

ЭВОЛЮЦИЯ И ЭПИДЕМИОЛОГИЯ ГЕНОТИПОВ ВИРУСА КОРИ, КОРРЕЛЯЦИЯ С ОХВАТОМ ВАКЦИНАЦИИ ПРОТИВ КОРИ В РАЗНЫХ СТРАНАХ

© Сагомонов Антон Витальевич

Научный руководитель: ассистент Назарова Анна Николаевна
Кафедра инфекционных заболеваний у детей имени профессора М.Г. Данилевича
Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет

Контактная информация: Сагомонов Антон Витальевич — студент 4 курса Педиатрического факультета.
E-mail: anton.sag.lon@gmail.com

Ключевые слова: эволюция, эпидемиология, вакцинация, корь, генотип.

Актуальность исследования: корь является высококонтагиозным инфекционным заболеванием с широким диапазоном показателей летальности. Несмотря на многолетнюю программу по элиминации вируса кори, все еще наблюдаются высокие показатели его распространённости [1, 4]. Изучение молекулярной эпидемиологии и закономерностей выявления различных генотипов вируса кори поможет проследить возможные пути распространения, потенциал появления новых генотипов, а также корреляцию между охватом вакцинации и уровнем заболеваемости [2, 3].

Цель исследования: проанализировать корреляцию между молекулярной эпидемиологией вируса кори и международным охватом вакцинации.

Материалы и методы: критический анализ зарубежных литературных источников: eLibrary, PubMed, Medscape, ACOG.

Результаты: геном вируса состоит из 15,895 нуклеотидов, которые кодируют 6 структурных белков — фосфопротеин, матриксные белки, белки слияния, большой белок, нуклеопротеин (N) и гемагглютинин (H), а также два неструктурных белка С и V. Гены кодирующие N и H наиболее часто используются для генетической характеристики вирусов кори. В частности, один из наиболее вариабельных участков генома — 450 нуклеотидов, кодирующих 150 аминокислот СООН-конца белка N. Коэффициент дивергенции в этом участке генома может достигать 12% у различных штаммов. Именно поэтому ВОЗ рекомендует данную последовательность как минимум для генотипирования вирусов кори. При подозрении на обнаружение нового генотипа также требуется полная последовательность гена H. На данный момент ВОЗ выделяет 8 клад (A-H) разделенных на 24 генотипа (A, B1–3, C1–2, D1–11, E, F, G1–3, H1–2). Некоторые из них, например: B1, E, F, G1, D1 — являются неактивными, так как представители этих генотипов не выявлялись в течение как минимум 15 лет.

Таким образом, именно генотипирование является важнейшим инструментом в молекулярной эпидемиологии вируса кори, без него невозможна детальная оценка эпидемиологической картины данного заболевания и прогнозирования относительно элиминации этой инфекции. В период с 2016 по 2021 повсеместно были обнаружены 6 из 24 генотипов. Причем с каждым годом количество выявляемых генотипов снижалось, так в 2016 были выявлены все 6 (B3, D4, D5, D8, D9 у H1), а к 2021 наблюдалась циркуляция только 4 (B3, D4, D8 у H1). В этот период также наблюдался прирост уровня охвата вакцинации, что в совокупности с противоэпидемическими мерами против COVID-19 способствовало уменьшению заболеваемости корью и снижению числа циркулирующих генотипов.

Выводы: эпидемиологическая картина распространения вируса кори на данный момент стабильно улучшается, что напрямую связано с увеличением уровня охвата вакцинацией в странах. Однако даже в странах с высоким охватом иммунизацией случаются вспышки кори в результате завозной передачи, поэтому критически важным оказывается генотипирование выделенных вирусов. Только с помощью молекулярной эпидемиологии возможно выявить источник инфекции и своевременно провести противоэпидемические мероприятия, способствующие поддержанию эффективности программы по элиминации кори.

Литература

1. Aguilar Gamboa F. R., Suclupe Campos D. O. Molecular epidemiology of the measles virus in the region of the Americas: Current Overview //Rev. Fac. Med. Hum. — 2020. — С. 478–488.
2. Ackley S. F. et al. Genotype-specific measles transmissibility: a branching process analysis // Clinical Infectious Diseases. — 2018. — Т. 66. — № . 8. — С. 1270–1275.
3. Local Burden of Disease Vaccine Coverage Collaborators et al. Mapping routine measles vaccination in low-and middle-income countries //Nature. — 2021. — Т. 589. — № . 7842. — С. 415.
4. Михайлова, Я. Д. Клинико эпидемиологические особенности течения кори у взрослых в Санкт-Петербурге в 2018–2020 годах / Я. Д. Михайлова // Forcipe. — 2021. — Т. 4. — № S1. — С. 364–365. — EDN SCQMJF.