

DOI: 10.25205/978-5-4437-1691-6-25

**ГЕНОМНЫЙ НАДЗОР ЗА SARS-COV-2 И РЕТРОСПЕКТИВНЫЙ АНАЛИЗ ХОДА ПАНДЕМИИ
В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ С ПОМОЩЬЮ ПЛАТФОРМЫ VGARUS*****GENOMIC SURVEILLANCE OF SARS-COV-2 AND RETROSPECTIVE ANALYSIS OF THE PANDEMIC
IN THE RUSSIAN FEDERATION USING THE VGARUS PLATFORM**

И. А. Котов^{1,2}, М. Р. Аглетдинов^{1,2}, Г. В. Роев^{1,2}, Е. В. Пимкина¹, М. И. Надтока¹, А. В. Пересадына¹,
А. Ю. Бухарина¹, Д. В. Светличный¹, С. Е. Гончаров¹, А. В. Выходцева¹, Н. И. Борисова¹,
М. Д. Чанышев¹, Д. Н. Агабалаев¹, В. В. Саенко¹, К. Ф. Хафизов¹, В. Г. Акимкин¹

¹Центральный НИИ эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва

²Московский физико-технический институт, Долгопрудный

I. A. Kotov^{1,2}, M. R. Agletdinov^{1,2}, G. V. Roev^{1,2}, E. V. Pimkina¹, M. I. Nadтока¹, A. V. Peresadina¹,
A. Yu. Bukharina¹, D. V. Svetlichny¹, S. E. Goncharov¹, A. V. Vykhodtseva¹, N. I. Borisova¹,
M. D. Chanyshv¹, D. N. Agabalaev¹, V. V. Saenko¹, K. F. Khafizov¹, V. G. Akimkin¹

¹Central Research Institute of Epidemiology, Moscow

²Moscow Institute of Physics and Technology, Dolgoprudny

✉ivan.kotov@phystech.edu

Аннотация

В ходе крупнейшего в России исследования нами были проанализированы геномные последовательности SARS-CoV-2, собранные по всей стране с мая 2020 г. по март 2024 г. и загруженные на платформу VGARus. Анализ выявил закономерности смены штаммов вируса в ходе пандемии новой коронавирусной инфекции.

Abstract

In the largest study of its kind in Russia, we analyzed SARS-CoV-2 genomic sequences collected across the country from May 2020 to March 2024 and uploaded to the VGARus platform. The analysis revealed patterns in the changing of viral strains during the COVID-19 pandemic.

Развитие технологий высокопроизводительного секвенирования (Next-Generation Sequencing, NGS) значительно снизило стоимость геномных исследований за последние 15 лет. Это сделало NGS неотъемлемой частью современной биологии и медицины, включая вирусологию, где новые методы секвенирования активно применяются для анализа вирусных геномов [1, 2]. Современные биоинформатические инструменты позволяют создавать и исследовать базы данных геномов патогенов, что играет важную роль в борьбе с инфекционными заболеваниями. Геномная эпидемиология позволяет отслеживать генетические изменения в патогенах, классифицировать их линии и оценивать их патогенность и способность к распространению. Эти исследования критически важны для разработки диагностических тестов, вакцин и стратегий борьбы с эпидемиями.

В период с 2020 по 2024 г. на территории Российской Федерации, благодаря совместным усилиям институтов Роспотребнадзора и других ведомств, была организована система исследования изменчивости SARS-CoV-2. Процесс включал первичное ПЦР-тестирование, секвенирование геномов и последующее типирование образцов. Полученные последовательности вместе с сопроводительными метаданными систематически загружались на агрегирующую платформу VGARus.

С использованием накопленной информации был проведен ретроспективный анализ частотной динамики вариантов SARS-CoV-2 (рис. 1). В 2020 г. наблюдалось разнообразие линий вируса без доминирующего явным образом варианта. В январе 2021 г. в России уже была обнаружена линия VOC-202012/01 («Альфа»), обладающая мутациями N501Y, P681H и Δ69-70, ассоциированными с повышенной способностью инфицировать клетки и уклоняться от иммунного ответа. Однако частота этой линии так и не успела вырасти до значений более 20 % по стране. Летом 2021 года доминирующим стал вариант «Дельта», вытеснивший все остальные. Его распространение увеличило число госпитализаций.

* Исследование выполнено при финансовой поддержке федерального проекта «Санитарный щит», субсидий, выделенных по распоряжению Правительства РФ, а также за счет внутренних финансовых ресурсов ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии.

© И. А. Котов, М. Р. Аглетдинов, Г. В. Роев, Е. В. Пимкина, М. И. Надтока, А. В. Пересадына, А. Ю. Бухарина, Д. В. Светличный, С. Е. Гончаров, А. В. Выходцева, Н. И. Борисова, М. Д. Чанышев, Д. Н. Агабалаев, В. В. Саенко, К. Ф. Хафизов, В. Г. Акимкин, 2024

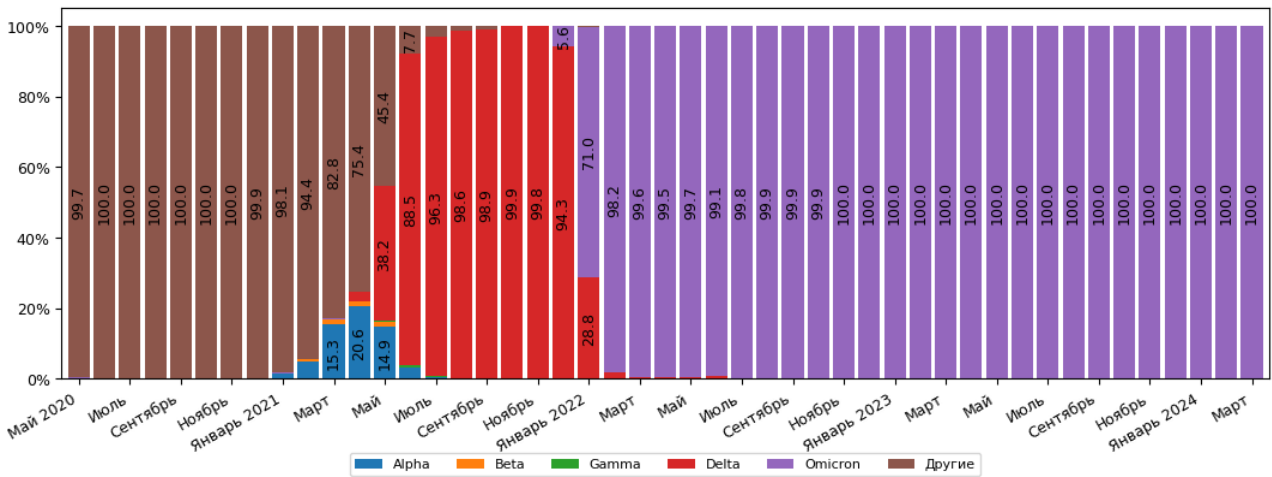


Рис. 1. Диаграмма частот распространности значимых вариантов SARS-CoV-2 в Российской Федерации с мая 2020 г. по март 2024 г.

В декабре 2021 г. в России появился вариант «Омикрон», вызвавший кратковременный всплеск заболеваемости. Весь следующий год наибольшее распространение получали различные субварианты «Омикрона», такие как BA.5 и BQ.1*. В начале 2023 г. в стране появился рекомбинантный вариант ХВВ*, который впоследствии был наиболее частым в России большую часть года. При этом уже в ноябре в стране появился вариант BA.2.86 («Пирола»), также ставший доминирующим к началу 2024 г. Эти изменения подчеркивают необходимость постоянного геномного мониторинга для своевременного выявления новых вариантов и разработки эффективных стратегий общественного здравоохранения.

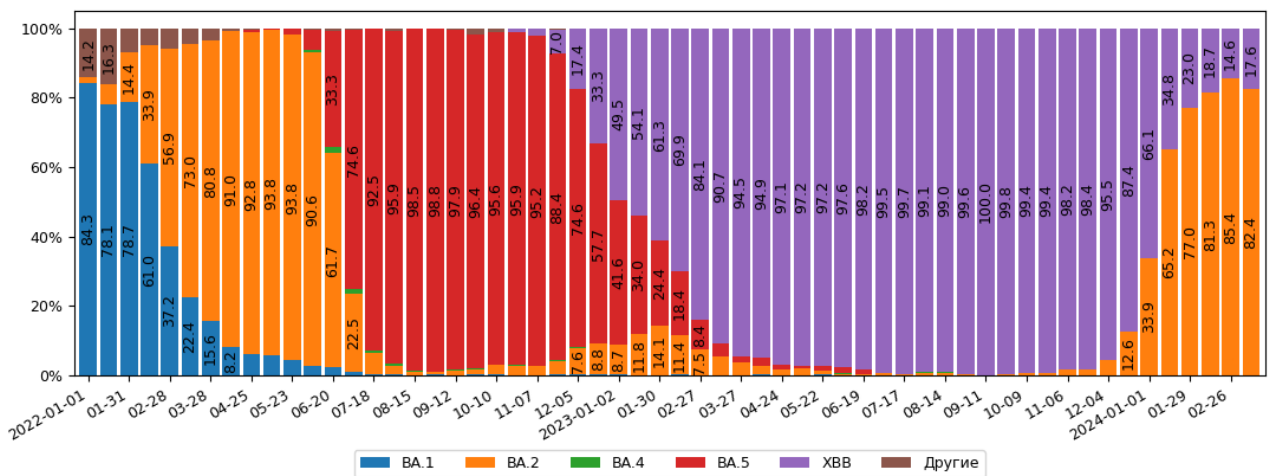


Рис. 2. Диаграмма частот распространности сублиний варианта «Омикрон» в Российской Федерации с января 2022 г. по март 2024 г.

Проведенные наблюдения позволили обнаружить ряд закономерностей. В частности, каждая новая значимая линия вируса, становясь доминирующей, достигает порога в 50 % от общей популяции в течение полутора-трех месяцев. Период, в течение которого такая линия сохраняет наивысшую распространенность, варьируется от трех месяцев до года. Более детальный анализ показал, что до момента появления в стране линии BA.2.86 свою представленность повышали такие штаммы, как FL.1.5.1 и ХВВ.1.16.11, но темпы роста их распространенности были слишком медленными и составлял лишь около 15 % за полгода.

Полученные в рамках нашего исследования данные о динамике вариантов SARS-CoV-2 согласуются с результатами из иностранных источников, основанных на анализе последовательностей базы GISAID, а иногда уточняют их с учетом более широкой географии сбора образцов [3].

Создание российской платформы VGARus стало важной вехой в борьбе с COVID-19. На текущий момент в ней хранится более 320 000 последовательностей геномов SARS-CoV-2. Платформа помогает идентифициро-

вать новые варианты вируса, разрабатывать диагностические инструменты и принимать качественные решения в области здравоохранения. VGARus улучшила понимание динамики пандемии в России, а также представляет особую ценность ввиду большого количества метаданных. В настоящее время платформа расширяется для мониторинга других вирусных патогенов, что делает ее еще более ценным ресурсом для вирусологов и специалистов по инфекционным заболеваниям.

Литература

1. Barzon L., Lavezzo E., Militello V. et al. Applications of Next-Generation Sequencing Technologies to Diagnostic Virology // IJMS. Vol. 12, No. 11. P. 7861–7884.
2. Akermi S., Jayant S., Ghosh A. et al. Viroinformatics for viral diseases: tools and databases // Translational Bioinformatics in Healthcare and Medicine, Elsevier. 2021. P. 171–182.
3. Xiao B., Wu L., Sun Q. et al. Dynamic analysis of SARS-CoV-2 evolution based on different countries // Gene. Vol. 916. P. 148426.