований и полученных данных в рамках проводимого надзора за циркуляцией вирусов гриппа.

ЛИТЕРАТУРА

1. 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
2. Бурцева Е.И., Колобухина Л.В., Панова А.Д., Мукашева Е.А., Краснослободцев К.Г., Кириллова Е.С. и др. 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. https://doi.org/10.36233/0507-4088-211 https://elibrary.ru/zqtfnx
3. Соминина А.А., Даниленко Д.М., Комиссаров А.Б., Писарева М.М., Мусаева Т.Д., Столяров К.А. и др. Изменения этиологической структуры тяжёлых острых респираторных вирусных инфекций у детей и взрослых под влиянием пандемии COVID-19. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии.* 2024; 101(3): 327–41. https://doi.org/10.36233/0372-9311-532 https://elibrary.ru/jmtwkj
4. Петрова П.А., Коновалова Н.И., Бояринцева А.Ю., Даниленко Д.М., Васильева А.Д., Шелепанова Т.Н. и др. Этиологическая характеристика эпидемий гриппа на территории России в период пандемии COVID-19 в 2020–2023 гг. *Эпидемиология и Вакцинопрофилактика*. 2024; 23(3): 88–97. https://doi.org/10.31631/2073-3046-2024-23-3-88-97 https://elibrary.ru/ofrzhj
5. Карпова Л.С., Пелих М.Ю., Поповцева Н.М., Столярова Т.П., Волик К.М., Столяров К.А. Коронавирусная инфекция, вызванная вариантом «омикрон» и его дочерними геновариантами в России (2022–2023 гг.). *Эпидемиология и Вакцинопрофилактика.* 2024; 23(2): 36–49. https://doi.org/10.31631/2073-3046-2024-23-2-36-49 https://elibrary.ru/uqdnmi
6. Карпова Л.С., Комиссаров А.Б., Столяров К.А., Поповцева Н.М., Столярова Т.П., Пелих М.Ю. и др. Особенности эпидемического процесса COVID-19 в каждую из пяти волн заболеваемости в России. *Эпидемиология и Вакцинопрофилактика.* 2023; 22(2): 23–36. https://doi.org/10.31631/2073-3046-2023-22-2-23-36 https://elibrary.ru/udxfrp
7. Пшеничная Н.Ю., ред. *Грипп и ОРВИ в XXI веке: руководство для врачей.* М.: ГЭОТАР-Медиа; 2024. https://doi.org/10.33029/9704-8433-3-IAR-2024-1-304
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.* Oct. 2009; 83(19): 10309–13. https://doi.org/10.1128/jvi.01109-09
10. Charostad J., Rezaei Zadeh Rukerd M., Mahmoudvand S., Bashash D., Hashemi S.M.A., Nakhaie M., et al. A comprehensive review of highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5N1: An imminent threat at doorstep. *Travel Med. Infect. Dis.* 2023; 55: 102638. https://doi.org/10.1016/j.tmaid.2023.102638
11. Belser J.A., Sun X., Pulit-Penaloza J.A., Maines T.R. Fatal infection in ferrets after ocular inoculation with highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus. *Emerg. Infect. Dis.* 2024; 30(7): 1484–7. https://doi.org/10.3201/eid3007.240520

REFERENCES

1. Burtseva E.I., Kolobukhina L.V., Voronina O.L., Ignatjeva 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 Vaktsinoprofilaktika.* 2022; 21(4): 16–26. https://doi.org/10.31631/2073-3046-2022-21-4-16-26 https://elibrary.ru/rnyfoi (in Russian)
2. Burtseva E.I., Kolobukhina L.V., Panova A.D., Mukasheva E.A., Krasnoslobodtsev K.G., Kirillova E.S., et al. 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. The effectiveness of vaccine prophylaxis. *Voprosy virusologii.* 2024; 69(1): 42–55. https://doi.org/10.36233/0507-4088-211 https://elibrary.ru/zqtfnx (in Russian)
3. Sominina A.A., Danilenko D.M., Komissarov A.B., Pisareva M.M., Musaeva T.D., Stolyarov K.A., et al. Changes in the etiological structure of severe acute respiratory viral infections in children and adults under the influence of the COVID-19 pandemic. *Zhurnal mikrobiologii, epidemiologii i immunobiologii.* 2024; 101(3): 327–41. https://doi.org/10.36233/0372-9311-532 https://elibrary.ru/jmtwkj (in Russian)
4. Petrova P.A., Konovalova N.I., Boyarintseva A.Y., Danilenko D.M., Vasilieva A.D., Shelepanova T.N., et al. Etiologic characteristics of influenza epidemics on the territory of Russia in the period of pandemic COVID-19 in 2020–2023. *Epidemiologiya i Vaktsinoprofilaktika.* 2024; 23(3): 88–97. https://doi.org/10.31631/2073-3046-2024-23-3-88-97 https://elibrary.ru/ofrzhj (in Russian)
5. Karpova L.S., Pelikh M.Yu., Popovtseva N.M., Stolyarova T.P., Volik K.M., Stolyarov K.A. Coronavirus infection caused by the omicron variant and its daughter genovariants in Russia (2022–2023). *Epidemiologiya i Vaktsinoprofilaktika.* 2024; 23(2): 36–49. https://doi.org/10.31631/2073-3046-2024-23-2-36-49 https://elibrary.ru/uqdnmi (in Russian)
6. Karpova L.S., Komissarov A.B., Stolyarov K.A., Popovtseva N.M., Stolyarova T.P., Pelikh M.Yu., et al. Features of the COVID-19 Epidemic Process in Each of the of the Five Waves of Morbidity in Russia. Epidemiologiya i Vaktsinoprofilaktika. 2023; 22(2): 23–36. https://doi.org/10.31631/2073-3046-2023-22-2-23-36 https://elibrary.ru/udxfrp (in Russian)
7. Pshenichnaya N.Yu., ed. *Influenza and Acute Respiratory Viral Infections in the XXI Century: A Guide for Doctors [Gripp i ORVI v XXI veke: rukovodstvo dlya vrachei].* Moscow: GEOTAR-Media; 2024. https://doi.org/10.33029/9704-8433-3-IAR-2024-1-304 (in Russian)
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.* Oct. 2009; 83(19): 10309–13. https://doi.org/10.1128/jvi.01109-09
10. Charostad J., Rezaei Zadeh Rukerd M., Mahmoudvand S., Bashash D., Hashemi S.M.A., Nakhaie M., et al. A comprehensive review of highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5N1: An imminent threat at doorstep. *Travel Med. Infect. Dis.* 2023; 55: 102638. https://doi.org/10.1016/j.tmaid.2023.102638
11. Belser J.A., Sun X., Pulit-Penaloza J.A., Maines T.R. Fatal infection in ferrets after ocular inoculation with highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus. *Emerg. Infect. Dis.* 2024; 30(7): 1484–7. https://doi.org/10.3201/eid3007.240520

Информация об авторах:

Бурцева Елена Ивановна✉ – д-р мед. наук, заведующая лабораторией этиологии и эпидемиологии гриппа Института вирусологии им. Д.И. Ивановского ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: elena-burtseva@yandex.ru; https://orcid.org/0000-0003-2518-6801

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 .

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: kkg_87@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

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 «Тихоокеанский государственный медицинский университет» Минздрава России, Владивосток, Россия. E-mail: mikhaira@yandex.ru; https://orcid.org/0000-0003-0483-7433

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

Панова Анна Дмитриевна – младший научный сотрудник ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: ainushgnomello@gmail.com; https://orcid.org/0000-0002-9322-6273

Кистенева Лидия Борисовна – руководитель лаборатории ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: lborisovna2007@yandex.ru; https://orcid.org/0000-0001-7336-409X

Хлопова Ирина Николаевна – канд. мед. наук, ведущий научный сотрудник Института вирусологии им. Д.И. Ивановского ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: khlopova.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

Крепкая Анастасия Сергеевна – младший научный сотрудник Института вирусологии им. Д.И. Ивановского ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: nastya18-96@mail.ru; https://orcid.org/0000-0002-7272-4011

Морозова Екатерина Олеговна – канд. биол. наук, старший научный сотрудник ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия. E-mail: katerina.garina@gmail.com; https://orcid.org/0009-0001-3367-6168

Игнатьева 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

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

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; Бреслав Н.В. – изучение чувствительности эпидемических штаммов к противогриппозным препаратам, подготовка текста и отправка в редакцию; 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; 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; Панова А.Д. – анализ и статистическая обработка полученных результатов; Кистенева Л.Б. – сбор клинических материалов и информации по ТОРИ; Хлопова И.Н. – сбор клинических материалов и информации по ТОРИ; Кружкова И.С. – сбор клинических образцов; Крепкая А.С. – изоляция и типирование эпидемических штаммов; Морозова Е.О. – ПЦР-исследования, пробоподготовка; Игнатьева А.В. – изоляция и типирование эпидемических штаммов; Комиссаров А.Б. – 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.

Поступила 24.02.2025
Принята в печать 18.04.2025
Опубликована 30.06.2025

Information about the authors:

Elena I. Burtseva✉ – ScD, Head of influenza etiology and epidemiology laboratory The N.F. Gamaleya Research Center of Epidemiology and Microbiology of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: elena-burtseva@yandex.ru https://orcid.org/0000-0003-2518-6801

Natalya V. Breslav – PhD, Senior Researcher The N.F. Gamaleya Research Center of Epidemiology and Microbiology of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: n.belyakova1983@gmail.com; https://orcid.org/0000-0002-6946-5119

Evgenia A. Mukasheva – Research Associate The N.F. Gamaleya Research Center of Epidemiology and Microbiology of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: mukasheva_evgeniya@mail.ru; https://orcid.org/0000-0002-5688-5309

Kirill G. Krasnoslobodtsev – Research Associate The N.F. Gamaleya Research Center of Epidemiology and Microbiology of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: kkg_87@mail.ru; https://orcid.org/0000-0003-1745-9128

Elena S. Kirillova – PhD, Leading Researcher The N.F. Gamaleya Research Center of Epidemiology and Microbiology of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: esshevchenko@yandex.ru; https://orcid.org/0000-0001-7977-7530

Svetlana V. Trushakova – PhD, Senior Researcher The N.F. Gamaleya Research Center of Epidemiology and Microbiology of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: s.trushakova@gmail.com; https://orcid.org/0000-0002-9610-3041

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

Elena L. Feodoritova – Research Associate The N.F. Gamaleya Research Center of Epidemiology and Microbiology of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: flulab@mail.ru; https://orcid.org/0000-0002-1472-1357

Anna D. Panova – junior research assistant The N.F. Gamaleya Research Center of Epidemiology and Microbiology of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: ainushgnomello@gmail.com; https://orcid.org/0000-0002-9322-6273

Lidiya B. Kisteneva – head of laboratory The N.F. Gamaleya Research Center of Epidemiology and Microbiology of Ministry of Health, Moscow. Russia. E-mail: lborisovna2007@yandex.ru; https://orcid.org/0000-0001-7336-409X

Irina N. Khlopova – PhD, Leading Researcher The N.F. Gamaleya Research Center of Epidemiology and Microbiology of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: khlopova.ira@yandex.ru; https://orcid.org/0000-0002-7419-590X

Irina S. Kruzhkova – junior research assistant The N.F. Gamaleya Research Center of Epidemiology and Microbiology of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: irina-kru@yandex.ru; https://orcid.org/0000-0002-1983-481X

Anastasiya S. Krepkaia – junior research assistant The N.F. Gamaleya Research Center of Epidemiology and Microbiology of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: nastya18-96@mail.ru; https://orcid.org/0000-0002-7272-4011

Ekaterina O. Morozova – PhD, Senior Researcher The N.F. Gamaleya Research Center of Epidemiology and Microbiology of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: katerina.garina@gmail.com; https://orcid.org/0009-0001-3367-6168

Anna V. Ignatieva – PhD, Senior Researcher The N.F. Gamaleya Research Center of Epidemiology and Microbiology of Ministry of Health, Moscow, Russia. E-mail: valgella@yandex.ru; https://orcid.org/0000-0001-6206-2299

Andrey B. Komissarov – Head of the Laboratory of Molecular Virology 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

Igor N. Tyurin – PhD, Chief Physician of 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

Aleksey A. Samkov – Deputy Chief Medical Officer of 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. Antipjat – Deputy Chief Medical Officer of 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; Breslav N.V. – study of the sensitivity of epidemic strains to anti-nfluenza drugs, preparation of the text and sending to the editor; Mukasheva E.A. – PCR studies, study of the antigenic properties of epidemic strains; Krasnoslobodtsev K.G. – PCR studies, deposition data in GenBank; Kirillova E.S. – isolation and typing of epidemic strains; 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; Panova A.D. – analysis and statistical processing of the results; Kisteneva L.B. – 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; Krepkaia A.S. – isolation and typing of epidemic strains; Morozova E.O. – PCR studies, sample preparation; Ignatieva A.V. – isolation and typing of epidemic strains; Komissarov A.B. – sequencing of epidemic strains; Tyurin I.N. – organizational and methodological work on research design; Samkov A.A. – organizational and methodological work on design research; Antipyat N.A. – organizational and methodological work on research design.

Received 24 February 2025
Accepted 18 April 2025
Published 30 June 2025