

РОЛЬ ГЕНОМНОГО ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО НАДЗОРА В СИСТЕМЕ БИОЛОГИЧЕСКОЙ БЕЗОПАСНОСТИ СТРАНЫ

Акимкин В.Г.

Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии, Москва, Россия

Аннотация

Биологическая безопасность, определяемая как состояние защищенности населения и окружающей среды от воздействия опасных биологических факторов, является интегральным понятием, включающим комплекс мероприятий политического, экономического, организационного и, особенно, медицинского характера. Напряженность геополитической обстановки в области национальной и межгосударственной безопасности свидетельствует о необходимости ускорения технологического совершенствования в области здравоохранения. Согласно Федеральному закону «О биологической безопасности в Российской Федерации», основными задачами государственной политики являются снижение рисков негативного воздействия биологических факторов на население и окружающую среду. Пандемия новой коронавирусной инфекции (COVID-19) внесла коррективы во все сферы жизни общества, в том числе в деятельность системы эпидемиологического надзора за инфекционными болезнями, требующие разработки и реализации инновационных решений. Опираясь на опыт оперативного реагирования на задачи, поставленные пандемией COVID-19, разработана система молекулярно-генетического мониторинга за возбудителями новых и возвращающихся инфекций как приоритетного вектора развития эпидемиологического надзора. На базе ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора внедрена в практику Российская платформа агрегации информации о геномах вирусов (VGARus) как технологическая, научно-организационная и инфраструктурная база геномного эпидемиологического надзора, выполняющая роль межведомственного консорциума. Внедрение в систему мониторинга инфекционной заболеваемости современных молекулярно-биологических технологий идентификации патогенов, обладающих эпидемическим потенциалом с учётом их мутационной изменчивости, является важным аспектом построения эффективной системы биологической безопасности.

Ключевые слова:

биобезопасность, эпидемиология, геномный эпидемиологический надзор, COVID-19, SARS-CoV-2, молекулярно-генетический мониторинг.

THE ROLE OF GENOMIC EPIDEMIOLOGICAL SURVEILLANCE IN THE NATIONAL BIOLOGICAL SAFETY

Akimkin V.G.

Central Research Institute of Epidemiology, Moscow, Russia

Abstract

Biological safety, defined as the state of protection of the population and the environment from the effects of hazardous biological factors, is an integral concept, including a set of measures of a political, economic, organizational and, especially, medical nature. The tension of the geopolitical situation in the field of national and interstate security indicates the need to accelerate technological improvement in the field of health. According to the Federal Law "On Biological Safety in the Russian Federation," the main objectives of state policy are to reduce the risks of the negative impact of biological factors on the population and the environment. The pandemic of the new coronavirus infection (COVID-19) has made adjustments to all spheres of society, including the activities of the epidemiological surveillance system for infectious diseases, which require the development and implementation of innovative solutions. Based on the experience of prompt response to the challenges posed by the COVID-19 pandemic, a system of molecular genetic monitoring of pathogens of emerging and reemerging diseases has been developed as a priority vector for the development of epidemiological surveillance. On the basis of the Central Research Institute of Epidemiology of Rospotrebnadzor, the Russian platform for aggregating information on virus genomes (VGARus) was put into practice as a technological, scientific, organizational and infrastructural base for genomic epidemiological surveillance, which acts as an interdepartmental consortium. The introduction of modern molecular biological technologies for the identification pathogens with epidemic potential, taking into account their mutational variability, into the system for monitoring infectious morbidity is an important aspect of building an effective biological safety system.

Keywords:

biosafety, epidemiology, genomic epidemiological surveillance, COVID-19, SARS-CoV-2, molecular genetic monitoring.

В современных внутри- и внешнеполитических условиях чрезвычайно актуальным является вопрос о наличии полноценного научно-технологического суверенитета Российской Федерации в области биологической безопасности (далее биобезопасность), включающим существующие возможности противостоять реальным и потенциальным биологическим угрозам, а также предупреждать и купировать биологические риски.

В соответствии с Указом Президента РФ от 11 марта 2019 г. N 97 «Об Основах государственной политики Российской Федерации в области обеспечения химической и биологической безопасности на период до 2025 года и дальнейшую перспективу»¹ и Федеральным законом от 30.12.2020 N 492-ФЗ «О биологической безопасности в Российской Федерации»² целью государственной политики является поддержание допустимого уровня риска негативного воздействия опасных факторов на население и окружающую среду. Стоит учитывать, что это должна быть системная работа, нацеленная на долгосрочную перспективу и достижение стратегической цели. При этом она будет протекать в напряженной международно-политической ситуации и, вероятно, в жестких временных рамках.

XXI век ознаменовал собой эпоху глобальных перемен, однако, несмотря на все научные и практические достижения, проблемы инфекционной патологии не утрачивают своей актуальности. Сохраняется неблагоприятная международная эпидемиологическая ситуация по ряду болезней, в том числе с чрезвычайно высоким риском распространения и тяжёлыми последствиями для общества, выходя далеко за пределы сферы здравоохранения. Свидетельством комплексного негативного воздействия на все аспекты жизнедеятельности населения явилось возникшее на рубеже 2019–2020 гг. новое высококонтагиозное вирусное заболевание COVID-19 (Corona Virus Disease 2019), этиологически связанное с коронавирусом SARS-CoV-2 (Severe Acute Respiratory Syndrome-related CoronaVirus 2), оказало катастрофическое

воздействие на демографию в мировом масштабе. К началу октября 2024 г. в мире было зарегистрировано свыше 776 млн. подтвержденных случаев COVID-19 и более 7 млн. связанных с ними смертельных исходов, что стало самым серьезным глобальным кризисом в области здравоохранения со времен эры пандемии гриппа 1918 года [1].

Формированию современных взглядов на проблему биологической безопасности в России способствовали широкие научные дискуссии на организованных Роспотребнадзором и МИД РФ Международных научно-практических конференциях «Глобальные угрозы биологической безопасности. Проблемы и решения» (2017-2023 гг.); общих собраниях и заседаниях Президиума Российской академии наук; в научных публикациях ведущих специалистов страны по обоснованию концепции и основополагающих позиций по проблеме биологического суверенитета и др. [2-6]. К основным биологическим угрозам отнесены риски, связанные с распространением антимикробной резистентности; появлением новых инфекций, вызываемых неизвестными патогенами; преодолением микроорганизмами межвидовых барьеров в сочетании с возникающими под воздействием внешней среды изменениями генотипа и фенотипа организма человека и животных и др.

Формирование устойчивости к антимикробным препаратам возросло до угрожающе высоких уровней во всем мире, что обусловлено приобретением новой генетической информации или изменением уровня экспрессии собственных генов у госпитальных изолятов [7]. Ведущая роль в горизонтальном распространении генов устойчивости принадлежит плазмидной локализации генов, в которых происходит быстрое внутри- и межвидовое распространение резистентности [8]. В условиях пандемии коронавирусной инфекции COVID-19 лечение огромных контингентов пациентов проводилось с широким и зачастую избыточным использованием антибиотиков, формируя практически неограниченный резервуар генов устойчивости, что обострило интерес к проблеме развития антибиотикорезистентности, которая уже достигла тревожных уровней [9-11]. По оценкам, приведенным Организацией Объединенных Наций (ООН), около 5 млн смертельных исходов в мире были связаны с инфекциями, вызываемыми микроорганизмами, устойчивыми к лекарственным средствам. К 2050 г. по этой причине прогнозируется до 10 млн случаев в год, что сопоставимо с числом смертельных исходов от онкологических заболеваний в 2020 г. [12]. Мероприятиях по сни-

¹ Указ Президента РФ от 11.03.2019 № 97 «Об Основах государственной политики Российской Федерации в области обеспечения химической и биологической безопасности на период до 2025 года и дальнейшую перспективу». Собрание законодательства РФ. 2019. № 11. Ст. 1106.

² Федеральный закон от 30.12.2020 № 492-ФЗ «О биологической безопасности в Российской Федерации». Собрание законодательства РФ. 2021. №1 (часть I).

жению устойчивости патогенов к антибиотикам различного спектра действия отражены в разработанной Всемирной организацией здравоохранения (ВОЗ) классификационной базе данных «AWaRe» (Access – доступные, Watch – поднадзорные и Reserve – резервные) с указанием их фармакологических классов [13]. Правовой основой борьбы с этой проблемой, которая рассматривается в качестве одной из глобальных биологических угроз XXI века, в нашей стране является «Стратегия предупреждения распространения антимикробной резистентности в Российской Федерации на период до 2030 года», утвержденная Распоряжением Правительства Российской Федерации³.

Несмотря на очевидные успехи в области борьбы с инфекционными заболеваниями, серьёзную угрозу национальной биологической безопасности представляют эпидемические и эпизоотические вспышки новых и вновь возникающих инфекций (emerging-reemerging infectious diseases) с эпидемическим потенциалом, такие как геморрагические лихорадки, вызываемые вирусами Эбола, Зика, Марбург, Ласса и др.; ближневосточный респираторный синдром (MERS-CoV) и тяжелый острый респираторный синдром (SARS-CoV). По-прежнему на повестке дня остается реальная опасность и со стороны традиционных особо опасных инфекций, характеризующихся возникновением вспышек или эпидемий, отдельные из которых в истории развития человеческой цивилизации сыграли значительную опустошительную роль (оспа, чума, холера, туляремия, сибирская язва, сип, а также другие заболевания, вызываемые микроорганизмами I–II групп патогенности). Большинство из этих инфекций характеризуется внезапностью возникновения, высокой смертностью, отсутствием специфических методов диагностики и лечения, а также значительным уровнем затрат на проведение противоэпидемических и противоэпизоотических мероприятий, представляют серьёзную угрозу национальной безопасности.

Большой резонанс в мире вызвало заявление вирусологов на форуме в Давосе о возможности возникновения новой так называемой «болезни X» — непредсказуемом недуге с высоким уровнем летальности, вакцину для борьбы с которым

придётся создавать с нуля в условиях пандемии. В феврале 2018 г. Всемирная организация здравоохранения (ВОЗ) включила «болезнь X», вызванную неким потенциальным патогеном, в обновленный список заболеваний (Blueprint List of Priority Diseases), инвестиции в изучение и борьбу с которыми должны стать международным приоритетом [14]. По мнению экспертов, на роль возбудителей неизвестной инфекции, представляющую угрозу для человечества, претендуют РНК-содержащие коронавирусы или ортомиксовирусы, способные вызывать эпидемии эксплозивного характера. В январе 2024 г. в рамках Всемирного экономического форума (ВЭФ) в Давосе при обсуждении новой гипотетической болезни отмечено, что она в ближайшем будущем вызовет мировой хаос, унесет в 20 раз больше жизней, чем COVID-19, и будет серьёзным вызовом международной системе биобезопасности [15]. В связи с этим в пресс-службе Роспотребнадзора заявили, что включение «болезни X» в повестку дня ВЭФ и финансово заинтересованный состав участников, включающий крупные фармацевтические компании, свидетельствует о намерении ВОЗ продвинуть идею о неизбежности реформы глобальной архитектуры здравоохранения, говоря о будущих угрозах и неготовности мира к ним и призывая увеличить финансирование организации. Возможно, что использование термина «болезнь X» также является попыткой сосредоточить внимание на подготовке усилий к гипотетической пандемии, повышению эффективности и надежности системы эпидемиологического надзора и разработке превентивных мер противодействия потенциальной угрозе [16].

Необходимость защиты населения от воздействия опасных биологических агентов в полной мере подтвердила объявленная ВОЗ 11 марта 2020 г. пандемия новой коронавирусной инфекции, которая повлекла тяжелые глобальные последствия для здравоохранения и экономики. В соответствии с решением Комитета по коронавирусной инфекции 5 мая 2023 г. ВОЗ объявила о том, что COVID-19 более не представляет собой чрезвычайную ситуацию международного значения в связи со спадом эпидемии. Это событие в очередной раз подтвердило правильность теории академика В.Д. Белякова, согласно которой основу развития эпидемического процесса составляет фазовое изменение гетерогенности биологических свойств популяций возбудителя и человека, основанной на обратных связях в процессе взаимодействия на фоне лабильных социальных и

³ Распоряжение Правительства Российской Федерации от 25.09.2017 № 2045-р «Стратегия предупреждения распространения антимикробной резистентности в Российской Федерации на период до 2030 года»

природных условий [4]. Иллюстрацией ключевого положения теории саморегуляции паразитарных систем о фазном характере развития эпидемического процесса явилась динамика заболеваемости COVID-19 в России и мире в 2020-2024 гг., которая практически полностью доказала надежность исходной парадигмы. Динамическая оценка состояния и тенденций развития эпидемической ситуации по новой коронавирусной инфекции на территории РФ за 2020-2024 гг. позволила выделить 9 подъемов заболеваемости. Максимальное значение показателя заболеваемости было зафиксировано в пятый период подъёма (10.01.2021-26.06.2022 гг.) и составило 905,37 на 100 тыс. населения (рис. 1).

Биологический фактор, являющийся движущей силой развития эпидемического процесса, связан с генетической вариабельностью и другими полидетерминантными характеристиками возбудителя. Этиологический агент новой коронавирусной инфекции SARS-CoV-2, адаптируясь к своим новым хозяевам — людям, подвержен генетической эволюции, что приводит к мутациям в вирусном геноме, которые могут изменять патогенный потенциал вируса. Поскольку сохранение

возбудителя как биологического вида невозможно без эволюционного развития, начинается расширение диапазона гетерогенности популяции коронавируса за счёт циркуляции как мало вирулентных, так и вирулентных вариантов с последующим стабилизирующим отбором и становлением эпидемического варианта. Влияние изменения биологических и генетических свойств геновариантов вируса новой коронавирусной инфекции на показатели заболеваемости и смертности в России за период 2020-2024 гг. представлены на рис. 2.

Многочисленные мутации, которым подвержены РНК-вирусы на фоне высокой репродуктивной активности, привели к значимой адаптационной изменчивости популяции SARS-CoV-2, обладающей высокой контагиозностью, но умеренной вирулентностью, что обусловлено реализацией возбудителем стратегии выживания в условиях давления нарастающего иммунитета популяции хозяина в ходе эпидемического процесса [17-21]. Доказательством этого утверждения служит изменение показателей контагиозности и летальности в зависимости от появления «значимых» геновариантов SARS-CoV-2 на территории Российской Федерации за 2020-2024 гг. (рис.3).

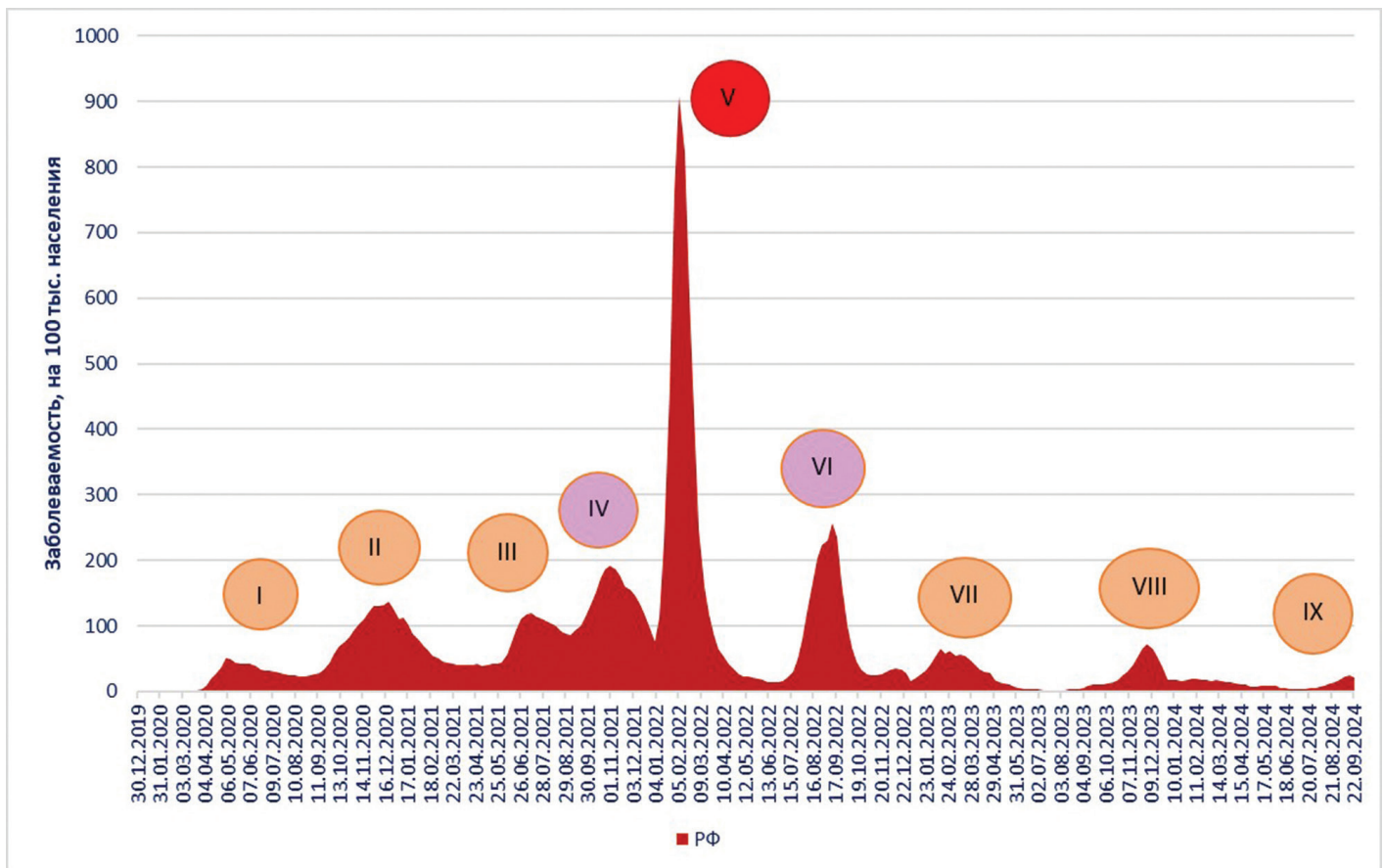


Рис. 1. Динамика периодов подъема и спада заболеваемости COVID-19 в мире и России (в показателях на 100 тыс. населения) за период январь 2020 – сентябрь 2024 гг.



Рис. 2. Показатели заболеваемости COVID-19 и смертности в России (в показателях на 100 тыс. населения) за период 2020-2024 гг.



Рис. 3. Динамика индекса контагиозности и летальности в зависимости от появления «значимых» геновариантов SARS-CoV-2 в мире за 2020-2024 гг.

Для обеспечения биологической безопасности и предотвращения дальнейших пандемий необходимо проведение как фундаментальных, так и прикладных исследований, направленных на изучение генетических свойств известных вирусов; мониторинг и поиск новых возбудителей инфекционных болезней человека; совершенствование методов, возможностей и качества диагностики; создание современных вакцин; изучение генома человека и поиск генетических, эпигенетических и клеточных механизмов противодействия

инфекциям и другие аспекты. На Форуме будущих технологий в феврале 2024 г. руководителем Роспотребнадзора А.Ю. Поповой отмечено, что в России для своевременного прогноза и оперативного реагирования на будущие биологические угрозы и анализа санитарно-эпидемиологической обстановки разработана уникальная научная концепция, включающая триаду будущей биобезопасности: геномный эпидемиологический надзор, цифровую трансформацию с аналитикой больших данных и мобильные технологии [22].

Глобальная стратегия эпидемиологического надзора на 2022–2032 гг., разработанная ВОЗ с учётом предыдущего опыта и уроков пандемии COVID-19, делает ставку на особую роль геномики в системе общественного здравоохранения. Она не ограничивается каким-либо одним возбудителем болезни, а направлена на мобилизацию усилий в области геномного надзора за любыми патогенами, несущими пандемическую или эпидемическую угрозу, путем укрепления всех лабораторий, выполняющих геномное секвенирование, и объединения их в единую глобальную сеть [23]. Целью стратегии геномного надзора является выработка единой концепции использования геномики в качестве мощного дополнительного инструмента для решения задач общественного здравоохранения по обеспечению готовности и осуществлению мер реагирования на пандемии и эпидемии самого широкого спектра [24].

В соответствии с Постановлением Правительства РФ от 23.03.2021 № 448 «Об утверждении Временного порядка предоставления данных расшифровки генома возбудителя новой коронавирусной инфекции (COVID-19)»⁴ для обеспече-

ния быстрой оценки динамики распространения известных и новых геновариантов SARS-CoV-2, циркулирующих на территории страны, специалистами ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора была разработана и внедрена Российская платформа агрегации данных о геномах вирусов (Virus Genome Aggregator of Russia — VGARus), которая содержит информацию о нуклеотидных последовательностях коронавирусов и их мутациях. Программное обеспечение, интегрированное в платформу VGARus, позволяет анализировать результаты секвенирования, определять вероятный штамм вируса, формировать стандартизированные отчёты, загружать образцы, предназначенные для дальнейшего секвенирования [25].

База данных VGARus, содержащая большой набор последовательностей SARS-CoV-2, в настоящее время представляет собой неоценимый ресурс для отслеживания и расшифровки развития пандемии COVID-19. Динамический мониторинг мутационной изменчивости циркулирующих SARS-CoV-2 в Российской Федерации с начала 2021 года по настоящее время представлена на рис. 4.

Как следует из представленных данных с декабря 2020 г. циркулировали варианты Alpha (B.1.1.7) и Beta (B.1.351), а с мая по декабрь 2021 г. на территории России преобладал геновариант Delta (B.1.617.2 + AY.*), который сопровождался значительным ростом числа заболевших

⁴ Постановление Правительства Российской Федерации №448 от 23.03.2021 г. «Об утверждении Временного порядка предоставления данных расшифровки генома возбудителя новой коронавирусной инфекции (COVID-19)»

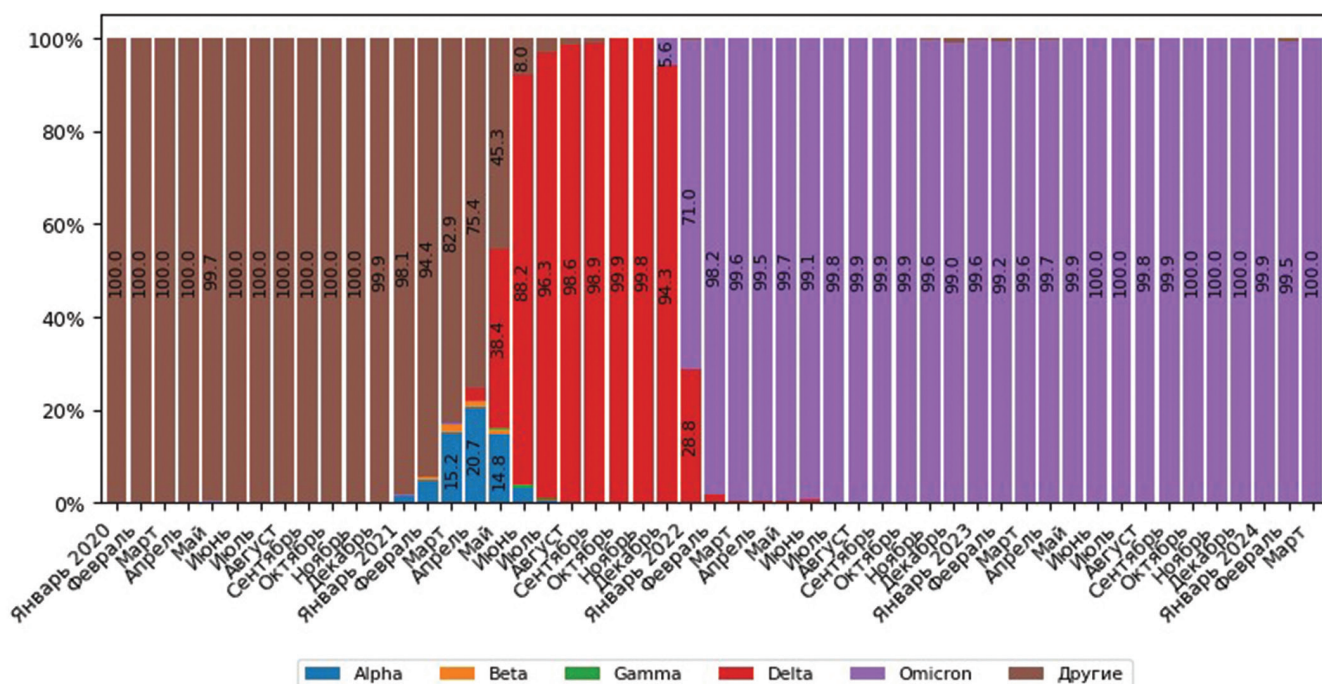


Рис. 4. Динамика геновариантов SARS-CoV-2 в Российской Федерации с начала 2021 года по настоящее время

и госпитализированных больных, тяжёлым течением коронавирусной инфекции, высокими показателями летальности. С декабря 2021 г. начал стремительно распространяться вариант Omicron (B.1.1.529 по классификации PANGO) с диссоциацией генетической линии и наибольшей частотой циркуляции субвариантов BA.1, BA.1.1 и BA.2. Во второй половине 2022 г. Omicron эволюционировал с появлением субвариантов BA.4 и BA.5, а в начале 2023 г. отмечено возрождение «новых форм старых штаммов», таких как Omicron BA.2, который трансформировался в рекомбинантные формы ХВВ*. Внутри линии ХВВ появились собственные «лидеры», такие как ХВВ.1.5 (Kraken), ХВВ.1.16 (Arcturus), ХВВ.1.9.2.1 (EG.5, Eris) и другие. С конца 2023 года начал свое распространение вариант BA.2.86 (Pirola), отличающийся от предыдущих форм большим числом изменений в геноме. По данным платформы VGARus) в России выявлено более 700 сублиний варианта Omicron. Появление новых геновариантов, включая доминирующего в настоящее время Omicron JN.1 и его потомки KP.2 и KP.3. (FLiRT) изменили пейзаж циркулирующих вариантов и субвариантов SARS-CoV-2 в 2024 г. (рис.5).

Во исполнение Постановления Правительства РФ №2178 от 02.12.2021 г.⁵ и №2395 от 23.12.2022 г.⁶ об утверждении Положения о федеральной государственной информационной системе (ФГИС) сведений санитарно-эпидемиологического характера и передачи данных расшифровки генома возбудителей инфекционных заболеваний специалистами ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора на базе платформы VGARus разработан модуль подсистемы ФГИС сведений санитарно-эпидемиологического характера с возможностью загрузки и биоинформатического анализа последовательностей геномов различных возбудителей инфекционных и паразитарных заболеваний. С января 2023 г. разрабо-

⁵ Постановление Правительства Российской Федерации от 02.12.2021 № 2178 «Об утверждении Положения о федеральной государственной информационной системе сведений санитарно-эпидемиологического характера»

⁶ Постановление Правительства Российской Федерации от 23.12.2022 № 2395 «О внесении изменения в приложение к Положению о федеральной государственной информационной системе сведений санитарно-эпидемиологического характера»

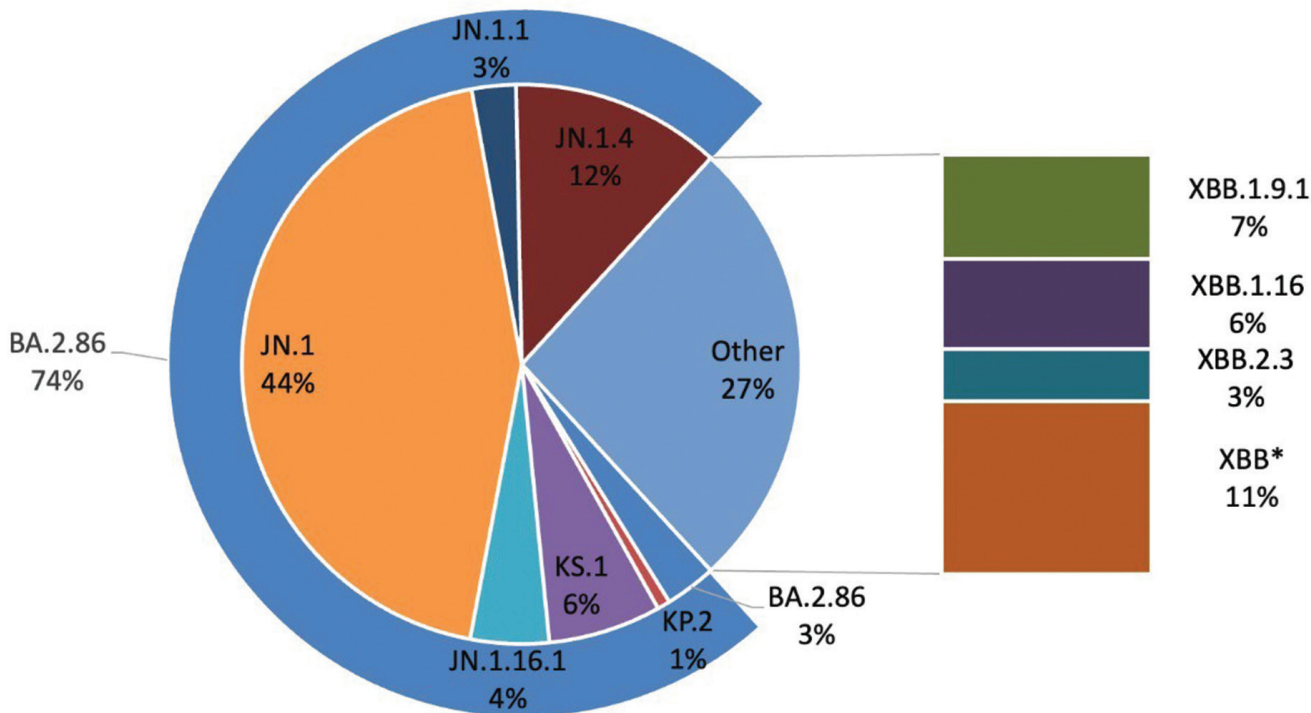


Рис. 5. Геноварианты SARS-CoV-2, представленные на территории Российской Федерации в январе-сентябре 2024 г.

тан 41 раздел для загрузки последовательностей генома различных возбудителей инфекционных заболеваний: вирусов гриппа А и В, вирусов гепатита А, В, С, D, E, энтеровирусов А, В, С, D, вируса кори, норовируса, цитомегаловируса, папилломавируса, сальмонелл, вируса ветряной оспы и др. К августу 2024 г. в российскую базу генетической информации VGARus уже загружено свыше 360 тыс. геномных последовательностей, полученных в результате полногеномного и фрагментного секвенирования, в том числе 326 тыс. сиквенсов SARS-CoV-2.

Расширение возможностей загрузки последовательностей геномов различных возбудителей, полная автоматизация, увеличение скорости работы существующих биоинформационных скриптов, применение метода искусственного интеллекта, «нейронные сети» и возможность интеграции в рабочие процессы других подразделений (центров секвенирования) и другие базы данных позволяют использовать платформу VGARus в реализации программы импортозамещения и являются важным инструментом для обеспечения биобезопасности страны.

Таким образом, платформа VGARus даёт возможность вести постоянный мониторинг мутационной изменчивости вирусов, предоставляя важнейшие данные для обнаружения новых геновариантов и осуществлять оперативный и ретроспективный анализ их распространённости на территории России [26, 27]. В настоящее время все научные учреждения России, занимающиеся секвенированием геномов коронавируса и зарегистрировавшиеся на портале в качестве пользователей, имеют возможность выложить изучаемые геномные последовательности в VGARus. Полученные регистрационные удостоверения позволяют её участникам использовать информацию национальной базы данных. Доступ к платформе осуществляется через портал genome.crie.ru.

Глобальные медицинские и экономические последствия кризиса, вызванного пандемией COVID-19, стали мощным стимулом для формирования новых взглядов на происхождение современных биологических рисков и значение обеспечения биологической безопасности. В соответствии со стратегией геномного эпидемиологического надзора на 2022–2032 гг. за возбудителями болезней, обладающих пандемическим и эпидемическим потенциалом, современные технологии диагностики, включая секвенирование нового поколения (NGS), позволяют выявлять этиологический фактор заболевания, проводить мониторинг

изменчивости патогена, обнаруживать филогенетические связи, устанавливать пути передачи возбудителя, проводить расследование причин вспышек заболеваемости [24]. Именно своевременная и точная диагностика инфекционных заболеваний в сжатые сроки является в настоящее время важнейшим условием эпидемиологического благополучия населения, а также критерием оценки влияния биологических угроз на общественные отношения в части экономических, социальных и политических последствий [28, 29].

Управление эпидемическим процессом на основе системных данных об изменении генетических свойств возбудителей инфекций, обладающих значительным эпидемическим потенциалом, и принятие оперативных управленческих решений, опережающих формирование его фенотипических свойств возможно при решении таких основных задач геномного эпидемиологического надзора как анализ изменений генетических свойств циркулирующих и возникающих вариантов патогенов; выявление предикторов неблагоприятного развития эпидемиологической ситуации на основе молекулярно-генетического мониторинга; прогнозирование развития эпидемического процесса инфекционных болезней с использованием инновационных платформенных решений и применения цифровых технологий; обеспечение оперативного реагирования на инфекции, вызываемые патогенами с пандемическим и эпидемическим потенциалом.

На состоявшейся в мае 2024 года семьдесят седьмой сессии Всемирной ассамблеи здравоохранения Генеральный директор ВОЗ в числе главных угроз человечеству выделил возможное возникновение новых эпидемий, требующих обеспечения соответствующей готовности и принятия мер реагирования в целях недопущения пандемического распространения инфекционных заболеваний [30]. Критически важным решением является принятие пакета целевых поправок к Международным медико-санитарным правилам (ММСП), которые придадут мощный импульс развитию эпидемиологического надзора и позволят оперативно реагировать на чрезвычайные ситуации в области общественного здравоохранения, связанные с продолжающейся эволюцией возбудителей и факторов, определяющих их возникновение и распространение [31, 32].

В России накоплена выдержавшая проверку временем обширная информация описательного и аналитического характера, обобщение которой позволило в значительной степени

раскрыть общие причины и механизм развития эпидемического процесса и разработать концепцию борьбы с распространением инфекционных болезней. Без преувеличения можно сказать, что российская школа эпидемиологии является сильнейшей в мире, лидерство которой подтверждено актуальными и востребованными в настоящее время результатами научных исследований, и их практической реализацией.

Дальнейшее совершенствование системы управления эпидемическим процессом за инфекционными болезнями на территории Российской Федерации предполагает прежде всего разработку и внедрение новых технологий, в частности, использование инструментов геномного эпидемиологического надзора. Благодаря теоретическим основам эпидемиологии, сформированным отечественными учеными, и возможности широкого использования молекулярно-биологических и генетических исследований, в полном объеме внедряются инновационные разработки для предотвращения пандемического распространения новых и вновь возникающих инфекций. Происходит смена парадигмы диагностики и надзора за инфекционными болезнями: вместо поиска отдельных этиологических агентов возникает возможность выявить в любом образце биологического материала весь спектр генетического материала микроорганизмов (метагеном) с последующей его идентификацией по видам, субтипам и генетическим вариантам благодаря технологии амплификации и методов секвенирования нового поколения.

В Указе Президента Российской Федерации от 28.02.2024 №145 «О Стратегии научно-технологического развития Российской Федерации»⁷ отмечается, что создание широкого спектра технологических решений общего назначения (научно-технологических платформ) в цифровой и биологической сферах приобретает особую актуальность для реализации намеченных приоритетов, основных направлений и мер реализации государственной политики. В связи с тем, что эпидемии и пандемии остаются мировой реальностью, очевидно, что геномный эпидемиологический надзор, базирующийся на знаниях о молекулярно-генетических свойствах возбудителей инфекционных болезней, является важнейшей составляющей биобезопасности Российской Федерации и стратегическим направлением научно-технологического развития.

⁷ Указ Президента Российской Федерации от 28.02.2024 № 145 «О Стратегии научно-технологического развития Российской Федерации»

Литература

1. WHO COVID-19 dashboard. Available at: <https://data.who.int/dashboards/covid19/cases?n=c> (accessed 30.09.2023).
2. Акимкин В.Г., Зверев В.В., Кирпичников М.П., и др. Эпидемиологические, клеточные, генетические и эпигенетические аспекты биобезопасности. Вестник Российской академии наук. 2024; 94 (3): 287-298. doi:10.31857/S0869587324030127.
3. Ляпин М.Н., Кутырев В.В. Актуальные проблемы биобезопасности. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2013; 90 (1): 97-102.
4. Акимкин В.Г., Семенов Т.А., Дубоделов Д.В., Хафизов К.Ф., Углева С.В. Теория саморегуляции паразитарных систем и COVID-19. Вестник РАМН. 2024;79(1):33-41. doi:10.15690/vramn11607
5. Семенов Т.А. Роль банка сывороток крови в системе биологической безопасности страны. Вестник Росздравнадзора. 2010;(3):55-8.
6. Белащенко Д.А., Шоджонов И.Ф. К вопросу об обеспечении биологического суверенитета Российской Федерации. Via in tempore. История. Политология. 2023; 50(4): 1084-1094. doi:10.52575/2687-0967-2023-50-4-1084-1094
7. Ray S., Anand D., Purwar S., Samanta A., Upadhey K.V. Association of high mortality with extended-spectrum-beta-lactamases (ESBL) positive cultures in community acquired infections. J. Critical Care, 2018; 44: 255-260. doi: 10.1016/j.jcrc.2017.10.036
8. Warnes S.L., Highmore C.J., Keevil C.W. Horizontal transfer of antibiotic resistance genes on abiotic touch surfaces: implications for public health. mBio, 2012; 3(6): 489-501. doi: 10.1128/mBio.00489-12
9. Кузнецов К.О., Тукбаева Л.Р., Казакова В.В., Мирзоева К.Р., Богомолова Е.А. и др. Влияние COVID-19 на антибиотикорезистентность в педиатрической популяции. Педиатрическая фармакология. 2022;19(6):503-513. doi: <https://doi.org/10.15690/pf.v19i6.2465>
10. Орехов С.Н., Мохов А.А., Яворский А.Н. Устойчивость к антимикробным средствам - фактор риска системы биобезопасности. Безопасность и риск фармакотерапии. 2023;11(3):336-347. doi:10.30895/2312-7821-2023-11-3-336-347
11. COVID-19: U.S. Impact on Antimicrobial Resistance, Special Report 2022. Centers for Disease Control and Prevention, National Center for Emerging and Zoonotic Infectious Diseases, Division of Healthcare Quality Promotion; 2022. doi:10.15620/cdc:117915
12. Bracing for Superbugs. Strengthening environmental action in the One Health response to antimicrobial resistance. 2023 United Nations Environment Programme. <https://www.unep.org/resources/superbugs/environmental-action>. Ссылка активна на 4 августа 2024.
13. WHO. 2021_AWaRe classification. <https://www.who.int/publications/i/item/2021-aware-classification>. Ссылка активна на 4 августа 2024.
14. WHO Updates Blueprint List of Priority Diseases. <https://globalbiodefense.com/2018/02/12/who-updates-blueprint-list-of-priority-diseases/>. Ссылка

- активна на 4 августа 2024.
15. What Is Disease X? The Pandemic Threat Discussed At Davos 2024. <https://www.forbes.com/sites/brucelee/2024/01/27/what-is-disease-x-the-pandemic-threat-discussed-at-davos-2024/>. Ссылка активна на 4 августа 2024.
 16. Роспотребнадзор прокомментировал заявления о «болезни X». <https://ria.ru/20240114/bolezn-1921282909.html>. Ссылка активна на 4 августа 2024.
 17. Suzuki, R., Yamasoba, D., Kimura, I. et al. Attenuated fusogenicity and pathogenicity of SARS-CoV-2 Omicron variant. *Nature* 603, 700–705 (2022). <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04462-1>
 18. Willett, B.J., Grove, J., MacLean, O.A. et al. SARS-CoV-2 Omicron is an immune escape variant with an altered cell entry pathway. *Nat Microbiol* 7, 1161–1179 (2022). <https://doi.org/10.1038/s41564-022-01143-7>
 19. Willett, B.J., Grove, J., MacLean, O.A. et al. SARS-CoV-2 Omicron is an immune escape variant with an altered cell entry pathway. *Nat Microbiol* 7, 1161–1179 (2022). <https://doi.org/10.1038/s41564-022-01143-7>
 20. Dejnirattisai W, Huo J, Zhou D, et al. SARS-CoV-2 Omicron-B.1.1.529 leads to widespread escape from neutralizing antibody responses. *Cell*. 2022;185(3):467-484.e15. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.12.046>
 21. Tegally, H., Moir, M., Everatt, J. et al. Emergence of SARS-CoV-2 Omicron lineages BA.4 and BA.5 in South Africa. *Nat Med* 28, 1785–1790 (2022). <https://doi.org/10.1038/s41591-022-01911-2>
 22. Будущее биобезопасности на Форуме будущих технологий 13.02.2024 https://rospotrebnadzor.ru/about/info/news/news_details.php?ELEMENT_ID=26987. Ссылка активна на 4 августа 2024.
 23. Global genomic surveillance strategy for pathogens with pandemic and epidemic potential 2022–2032. <https://www.who.int/initiatives/genomic-surveillance-strategy>. Ссылка активна на 4 августа 2024.
 24. Carter L.L., Yu M.A., Sacks J.A., et al. Global genomic surveillance strategy for pathogens with pandemic and epidemic potential, 2022–2032. *Bull. World Health Organ.* 2022;100(4):239-A. doi:10.2471/blt.22.288220
 25. Акимкин В.Г., Семенов Т.А., Углева С.В. и др. COVID-19 в России: эпидемиология и молекулярно-генетический мониторинг. *Вестник Российской академии медицинских наук*. 2022;77(4):254–60. doi:10.15690/vramn2121
 26. Akimkin, V.; Semenenko, T.A.; Ugleva, S.V.; Dubodelov, D.V.; Khafizov, K. COVID-19 Epidemic Process and Evolution of SARS-CoV-2 Genetic Variants in the Russian Federation. *Microbiol. Res.* 2024, 15, 213–224. doi:10.3390/microbiolres15010015
 27. Котов И.А., Аглетдинов М.Р., Роев Г.В., Пимкина Е.В., Надтока М.И. и др. Геномный надзор за SARS-CoV-2 в Российской Федерации: возможности платформы VGARus. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунологии*. 2024;101(4):435–447. doi:10.36233/0372-9311-554
 28. Берман А.М. Влияние биологических вызовов на общественно-политические отношения: проблемы и перспективы. *Территория новых возможностей. Вестник Владивостокского государственного университета экономики и сервиса*. 2020; 12(4): 79–87. doi:10.24866/VVSU/2073-3984/2020-4/079-087
 29. Акимкин В.Г., Семенов Т.А., Хафизов К.Ф., Углева С.В., Дубоделов Д.В., Колосовская Е.Н. Стратегия геномного эпидемиологического надзора. *Проблемы и перспективы. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунологии*. 2024;101(2):163–172. doi:10.36233/0372-9311-507
 30. WHO Seventy-seventh World Health Assembly. <https://www.who.int/about/governance/world-health-assembly/seventy-seventh> Ссылка активна на 4 сентября 2024.
 31. Pandemic prevention, preparedness and response accord. <https://www.who.int/ru/news-room/questions-and-answers/item/pandemic-prevention-preparedness-and-response-accord>. Ссылка активна на 4 сентября 2024.
 32. World Health Assembly agreement reached on wide-ranging, decisive package of amendments to improve the International Health Regulations. <https://www.who.int/news/item/01-06-2024-world-health-assembly-agreement-reached-on-wide-ranging-decisive-package-of-amendments-to-improve-the-international-health-regulations--and-sets-date-for-finalizing-negotiations-on-a-proposed-pandemic-agreement>. Ссылка активна на 4 августа 2024.

Контакты авторов:

Акимкин В.Г.

e-mail: vgakimkin@yandex.ru

Конфликт интересов: отсутствует