

**НОВОСТИ ИНФЕКТОЛОГИИ, МИКРОБИОЛОГИИ
И БИОТЕХНОЛОГИИ-2025:
СБОРНИК МАТЕРИАЛОВ КОНФЕРЕНЦИИ
МОЛОДЫХ УЧЕНЫХ И СПЕЦИАЛИСТОВ**

18 ДЕКАБРЯ 2025 г.

**ABSTRACT BOOK
THE CONFERENCE OF YOUNG SCIENTISTS
AND SPECIALISTS «NEWS OF INFECTIOUS
DISEASES, MICROBIOLOGY
AND BIOTECHNOLOGY-2025»**

DECEMBER 18, 2025

Санкт-Петербург
2026 г.

УДК 616.9:579:60
ББК 55.14/52.64/30.16
Н76

Н76 **Новости инфектологии, микробиологии и биотехнологии-2025: сборник материалов региональной конференции молодых ученых и специалистов.** — СПб.: Балтийский медицинский образовательный центр, 2026. — 78 с.

ISBN 978-5-6053730-6-3

УДК 616.9:579:60
ББК 55.14/52.64/30.16

СОДЕРЖАНИЕ

Генетическое разнообразие неполиомиелитных энтеровирусов, выделенных на территориях Санкт-Петербурга и Ленинградской области	11
<i>К. А. Антоненков</i>	
Исследование сетей взаимодействий генов хозяина, участвующих в инфицировании и/или развитии гепатита С, методами <i>in silico</i>	12
<i>Е. В. Ануфриева, А. Н. Щемелев</i>	
Эпидемиологическая ситуация хронического вирусного гепатита С при моно- и коинфицировании с ВИЧ в учреждениях пенитенциарной системы	14
<i>К. В. Артемьев</i>	
Метод последовательного обогащения ДНК <i>S. burnetii</i> для полногеномного секвенирования	16
<i>М. В. Безручко</i>	
Оценка вируснейтрализующих антител к энтеровирусам среди детей Костромской области	17
<i>М. А. Блохинова</i>	
Течение Т-клеточных лимфом у ВИЧ-инфицированных пациентов	19
<i>С. С. Бурдаева, Д. В. Барам</i>	
Эпидемиологическая и клиническая характеристика случаев оспы обезьян в больнице Боткина	21
<i>С. С. Бурдаева, В. А. Капацyna</i>	
Влияние вирусов гепатита В и С на профиль растворимых регуляторов иммунного ответа	23
<i>А. А. Бутенко, Э. Р. Коробова</i>	
Изучение синергидного действия комбинации диоксидина и повииаргола в отношении <i>Escherichia coli</i> методом шахматной доски	25
<i>В. В. Галушка, В. И. Ломоносова</i>	

Структура популяции <i>Mycobacterium tuberculosis</i> среди больных ВИЧ/ТБ-коинфекцией в Санкт-Петербурге	26
<i>А. А. Герасимова</i>	
Структурный анализ влияния миссенс-мутаций в рецепторах CCR5 и CXCR4 на стабильность комплексов с белком рнос в контексте ВИЧ-инфекции	28
<i>В. С. Давыденко, А. Н. Щемелев</i>	
Гены резистентности штаммов <i>Salmonella</i> spp., выделенные в Санкт-Петербурге	30
<i>С. Х. Жамборова, А. Т. Саитова, Е. В. Румянцева</i>	
Штаммы <i>Salmonella enterica</i> , выделенные из мяса крупного рогатого скота	32
<i>С. Х. Жамборова, Хоанг Тхи Ай Ван</i>	
Характеристика и чувствительность шигатоксин-продуцирующих штаммов <i>Escherichia coli</i> к антимикробным препаратам	34
<i>С. Х. Жамборова, А. А. Шиханова</i>	
Распространенность грибов рода <i>Candida</i> у пациентов с острым тонзиллитом, фарингитом	35
<i>Д. Б. Зайцева, М. А. Уварова, Д. М. Джуланов, А. В. Иванов</i>	
Значимость определения мутантных штаммов вируса гепатита В в клинической практике	37
<i>Н. Н. Зоткин, Е. Н. Прийма, М. С. Толкмит, Д. С. Крутикова</i>	
Вирусологические триггеры в оценке повреждения печени при гепатите В	39
<i>Н. Н. Зоткин, В. В. Скворода, Е. Н. Прийма, А. Р. Иванов</i>	
Молекулярно-эпидемиологическая характеристика гепатита С в Северо-Западном федеральном округе	40
<i>А. Р. Иванов, Н. Н. Зоткин, В. В. Скворода</i>	
Распространенность возбудителей клещевых риккетсиозов на территории Псковской области	42
<i>И. А. Кармоков, Р. Р. Баимова, Д. И. Гречишкина, И. С. Лызенко, Е. Г. Рябико, Э. С. Халилов</i>	
Эпидемическая ситуация по бешенству в Российской Федерации	44
<i>О. Е. Куцевалова, Д. С. Крутикова, А. Д. Иброхимова</i>	
Анализ нуклеотидных замен в промоторной области и локусе Delta32 гена CCR5 у пациентов с впервые выявленной ВИЧ-инфекцией	45
<i>А. А. Ларионова, В. С. Давыденко, А. Н. Щемелев</i>	

Исследование антимикробных свойств экспериментальных присыпок на основе биополимеров в отношении различных видов бактериальных патогенов.	47
<i>В. И. Ломоносова, В. В. Галушка</i>	
Циркуляция <i>Borrelia miyamotoi</i> в условиях мегаполиса: данные эпизоотологического мониторинга в Санкт-Петербурге	48
<i>И. С. Лызенко, И. А. Кармоков, Е. Г. Рябико, Р. Р. Баимова, Д. И. Гречишкина</i>	
Характеристика противовирусного потенциала новых морфолиновых производных 1,3,5-триазина в отношении коронавирусов человека	50
<i>М. Г. Михальский</i>	
Метавирусный анализ и вирусное разнообразие клещей рода <i>Ixodes</i> Северо-Запада России.	51
<i>Д. Д. Найденов, А. А. Шарова, А. С. Гладких</i>	
Особенности циркуляции вируса лихорадки Западного Нила в сельских, городских и джунглевых циклах на разных материках	53
<i>М. А. Нгуба Муана, М. Ал Хадж Али, Л. К. Церцвадзе, Г. К. Церцвадзе</i>	
Исследование влияния <i>Enterobacter cloacae</i> на ангиогенез	55
<i>М. А. Перевязкина, Д. А. Рахметова</i>	
Сравнительный анализ эффективности инновационного препарата и некоторых других антимикотиков в отношении грибов рода <i>Candida</i>	56
<i>Е. А. Петрачкова</i>	
Анализ геномов новых бактериофагов <i>Klebsiella</i> <i>pneumoniae</i> , выделенных из сточных вод больницы в г. Мумбаи, Индия	59
<i>С. Е. Платова, А. В. Шабалина, М. В. Безручко, А. С. Долгова, Р. Б. Городничев</i>	
Распространенность и генетическая вариабельность вируса папилломы человека 16 типа среди населения Санкт-Петербурга	60
<i>А. Р. Плескачёва, Ю. В. Антонова</i>	
Метавирусное секвенирование комаров <i>Aedes aegypti</i> , собранных на территории некоторых провинций Вьетнама	63
<i>М. Р. Попова, А. А. Шарова, Т. В. Арбузова, Нгуен Тхань Донг, Буй Тхань Фу, До Тай Хунг, А. С. Гладких</i>	

Напряженность поствакцинального иммунитета к гепатиту В.	64
<i>Е. Н. Прийма, В. В. Скворода, М. С. Толкмит</i>	
Особенности ведения женщин с ВИЧ-инфекцией детородного возраста в современных условиях	66
<i>Я. В. Романова</i>	
Мелкие млекопитающие северо-запада России как резервуары возбудителя лептоспироза: результаты эпизоотологического мониторинга.	69
<i>Е. Г. Рябико, Р. Р. Баимова, И. А. Кармоков, Д. И. Гречишкина, И. С. Лызенко</i>	
Пангеномный анализ <i>Salmonella typhimurium</i> , выделенных в Санкт-Петербурге	70
<i>А. Т. Саитова, С. Х. Жамборова</i>	
Социально-демографические параллели и клинические взаимосвязи у пациентов с ВИЧ-инфекцией на поздних стадиях заболевания.	72
<i>З. А. Халухова, Л. А. Фаворская</i>	
Эффективность антиретровирусной терапии у женщин и мужчин с ВИЧ-инфекцией.	74
<i>З. А. Халухова, Л. А. Фаворская</i>	
Эпидемическая активация коклюша у разных возрастных групп населения Санкт-Петербурга.	76
<i>М. Л. Эркинов, А. В. Абасния, Л. К. Церцвадзе, Г. К. Церцвадзе</i>	

CONTENTS

Genetic diversity of non-poliomyelitis enteroviruses isolated in St. Petersburg and the Leningrad region.	11
<i>K. A. Antonenkov</i>	
<i>In silico</i> analysis of host gene interaction networks involved in hepatitis C infection and/or development.	12
<i>E. V. Anufrieva, A. N. Shchemelev</i>	
Epidemiological situation of chronic viral hepatitis C with mono and HIV coinfection in penitentiary system institutions.	14
<i>K. V. Artemev</i>	
A method of sequential enrichment of <i>C. burnetii</i> DNA for whole genome sequencing.	16
<i>M. V. Bezruchko</i>	
Evaluation of viru-neutralizing antibodies to enteroviruses among children in the Kostroma region.	17
<i>M. A. Blokhinova</i>	
The course of T-cell lymphomas in HIV-infected patients.	19
<i>S. S. Burdaeva, D. V. Baram</i>	
Epidemiological and clinical characteristics of cases of monkeypox in the Botkin hospital.	21
<i>S. S. Burdaeva, V. A. Kapatsyna</i>	
Impact of hepatitis B and C viruses on the profile of soluble immune response regulators.	23
<i>A. A. Butenko, Z. R. Korobova</i>	
Study of the Synergistic effect of the combination of dioxidine and poviargol against <i>Escherichia coli</i> using the checkerboard method.	25
<i>V. V. Galushka, V. L. Lomonosova</i>	
Mycobacterium tuberculosis population structure among HIV/TB coinfecting patients in St. Petersburg.	26
<i>A. A. Gerasimova</i>	

Structural analysis of the effect of missense mutations in the CCR5 and CXCR4 receptors on the stability of complexes with the pnc protein in the context of HIV infection	28
<i>V. S. Davydenko, A. N. Shchemelev</i>	
Resistance genes of <i>Salmonella</i> spp. strains isolated in St. Petersburg	30
<i>S. Kh. Zhamborova, A. T. Saitova, E. V. Rumyantseva</i>	
<i>Salmonella enterica</i> strains isolated from cattle meat	32
<i>S. Kh. Zhamborova, Hoang Thi Ai Van</i>	
Characteristics and sensitivity of shigatoxin-producing <i>Escherichia coli</i> strains to antimicrobial drugs	34
<i>S. Kh. Zhamborova, A. A. Shikhanova</i>	
Prevalence of <i>Candida</i> fungi in patients with acute tonsillitis, pharyngitis	35
<i>D. B. Zaitseva, M. A. Uvarova, D. M. Dzhulanov, A. V. Ivanov</i>	
The importance of identifying mutant HBV strains in clinical practice	37
<i>N. N. Zotkin, E. N. Priyma, M. S. Tolkmitt, D. S. Krutikova</i>	
Virological triggers in the assessment of liver damage in hepatitis B.	39
<i>N. N. Zotkin, V. V. Skvoroda, E. N. Priyma, A. R. Ivanov</i>	
Molecular epidemiological characteristics of hepatitis C in the Northwestern federal district.	40
<i>A. R. Ivanov, N. N. Zotkin, V. V. Skvoroda</i>	
Prevalence of tick-borne rickettsiosis agents in the Pskov region	42
<i>I. A. Karmokov, R. R. Baimova, D. I. Grechishkina, I. S. Lyzenko, E. G. Riabiko, E. S. Khalilov</i>	
Rabies epidemic situation in the Russian Federation	44
<i>O. E. Kutsevalova, D. S. Krutikova, A. D. Ibrokchimova</i>	
Analysis of nucleotide substitutions in CCR5 Promoter region and Delta32 locus in newly diagnosed HIV patients	45
<i>A. A. Larionova, V. S. Davydenko, A. N. Shchemelev</i>	
A study of the antimicrobial properties of experimental powders based on biopolymers against various types of bacterial pathogens	47
<i>V. I. Lomonosova, V. V. Galushka</i>	

Circulation of <i>Borrelia miyamotoi</i> in a megapolis: data from epizootological monitoring in St. Petersburg	48
<i>I. S. Lyzenko, I. A. Karmokov, E. G. Riabiko, R. R. Baimova, D. I. Grechishkina</i>	
Characteristics of the antiviral potential of new morpholine derivatives of 1,3,5-triazine against human coronaviruses	50
<i>M. G. Mikhailskiy</i>	
Metaviromic analysis and viral diversity of <i>Ixodes</i> ticks in Northwestern Russia	51
<i>D. D. Naydenov, A. A. Sharova, A. S. Gladkikh</i>	
West Nile fever virus circulation characteristics in rural, urban, and jungle cycles on different continents.	53
<i>M. A. Nguba Muana, M. Al Haj Ali, L. K. Tsertsvadze, G. K. Tsertsvadze</i>	
Study of the <i>Enterobacter cloacae</i> influence on angiogenesis.	55
<i>M. A. Perevyazkina, D. A. Rakhmetova</i>	
A comparative analysis of the effectiveness of an innovative drug and some other antifungal agents against <i>Candida</i> fungi	56
<i>E. A. Petrachkova</i>	
Genome analysis of novel <i>Klebsiella pneumoniae</i> bacteriophages isolated from Mumbai hospital wastewater, India	59
<i>S. E. Platova, A. V. Shabalina, M. V. Bezruchko, A. S. Dolgova, R. B. Gorodnichev</i>	
Prevalence and genetic variability of human papillomavirus type 16 among population in St. Petersburg	60
<i>A. R. Pleskacheva, U. V. Antonova</i>	
Metavirome sequencing of aedes <i>Aegypti</i> mosquitoes collected in several provinces of Vietnam	63
<i>M. R. Popova, A. A. Sharova, T. V. Arbuzova, Nguyen Thanh Dong, Bui Thanh Phu, Do Thai Hung, A. S. Gladkikh</i>	
Strength of post-vaccinal immunity to hepatitis B	64
<i>E. N. Priyma, V. V. Skvoroda, M. S. Tolkmitt</i>	
Features of monitoring women with HIV infection of childbearing age in modern conditions	66
<i>Ya. V. Romanova</i>	

Small mammals of Northwest Russia as reservoirs of the leptospirosis agent: results of epizootological monitoring.	69
<i>E. G. Riabiko, R. R. Baimova, I. A. Karmokov, D. I. Grechishkina, I. S. Lyzenko</i>	
Pangenomic analysis of <i>Salmonella typhimurium</i> isolated in St. Petersburg.	70
<i>A. T. Saitova, S. Kh. Zhamborova</i>	
Socio-demographic parallels and clinical interrelations in patients with HIV infection at late stages of the disease.	72
<i>Z. A. Khalukhoeva, L. A. Favorskaya</i>	
Effectiveness of antiretroviral therapy in women and men with HIV infection	74
<i>Z. A. Khalukhoeva, L. A. Favorskaya,</i>	
Epidemic reactivation of whooping cough in different age groups of the population of St. Petersburg.	76
<i>M. L. Erkinov, A. V. Abasnia, L. K. Tsertsvadze, G. K. Tsertsvadze</i>	

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ НЕПОЛИОМИЕЛИТНЫХ ЭНТЕРОВИРУСОВ, ВЫДЕЛЕННЫХ НА ТЕРРИТОРИЯХ САНКТ-ПЕТЕРБУРГА И ЛЕНИНГРАДСКОЙ ОБЛАСТИ

© К. А. Антоненков

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

GENETIC DIVERSITY OF NON-POLIOMYELITIS ENTEROVIRUSES ISOLATED IN ST. PETERSBURG AND THE LENINGRAD REGION

© К. А. Antonenkov

St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

Цель исследования: характеристика циркуляции и молекулярно-генетического разнообразия неполиомиелитных энтеровирусов (ЭВ) на территориях Санкт-Петербурга и Ленинградской области в 2018–2023 гг. на основе секвенирования гипервариабельного участка VP1/VP3 и филогенетического анализа вируса *Coxsackievirus B5* (Cox B5).

Материалы и методы. Исследовали 71 (68 клинических и 3 экологических) пробу: фекалии детей с симптомами энтеровирусной инфекции, контактных детей, здоровых детей-мигрантов из неблагополучных по полиомиелиту территорий, концентраты сточных вод, отобранные в 2018–2023 гг. в Санкт-Петербурге и Ленинградской области. Группа здоровых детей-мигрантов включала 57 изолятов, 97% из которых прибыли из Таджикистана. Первичный посев фекальных суспензий и концентратов сточных вод на клеточные культуры RD, НЕР-2 и L20-B проводили по методическим указаниям ВОЗ [1]. Образцы инкубировали при температуре 38° С в течение 3–5 суток. Учет реакции проводили под инвертированным микроскопом по цитопатогенному действию и деградации культурального монослоя. Экстракцию нуклеиновых кислот проводили набором «Ампли-Прайм Рибо-Преп»; удаление клеточной ДНК ферментом осуществляли при помощи фермента «ДНКаза Е» Амплификацию гипервариабельного участка генома VP1/VP3 проводили, используя вырожденные типонеспецифические праймеры (длина ампликона ≈ 700 нт) на PCR Master Mix (2X) (ThermoScientific). Анализ продуктов секвенирующей реакции проводили с использованием генетического анализатора ABI Prism 3500 (Applied Biosystems, США).

Результаты. Получены нуклеотидные последовательности региона генома VP1/VP3, идентифицировано 25 уникальных типов ЭВ. Преобладали ЭВ вида В (60,7%) от всех типированных штаммов: Cox B5 (12,7%), ECHO 11 (11,3%), ECHO 13 (8,5%), ECHO 14 (8,5%), ECHO 6 (8,5%), ECHO 25 и ECHO 29 (по 5,6%). Реже обнаруживались представители вида А: Cox A8 (4,2%), Cox A10, Cox

А3, Сох А4 (по 2,8%). Сравнительный анализ типовой структуры ЭВ между тремя группами (резиденты, мигранты, сточные воды) показал выраженные различия. У детей-мигрантов, прибывших из неблагополучных по полиомиелиту территорий, наиболее часто выделяли ЭВ ЕСНО 11 (11,9%), ЕСНО 14 (10,2%), ЕСНО 13 и ЕСНО 6 (по 8,5%), Сох В5 (5,1%). В пробах, отобранных от детей-резидентов, обнаружили вирусы Сох В5 (66,7%), Сох А16 и Сох А6 (по 11,1%). В 3 образцах сточной воды (из центральных коллекторов) выделили вирусы ЕСНО 11, ЕСНО 13 и ЕСНО 24 (по 33,3%).

Проведен молекулярно-генетический анализ вируса Сох В5 (превалирующий тип, циркулирующий на территориях Санкт-Петербурга и ЛО). Российские штаммы данного вируса, выделенные в 2018 г. локализуются внутри II кластера, сформированного штаммами из Китая, Казахстана и РФ. Штаммы 2021 г. образуют отдельную монофилетическую группу в I кластере, сближенную с пакистанским штаммом; близость подтверждается низким числом мутационных различий и высокой bootstrap-поддержкой внутреннего узла 99,3%. Для группы штаммов 2021 г. время появления последнего общего предка (tMRCA) оценивается 2015.1 годом; для группы штаммов 2018 г. появление tMRCA датируется 2016.8 годом. Совокупность данных указывает на независимые заносы разных линий вируса Сох В5 в 2018 и 2021 гг., что не согласуется с гипотезой длительной локальной циркуляции идентичных штаммов на территориях Санкт-Петербурга и Ленинградской области.

Заключение. Выявленные различия типового состава между мигрантами и резидентами отражают гетерогенность эпидситуации. Результаты подчеркивают значимость типирования ЭВ по региону генома VP1/VP3 для оценки циркуляции и выявления трансграничных заносов.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Руководство по лабораторным исследованиям полиомиелита. 4-е изд. Женева: ВОЗ, 2005. 112 с. [Manual of laboratory testing for poliomyelitis. 4th ed. Geneva: WHO, 2005. 112 p. (In Russ.).]

УДК 575.112

ИССЛЕДОВАНИЕ СЕТЕЙ ВЗАИМОДЕЙСТВИЙ ГЕНОВ ХОЗЯИНА, УЧАСТВУЮЩИХ В ИНФИЦИРОВАНИИ И/ИЛИ РАЗВИТИИ ГЕПАТИТА С, МЕТОДАМИ *IN SILICO*

© Е. В. Ануфриева, А. Н. Щемелев

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

IN SILICO ANALYSIS OF HOST GENE INTERACTION NETWORKS INVOLVED IN HEPATITIS C INFECTION AND/OR DEVELOPMENT

© E. V. Anufrieva, A. N. Shchemelev

St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Ключевым этапом жизненного цикла вируса гепатита С (ВГС) является многоступенчатое проникновение в гепатоцит, инициируемое взаимодействием вирусных гликопротеинов E1 и E2 с клеточными рецепторами [1]. Процесс начинается с прикрепления вириона к поверхностным протеогликанам и рецепторам SR-BI (scavenger receptor class B member 1) или LDLR (рецептор липопротеинов низкой плотности) и тетраспанину CD81 [2, 3]. Последующая латеральная транслокация вируса к плотным контактам гепатоцита требует участия белков клаудина-1 (CLDN1) и окклюдина (OCLN). Финальные стадии включают клатрин-опосредованный эндоцитоз и слияние вирусной оболочки с эндосомальной мембраной в условиях низкого pH [4]. Таким образом, эффективное проникновение ВГС критически зависит от координированного действия как минимум четырех ключевых факторов: SR-BI/LDLR, CD81, CLDN1 и OCLN.

Цель исследования: выявить с помощью биоинформатического анализа гены-кандидаты хозяина, потенциально участвующие в инфицировании и/или развитии вирусного гепатита С.

Материалы и методы. Для построения генетических и белок-белковых сетей использовался комплекс взаимодополняющих биоинформационных ресурсов HumanNet, GeneMania и STRING. В качестве фоновых генов были выбраны *CD81*, *CLDN1*, *LDLR*, *OCLN* и *SCARB1*, кодирующие ключевые рецепторы, обеспечивающие прикрепление и проникновение вируса гепатита С посредством взаимодействия с вирусными гликопротеинами E1 и E2. Идентификация генов-кандидатов проводилась с помощью двухэтапного ранжирования, основанного на силе их взаимодействия с референсными генами и частоте встречаемости в результатах анализа, полученных с применением различных веб-приложений.

Результаты. При использовании трех веб-ресурсов были первично выявлены гены-кандидаты: HumanNet — 100 генов-кандидатов, GeneMania — 20, STRING — 98.

По результатам пересечения трех веб-ресурсов, общее число генов-кандидатов, связанных с фоновыми генами, составило 170. Общее количество генов с рангом выше 4 баллов составило 35. Гены-кандидаты были сгруппированы в функциональные наборы: клеточные барьеры и межклеточные контакты (17 генов, 48,6%); липидный обмен и липопротеины (9 генов, 25,7%); иммунный ответ и взаимодействие с вирусом (5 генов, 14,3%); сигнальные пути, протеолиз и цитоскелет (4 гена, 11,4%). Выявлены следующие гены-кандидаты, потенциально участвующие в патогенезе ГС: *APOA1*, *CLDN3*, *APOE*, *LIPC*, *LRPAP1*, *CSNK1E*, *APOB*, *CD19*, *CLDN6*, *CLDN9*, *ESAM*, *F11R*, *IFITM1*, *LDLRAP1*, *PCSK9*, *TJP1*, *CD9*, *CLDN11*, *CLDN17*,

CLDN2, CLDN5, IGSF8, MMP2, PDZK1, ADAM10, APOA2, C3, CLDN12, DAB1, GJB1, ITGB1, MYLIP, NEDD4L, PTGFRN.

Заключение. В настоящем исследовании были выявлены 35 генов-кандидатов, связанных с белками, задействованными на стадиях прикрепления и проникновения вируса в клетку, и потенциально участвующих в патогенезе ВГС-инфекции.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Gerold G., Moeller R., Pietschmann T. Hepatitis C Virus Entry: Protein Interactions and Fusion Determinants Governing Productive Hepatocyte Invasion // *Cold Spring Harb. Perspect. Med.* 2020. Vol. 10, No. 2. a036830. <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a036830>.
2. Zeisel M.B., Felmlee D.J., Baumert T.F. Hepatitis C virus entry // *Curr. Top. Microbiol. Immunol.* 2013. Vol. 369. P. 87–112. https://doi.org/10.1007/978-3-642-27340-7_4.
3. Yamamoto S., Fukuhara T., Ono C. et al. Lipoprotein receptors redundantly participate in entry of hepatitis C virus // *PLoS Pathog.* 2016 Vol. 12, No. 5. e1005610. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1005610>.
4. Carriqui-Madroñal B., Sheldon J., Duven M. et al. The matrix metalloproteinase ADAM10 supports hepatitis C virus entry and cell-to-cell spread via its sheddase activity // *PLoS pathogens.* 2023. Vol. 19, No. 11. e1011759. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1011759>.

УДК 616.981.21/.958.7:616.36-002:616-036.22

ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКАЯ СИТУАЦИЯ ХРОНИЧЕСКОГО ВИРУСНОГО ГЕПАТИТА С ПРИ МОНО- И КОИНФИЦИРОВАНИИ С ВИЧ В УЧРЕЖДЕНИЯХ ПЕНИТЕНЦИАРНОЙ СИСТЕМЫ

© К. В. Артемьев

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия
Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет, Санкт-Петербург, Россия

EPIDEMIOLOGICAL SITUATION OF CHRONIC VIRAL HEPATITIS C WITH MONO AND HIV COINFECTION IN PENITENTIARY SYSTEM INSTITUTIONS

© K. V. Artemev

St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia
St. Petersburg State Pediatric Medical University, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Особую эпидемиологическую актуальность вирусный гепатит С (ВГС) приобретает в пенитенциарных учреждениях, так как в уголовно-исполнительной системе (УИС), где сконцентрирована социально уязвимая группа людей с повышенным риском инфицирования ввиду инъекционного употребления психоактивных веществ (ПАВ), коинфицирования с ВИЧ, ограниченного доступа к каче-

ственной медицинской помощи и недостаточного информирования о состоянии своего здоровья [1–3].

Цель исследования: анализ эпидемиологической ситуации и клинического течения заболевания при ВГС-моноинфекции и сочетанной с ВИЧ у лиц, содержащихся в учреждении УИС.

Материалы и методы. Проспективный эпидемиологический анализ включил мужчин старше 18 лет с ВГС, в том числе коинфицированные с ВИЧ-инфекцией, в филиале медико-санитарной части (МСЧ) УИС с ноября 2023 по январь 2024 г.

Результаты. Исследование охватывало 148 заключенных (средний возраст $45,0 \pm 4,0$ года). Скрининг показал, что у 71,62% ($n=106$) выявлены anti-HCV и РНК ВГС, среди них у 78,3% диагностирована коинфекция ВГС/ВИЧ (положительный иммунный блоттинг, специфические антитела и антиген p24), в 21,7% случаев — моноинфекция ВГС (у 2,8% вирус выявлен впервые). Отмечены пути инфицирования ВГС: 33,6% — гемоконтактный, 46,7% — незащищенные половые контакты, 19,5% — путь неизвестен.

Из 106 обследованных противовирусную терапию (ПВТ) ВГС получали 26 человек: у 30,8% зафиксирована реинфекция после заключения под стражу, у 69,2% терапия проводилась в учреждении УИС. Из анамнеза заболевания известно, что 75,5% заключенных по разным причинам не получали ПВТ, вследствие чего у пациентов наблюдалось прогрессирование фиброза печени до F4 по METAVIR.

Из 106 пациентов выявлено 17,9% пациентов без ПВТ в анамнезе со стадией фиброза печени F4 (цирроз), из которых 89,5% заключенных были с коинфекцией ВИЧ/ВГС. У пациентов с фиброзом F3 и F4 вероятность 10-летней выживаемости ниже (75,7% при F3, 44,7% при F4).

Заключение. В учреждении УИС выявлен высокий уровень распространенности ВГС и коинфекции ВГС/ВИЧ. Коинфекция ВИЧ/ВГС значительно ухудшает прогноз заболевания, что подчеркивает критическую важность раннего выявления и лечения. Фиброз печени F4 стадии связан с низкой 10-летней выживаемостью.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Леванович В.В., Тимченко В.Н., Архипова Ю.А. и др. ВИЧ-инфекция на рубеже веков. Руководство для врачей всех специальностей. СПб.: ООО «Издательство Н-Л», 2012. 494 с. [Levanovich V.V., Timchenko V.N., Arkhipova Yu.A. et al. HIV Infection at the Turn of the Century: A Guide for Physicians of All Specialties. St. Petersburg: Publishing house ООО «N-L Publishing House», 2012. 494 p. (In Russ.).]
2. Кондратова С.Е., Марченко А.Н. Анализ факторов риска, определяющих проявление эпидемического процесса ВИЧ-инфекции в пенитенциарной системе // *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2022. Т.99, № 1. С. 20–27. [Kondratova S.E., Marchenko A.N. Analysis of risk factors determining the manifestation of the HIV epidemic process in the penitentiary system. *Journal of Microbiology, Epidemiology and Immunobiology*, 2022, Vol. 99, No. 1, pp. 20–27 (In Russ.).] doi: 10.36233/0372-9311-207.

3. Казберов П.Н. Специфика коррекционной работы с ВИЧ-инфицированными подозреваемыми, обвиняемыми и осужденными в местах лишения свободы // *Психология и право*. 2023. № 1. С. 278–285. [Kazberov P.N. Specifics of corrective work with HIV-infected suspects, defendants, and convicts in places of detention. *Psychology and Law*, 2023, No. 1, pp. 278–285 (In Russ.)]. doi: 10.24412/2076-1503-2023-1-278-285.

УДК 579.88:616.98

МЕТОД ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОГО ОБОГАЩЕНИЯ ДНК *C. BURNETII* ДЛЯ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ

© М. В. Безручко

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии
и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

A METHOD OF SEQUENTIAL ENRICHMENT OF *C. BURNETII* DNA FOR WHOLE GENOME SEQUENCING

© М. V. Bezruchko

St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

Цель исследования: разработка и апробация метода обогащения ДНК для эффективного полногеномного секвенирования *Coxiella burnetii* из различных образцов без получения чистой культуры бактерии.

Материалы и методы. В работе использовали препараты ДНК (n=6), в которых ранее в рамках мониторинга лихорадки Ку на эндемичных территориях Российской Федерации была обнаружена ДНК *Coxiella burnetii* методом ПЦР-РВ с применением набора реагентов «Ампли-Сенс *Coxiella burnetii* FL» (ФБУН ЦНИИ эпидемиологии Роспотребнадзора, Россия). Данные препараты были приготовлены с помощью набора реагентов для выделения РНК/ДНК «РИБО-преп» (ФБУН ЦНИИ эпидемиологии Роспотребнадзора, Россия) из промывной жидкости шерсти овец.

К каждому образцу был применен экспериментальный метод последовательного двухстадийного обогащения ДНК, включавший селективную полногеномную амплификацию (SWGА) исходного препарата [1], приготовление библиотек ДНК для NGS и гибридизацию библиотек со специфичными ДНК-зондами, приготовленными из геномной ДНК коксиеллы. Подготовку библиотек осуществляли с использованием набора NadPrep EZ DNA Library Preparation Kit v2 (Nanodigmbio, Китай). Для гибридизации использовали набор SeqCap EZ HyperCap (Roche, Швейцария). Секвенирование проводили на платформе MiSeq (Illumina, США) в парноконцевом режиме с длиной прочтений 250 нуклеотидов. По результатам секвенирования проводили биоинформатический анализ с использованием программ: Trim_galore!, BWA, Mosdepth, SPAdes, PGAP, Quast, CheckM.

Результаты. Применение метода последовательного обогащения ДНК позволило получить геномные сборки с полнотой от 45% до 100%, при этом доля генома с покрытием >30× составляет от 35% до 97%. Среднее нуклеотидное сходство (ANI) сборок с референсной последовательностью генома *Coxiella burnetii* составило более 95%, что подтверждает принадлежность полученных образцов к данному виду.

Заключение. Метод последовательного обогащения ДНК *C. burnetii* был успешно применен для полногеномного секвенирования образцов из внешней среды. Данные показатели обеспечивают возможность проведения высокоинформативного филогенетического анализа и молекулярно-эпидемиологических исследований.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Cocking J.H. et al. Selective whole genome amplification and sequencing of *Coxiella burnetii* directly from environmental samples // *Genomics*. 2020. Vol. 112, No. 2. P. 1872–1878. doi: 10.1016/j.ygeno.2019.10.022.

УДК 616.98:578.835.1

ОЦЕНКА ВИРУСНЕЙТРАЛИЗУЮЩИХ АНТИТЕЛ К ЭНТЕРОВИРУСАМ СРЕДИ ДЕТЕЙ КОСТРОМСКОЙ ОБЛАСТИ

© М. А. Блохинова

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии
и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

EVALUATION OF VIRUS-NEUTRALIZING ANTIBODIES TO ENTEROVIRUSES AMONG CHILDREN IN THE KOSTROMA REGION

© М. А. Blokhinova

St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

Цель исследования: оценить напряженность гуморального иммунитета к энтеровирусам среди двух групп детского населения Костромской области (3–4 года и 16–17 лет).

Материалы и методы. Исследовано 200 образцов сывороток крови детей двух индикаторных групп из Костромской области. Уровень специфических антител определяли в реакции нейтрализации (РН) с вирусами СохА2, СохА4 и СохА10. Серонегативными считались образцы, в которых антитела отсутствовали при разведении 1:4. Оценка иммунного статуса проводилась на основе доли сывороток, содержащих антитела к вирусу каждого типа, а также средней геометрической титров антител [1]. Результаты проанализированы для двух возрастных групп: 3–4 года и 16–17 лет. Статистическая обработка данных выполнена с использованием программы MS Excel.

Результаты. Среди ЭВ, выделенных от больных ЭВИ на территории Костромской области в 2018–2024 гг. доминировал СохА10 (26%). Стоит отметить, что большинство положительных проб приходилось на 2024 год. СохА2 и СохА4 были идентифицированы за данный период единично в пробах от здоровых детей до пяти лет, прибывших из неблагополучных по полиомиелиту территорий. В целом, среди всех обследованных к трем типам энтеровирусов наибольшая доля серонегативных выявлена к СохА2 и составила 29,5%. Однако в группе 3–4 лет доля серонегативных превышает количество серонегативных сывороток в группе 16–17 лет в 3,9 раза. Что свидетельствует о постепенном накоплении иммунной прослойки с возрастом. Для СохА10 серопревалентность высока в обеих исследуемых группах, однако ее структура различается.

В группе 3–4 года доля сывороток с наличием вируснейтрализующих антител составила 71%, причем 68% имели высокие титры антител ($\geq 1:32$). В группе 16–17 лет также преобладают серопозитивные лица (86%), но среди них 56% имеют высокие титры ($\geq 1:32$), а 30% — низкие (1:4–1:16). К СохА4 в группе 16–17 лет только 13% сывороток были серонегативными, в то время как в младшей группе доля серонегативных была существенно выше и достигала 40%. При анализе средней геометрической титров антител выявлено, что в группе 3–4 года данный показатель выше к трем типам ЭВ. Наиболее значимое снижение СГТ с возрастом отмечено для СохА10 (45,71 против 30,49), что может являться серологическим маркером недавней активизации данного типа в Костромской области.

Заключение. Установлены особенности возрастной динамики иммунитета к энтеровирусам Коксаки А в Костромской области. Высокие показатели средней геометрической титров антител и значительная доля лиц с высокими титрами антител к СохА10 среди детей 3–4 лет свидетельствуют об активной циркуляции данных серотипов на территории региона в последние годы. Длительное отсутствие циркуляции СохА2 и СохА4 приводит к формированию группы восприимчивых лиц и создает предпосылки для возобновления эпидемической циркуляции данного серотипа при его заносе на территорию. И поэтому особое внимание следует обратить на территории, где данный вирус не выделялся в последние годы. Полученные данные подчеркивают необходимость непрерывного сероэпидемиологического мониторинга для прогнозирования вспышек ЭВИ и разработки профилактических мероприятий с учетом циркулирующих типов и возрастных особенностей формирования иммунитета.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Shi Y., Chen P., Bai Y., Xu X., Liu Y. Seroprevalence of coxsackievirus A6 and enterovirus A71 infection in humans: a systematic review and meta-analysis // *Arch. Virol.* 2023. Jan 7; Vol. 168, No. 2.

ТЕЧЕНИЕ Т-КЛЕТОЧНЫХ ЛИМФОМ У ВИЧ-ИНФИЦИРОВАННЫХ ПАЦИЕНТОВ

© ¹С. С. Бурдаева, ²Д. В. Барам

¹Первый Санкт-Петербургский государственный медицинский университет имени академика И. П. Павлова, Санкт-Петербург, Россия

²Российский научно-исследовательский институт гематологии и трансфузиологии Федерального медико-биологического агентства России, Санкт-Петербург, Россия

THE COURSE OF T-CELL LYMPHOMAS IN HIV-INFECTED PATIENTS

© ¹S. S. Burdaeva, ²D. V. Baram

¹Pavlov First St. Petersburg State Medical University, St. Petersburg, Russia

²Russian Research Institute of Hematology and Transfusiology of the Federal Medical and Biological Agency of Russia, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Т-клеточные неходжкинские лимфомы (ТКЛ) — гетерогенная группа новообразований (10–15% всех неходжкинских лимфом (НХЛ)), включающая периферические и кожные Т-клеточные лимфомы. Среди людей, живущих с ВИЧ (ЛЖВ), в структуре НХЛ ТКЛ занимают всего 1–2% [1, 2]. Наиболее частые клинические проявления ТКЛ — В-симптомы (лихорадка, снижение массы тела, ночные профузные поты) и лимфаденопатия, которые для ЛЖВ неспецифичны, могут сопровождать туберкулез, оппортунистические инфекции и др. Кожные Т-клеточные лимфомы (КТКЛ) характеризуются полиморфностью элементов высыпаний на коже, которые могут варьировать от пятен, бляшек и узлов до генерализованного поражения кожи с развитием эритродермии. Ввиду многообразия проявлений необходимо проводить дифференциальную диагностику КТКЛ с другими злокачественными и доброкачественными заболеваниями кожи, в том числе псориазом, параспориозом, экземой, дерматитом и др. [3, 4].

Цель исследования: описание особенностей течения выявленных случаев ТКЛ у ЛЖВ.

Материалы и методы. Проведен ретроспективный анализ историй болезни ВИЧ-инфицированных пациентов с Т-клеточной лимфомой, выявленной в Центре СПИД и КИБ им. С. П. Боткина. Все пациенты были обследованы на туберкулез, оппортунистические инфекции (ВЭБ, ЦМВ, *Toxoplasma gondii*, МАС-инфекцию) и вирусные гепатиты С и В (ВГС, ВГВ). Проведен морфологический анализ результатов биопсий лимфатических узлов (n=4), кожно-мышечного лоскута (n=1) с иммуногистохимическим исследованием (ИГХ) биоптатов, в панель которого были включены антитела к р24, HHV-8, *M. bovis*, LMP-1, Ki67, CD1a, CD2, CD3, CD4,

CD5, CD7, CD8, CD10, CD15, CD20, CD21, CD23, CD30, CD45, CD79a, CD123, bcl-2, bcl-6, Рах-5, легким цепям иммуноглобулинов, TCR α , PD-1, а также хромосомная гибридизация *in situ* зондом к EBER.

Результаты и их обсуждение. За период с 2019 по 2024 г. диагностировано 4 случая ТКЛ у ЛЖВ (все мужчины, средний возраст — 41 год), три из которых выявлены в Центре СПИД, один — в КИБ им. С. П. Боткина. Жалобы на лихорадку предъявляли 3 пациента (у 2 — повышение температуры тела до субфебрильных, у одного — до высоких фебрильных значений), снижение массы тела при сохранном аппетите в пределах 2–6 месяцев до госпитализации наблюдали 3 пациента. У всех пациентов увеличились внутрибрюшные и периферические лимфатические узлы: шейные (n=4), подмышечные (n=3), паховые (n=3), подчелюстные (n=2) и надключичные (n=1), у 2 пациентов было отмечено увеличение внутригрудных лимфатических узлов. На коже одного пациента выявлена генерализованная гиперемия с крупнопластинчатым шелушением кожи туловища и конечностей, мелкопластинчатым шелушением кожи лица, сопровождающаяся зудом. К моменту появления первых симптомов ТКЛ о своем ВИЧ-статусе знали 2 пациента, один из которых не наблюдался в Центре СПИД и в связи с удовлетворительным самочувствием антиретровирусную терапию (АРТ) не получал. Один пациент получал АРТ, но в связи с ее нерегулярным приемом и резистентностью ВИЧ схема АРТ не была эффективной. У 2 (50%) пациентов ВИЧ-инфекция была выявлена непосредственно при обследовании по поводу связанных с ТКЛ симптомов. У всех пациентов при лабораторном обследовании в крови было обнаружено высокое количество РНК ВИЧ (минимальное значение 109 264 копий/мл, максимальное — 1 723 051 копий/мл) и Ig ВЭБ (в среднем 2,64 Ig копий/10⁵ клеток). В 3 случаях выявлена анемия легкой степени тяжести. Уровень ЛДГ был определен только у 2 пациентов, среднее значение составило 329 ед./л (при нормальных значениях 135–225 ед./л). Также у всех пациентов установлена серопозитивность к ВГС, при этом результат ПЦР РНК ВГС к крови оказался положительным у 2 пациентов.

Дифференциальная диагностика ТКЛ во всех случаях проводилась с туберкулезом и МАС-инфекцией, у пациента с высыпаниями на коже исключались псориаз и парapsoriasis. С целью верификации диагноза всем пациентам была выполнена биопсия лимфатического узла, одному пациенту — биопсия кожно-мышечного лоскута с последующим микроскопическим и ИГХ-исследованием, по результатам которого у всех пациентов отмечена экспрессия p24. В 2 случаях обнаружен генетический материал ВЭБ при гибридизации *in situ* зондом к EBER, еще в 1 случае — экспрессия LMP-1. Экспрессия HHV-8 не найдена ни в одном из материалов.

Выводы. У ЛЖВ Т-клеточные лимфомы являются редким видом НХЛ, тем не менее они представляют собой диагностическую проблему, поскольку существует множество состояний, которые могут сопровождаться схожими симптомами. У всех пациентов отмечена поздняя диагностика ВИЧ-инфекции, ТКЛ протекала с лимфа-

денопатией и В-симптомами, сопровождалась коинфекцией ВЭБ и ВГС, отсутствием или неэффективностью АРТ. Выполнение всех регламентированных исследований позволило выставить точный диагноз онкологического заболевания и направить пациентов в специализированное медицинское учреждение.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Рассохин В.В., Беляков Н.А., Барам Д.В., Бобкова М.Р., Боева Е.В., Криволапов Ю.А. и др.: под ред. проф. В. В. Рассохина, акад. Н. А. Белякова // *ВИЧ-инфекция и онкологические заболевания*. СПб.: ООО «РИП СПб», 2024. 450 с.: ил. [Rassokhin V.V., Belyakov N.A., Baram D.V., Bobkova M.R., Boeva E.V., Krivolapov Yu.A. et al.: pod red. prof. V. V. Rassohina, akad. N. A. Belyakova. *HIV infection and cancer*. St. Petersburg: ООО «РИП СПб», 2024. 450 p.: il. (In Russ.).]
2. Thandra K.C., Barsouk A., Saginala K., Padala S.A., Barsouk A., Rawla P. Epidemiology of Non-Hodgkin's Lymphoma // *Med. Sci. (Basel)*. 2021. Jan 30; Vol. 9, No. 1. P. 5. <https://doi.org/10.3390/medsci9010005>.
3. Демина О.М., Акилов О.Е., Румянцев А.Г. Т-клеточные лимфомы кожи: современные данные патогенеза, клиники и терапии // *Онкогематология*. 2018. Т. 13, № 3. С. 25–38. [Demina O.M., Akilov O.E., Rumyantsev A.G. Cutaneous T-cell lymphomas: modern data on pathogenesis, clinical features, and therapy. *Oncohematology*, 2018, Vol. 13, No. 3, pp. 25–38 (In Russ.)]. <https://doi.org/10.17650/1818-8346-2018-13-3-25-38>.
4. Koh M.J., Merrill M.H. et al. Comparative outcomes for mature T-cell and NK/T-cell lymphomas in people with and without HIV and to AIDS-defining lymphomas // *Blood Adv*. 2022. Mar 8; Vol. 6, No. 5. P. 1420–1431. <https://doi.org/10.1182/bloodadvances.2021006208>.

УДК 616.981.21/958.7

ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКАЯ И КЛИНИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА СЛУЧАЕВ ОСПЫ ОБЕЗЬЯН В БОЛЬНИЦЕ БОТКИНА

© ¹С. С. Бурдаева, ²В. А. Капатына

¹Первый Санкт-Петербургский государственный медицинский университет
имени академика И. П. Павлова, Санкт-Петербург, Россия

²Клиническая инфекционная больница имени С. П. Боткина,
Санкт-Петербург, Россия

EPIDEMIOLOGICAL AND CLINICAL CHARACTERISTICS OF CASES OF MONKEYPOX IN THE BOTKIN HOSPITAL

© ¹S. S. Burdaeva, ²V. A. Kapatsyna

¹Pavlov First St. Petersburg State Medical University, St. Petersburg, Russia

²S. P. Botkin Clinical Infectious Diseases Hospital, St. Petersburg, Russia

Цель исследования: анализ эпидемиологических и клинических особенностей случаев инфицирования вирусом оспы обезьян (ОО), выявленных в ГБУЗ КИБ им. С. П. Боткина Санкт-Петербурга (КИБ им. С. П. Боткина).

Материалы и методы. Проведен ретроспективный анализ историй болезни пациентов КИБ им. С. П. Боткина с подтвержденной ОО, изучены научные публикации в базах данных Pubmed и Scopus.

Результаты и их обсуждение. В КИБ им. С. П. Боткина были госпитализированы все 7 пациентов, инфицированных ОО в период с 2022 по 2025 г. Во всех случаях подтверждение ОО было основано на положительном результате ПЦР соскоба с элементов сыпи на ДНК вируса. Из 7 случаев 1 (14,3%) был выявлен у женщины, 6 (85,7%) — у MSM. Средний возраст пациентов составил $32,7 \pm 1,5$ года. У всех пациентов заражение вирусом ОО произошло через прямой телесный контакт, воздушно-капельным путем или при контакте с инфицированными предметами (одежда, постельное белье) при общении с инфицированным человеком. Данные о прививке против натуральной оспы пациенты не предоставляли, предположительно, учитывая их возраст, вакцинация не проводилась.

Период от предполагаемой даты заражения до даты появления первых симптомов варьировал от 1 до 17 дней. На момент предполагаемых дат инфицирования 2 (28,6%) человека находились в Китае, по 1 — в Таиланде, в Португалии (28,6%), 1 (14,3%) — в Испании и Франции. Со слов 2 (28,6%) пациентов отмечено, что они не выезжали за пределы РФ, но имели незащищенные половые контакты с незнакомцами. Обращает на себя внимание наличие у 4 (57%) пациентов в анамнезе сифилиса. Также в 4 случаях ОО была выявлена у ЛЖВ, которые на момент госпитализации знали о своем ВИЧ-статусе, состояли на учете в Центре СПИД и получали антиретровирусную терапию. Сочетание ВИЧ-инфекция+сифилис в анамнезе установлено у 3 (43%) пациентов. На коже и слизистых оболочках пациентов на момент поступления определялись характерные для ОО везикулярные элементы: у 1 пациента отмечалось локализованное поражение наружных половых органов, в остальных случаях — распространенное поражение с вовлечением кожи лица (28,6%), туловища и конечностей (71,4%). У 57% пациентов высыпания сопровождалось зудом и жжением, в 28,6% случаев в ротовой полости выявлялись афты. У всех пациентов описывалась лимфаденопатия с вовлечением паховых лимфатических узлов. У 6 пациентов течение ОО было осложнено такими состояниями, как пиодермия (n=4), двусторонний орхит (n=1), паратонзиллярный абсцесс (n=1).

Заключение. Увеличению заболеваемости ОО за пределами эндемичных регионов способствовали такие факторы, как миграция населения, прекращение после 1980-х гг. массовой вакцинации против натуральной оспы, которая, как известно, защищает людей от МРХВ и других оспенных вирусов, общение с инфицированным человеком ЛЖВ. Среди выявленных случаев в КИБ им. С. П. Боткина преобладали MSM, из которых 57% инфицированы ВИЧ и в анамнезе болели сифилисом. Во всех случаях ОО протекала с характерной сыпью, в большинстве случаев осложненной пиодермией, и лимфаденопатией. В рамках осуществления санитарно-карантинного контроля в РФ про-

является особая настороженность в отношении лиц, прибывших из-за рубежа и имеющих любые проявления инфекционного заболевания. Проводимые мероприятия, в том числе в пунктах пропуска через государственную границу, позволяют вовремя выявлять и изолировать заболевших, предотвращать дальнейшее распространение ОО.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Улюкин И.М., Рассохин В.В., Орлова Е.С., Сечин А.А. Эпидемиологические особенности и психоневрологические нарушения у человека, вызванные воздействием вируса оспы обезьян // *ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии*. 2022. Т. 14, № 4. С. 7–20. [Ulyukin I.M., Rassokhin V.V., Orlova E.S., Sechin A.A. Epidemiological features and psychoneurological disorders in humans caused by exposure to the monkeypox virus. *HIV Infection and Immunosuppressive Disorders*. 2022. Vol. 14, No. 4, pp. 7–20 (In Russ.)]. <https://doi.org/10.22328/2077-9828-2022-14-4-7-20>.
2. Titanji B.K., Hazra A., Zucker J. Mpox Clinical Presentation, Diagnostic Approaches, and Treatment Strategies: A Review // *JAMA*. 2024. Nov 19. Vol. 332, No. 19. P. 1652–1662. <https://doi.org/10.1001/jama.2024.21091>.
3. Lim C.K., Roberts J., Moso M. et al. Mpox diagnostics: Review of current and emerging technologies // *J. Med. Virol.* 2023 Jan; Vol. 95, No. 1. e28429. doi: 10.1002/jmv.28429. Erratum in: *J. Med. Virol.* 2023. Feb; Vol. 95, No. 2. e28581. <https://doi.org/10.1002/jmv.28581>.
4. Malla A., Saleh F.M. The resurgence of monkeypox virus: a critical global health challenge and the need for vigilant intervention // *Front Public Health*. 2025. May 30. Vol. 13. P. 1572100. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2025.1572100>.

УДК 571.27

ВЛИЯНИЕ ВИРУСОВ ГЕПАТИТА В И С НА ПРОФИЛЬ РАСТВОРИМЫХ РЕГУЛЯТОРОВ ИММУННОГО ОТВЕТА

© ¹А. А. Бутенко, ^{1,2}З. Р. Коробова

¹Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²Первый Санкт-Петербургский государственный медицинский университет имени академика И. П. Павлова, Санкт-Петербург, Россия

IMPACT OF HEPATITIS B AND C VIRUSES ON THE PROFILE OF SOLUBLE IMMUNE RESPONSE REGULATORS

© ¹A. A. Butenko, ^{1,2}Z. R. Korobova

¹St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

²Pavlov First St. Petersburg State Medical University, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Хронические вирусные гепатиты В и С (ХГВ и ХГС) остаются одной из ведущих причин прогрессирующих заболеваний печени — фиброза, цирроза и гепатоцеллюлярного рака. В патогенезе этих инфекций существенную роль играют

длительное воспаление и иммунная активация, которые приводят к повреждению ткани печени [1]. Исследование растворимых молекул, участвующих в иммунной регуляции, позволит более полно оценить характер иммунных сдвигов при хронических гепатитах и определить потенциальные маркеры патологического процесса.

Цель исследования: оценить уровень спектра растворимых регуляторов воспаления и иммунного ответа в плазме пациентов с ХГВ и ХГС с целью выявления потенциальных иммунологических маркеров заболевания.

Материалы и методы. В исследование включили образцы плазмы крови 31 пациента с ХГВ, 37 — с ХГС и 23 здоровых доноров (контрольная группа). Количественное определение профиля растворимых иммунорегуляторных молекул в плазме проводили методом мультиплексного проточного цитофлуориметрического анализа с использованием набора LEGENDplex™ Human Inflammation Panel 2 (11-plex). Оценивали концентрации TGF- β 1, sTREM-1, PTX3, sCD40L, sCD25, CXCL12, sST2, sTNF-RI, sTNF-RII, sRAGE и CX3CL1, выраженные в пг/мл. Для статистической обработки данных применяли непараметрические методы, включая критерий Краскела–Уоллиса для множественных групп. Различия считали статистически значимыми при $p < 0,05$.

Результаты. Анализ профиля растворимых регуляторов иммунного ответа показал выраженные изменения при хронических вирусных гепатитах по сравнению со здоровыми донорами. У пациентов с ХГВ и ХГС выявлено достоверно повышенные концентрации sCD25 ($p < 0,0001$), sTNF-RI ($p < 0,0001$) и sTNF-RII ($p = 0,0023$ и $p = 0,0062$ соответственно). Уровень хемокина CXCL12 достоверно повышен при ХГС ($p = 0,0088$), а sCD40L — понижен при ХГВ ($p = 0,0373$).

Сравнительный анализ между двумя инфекциями показал достоверные различия по концентрациям CXCL12 и sCD40L. У пациентов с ХГС уровень CXCL12 был выше ($p = 0,0058$), а у пациентов с ХГВ уровень sCD40L был ниже ($p = 0,0005$). Остальные молекулы (TGF- β 1, sTREM-1, PTX3, sST2, sRAGE, CX3CL1) статистически значимых различий между группами не показали.

Заключение. Таким образом, при ХГВ и ХГС выявлены изменения уровней растворимых иммунорегуляторных молекул, отражающие особенности воспалительного ответа при данных инфекциях.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 25–25–00235, <https://rscf.ru/project/25–25–00235>.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Rehermann B., Nascimbeni M. Immunology of hepatitis B virus and hepatitis C virus infection // *Nat. Rev. Immunol.* 2005. Vol. 5. P. 215–229. doi: 10.1038/nri1573.

ИЗУЧЕНИЕ СИНЕРГИДНОГО ДЕЙСТВИЯ КОМБИНАЦИИ ДИОКСИДИНА И ПОВИАРГОЛА В ОТНОШЕНИИ *ESCHERICHIA COLI* МЕТОДОМ ШАХМАТНОЙ ДОСКИ

© В. В. Галушка, В. И. Ломоносова

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

STUDY OF THE SYNERGISTIC EFFECT OF THE COMBINATION OF DIOXIDINE AND POVIARGOL AGAINST *ESCHERICHIA COLI* USING THE CHECKERBOARD METHOD

© V. V. Galushka, V. L. Lomonosova

St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Рост антибиотикорезистентности грамотрицательных микроорганизмов, к которым относится *Escherichia coli*, является одной из наиболее острых проблем современной клинической микробиологии и медицины. В этой связи актуальным представляется поиск и изучение эффективных антимикробных комбинаций, позволяющих преодолевать резистентность и снижать терапевтические дозы препаратов [1]. Диоксидин является мощным синтетическим антибактериальным средством, однако его применение может быть ограничено по причине высокой токсичности. Повиаргол (коллоидное серебро, стабилизированное поливинилпирролидоном) представляет интерес как антисептик с широким спектром действия.

Цель: оценка *in vitro* взаимодействия диоксидина и повиаргола в отношении эталонного штамма *E. coli* ATCC 25922.

Материалы и методы. Исследование синергидного эффекта комбинации диоксидин-повиаргол проводили методом шахматной доски в бульонной культуре. Использовали серийные двукратные разведения диоксидина (от 10 000 до 0,61 мкг/мл) и повиаргола (от 10 000 до 0,61 мкг/мл). В каждую лунку с комбинацией антимикробных препаратов вносили суспензию *E. coli* ATCC 25922 10⁸ КОЕ/мл. После инкубации в течение 24 часов при 37° С визуально оценивали рост микроорганизмов и делали высев на чашки с питательным агаром. Для количественной оценки использовали определение десятичного логарифма количества колониеобразующих единиц (lg КОЕ/мл). Синергизм определяли как снижение минимальной подавляющей концентрации (МПК) каждого из препаратов в комбинации не менее чем в 4 раза по сравнению с их МПК при использовании в виде монотерапии.

Результаты. Установлено, что минимальная подавляющая концентрация диоксидина в монотерапии составила 78,12 мкг/мл, в то время как МПК повиаргола превысила 10 000 мкг/мл. При использовании метода шахматной доски выявлены зоны

синергидного взаимодействия двух препаратов. Наиболее выраженный синергизм наблюдался в диапазоне концентраций диоксидина от 156,25 до 39,06 мкг/мл в комбинации с повиарголом в концентрациях от 312,50 до 78,12 мкг/мл. В этих комбинациях происходила полная элиминация микроорганизмов (показатель «0», соответствующий отсутствию роста), несмотря на то, что данные концентрации каждого из препаратов по отдельности были субингибиторными. Так, комбинация диоксидина 78,12 мкг/мл и повиаргола 156,25 мкг/мл, где по отдельности оба препарата демонстрировали рост бактерий (\lg КОЕ/мл $\geq 2,59$), в комбинации привела к полному подавлению роста. При дальнейшем снижении концентраций в комбинациях фиксировался значительный бактерицидный эффект (снижение \lg КОЕ/мл на 3–4 порядка и более по сравнению с контрольными лунками). Полученные данные свидетельствуют о том, что повиаргол потенцирует действие диоксидина, что позволяет существенно снизить эффективные концентрации последнего.

Заключение. Проведенное исследование методом шахматной доски демонстрирует наличие выраженного синергидного эффекта между диоксидином и повиарголом в отношении *E. coli* ATCC 25922. Установлено, что комбинированное применение позволяет снизить рабочую концентрацию диоксидина в 2–16 раз по сравнению с его МПК в монотерапии. Это открывает перспективы для разработки новых эффективных комбинированных антимикробных препаратов на основе изученной пары веществ, что может позволить снизить лекарственную нагрузку и минимизировать потенциальные побочные эффекты диоксидина при сохранении высокого антибактериального эффекта.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Мелешко А.А. и др. Антибактериальные неорганические агенты: эффективность использования многокомпонентных систем // *Инфекция и иммунитет*. 2020. Т. 10, № 4. С. 639–654. [Meleshko A.A., Afinogenova A.G., Afinogenov G.E., Spiridonova A.A., Tolstoy V.P. Antibacterial inorganic agents: efficiency of using multicomponent systems. *Russian Journal of Infection and Immunity*, 2020, Vol. 10, No. 4, pp. 639–654 (In Russ.)]. doi: 10.15789/2220-7619-AIA-1512.

УДК 616.002.5:578.828.6:575.224

СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ *MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS* СРЕДИ БОЛЬНЫХ ВИЧ/ТБ-КОИНФЕКЦИЕЙ В САНКТ-ПЕТЕРБУРГЕ

© А. А. Герасимова

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS POPULATION STRUCTURE AMONG HIV/TB COINFECTED PATIENTS IN ST. PETERSBURG

© A. A. Gerasimova

St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

Цель исследования: изучить генотипическую структуру популяции *Mycobacterium tuberculosis* среди больных с ВИЧ/ТБ-коинфекцией в Санкт-Петербурге.

Материалы и методы. Исследованы 173 изолята *M. tuberculosis* из аутопсийного материала 70 больных, умерших от ВИЧ/ТБ-коинфекции в 2012–2018 гг. в Санкт-Петербурге. Принадлежность к генотипу Beijing определяли на основе вставки IS6110 в *dnaA-dnaN*. Изоляты Beijing субтипировали методом IS6110-RFLP. Изоляты других генотипов сполиготипировали и сравнивали с базой данных SITVIT2.

За инфицирование смешанной культурой принимали случаи, когда изолят, выделенный хотя бы из одного пораженного органа, мог быть отнесен к двум разным генотипам, либо из тканей разных органов выделялись изоляты *M. tuberculosis* разных генотипов или субтипов.

Результаты. Группа 1 включала 15 больных (21,4%) со смешанной инфекцией, всего от них выделено 42 изолята *M. tuberculosis*. От группы 2, состоящей из 55 больных с «чистой» культурой, получен 131 изолят.

В обеих группах были пациенты с хроническим туберкулезом, впервые выявленным туберкулезом, рецидивами туберкулеза, в том числе после прерванного лечения; разница между группами оказалась статистически незначима ($p > 0,05$). Также в обеих группах были пациенты, ранее находившиеся в местах лишения свободы, причем в группе 1 значительно больше, чем в группе 2 ($p = 0,0007$). В обеих группах преобладали штаммы генотипа Beijing, при этом в 1 группе наблюдалось больше штаммов субтипа Beijing B0/W148 ($p = 0,0103$). Кроме того, доля штаммов генотипа LAM была выше в группе 1 ($p = 0,0002$).

Заключение. Среди больных с ВИЧ/ТБ-коинфекцией в Санкт-Петербурге было выявлено 21,4% смешанных культур *M. tuberculosis*, что соответствует ранее полученным данным для стран с высоким бременем туберкулеза [1, 2]. Микс-культуры с одинаковой частотой обнаруживались в разных пораженных органах ($p > 0,05$). Развитию смешанной инфекции способствует пребывание в местах лишения свободы ($p = 0,0007$) [3]. Прерывание лечения, позднее обращение к врачу не являются непосредственным фактором риска, однако затрудняют диагностику и способствуют развитию более тяжелых форм заболевания. В обеих группах преобладали штаммы генотипа Beijing, субтипов B0/W148 и CAR, при этом среди больных с микс-инфекцией выше доли штаммов субтипа Beijing B0/W148 ($p = 0,0103$) и генотипа LAM ($p = 0,0002$). Необходимы более масштабные исследования, в том числе патогенеза заболевания, вызываемого «чистыми» и микс-культурами.

Благодарности. Автор благодарит М. Ю. Майскую и Н. С. Соловьеву за предоставленные штаммы и данные по пациентам.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Shamputa I., Jugheli L., Sadradze N., Willery E., Portaels F., Supply P., Rigouts L. Mixed infection and clonal representativeness of a single sputum sample in tuberculosis patients from a penitentiary hospital in Georgia // *Respiratory Research*. 2006. Vol. 17, No. 7. P. 99. doi: 10.1186/1465-9921-7-99.
2. Plazzotta G., Cohen T., Colijn C. Magnitude and sources of bias in the detection of mixed strain M. tuberculosis infection // *J. Theor. Biol.* 2015. Vol. 7, No. 368. P. 67–73. doi: 10.1016/j.jtbi.2014.12.009.
3. Mokrousov I., Badleeva M., Mudarisova R., Kozhevnikov V., Markhaev A., Guntupova A., Vyazovaya A. Increasing circulation of multi-drug resistant tuberculosis strains in Buryatia, high-burden and ethnically diverse region in the Russian Far East // *Tuberculosis*. 2024. Vol. 149. P. 102555. doi: 10.1016/j.tube.2024.102555.

УДК 575.112

СТРУКТУРНЫЙ АНАЛИЗ ВЛИЯНИЯ МИССЕНС-МУТАЦИЙ В РЕЦЕПТОРАХ CCR5 И CXCR4 НА СТАБИЛЬНОСТЬ КОМПЛЕКСОВ С БЕЛКОМ PNOС В КОНТЕКСТЕ ВИЧ-ИНФЕКЦИИ

© В. С. Давыденко, А. Н. Щемелев

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

STRUCTURAL ANALYSIS OF THE EFFECT OF MISSENSE MUTATIONS IN THE CCR5 AND CXCR4 RECEPTORS ON THE STABILITY OF COMPLEXES WITH THE PNOС PROTEIN IN THE CONTEXT OF HIV INFECTION

© V. S. Davydenko, A. N. Shchemelev

St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

Цель исследования: оценка влияния миссенс-мутаций в гене *PNOС* на стабильность комплексов его белка с рецепторами CCR5 и CXCR4, их потенциальной роли в прикреплении ВИЧ, связанной с изменением аффинности взаимодействия с ко-рецепторами хозяина.

Материалы и методы. Для анализа использованы данные о 30 известных аминокислотных заменах PNOС в местах контактов с рецептором CCR5 и 40 замен в местах контактов с CXCR4, полученные из базы данных UniProt [1]. Трехмерные модели белковых комплексов PNOС-CCR5 и PNOС-CXCR4 (дикий тип и мутантные формы) были построены с использованием алгоритма AlphaFold3. Стабильность комплексов и энергия взаимодействия между белками в комплексе анализировали

с помощью пакета FoldX в аппаратной среде YASARA. Межмолекулярные контакты и водородные связи количественно оценивали в ChimeraX. Функциональный эффект мутаций определяли с помощью алгоритма PolyPhen. Критериями значительного вклада относительно влияния на аффинность выбрали сниженную энергию комплекса (рост стабильности комплекса), сниженную энергию взаимодействия в комплексе (усиление взаимодействия), рост или равное число контактов, а также показатель PolyPhen «benign» (мутация не нарушает функцию мутантного белка).

Результаты. Согласно установленным критериям, для комплекса PНОС-ССR5 всем параметрам полностью соответствовал только вариант р.Glu50Lys, демонстрирующий повышенную стабильность комплекса и улучшенную энергию связи при сохранении количества контактов и статусе «benign». Несколько мутаций соответствовали трем критериям: р.Phr14Leu и р.Thr59Ala улучшали энергию связи и взаимодействия при сохраненной функции белка; р.Thr59Ile и р.Arg148Trp сочетали улучшенные энергетические параметры с ростом числа контактов; р.Gln22Pro показывала улучшение энергии связи, увеличение контактов и статус «benign».

Для комплекса PНОС-СХСR4 полное соответствие критериям наблюдалось у четырех мутаций: р.Phr14Leu, р.Ser20Asn, р.Arg23Lys и р.Val43Met. Еще пять вариантов соответствовали трем параметрам: р.Val17Ala, р.Gln22Pro, р.Gly135Arg, р.Ser139Leu и р.Gln155Arg. Примечательно, что р.Phr14Leu оказалась единственной мутацией, значимой для двух рецепторов. Более широкий спектр усиливающих аффинность замен в СХСR4 может объясняться как большим количеством анализированных мутаций, так и особенностями тканевой экспрессии, где PНОС и СХСR4 совместно экспрессируются в отсутствие ССR5 [2], что могло создать предпосылки для формирования более переменного интерфейса взаимодействия. Перспективным направлением представляется экспериментальная верификация влияния идентифицированных мутаций на функциональную активность рецепторов и их способность опосредовать прикрепление вируса.

Заключение. Методами биоинформатического моделирования показана возможность как взаимодействия белка PНОС с хемокиновыми корецепторами, ассоциированными с прикреплением ВИЧ, так и вклад точечных мутаций белка PНОС на предмет устойчивости образующихся комплексов.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Давыденко В.С., Останкова Ю.В., Шемелев А.Н., Ануфриева Е.В., Кушнарева В.В., Тотолян А.А. Выявление генов человека, взаимодействующих с рецепторами прикрепления ВИЧ и потенциально участвующих в патогенезе заболевания, на основе мультисетового биоинформатического анализа // *ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии*. 2024. Т. 16, № 4. С. 28–44. [Davydenko V.S., Ostankova Yu.V., Shchemeleev A.N., Anufrieva E.V., Kushnareva V.V., Totolyan A.A. Identification of human genes interacting with HIV attachment receptors and potentially involved in the pathogenesis of the disease based on multi-network bioinformatics analysis. *HIV Infection and Immunosuppressive Disorders*, 2024, Vol. 16, No. 4, pp. 28–44 (In Russ.).] doi: 10.22328/2077-9828-2024-16-4-28-44.

2. Davydenko V.S., Ostantkova Yu.V., Schemelev A.N. et al Bioinformatically analyzed relationships between specific human genes associated with HIV attachment. *Russian Journal of Infection and Immunity*, 2024, Vol. 14, No. 6, pp. 1153–1168. doi: 10.15789/2220-7619-BAR-17830.

УДК 616.348-002:579.842.15

ГЕНЫ РЕЗИСТЕНТНОСТИ ШТАММОВ *SALMONELLA* SPP., ВЫДЕЛЕННЫЕ В САНКТ-ПЕТЕРБУРГЕ

© ¹С. Х. Жамборова, ¹А. Т. Саитова, ²Е. В. Румянцева

¹Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии
и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²Медицинская лаборатория «ЛабСтори», Санкт-Петербург, Россия

RESISTANCE GENES OF *SALMONELLA* SPP. STRAINS ISOLATED IN ST. PETERSBURG

© ¹S. Kh. Zhamborova, ¹A. T. Saitova, ²E. V. Rumyantseva

¹St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

²Medical laboratory «LabStory», St. Petersburg, Russia

Цель исследования: охарактеризовать антигенную структуру, генетические детерминанты резистентности к антибиотикам и дезинфектантам штаммов *Salmonella enterica* (SE), выделенных от пациентов с диарейным синдромом.

Материалы и методы. Изучены 61 штамм SE, выделенные в Санкт-Петербурге. Антигенную структуру определяли в реакции агглютинации на стекле с использованием адсорбированных диагностических О- и Н-сывороток («Эколаб», Россия). Геномную ДНК выделяли набором diaGene (Россия), приготовление библиотек набором TruSeq DNA Nano (Illumina, США). Секвенирование проводили с использованием секвенатора MiSeq (Illumina, США). Поиск генетических детерминант, характеризующих резистентность к антибиотикам и дезинфектантам осуществляли на веб-платформе Центра геномной эпидемиологии (<https://cge.sbs.dtu.dk/services/>). Для оценки статистической значимости различий показателей применяли точный критерий Фишера.

Результаты. Установлено, что по О-антигенной структуре штаммы принадлежали к 6 серологическим группам: В [O:4] — 24,6%, С1 [O:7] — 45,9%, С2 [O:8] — 3,3%, D [O:9] — 23,0%, Е1 [O:3,10] и G [O:13] — 1,6%. По синтезу Н-антигенов штаммы относились к 13 серологическим вариантам: S. Brandenburg, S. Bredeney, S. Derby, S. Enteritidis, S. Hadar, S. Haifa, S. Infantis, S. Kedougou, S. Mbandaka, S. Muenchen, S. Reading, S. Rissen, S. Uganda. Лидирующими серовариантами, на долю которых приходилось 73,8%, были S. Infantis (36,1%), S. Enteritidis (23,0%) и S. Reading (14,8). Анализ присутствия генетических детерминант рези-

стенности к клинически и эпидемически значимым АМП (бета-лактамам, фторхинолонам, аминогликозидам, макролидам, полимиксином) показал наличие у 95% штаммов SE двух и более генов резистентности: к бета-лактамам — 19,7% (гены *blaTEM-1*, *blaTEM-32*, *blaEC*, *blaACT-9*, *blaSHV-12*, *blaSRT-3*), хинолонам/фторхинолонам — 34,4/60,7% (гены резистентности *qnrS1* и мутации в гене *gyrA_D87Y*), аминогликозидам — 37,7% (*aac(3)-IVa*, *aph(4)-Ia*, *aph(3'')-Ia*, *aadA1*, *aadA2*, *aph(3'')-Ib*, *aph(6)-Id*), сульфаниламидам — 29,5% (*sul1*, *sul2*), тетрациклину — 32,8% (*tetA*, *tetB*), хлорамфениколу — 6,6% (*cmlA1*, *floR*). Гены резистентности к колистину (*mcr-1.1*), препарату последней линии, обнаружены у 14,8% штаммов, и все они являются представителями *S. Reading*. Генетические детерминанты, обуславливающие резистентность к дезинфектантам (четвертично аммонийные соединения) были выявлены у 27,9% изученных штаммов *S. Enteritidis* (100%) и представлены геном *qacEdelta1*.

Заключение. *Salmonella* spp. — одна из ведущих причин диарейных заболеваний [1], при этом значительный рост резистентности SE к АМП и дезинфектантам снижает эффективность профилактики и лечения инфекционных заболеваний человека [2]. Современные технологии исследования позволяют обнаружить качественные и количественные изменения, совокупность генов резистентности патогенов, пути распространения не только сальмонелл, но и других микроорганизмов, что позволяет оптимизировать медицинскую помощь больным сальмонеллезом [3].

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Lamichhane B. et al. Salmonellosis: an overview of epidemiology, pathogenesis, and innovative approaches to mitigate the antimicrobial resistant infections // *Antibiotics (Basel)*. 2024. P. 13.
2. Sears K.T., Galen J.E., Tennant S.M. Advances in the development of Salmonella-based vaccine strategies for protection against Salmonellosis in humans // *J. Appl. Microbiol.* 2021. P. 2640–2658.
3. Vila Nova M. et al. Genetic and metabolic signatures of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* associated with animal sources at the pangenomic scale // *BMC genomics*. 2022. Vol. 20, No. 1. P. 1–21.

ШТАММЫ *SALMONELLA ENTERICA*, ВЫДЕЛЕННЫЕ ИЗ МЯСА КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА

© ^{1,2}С. Х. Жамборова, ³Хоанг Тхи Ай Ван

¹Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии
и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²Северо-Западный государственный медицинский университет имени
И. И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия

³Институт Пастера, Нячанг, Вьетнам

SALMONELLA ENTERICA STRAINS ISOLATED FROM CATTLE MEAT

© ^{1,2}S. Kh. Zhamborova, ³Hoang Thi Ai Van

¹St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

²North-Western State Medical University named after I. I. Mechnikov,
St. Petersburg, Russia

³Pasteur Institute of Nha Trang, Nha Trang, Vietnam

Актуальность. *Salmonella enterica* (*SE*) — бактериальный патоген острых кишечных инфекций, повсеместно вызывающий заболевания, связанные с пищевыми продуктами [1, 2]. Контаминация пищевых продуктов животного происхождения штаммами *SE* серологических вариантов, резистентных к антимикробным препаратам (АМП), может приводить к трудностям выбора АМП и клинической неэффективности проводимой терапии обусловленных ими заболеваний [3].

Цель исследования: охарактеризовать антигенную структуру и чувствительность к АМП штаммов *SE*, выделенных из говядины.

Материалы и методы. Изучены 74 штамма *SE*, выделенные в Нячанге, Вьетнам, из пищевых продуктов животного происхождения, говядины. Антигенную структуру определяли в реакции агглютинации на стекле с использованием адсорбированных диагностических О- и Н-сывороток («Эколаб», Россия). Чувствительность к 15 АМП (ампициллину, амоксициллин/клавуланату, цефтазидиму, цефотаксиму, цефепиму, меропенему, налидиксовой кислоте, пefлоксацину, стрептомицину, гентамицину, тобрамицину, амикацину, тетрациклину, хлорамфениколу, триметоприм/сульфаметоксазолу) изучали диско-диффузионным методом. Интерпретацию результатов проводили согласно клиническим рекомендациям «Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам», версия 2025–01. Для выявления продукции БЛРС (β -лактамаз расширенного спектра) использовали метод «двойных дисков» с цефтазидимом, цефотаксимом, цефепимом и амоксициллин/клавулановой кислотой. Для оценки статистической значимости различий показателей применяли точный критерий Фишера.

Результаты. По O-антигенной структуре штаммы принадлежали к 6 серологическим группам: В [O:4] — 13,5%, С1 [O:7] — 14,8%, С2 [O:8] — 17,6%, Е1 [O:3,10] — 44,6%, Е4 [O:1,3,19] — 6,8% и I [O:16] — 2,7%. По наличию H-антигена штаммы относились к 17 серологическим вариантам (*S. Derby* [H:f,g:1,2], *S. Stanley* [H:d:1,2], *S. Infantis* [H:r:1,5], *S. Rissen* [H:f,g:-], *S. Apseyeme* [H:z38:-], *S. Chailey* [z₄,z₂₃:e,n,z₁₅], *S. Corvallis* [H:z₄,z₂₃:z₆], *S. Newport* [H:e,h:1,2], *S. Tananarive* [H:y:1,5], *S. Anatum* [H:e,h:1,6], *S. Give* [H:l,v:1,7], *S. Lexington* [H:z₁₀:1,5], *S. London* [H:l,v:1,6], *S. Weltevreden* [H:r:z₆], *S. Krefeld* [H:y:l,w], *S. Senftenberg* [H:g,t:-], *S. Hvittingfoss* [H:b:e,n,z]). На долю серовариантов *S. Weltevreden* (23%), *S. Lexington* (12,2%), *S. Derby* и *S. Rissen* (9,5%) приходилось 44,7%. Все штаммы характеризовались резистентностью хотя бы к одному АМП. Отмечена 100% чувствительность к меропенему. Чувствительностью к ампициллину характеризовались 63,5% штаммов. В группе β-лактамов АМП выявлена значимая активность ингибитор-защищенного аминопенициллина, цефалоспоринов III–IV поколений и карбапенемов по сравнению с ампициллином ($p < 0,05$). В отношении группы хинолонов/фторхинолонов чувствительность сохраняли 90,5/77,0% изученных штаммов. В группе аминогликозидов выявлено преимущество амикацина над стрептомицином, гентамицином и тобрамицином ($p < 0,05$). Чувствительность к хлорамфениколу и триметоприм/сульфаметоксазолу сохраняли 66,6/81,1% штаммов.

Заключение. Необходимо проводить постоянный мониторинг микробиологического качества продуктов животного происхождения с учетом антигенной характеристики *SE* и чувствительности к АМП.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Le T., Ta T., Dinh T. et al. Antibiotic Resistance Patterns in Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli* (STEC), *Salmonella*, *Shigella* and *Staphylococcus aureus* Isolated at Two Communal Kitchens Located in Hanoi City, Vietnam // *Problems of Particularly Dangerous Infections*. 2023. No. 4. P. 84–90. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2023-4-84-90>.
2. Ferrari R.G. et al. Worldwide epidemiology of *Salmonella* serovars in animal-based foods: a meta-analysis // *Applied and environmental microbiology*. 2021. Vol. 85, No. 14. P. e00591-19.
3. Chen Y. et al. The human health burden of non-typhoidal *Salmonella enterica* and *Vibrio parahaemolyticus* foodborne gastroenteritis in Shanghai, east China // *PLoS One*. 2022. Vol. 15, No. 11. P. e0242156.

ХАРАКТЕРИСТИКА И ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬ ШИГАТОКСИН-ПРОДУЦИРУЮЩИХ ШТАММОВ *ESCHERICHIA COLI* К АНТИМИКРОБНЫМ ПРЕПАРАТАМ

© ¹С. Х. Жамборова, ^{1,2}А. А. Шиханова

¹Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²Северо-Западный государственный медицинский университет имени И. И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия

CHARACTERISTICS AND SENSITIVITY OF SHIGATOXIN-PRODUCING *ESCHERICHIA COLI* STRAINS TO ANTIMICROBIAL DRUGS

© ¹S. Kh. Zhamborova, ^{1,2}A. A. Shikhanova

¹St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

²North-Western State Medical University named after I. I. Mechnikov, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Инфекционные заболевания, вызываемые патогенными *E. coli*, остаются одной из ведущих проблем здравоохранения во всех странах, при этом особенно опасными являются шигатоксин-продуцирующие *E. coli* (STEC) (инфекции, связанные с пищевыми продуктами) с высокой вариабельностью биологических свойств, способностью быстро адаптироваться к новым условиям среды обитания за счет приобретения новых генов резистентности к антибиотикам и дезинфектантам [2]. Появление устойчивых к антимикробным препаратам (АМП) штаммов STEC представляет серьезную угрозу здоровью населения и усложняет выбор адекватных терапевтических подходов [3].

Цель исследования: изучение антигенной структуры, чувствительности к антимикробным препаратам (АМП) и бактериофагам штаммов STEC.

Материалы и методы. Изучены 19 штаммов STEC, выделенных в инфекционном стационаре Санкт-Петербурга от пациентов с клиническими проявлениями острой кишечной инфекции. Антигенную структуру STEC (детекция генов *rfb* и *fliC*, кодирующих синтез О- и Н- антигенов *E. coli*) определяли методом ПЦР. Чувствительность к 15 АМП изучали диско-диффузионным методом, согласно клиническим рекомендациям «Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам», версия 2025-01. Для выявления продукции β-лактамаз расширенного спектра (БЛРС) использовали метод «двойных дисков» с цефтазидимом, цефотаксимом, цефепимом и амоксициллин/клавулановой кислотой. Для оценки статистической значимости различий показателей применяли точный критерий Фишера.

Результаты. Штаммы STEC принадлежали к 5 серологическим вариантам: O26:H11 — 15 (78,9%), O111:H12, O142:H34, O91:H21, O117:H14 — 4 (22,1%). Чувствительными ко всем тестируемым АМП были 58,8% штаммов STEC, 41,2% характеризовались резистентностью хотя бы к одному тестируемому АМП. Все штаммы были чувствительны к меропенему и нитрофурантоину, к ампициллину чувствительность сохраняли 20,4%, к амоксициллину/клавуланату — 50,1%, к цефтазидиму и цефепиму — 89,5%, к препаратам группы хинолонов — 69,4%, фторхинолонов — 82,7% изученных штаммов, к тетрациклину, хлорамфениколу и триметоприм/сульфаметоксазолу — 78,9%, 94,7% и 79% *E. coli* соответственно. Продукция БЛРС была выявлена у 15,8% штаммов. Преимущества аминогликозидов III поколения перед I и II (амикацин, тобрамицин/гентамицин) выявлены не были ($p < 0,05$).

Заключение. Обоснована необходимость использования молекулярных методов, обеспечивающих идентификацию серологических вариантов STEC, а также актуальность постоянного мониторинга чувствительности к антимикробным препаратам, который позволяет оптимизировать их использование и избежать неоправданного назначения неэффективных лекарственных средств.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Rodríguez-Rubio L. et al. Bacteriophages of Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli* and Their Contribution to Pathogenicity // *Pathogens*. 2021. Vol. 10, No. 4. P. 404–409.
2. Zhang Y., Liao Y.T., Salvador A., Wu V.C.H. Genomic Characterization of Two Shiga Toxin-Converting Bacteriophages Induced From Environmental Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli* // *Front Microbiol*. 2021. Vol. 12. P. 587–696.
3. Le T., Ta T., Dinh T. et al. Antibiotic Resistance Patterns in Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli* (STEC), *Salmonella*, *Shigella* and *Staphylococcus aureus* Isolated at Two Communal Kitchens Located in Hanoi City, Vietnam // *Problems of Particularly Dangerous Infections*. 2023. No. 4. P. 84–90. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2023-4-84-90>.

УДК 616.322-002

РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ ГРИБОВ РОДА *CANDIDA* У ПАЦИЕНТОВ С ОСТРЫМ ТОНЗИЛЛИТОМ, ФАРИНГИТОМ

© ¹Д. Б. Зайцева, ²М. А. Уварова, ³Д. М. Джуланов, ^{1,2}А. В. Иванов

¹Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет, Санкт-Петербург, Россия

²Северо-Западный центр доказательной медицины, Санкт-Петербург, Россия

³Лужская межрайонная больница, г. Луга, Россия

PREVALENCE OF CANDIDA FUNGI IN PATIENTS WITH ACUTE TONSILLITIS, PHARYNGITIS

© ¹D. B. Zaitseva, ²M. A. Uvarova, ³D. M. Dzhulanov, ^{1,2}A. V. Ivanov

¹St. Petersburg State Pediatric Medical University, St. Petersburg, Russia

²North-West Center for Evidence-Based Medicine, St. Petersburg, Russia

³Luga Interdistrict Hospital, Luga, Russia

Актуальность. В 25% случаев тонзиллита происходит присоединение грибковой инфекции, в первую очередь *Candida albicans* (≈75% случаев). Другие виды: *C. glabrata*, *C. tropicalis*, *C. krusei*, *C. parapsilosis*, встречаются реже (<10% случаев) [1, 2]. Вероятность грибковой инфекции возрастает при иммунодефицитных состояниях и при антибиотикотерапии, которая подавляет рост бактерий, не действуя на грибы [3]. Связь колонизации *Candida spp.* с тяжестью заболевания не установлена, однако у пациентов с паратонзиллярным абсцессом кандиды выявляются значительно чаще (>50% случаев), чем у пациентов с острым тонзиллитом (>10% случаев) [4].

Цель исследования: анализ распространенности колонизации миндалин грибами рода *Candida* у пациентов с острым тонзиллитом.

Материалы и методы. Ретроспективно проанализированы результаты посева материала из зева пациентов стационара ГБУЗ ЛО «Лужская межрайонная больница» с острым тонзиллитом, проходивших лечение в 2017–2025 гг. (n=87), на питательную среду Сабуро. Для видовой идентификации применялся метод MALDI-TOF MS. Образцы, содержащие ≥10³ КОЕ/мл, считались положительными. Дополнительно проведено обследование на наличие ДНК вируса Эпштейна–Барр (ВЭБ) в мазке из зева методом полимеразной цепной реакции в реальном времени (ПЦР-РВ). Для сравнения частоты выявления грибов использовали z-тест пропорций.

Результаты. В мазках из зева были выявлены *C. albicans* (n=20), *C. dubliniensis* (n=5), *C. parapsilosis* (n=1), *C. glabrata* (n=1), *C. tropicalis* (n=2). Среди пациентов, в зеве которых обнаружена ДНК ВЭБ (n=28), значительно чаще выявлялись грибы группы *Candida non-albicans* (21,4% случаев), чем среди пациентов, у которых ДНК ВЭБ не выявлена (3,3% случаев, p<0,05). При этом частота выявления грибов вида *C. albicans* была сопоставимой в двух группах (17,8% и 18,7% соответственно).

Заключение. У пациентов с выявленной ДНК ВЭБ в мазке из зева чаще выявляются грибы рода *Candida*, не относящиеся к *C. albicans*, что может быть связано с нарушениями работы иммунной системы.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Крюков А.И., Кунельская В.Я., Ивойлов А.Ю., Изотова Г.Н., Шадрин Г.Б., Мачулин А.И. Грибковый аденоидит и тонзилломироз у детей: особенности диагностики и терапии // *Вестник оториноларингологии*. 2019. № 2. С. 78–83. [Kryukov A.I.,

- Kunelskaya V.Ya., Ivoylov A.Yu., Izotova G.N., Shadrin G.B., Machulin A.I. Fungal adenoiditis and tonsillomycosis in children: features of diagnosis and therapy. *Bulletin of Otolaryngology*, 2019, No. 2, pp. 78–83 (In Russ.). doi: 10.17116/otorino20198402178.
2. Одилова Г.М. Частота обнаружения грибов рода *Candida* при хроническом тонзиллите у детей // *Бактериология*. 2022. Т. 7, № 4. С. 40–43. [Odilova G.M. Frequency of detection of *Candida* fungi in chronic tonsillitis in children. *Bacteriology*, 2022, Vol. 7, No. 4, pp. 40–43 (In Russ.)]. doi: 10.20953/2500-1027-2022-4-40-43.
3. Кунельская В.Я. Микозы в оториноларингологии // *Consilium Medicum*. 2001. Т. 3, № 8. С. 371–375. [Kunelskaya V.Ya. Mycoses in otorhinolaryngology. *Consilium Medicum*, 2001, Vol. 3, No. 8, pp. 371–375 (In Russ.)].
4. Klagisa R., Racenis K., Broks R., Balode A.O., Kise L., Kroica J. Analysis of Microorganism Colonization, Biofilm Production, and Antibacterial Susceptibility in Recurrent Tonsillitis and Peritonsillar Abscess Patients // *International Journal of Molecular Sciences*. 2022. Vol. 23, No. 18. P. 10273. doi: 10.3390/ijms231810273.

УДК 57:616.36

ЗНАЧИМОСТЬ ОПРЕДЕЛЕНИЯ МУТАНТНЫХ ШТАММОВ ВИРУСА ГЕПАТИТА В В КЛИНИЧЕСКОЙ ПРАКТИКЕ

© ^{1,2}Н. Н. Зоткин, ²Е. Н. Прийма, ²М. С. Толкмит, ^{1,2}Д. С. Крутикова

¹Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет, Санкт-Петербург, Россия

THE IMPORTANCE OF IDENTIFYING MUTANT HBV STRAINS IN CLINICAL PRACTICE

© ^{1,2}N. N. Zotkin, ²E. N. Priyma, ²M. S. Tolkmit, ^{1,2}D. S. Krutikova

¹St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

²St. Petersburg State Pediatric Medical University, St. Petersburg, Russia

Цель исследования: анализ влияния мутантных штаммов вируса гепатита В на течение гепатита В.

Материалы и методы. В исследование включено 85 пациентов: 40 с острым гепатитом В и 45 — с хроническим. Другие гепатотропные вирусы исключены методом ИФА. ДНК ВГВ в плазме крови и вирусная нагрузка (ВН) определялись методом ПЦР. Генотипирование проведено с использованием реагентов АмплиСенс® HBV-генотип-FL. Секвенирование фрагментов проводили на генетическом анализаторе ABI-PRISM 3100 («AppliedBiosystems» США). Мутации генома ВГВ определены с использованием коммерческой тест-системы INNO-LiPA HBV Pre-core B (США) методом транскрипционной амплификации. Статистическая обработка проведена с использованием программ Microsoft Excel 2007 и SPSS Statistica 17.0. В качестве

критического при проверке нулевой гипотезы принимали уровень статистической значимости (p), равный 0,05.

Результаты. Циркуляция в Санкт-Петербурге трех генотипов вируса гепатита В (ВГВ) сохраняется в течение многих лет, что подтверждает их географическое распределение [1]. По результатам нашего исследования у обследуемых доминирует генотип D — 85,3% случаев и достоверно реже определяется генотип А — 14,7% случаев, $p=0,001$. Определено преобладание генотипа А у пациентов с хроническим течением заболевания: 24,4% ($n=11$) и 12,5% ($n=5$), $p\leq 0,05$. У пациентов, инфицированных мутантным штаммом (32,4%), желтушный период был достоверно длиннее, чем у инфицированных «диким штаммом» ВГВ: 18 (17/21) и 14 дней (13/15), $p=0,001$. Пациентов, инфицированных мутантным штаммом ВГВ, чаще беспокоили: ухудшение сна — 81,8% и 15,0% ($\chi^2=7,426$, $p=0,006$), снижение аппетита — 100% и 25% ($\chi^2=13,554$, $p=0,001$), тошнота — 72,7% и 15,0% ($\chi^2=7,340$, $p=0,02$). При объективном обследовании выраженный геморрагический синдром наблюдался в 90,9% случаев при мутантном штамме вируса, при диком — в 55,5% случаев ($\chi^2=8,250$, $p=0,004$), пятнистая сыпь — в 36,4% и 25,0% ($\chi^2=0,350$, $p=0,001$). Полученные данные совпадают с другими исследованиями [2].

Заключение. Таким образом, на территории Санкт-Петербурга циркулирует три генотипа вируса с преимущественным преобладанием D (85,3%). В 32,4% случаев выявляются *pre-core* мутации ВГВ. У пациентов, инфицированных мутантными штаммами ВГВ, заболевание протекает тяжелее, чем при инфицировании диким штаммом.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Fernandes da Silva C., Keeshan A., Cooper C. Hepatitis B virus genotypes influence clinical outcomes: A review // *Can. Liver J.* 2023. Vol. 6, No. 3. P. 347–352. Published 2023. Oct 30. doi: 10.3138/canlivj-2023-0003.
2. Эсауленко Е.В. Молекулярная эпидемиология острого гепатита В в Северо-Западном федеральном округе // *Инфекционные болезни в современном мире: эволюция, текущие и будущие угрозы*. Сб. трудов XIV Ежегодного Всероссийского Конгресса по инфекционным болезням имени академика В. И. Покровского. М., 2022. С. 187. [Esaulenko E.V. Molecular epidemiology of acute hepatitis B in the North-West Federal District. *Infectious diseases in the modern world: Evolution, current and future threats*. Proceedings of the XIV Annual All-Russian Congress on Infectious Diseases named after Academician V. I. Pokrovsky. Moscow, 2022, p. 187 (In Russ.).]

ВИРУСОЛОГИЧЕСКИЕ ТРИГГЕРЫ В ОЦЕНКЕ ПОВРЕЖДЕНИЯ ПЕЧЕНИ ПРИ ГЕПАТИТЕ В

© ¹Н. Н. Зоткин, ^{1,2}В. В. Скворода, ^{1,2}Е. Н. Прийма, ^{1,2}А. Р. Иванов

¹Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии
и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский
университет, Санкт-Петербург, Россия

VIROLOGICAL TRIGGERS IN THE ASSESSMENT OF LIVER DAMAGE IN HEPATITIS B

© ¹N. N. Zotkin, ^{1,2}V. V. Skvoroda, ^{1,2}E. N. Priyma, ^{1,2}A. R. Ivanov

¹St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

²St. Petersburg State Pediatric Medical University, St. Petersburg, Russia

Актуальность. По оценкам ВОЗ, в 2022 г. в мире насчитывалось 254 млн человек, больных гепатитом В (ГВ), при ежегодной заболеваемости 1,2 млн новых случаев. Течение ГВ характеризуется иммуноопосредованным цитолизом инфицированных гепатоцитов, что клинически проявляется повышением уровня АЛТ. Однако взаимосвязь между выраженностью цитолитического синдрома, уровнем виремии и генотипом (Гт) вируса остается недостаточно изученной [1].

Цель: установить взаимосвязь между уровнем виремии, Гт ВГВ и АЛТ как маркером цитолиза гепатоцитов и провести сравнительный анализ между изучаемыми параметрами.

Материалы и методы исследования. В исследование включено 102 образца плазмы крови, полученной по программе элиминации ВГВ, от лиц с впервые выявленным ГВ из Северо-Западного федерального округа (СЗФО). Определение вирусной нагрузки (ВН), генотипирование, проводили методом ПЦР на коммерческих наборах «АмплиСенс® HBV-Монитор-FL» и «АмплиСенс® HBV-генотип-FL» Результаты АЛТ получены из сопроводительной карты ЛПУ, в которых наблюдались пациенты. Другие гепатотропные вирусы исключены методом ИФА. Статистическая обработка полученных данных проводилась с использованием программ Microsoft Excel 2019 и SPSS Statistica 23.0. При сравнении групп использовали U-критерий Манна–Уитни. Для оценки взаимосвязей применяли метод корреляции Спирмена. Результаты ВН и АЛТ представлены в виде медианы (Ме) с указанием интерквартильного интервала.

Результаты. Распределение Гт ВГВ в исследуемой выборке (n=102) имело следующий характер: Гт D определялся в 85,3% (n=87), Гт А — в 12,7% (n=13), в то время как Гт С обнаруживался лишь в 2,0% случаев (n=2). Для Гт D Ме ВН составила $8,2 \times 10^2$ ($1,9 \times 10^2 / 3,8 \times 10^4$) МЕ/мл, а для Гт А — $8,2 \times 10^2$ ($5,7 \times 10^2 / 2,7 \times 10^4$)

МЕ/мл. Для Гт С расчет не проводился ввиду недостаточного объема выборки ($n=2$). Уровень АЛТ у лиц, инфицированных ВГВ, Гт D составил 25,7 (15,7/46,8) ед./л, а в группе Гт А — 22,7 (15,2/31,0) ед./л. Статистически значимой корреляции между ВН и АЛТ не установлено ($r_s=0,12$; $p=0,97$). Между Гт D и А статистически значимых различий в концентрации ВН не выявлено (U-критерий Манна–Уитни $p=0,7$). В группе Гт А выявлена корреляционная связь средней силы между ВН и АЛТ ($r_s=0,631$; $p=0,021$).

Заключение. В СЗФО идентифицирована циркуляция трех Гт ВГВ: А, С и D, с доминированием последнего. Установлено, что выраженность цитолиза гепатоцитов при Гт D не зависит от уровня виремии. При сравнении Гт D и А не выявлено значимых различий в уровне ВН, а также корреляции между ВН и АЛТ среди всех исследуемых образцов. Для Гт А установлена статистически значимая корреляционная связь между ВН и АЛТ, однако малый объем выборки ($n=13$) требует осторожности при интерпретации. Вероятно, повреждение печени определяется в большей степени фазой инфекционного процесса, его длительностью и особенностями иммунной системы хозяина.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Fernandes da Silva C., Keeshan A., Cooper C. Hepatitis B virus genotypes influence clinical outcomes: A review // *Can. Liver J.* 2023. Vol. 6, No. 3. P. 347–352. Published 2023 Oct 30. doi: 10.3138/canlivj-2023-0003.

УДК 616.36-002:616-036.2

МОЛЕКУЛЯРНО-ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕПАТИТА С В СЕВЕРО-ЗАПАДНОМ ФЕДЕРАЛЬНОМ ОКРУГЕ

© ^{1,2}А. Р. Иванов, ¹Н. Н. Зоткин, ^{1,2}В. В. Скворода

¹Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии
и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский
университет, Санкт-Петербург, Россия

MOLECULAR EPIDEMIOLOGICAL CHARACTERISTICS OF HEPATITIS C IN THE NORTHWESTERN FEDERAL DISTRICT

© ^{1,2}A. R. Ivanov, ¹N. N. Zotkin, ^{1,2}V. V. Skvoroda

¹St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

²St. Petersburg State Pediatric Medical University, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Гепатит С (ГС) остается одной из наиболее социально-значимых инфекций общественного здравоохранения во многих странах мира, включая РФ [1].

С 2011 г. хронический гепатит С (ХГС) стал преобладать в этиологической структуре хронических гепатитов над хроническим гепатитом В [2]. В 2025 г. в РФ начался Национальный проект «Продолжительная и активная жизнь», включающий федеральный проект по борьбе с ГС, целью которого является снижение распространения ХГС не менее 15% и смертности от него не менее 20% от исходных показателей.

Цель исследования: изучить современные молекулярно-эпидемиологические аспекты гепатита С в Северо-Западном федеральном округе.

Материалы и методы. В исследование включено 49 образцов плазмы крови, полученных от лиц, проживающих в СЗФО, инфицированных вирусом гепатита С (ВГС). Из сопроводительной карты пациентов получены данные о возрасте, поле, степени фиброза и территории, на которой выявлен больной. Для определения генотипа (Гт) и вирусной нагрузки (ВН) использовались коммерческие тест-системы, в соответствии с инструкциями. Для анализа данных использовались классические методы статистики.

Результаты. В ходе исследования распределения участников по субъектам СЗФО было выявлено, что 73,5% (n=36) случаев ГС приходилось на г. Санкт-Петербург; 14,3% (n=7) — на Ленинградскую область; 10,2% (n=5) — на Республику Карелия, один случай (2%) зарегистрирован в Новгородской области. Анализ половозрастной структуры определил соотношение мужчин и женщин — 1/1 (24/25) и средний возраст обследуемых — $50,6 \pm 3,2$ года. В ходе генотипирования Гт 3а выявлен в 42,9% (n=21) образцов, Гт 1b — 30,6% (n=15), Гт 2 — 10,2% (n=5) и Гт 1a — 4,1% (n=2). Для Гт 1b медиана ВН составила $1,95 \times 10^6$ ($3,86 \times 10^5 / 2,31 \times 10^6$), для Гт 3а — $3,76 \times 10^5$ ($1,87 \times 10^5 / 2,48 \times 10^6$). ВН Гт 1b статистически незначимо выше (критерий Манна–Уитни $p \leq 0,05$), чем ВН Гт 3а. Для Гт 2 и 1a расчет не проводился из-за недостаточного объема выборки. Наибольшая доля лиц с фиброзом F0–F2 отмечена среди инфицированных ВГС с Гт 1b 47% (n=7), а наименьшая — с Гт 1a 7% (n=1). Цирротическая стадия F3–F4 диагностирована в 10,2% (n=5) случаев, у лиц, инфицированных ВГС с Гт 3а — 80% (n=4), ВГС с Гт 1b — 20% (n=1).

Заключение. Эпидемиологическая ситуация по гепатиту С остается неблагоприятной на территории СЗФО, особенно в крупных городах. В СЗФО ГС поражает преимущественно лиц среднего трудоспособного возраста, вне зависимости от пола. Превалирующие геноварианты на Северо-Западе не имеют значительных различий с тенденцией в РФ и ассоциированы с Гт 1b и Гт 3а, которые характеризуются высокими значениями вирусемии и различными стадиями фиброза.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Сарыглар А.А., Донгак С.О., Иброхимова А.Д. и др. Клинико-эпидемиологическая характеристика хронического гепатита С в Республике Тыва // *Журнал инфектологии*. 2023. Т. 15, № 1. С. 55–60. [Saryglar A.A., Dongak S.O., Ibrojimova A.D. et al.

Clinical and epidemiological characteristics of chronic hepatitis C in the Republic of Tuva. *Journal Infectology*, 2023, Vol. 15, No. 1, pp. 55–60 (In Russ.). doi: 10.22625/2072-6732-2023-15-1-55-60.

2. Трифонова Г.Ф., Новак К.Е., Клыс У.Е. и др. Современные эпидемиологические тенденции гепатита С // *ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии*. 2025. Т. 17, № 2. С. 71–80. [Trifonova G.F., Novak K.E., Klys U.E. et al. Modern epidemiological trends of hepatitis C. *HIV Infection and Immunosuppressive Disorders*, 2025, Vol. 17, No. 2, pp. 71–80 (In Russ.). doi: 10.22328/2077-9828-2025-17-2-71-80.

УДК 579.61:595.421

РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ КЛЕЩЕВЫХ РИККЕТСИОЗОВ НА ТЕРРИТОРИИ ПСКОВСКОЙ ОБЛАСТИ

© ¹И. А. Кармоков, ¹Р. Р. Баимова, ¹Д. И. Гречишкина, ¹И. С. Лызенко,
¹Е. Г. Рябико, ²Э. С. Халилов

¹Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии
и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²Северо-Западная противочумная станция, Санкт-Петербург, Россия

PREVALENCE OF TICK-BORNE RICKETSIOSIS AGENTS IN THE PSKOV REGION

© ¹I. A. Karmokov, ¹R. R. Baimova, ¹D. I. Grechishkina, ¹I. S. Lyzenko,
¹E. G. Riabiko, ²E. S. Khalilov

¹St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

²North-West Anti-Plague Station, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Риккетсии группы клещевых пятнистых лихорадок (КПЛ, Spotted Fever Group — SFG) ответственны за множество «новых» заболеваний, представляющих значительный риск для здоровья людей и вызывающих проблемы общественного здравоохранения во многих странах мира [1].

Цель исследования: определить уровень зараженности иксодовых клещей, собранных на территории некоторых районов Псковской области, в отношении *Rickettsia* spp. SFG.

Материалы и методы. В 2024 г. на территории шести административных районов Псковской области (ПО) (Островского, Палкинского, Печорского, Порховского, Псковского и Струго-Красненского) было собрано 402 имаго клещей, принадлежавших к двум видам — *Ixodes ricinus* (51%) и *Ixodes persulcatus* (49%). Долевое значение самок клещей составило 37%, а самцов — 63%. Голодные клещи были собраны с растительности на флаг и исследованы индивидуально методом ПЦР-РВ с использованием коммерческой тест-системы «АмплиСенс® *Rickettsia* spp. SFG-FL» (ЦНИИ эпидемиологии, Россия) согласно инструкции производителя.

С целью определения видового разнообразия риккетсий группы КПЛ, циркулирующих в природных очагах ПО, методом секвенирования по Сэнгеру были исследованы образцы клещей, содержащих ДНК *Rickettsia* spp. SFG, с использованием праймеров CS409F и RP1258R, амплифицирующих фрагмент гена *gltA* длиной 770 п.о. [2]. Полученные последовательности были сравнены с данными, содержащимися в международной базе данных GenBank.

Расчет показателя OR (отношение шансов) с 95% доверительным интервалом (ДИ) и тестирование статистической значимости было проведено на веб-платформе EPI-TOOLS (<http://epitools.ausvet.com.au>). Значения $p \leq 0,05$ были признаны значимыми.

Результаты. Доля клещей, содержащих ДНК *Rickettsia* spp. SFG, составила 20,6%. Зараженность *I. ricinus* была выше, чем *I. persulcatus*, — 34,1% и 6,6% соответственно (OR=7,3 (95% ДИ 3,9–13,8); $p < 0,05$). Уровень зараженности самок клещей был выше, чем самцов, — 31,3% и 14,3% соответственно (OR=2,7 (1,7–4,5); $p < 0,05$). Клещи, зараженные *Rickettsia* spp. SFG, были выявлены во всех обследуемых районах. Наиболее высокие показатели превалентности выявлены в Печорском (55,2%) и Палкинском (14,5%) районах.

По результатам секвенирования фрагменты гена *gltA* были получены из 50 образцов. Проведенный анализ выявил циркуляцию и абсолютное доминирование *R. helvetica* в природных очагах ПО.

Заключение. Полученные нами результаты свидетельствуют о существовании активных природных очагов клещевых риккетсиозов на территории ПО и расширяют представления о видах риккетсий, циркулирующих в них.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Zhang Y.Y., Sun Y.Q., Chen J.J. et al. Mapping the global distribution of spotted fever group rickettsiae: a systematic review with modelling analysis // *Lancet Digit Health*. 2023. Vol. 5, No. 1. doi: 10.1016/S2589-7500(22)00212-6.
2. Roux V., Rydkina E., Ereemeeva M., Raoult D. Citrate synthase gene comparison, a new tool for phylogenetic analysis, and its application for the rickettsiae // *Int. J. Syst. Bacteriol*. 1997. Vol. 47, No. 2. P. 252–261. doi: 10.1099/00207713-47-2-252.

ЭПИДЕМИЧЕСКАЯ СИТУАЦИЯ ПО БЕШЕНСТВУ В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

© ¹О. Е. Куцевалова, ^{1,2}Д. С. Крутикова, ^{1,2}А. Д. Иброхимова

¹Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет, Санкт-Петербург, Россия

²Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

RABIES EPIDEMIC SITUATION IN THE RUSSIAN FEDERATION

© ¹O. E. Kutsevalova, ^{1,2}D. S. Krutikova, ^{1,2}A. D. Ibrokhimova

¹St. Petersburg State Pediatric Medical University, St. Petersburg, Russia

²St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Бешенство остается одним из наиболее опасных зоонозных заболеваний со 100% летальностью. Анализ пространственно-временного распределения случаев, демографических и социальных характеристик пострадавших является важным для оценки эффективности существующих профилактических и противоэпидемических мероприятий в Российской Федерации (РФ) [1–3].

Цель исследования: оценить эпидемиологическую ситуацию по бешенству на территории Российской Федерации в 2017–2024 гг.

Материалы и методы. Использовали сведения о числе установленных случаев заболевания бешенством из формы № 2 «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях». Для обработки данных использовались «MS Office Excel 2010» и методы описательной статистики.

Результаты. В 2017–2024 гг. зарегистрировано 26 случаев бешенства в 7 из 8 федеральных округов РФ: в Южном ФО — 7, Приволжском ФО — 6, Центральном ФО — 6, в Дальневосточном, Северо-Кавказском, Сибирском и Северо-Западном ФО — единичные случаи. Среди пострадавших преобладали сельские жители (n=21, 80,8%), преимущественно взрослые (n=20, 76,9%). Зарегистрировано 6 случаев у детей (23,1%), причем в 2020 г. на детей пришлось 2 из 7 случаев. Выявлена тенденция: 4 (15,4%) случая зарегистрированы у городского населения (Москва — 2019 г., Ростовская область — 2021 г., Саратовская область — 2022 г.). Наблюдается нестабильная динамика с выраженным пиком в 2020 г. (n=7, 26,9%) и 2021 г. (n=6, 23,1%) (в остальные годы регистрировалось по 1–2 случая), что требует отдельного изучения на предмет возможной связи с изменениями в системе ветеринарного контроля, поведенческими факторами населения в период пандемии COVID-19 или эпизоотической активностью в популяциях диких и безнадзорных животных.

Заключение. Эпидемиологическая ситуация по бешенству в РФ характеризуется выраженной очаговостью, неравномерностью распространения. Основной группой

риска являются взрослые, проживающие в сельской местности, выявление случаев у городского населения свидетельствует о необходимости эпидемиологического надзора в городах в связи с изменившимися рисками. Целесообразно совершенствование региональных программ профилактики, включающих усиление контроля над безнадзорными животными в городах, целевую просветительскую работу как с сельским, так и с городским населением и соблюдение правил антирабической помощи при укусах.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Валева Д.Х. Бешенство: история, эпидемиология, патогенез и современные методы диагностики антител к вирусу бешенства // *Colloquium-Journal*. 2019. № 13–3 (37). С. 74–79 [Valeeva D.H. Rabies: history, epidemiology, pathogenesis and modern methods of diagnosing antibodies to rabies virus. *Colloquium-Journal*, 2019, No. 13–3(37), pp. 74–79 (In Russ.)].
2. Шубина Т.П., Ного В.И. Анализ динамики заболеваний бешенством по Краснодарскому краю // *Известия Дагестанского ГАУ*. 2020. № 4 (8). С. 82–87 [Shubina T.N., Noga V.I. In accordance with the analysis of the dynamics of rabies diseases in the Krasnodar Territory. *News of the Dagestan State Agrarian University*, 2020, No 4 (8), pp. 82–87 (In Russ.)].
3. Солтанов У.М., Гаджиева А.С. и др. Клинический кейс: казуистический случай бешенства на территории Республики Дагестан // *Сборник тезисов 55-й межрегиональной междисциплинарной научно-практической конференции по итогам производственной практики с международным участием*. Н. Новгород: Приволжский исследовательский медицинский университет, 2023. С. 110–112 [Soltanov U.M., Gadzhieva A.S. et al. Clinical case: a casuistic case of rabies in the Republic of Dagestan. *Collection of abstracts of the 55th interregional interdisciplinary scientific and practical conference on the results of industrial practice with international participation*. N. Novgorod: Volga Research Medical University, 2023, pp. 110–112 (In Russ.)].

УДК 616.981.21/.958.7:578.53

АНАЛИЗ НУКЛЕОТИДНЫХ ЗАМЕН В ПРОМОТОРНОЙ ОБЛАСТИ И ЛОКУСЕ DELTA32 ГЕНА CCR5 У ПАЦИЕНТОВ С ВПЕРВЫЕ ВЫЯВЛЕННОЙ ВИЧ-ИНФЕКЦИЕЙ

© ¹А. А. Ларионова, ²В. С. Давыденко, ²А. Н. Щемелев

¹Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

²Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

ANALYSIS OF NUCLEOTIDE SUBSTITUTIONS IN CCR5 PROMOTER REGION AND DELTA32 LOCUS IN NEWLY DIAGNOSED HIV PATIENTS

© ¹A. A. Larionova, ²V. S. Davydenko, ²A. N. Shchemelev

¹St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia

²St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

Цель исследования: идентификация спектра мутаций в промоторной и кодирующей областях гена хемокинового рецептора *CCR5* и оценка их потенциального вклада в клиническое течение у лиц с впервые выявленной ВИЧ-инфекцией.

Материалы и методы. В исследование включено 48 клинических образцов от пациентов с впервые выявленной ВИЧ-инфекцией. Детекция полиморфизмов проводилась методом ПЦР с последующим секвенированием по Сэнгеру. Для амплификации ключевых участков гена *CCR5* использовали четыре пары специфичных праймеров. Анализ первичных хроматограмм и построение консенсусных последовательностей выполняли в программе Unipro UGENE с использованием в качестве референса участка 3-й хромосомы человека (GRCh38). Для оценки функциональных последствий несинонимичных замен применяли методы структурной биоинформатики. Трехмерные модели изоформ белка *CCR5* (дикого типа и мутантных) и их комплексов с вирусным гликопротеином gp120 были построены с использованием алгоритма AlphaFold [1]. Количественную оценку стабильности белков и энергии связывания в комплексе *CCR5*-gp120 проводили с помощью пакета FoldX, интегрированного в программную среду YASARA. Визуализацию и анализ стерических взаимодействий и водородных связей осуществляли в программе ChimeraX.

Результаты. В ходе анализа полученных образцов с последующим выравниванием, в промоторной и интронной областях гена идентифицировано 6 однонуклеотидных замен (rs2227010, rs2734648, rs1799987, rs1799988, rs1800023, rs1800024). В экзонной области обнаружены две несинонимичные мутации: rs1800452 (G216E) и rs371598347 (R223Q). Расчет свободной энергии Гиббса показал повышенную стабильность комплекса с gp120 с *CCR5* G216E ($G_{G216E} = -33,02$) по сравнению с нативной формой ($G_{WT} = -31,02$), что отображается в снижении показателя энергии [2]. Однако анализ моделей комплексов с gp120 не выявил статистически значимых различий в энергии связывания и количестве межмолекулярных контактов по сравнению с диким типом.

Полученные данные позволяют предположить, что обнаруженная аминокислотная замена, несмотря на увеличение стабильности изолированного рецептора, а также расположение в сегменте возможной делеции delta32, не оказывает существенного влияния на аффинность связывания с вирусным гликопротеином gp120 *in silico*.

Заключение. В результате проведенного на текущем этапе исследования был определен спектр полиморфизмов в ключевых областях гена *CCR5*, включая замену G216E в сегменте, ассоциированном с делецией Δ32.

Однако предварительный *in silico* анализ не выявил значимого влияния идентифицированных мутаций на аффинность связывания рецептора с вирусным белком gp120, что требует дальнейшей верификации на расширенной выборке и в экспериментальных моделях.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Zhang Y., Skolnick J. Scoring function for automated assessment of protein structure template quality // *Proteins*. 2004. Vol. 57. P. 702–710. <https://doi.org/10.1002/prot.20264>
2. Guerois R., Nielsen J.E., Serrano L. Predicting changes in the stability of proteins and protein complexes: a study of more than 1000 mutations // *J. Mol. Biol.* 2002. Vol. 320, No. 2. P. 369–387. doi: 10.1016/S0022-2836(02)00442-4.

УДК 615.281.9

ИССЛЕДОВАНИЕ АНТИМИКРОБНЫХ СВОЙСТВ ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫХ ПРИСЫПОК НА ОСНОВЕ БИОПОЛИМЕРОВ В ОТНОШЕНИИ РАЗЛИЧНЫХ ВИДОВ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ПАТОГЕНОВ

© В. И. Ломоносова, В. В. Галушка

Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

A STUDY OF THE ANTIMICROBIAL PROPERTIES OF EXPERIMENTAL POWDERS BASED ON BIOPOLYMERS AGAINST VARIOUS TYPES OF BACTERIAL PATHOGENS

© V. I. Lomonosova, V. V. Galushka

St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Поиски эффективных методов для лечения ран кожи и мягких тканей сделали актуальным создание полифункциональных антимикробных присыпок на основе биополимеров [1].

Цель работы: оценить антимикробную активность экспериментальных присыпок «А» и «Б» в отношении некоторых возбудителей гнойно-септических инфекций.

Материалы и методы. Для исследования использовали образцы присыпок на основе биополимеров «А» и «Б», агар Мюллер–Хинтона. В качестве исследуемых микроорганизмов использовали штаммы из коллекции АТСС: *Staphylococcus aureus* 29213, *Acinetobacter baumannii* 19606; клинические штаммы: *S. aureus* № 1, *A. baumannii* № 570. Инокулюм готовили по стандартам мутности МакФарланда в концентрации 5×10^8 КОЕ/мл, наносили стерильным зонд-тампоном на поверхность питательных сред. Оценку антимикробной активности проводили луночно-диффузионным методом с экспозицией 24 часа при температуре 37° С, диаметр лунки 7 мм. Зоны задержки роста тест-штаммов оценивали при помощи измерительной шкалы HiAntibiotic ZoneScale-C (Himedia) с учетом диаметра лунок. В качестве контроля использовали коммерческие присыпки «Ранавексим» и «Присыпка для ран».

Результаты. Присыпка «А» имеет следующие зоны задержки: *S. aureus* 29213 (23 мм), *S. aureus* № 1 (22 мм), *A. baumannii* 19606 (30 мм), *A. baumannii* № 570 (29 мм). Присыпка «Б»: *S. aureus* 29213 (25 мм), *S. aureus* № 1 (26 мм), *A. baumannii*

19606 (27 мм), *A. baumannii* № 570 (25 мм). Коммерческие присыпки «Ранавексим» и «Присыпка для ран» не показали антибактериальной активности в отношении тест-штаммов (7 мм).

Заключение. Исследуемые экспериментальные присыпки на основе биополимеров «А» и «Б» имеют выраженный антимикробный эффект в отношении исследуемых тест-штаммов возбудителей гнойно-септических инфекций, обладают высокой проникающей активностью и стабильным пролонгированным действием в течение 24 часов.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Мелешко А.А., Афиногенова А.Г., Афиногенов Г.Е., Спиридонова А.А., Толстой В.П. Антибактериальные неорганические агенты: эффективность использования многокомпонентных систем // *Инфекция и иммунитет*. 2020. Т. 10, № 4. С. 639–654 [Meleshko A.A., Afinogenova A.G., Afinogenov G.E., Spiridonova A.A., Tolstoy V.P. Antibacterial inorganic agents: efficiency of using multicomponent systems. *Russian Journal of Infection and Immunity*, 2020, Vol. 10, No. 4, pp. 639–654 (In Russ.). doi: 10.15789/2220-7619-AIA-1512.

УДК 616-036.22

ЦИРКУЛЯЦИЯ *BORRELIA MIYAMOTOI* В УСЛОВИЯХ МЕГАПОЛИСА: ДАННЫЕ ЭПИЗООТОЛОГИЧЕСКОГО МОНИТОРИНГА В САНКТ-ПЕТЕРБУРГЕ

© И. С. Лызенко, И. А. Кармоков, Е. Г. Рябики, Р. Р. Баимова,
Д. И. Гречишкина

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии
и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

CIRCULATION OF *BORRELIA MIYAMOTOI* IN A MEGAPOLIS: DATA FROM EPIZOOTOLOGICAL MONITORING IN ST. PETERSBURG

© I. S. Lyzenko, I. A. Karmokov, E. G. Riabiko, R. R. Baimova,
D. I. Grechishkina

St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

Цель исследования: оценить циркуляцию *Borrelia miyamotoi* в условиях города Санкт-Петербурга путем комплексного анализа зараженности переносчиков и резервуарных хозяев.

Материалы и методы: С 2022 по 2024 г. в сезон активности клещей проведен сбор иксодовых клещей двух видов: *I. ricinus* (n=357) и *I. persulcatus* (n=237) в рекреационных зонах Курортного района, а также мелких млекопитающих (n=363)

в природных и городских биотопах (Курортный, Кировский и Красносельский районы). Видовой состав грызунов и насекомых включал: рыжую полевку (*M. glareolus*, n=231), желтогорлую мышь (*A. flavicollis*, n=78), бурозубку обыкновенную (*S. araneus*, n=6), полевую (*A. agrarius*, n=3) и лесную (*A. flavicollis*, n=4) мышь, а также синантропных домашних мышей (*M. musculus*, n=5) и серую крысу (*R. norvegicus*, n=1). Детекцию ДНК *B. miyamotoi* проводили методом ПЦР в реальном времени с набором «АмплиСенс® Borrelia miyamotoi-FL». Статистическую обработку проводили в GraphPad Prism 8 с использованием точного критерия Фишера.

Результаты. Зараженность переносчиков: общая зараженность клещей составила 1,9% (11/581; 95% ДИ 0,96–3,35%). ДНК *B. miyamotoi* обнаружена в двух видах иксодовых клещей: *I. ricinus* — 2,0% (7/357) и *I. persulcatus* — 1,7% (4/237). Различия зараженности между видами статистически не значимы (p>0,05). Зараженность резервуарных хозяев: общая зараженность мелких млекопитающих составила 12,1% (44/363), что достоверно выше (p<0,001), чем у иксодовых клещей. В природных очагах возбудитель выявлялся у *M. glareolus* (10,8%; 25/231) и *A. flavicollis* (14,1%; 11/78). Важной находкой стала достаточно высокая зараженность синантропных грызунов в городских биотопах: *M. musculus* — 60% (3/5) в Красносельском районе и *R. norvegicus* — (1/1) в Кировском районе.

Заключение. Доказана циркуляция *B. miyamotoi* с формированием природного очага (дикие млекопитающие и иксодовые клещи) и урбанизированного очага (синантропные грызуны). Зараженность сопоставима с другими природно-очаговыми инфекциями [1–3]. Выявленная структура очагов указывает на риск заражения для городского населения и необходимость включения *B. miyamotoi* в систему эпиднадзора.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Кармоков И.А., Рябико Е.Г., Баймова Р.Р. и др. Превалентность иксодовых клещей, собранных на территории северо-запада России, в отношении некоторых бактериальных и вирусных патогенов // *Здоровье населения и среда обитания* — *ЗнiCO*. 2024. Т. 32, № 11. С. 75–86. [Karmokov I.A., Riabiko E.G., Baimova R.R. et al. Tick-borne infections in the Leningrad oblast: incidence and seroprevalence. *Journal Infectology*, 2024, Vol. 16, No. 1, pp. 67–74 (In Russ.)]. doi: 10.35627/2219-5238/2024-32-11-75-86 EDN: KKZWIU.
2. Рябико Е.Г., Гречишкина Д.И., Баймова Р.Р. и др. Оценка распространенности лептоспирозов и геморрагической лихорадки с почечным синдромом в Ленинградской области // *Проблемы особо опасных инфекций*. 2024. № 3. С. 163–169. [Riabiko E.G., Grechishkina D.I., Baimova R.R. et al. Assessment of the Prevalence of Leptospiroses and Hemorrhagic Fever with Renal Syndrome in the Leningrad Region. *Problems of Particularly Dangerous Infections*, 2024, No. 3, pp. 163–169 (In Russ.)]. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2024-3-163-169>. EDN ATRVIG.
3. Гречишкина Д.И., Кармоков И.А., Баймова Р.Р. и др. Инфицированность иксодовых клещей и диких мелких млекопитающих возбудителями «клещевых» инфекций на территории Курортного района города Санкт-Петербурга // *Журнал инфектологии*. 2024. Т. 17, № 2. С. 143–152. [Grechishkina D.I., Karmokov I.A., Baimova R.R. et al. Infection of ixodes ticks and wild small mammals

УДК 578.834.11: 615.281.8

ХАРАКТЕРИСТИКА ПРОТИВОВИРУСНОГО ПОТЕНЦИАЛА НОВЫХ МОРФОЛИНОВЫХ ПРОИЗВОДНЫХ 1,3,5-ТРИАЗИНА В ОТНОШЕНИИ КОРОНАВИРУСОВ ЧЕЛОВЕКА

© М. Г. Михальский

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии
и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

CHARACTERISTICS OF THE ANTIVIRAL POTENTIAL OF NEW MORPHOLINE DERIVATIVES OF 1,3,5-TRIAZINE AGAINST HUMAN CORONAVIRUSES

© M. G. Mikhalskiy

St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Актуальность всестороннего изучения вируса SARS-CoV-2 и вызываемого им заболевания COVID-19 остается чрезвычайно высокой, несмотря на снижение интенсивности пандемии. Несмотря на значительный прогресс, достигнутый за время пандемии в области контроля этой инфекции, постоянная эволюция вируса создает ряд непреходящих вызовов, требующих интенсивных научных изысканий [1, 2].

Цель исследования: изучение противовирусного потенциала новых морфолиновых производных 1,3,5-триазина в отношении коронавирусов человека, оценка их механизма действия, противовирусной активности и цитотоксичности.

Материалы и методы. Для эксперимента по изучению противовирусной активности тестируемых образцов изучаемых веществ в отношении коронавирусов использовалась клеточная линия Vero, а также штаммы вируса SARS-CoV-2: уханьский 17612 и Omicron K559. Цитотоксические свойства соединений оценивали в микротетразолиевом тесте по выживаемости клеток после инкубации с соединениями. Цитопротекторную активность соединений изучали по их способности снижать уровень вирусиндуцированной гибели клеток. В отдельной серии опытов оценивали стадию вирусного цикла — мишень действия соединений. Для обеспечения достоверности результатов и определения ключевых параметров (CC_{50} , IC_{50}) данные обрабатывались с использованием стандартных статистических методов, таких как регрессионный анализ для построения кривых «доза-эффект» и расчет доверительных интервалов.

Результаты. Соединения-лидеры показали низкую цитотоксичность. Значения CC для трех из них (4218, 4230, 4240) были очень высокими (>300 мкг/мл).

Все производные проявили активность против обоих штаммов вируса. Наиболее низкие значения IC_{50} (и, следовательно, высокая активность) против уханьского штамма показало соединение 4230 (4 мкг/мл), а против штамма Omicron — соединения 4218 (20 мкг/мл) и 4240 (19 мкг/мл). Индекс селективности, равный CC_{50}/IC_{50} , демонстрирует, насколько эффективно соединение подавляет вирус, не будучи токсичным для клеток. Наибольшим индексом селективности в отношении уханьского штамма обладало соединение 4230 ($SI=76$), что делает его наиболее перспективным кандидатом. Индексы селективности остальных соединений 4218 — 18, 4240 — 42 против уханьского штамма. Против штамма Omicron индексы селективности соединений 4218, 4230, 4240 соответственно равны 15, 21, 16.

Заключение. Как видно из представленных данных, соединения проявляют активность против обоих штаммов вируса SARS-CoV-2. В экспериментах на время добавления было показано, что изучаемые соединения проявляют максимальную активность на ранних стадиях вирусного цикла (от 2 часов до инфицирования до 2 часов после инфицирования). Проведенный анализ показал, что синтезированные гетероциклические соединения обладают высокой селективной активностью и способностью блокировать репликацию вируса на ранних этапах жизненного цикла. Было выяснено, что препараты эффективны против коронавирусов различных штаммов.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Plante J.A. Spike mutation D614G alters SARS-CoV-2 fitness // *Nature*. 2021. Jan; Vol. 592 (7852). P. 116–121. doi: 10.1038/s41586-020-2895-3.
2. Angius F. et al. SARS-CoV-2 Evolution: Implications for Diagnosis, Treatment, Vaccine Effectiveness and Development // *Vaccines*. 2024. Dec 28; Vol. 13, No. 1. P. 17. doi: 10.3390/vaccines13010017.

УДК 576.895.421

МЕТАВИРОМНЫЙ АНАЛИЗ И ВИРУСНОЕ РАЗНООБРАЗИЕ КЛЕЩЕЙ РОДА *IXODES* СЕВЕРО-ЗАПАДА РОССИИ

© Д. Д. Найденов, А. А. Шарова, А. С. Гладких

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

METAVIROMIC ANALYSIS AND VIRAL DIVERSITY OF *IXODES* TICKS IN NORTHWESTERN RUSSIA

© D. D. Naydenov, A. A. Sharova, A. S. Gladkikh

St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Клещи рода *Ixodes* — переносчики природно-очаговых вирусных инфекций. Изменение климата и рост антропогенной нагрузки способствуют расширению ареала и распространению возбудителей [1]. Несмотря на регулярные исследования вируса клещевого энцефалита (ТБЕВ), сведения о циркуляции других вирусов в северных регионах России остаются ограниченными.

Цель исследования: оценить вирусное разнообразие и выявить потенциально патогенные вирусы в популяциях *Ixodes persulcatus* и *Ixodes ricinus* на территории Северо-Западного округа РФ для уточнения эпидемиологической ситуации и оценки риска новых инфекций.

Материалы и методы. В 2021–2023 гг. на территории Архангельской и Ленинградской областей, Республики Карелия, Псковской области и Санкт-Петербурга проведен сбор 42 клещей *I. persulcatus* и *I. ricinus*. Образцы исследовали на наличие ТБЕВ методом ОТ-ПЦР. Для анализа вирусного состава применяли транскриптомное секвенирование с последующей биоинформатической обработкой данных и филогенетическим анализом. Таксономическая идентификация выполнялась по базам ICTV и NCBI.

Результаты. Идентифицировано 22 вида РНК-вирусов в 26 пробах (61,9%), относящихся к семействам *Nairoviridae*, *Phenuiviridae*, *Partitviridae*, *Flaviviridae*, *Chuviridae* и *Narnaviridae*, включая четыре вероятно новые линии (*Usolye tick virus 1–3*, *Mironovo tick virus*). Обнаружены известные возбудители, представляющие потенциальную угрозу для человека — *Beiji nairovirus*, *Gakugsa tick virus*, *Mukawa virus* и *TBEV* [2, 3]. Наибольшее вирусное разнообразие зарегистрировано у *I. persulcatus* из Архангельской области и Республики Карелия.

Филогенетический анализ показал, что изоляты Северо-Запада формируют отдельные клады, отличные от восточноазиатских и европейских штаммов, что свидетельствует о региональных очагах циркуляции и локальной эволюции вирусов. Для представителей *Nairoviridae* и *Phenuiviridae* отмечены признаки реассортации сегментов генома, что подтверждает высокую пластичность клещевых вирусов и возможность появления новых геновариантов.

Заключение. Проведенное исследование выявило значительное вирусное разнообразие клещей рода *Ixodes*, обитающих на территории Северо-Западного региона России, включая виды, относящиеся к патогенным. Применение метавирусного подхода продемонстрировало его высокую эффективность: удалось обнаружить как известные, так и ранее неописанные вирусные линии.

Использование транскриптомного секвенирования позволило более детально охарактеризовать структуру вирусных сообществ и уточнить масштабы генетического разнообразия клещевых вирусов региона.

Полученные данные подчеркивают значимость геномных методов в исследовании циркуляции вирусов, а также в формировании направлений последующих исследо-

ваний, связанных с оценкой их потенциальных эпидемиологических рисков и эволюционных взаимосвязей.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 24–45–20005.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Tokarevich N. K., Tronin A. A., Blinova O. V. et al. The impact of climate change on the expansion of *Ixodes persulcatus* habitat and the incidence of tick-borne encephalitis in the north of European Russia // *Global Health Action*. 2011. Vol. 4. P. 8448. doi: 10.3402/gha.v4i0.8448.
2. Liu Z., Li L., Xu W. et al. Extensive diversity of RNA viruses in ticks revealed by metagenomics in northeastern China // *PLOS Neglected Tropical Diseases*. 2022. Vol. 16, No. 12. e0011017. doi: 10.1371/journal.pntd.0011017.
3. Sharova A.A., Tokarevich N.K., Baimova R.R. et al. Prevalence and genetic diversity of tick-borne encephalitis virus in ixodid ticks from specific regions of northwestern Russia // *PLOS ONE*. 2025. Vol. 20, No. 1. e0314385. doi: 10.1371/journal.pone.0314385.

УДК 578.833.28

ОСОБЕННОСТИ ЦИРКУЛЯЦИИ ВИРУСА ЛИХОРАДКИ ЗАПАДНОГО НИЛА В СЕЛЬСКИХ, ГОРОДСКИХ И ДЖУНГЛЕВЫХ ЦИКЛАХ НА РАЗНЫХ МАТЕРИКАХ

© М. А. Нгуба Муана, М. Ал Хадж Али, Л. К. Церцвадзе, Г. К. Церцвадзе
Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский
университет, Санкт-Петербург, Россия

WEST NILE FEVER VIRUS CIRCULATION CHARACTERISTICS IN RURAL, URBAN, AND JUNGLE CYCLES ON DIFFERENT CONTINENTS

© М. А. Nguba Muana, M. Al Haj Ali, L. K. Tsertsvadze, G. K. Tsertsvadze
St. Petersburg State Pediatric Medical University, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Лихорадка Западного Нила (ЛЗН) представляет собой природно-очаговую зоонозную инфекцию с трансмиссивным механизмом передачи. Глобальное потепление и миграции птиц способствуют расширению ареала вируса. По данным Роспотребнадзора в 2024 году на территории Российской Федерации было зафиксировано 59 случаев заражения ЛЗН в 22 субъектах [1, 2].

Цель исследования: провести анализ эпидемиологических и диагностических особенностей циркуляции ЛЗН в сельских, городских циклах и джунглях на разных материках, а также определить ключевые факторы, влияющие на распространение инфекции.

Материалы и методы. Нами ретроспективно проанализировано 18 историй болезни пациентов с африканского континента и из Российской Федерации с подтвержденным диагнозом ЛЗН, которые лечились в период с 2022 по 2024 г. в Государственной больнице им. Дамиана в Бате (Экваториальная Гвинея) и СПб ГБУЗ «КИБ им. С. П. Боткина». Среди исследованных: 5 (27,8%) случаев из Экваториальной Гвинеи, 2 (11,1%) случая из Конго, 2 (11,1%) — из Камеруна, 7 (38,9%) — из Эфиопии и 2 (11,1%) случая привезенных в Россию (Санкт-Петербург) из курорта Греции. Для статистической обработки данных использовались «MS Office Excel 2010» и методы описательной статистики.

Результаты. В ходе нашего исследования выявлено значительное преобладание мужчин среди пациентов, что составляет 61,1%. Возраст больных составил от 24 до 89 лет, в среднем — $52,2 \pm 22,9$ года. Госпитализация больных происходила с 5 по 30-й день болезни. Количество койко-дней составило в среднем $13,8 \pm 7,2$ дня. Летальный исход зафиксирован у 6 пациентов (33,3%). Анализ показал, что 30% пациентов из Камеруна заразились в городских лесопарках в результате укуса комаров рода *Aedes* и *Culex pipiens*, из Конго — *Culex quinquefasciatus*, из Экваториальной Гвинеи — *Culex neavei*, *Culex tritaeniorhynchus* и *Aedes albopictus*. У 30% заражение происходило через употребление в пищу инфицированных камерунских дроздов и ворон, в основном в сельских местностях, 20% случаев связано с пребыванием в джунглях, у 20% пациентов причина заражения не установлена. Обращает внимание сезонность заболеваемости: 80% пациентов заразились в сезон дождей и 20% в сухой сезон.

Лабораторные исследования показали, что у 8 пациентов (44,4%) диагноз подтверждался с помощью положительной ПЦР ЛЗН в крови, у 9 пациентов (50,0%) — положительные IgM и 8 пациентов (44,4%) — положительные IgG.

Заключение. ЛЗН широко распространена в различных частях мира и способна выходить за пределы эндемичных территорий, что частично обусловлено миграцией птиц и ростом численности кровососущих членистоногих в сезон дождей. Данные факторы способствуют активизации эпидемического процесса как в сельских, городских циклах и джунглях.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Пономарева Д.Н., Тимшина Д.И. Лихорадка Западного Нила: литературный обзор // *Энигма*. 2022. Т. 32. С. 124–129. [Ponomareva D.N., Timshina D.I. West Nile Fever: a literary review. *Enigma*, 2022, Vol. 32, pp. 124–129 (In Russ.).]
2. Путинцева Е.В. Лихорадка Западного Нила: анализ эпидемиологической ситуации в Российской Федерации в 2023 г., прогноз на 2024 г. // *Проблемы особо опасных инфекций*. 2024. С. 89–101 [Putintseva E.V. West Nile fever: an analysis of the epidemiological situation in the Russian Federation in 2023, forecast for 2024. *Problems of particularly dangerous infections*, 2024, pp. 89–101 (In Russ.).]

ИССЛЕДОВАНИЕ ВЛИЯНИЯ *ENTEROBACTER CLOACAE* НА АНГИОГЕНЕЗ

© ^{1,2}М. А. Перевязкина, ¹Д. А. Рахметова

¹Научно-исследовательский институт акушерства, гинекологии и репродуктологии имени Д. О. Отта, Санкт-Петербург, Россия

²Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

STUDY OF THE *ENTEROBACTER CLOACAE* INFLUENCE ON ANGIOGENESIS

© ^{1,2}М. А. Perevyazkina, ¹D. A. Rakhmetova

¹The Research Institute of Obstetrics, Gynecology and Reproductology named after D. O. Ott, St. Petersburg, Russia

²St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

Актуальность. *Enterobacter cloacae* является нозокомиальным патогеном и одним из представителей группы ESKAPE. Бактерии данной группы характеризуются антибиотикорезистентностью и могут вызывать у ослабленных пациентов сепсис и пневмонию, которые сопровождаются изменением функционирования барьерных тканей, в том числе эндотелия [1, 2]. Эндотелиальные клетки (ЭК) принимают непосредственное участие в ангиогенезе — процессе роста кровеносных сосудов [3]. В литературе отсутствуют данные о том, как *E. cloacae* влияет на ангиогенез.

Цель работы: изучить влияние супернатанта *Enterobacter cloacae* на функции ЭК Ea.hy926.

Материалы и методы. В работе использовали референтный штамм *Enterobacter cloacae* и ЭК Ea.hy926. Часть бактериальной колонии разводили в 0,9% растворе натрия хлорида до 1,0 McF. Далее бактериальную взвесь разбавляли бессывороточной средой DMEM/F-12, инкубировали при 37° С 24 часа. Затем супернатант фильтровали двукратно. Для оценки миграции использовали метод раневой поверхности. За сутки до эксперимента в планшет вносили ЭК до образования монослоя. Затем монослой нарушали, проводя черту в лунке. Далее супернатант в разных концентрациях вносили к ЭК. После суточной инкубации клетки окрашивали кристаллическим фиолетовым. Каждую лунку фотографировали. Фотографии обрабатывали в программе MarkMigration. Для оценки пролиферации использовали колориметрический метод. За сутки до эксперимента в планшет вносили $2,5 \times 10^3$ ЭК. Затем супернатант в разных концентрациях вносили к ЭК. Через 72 часа клетки окрашивали кристаллическим фиолетовым. Краситель экстрагировали и измеряли оптическую плотность. Для оценки метаболической активности использовали МТТ-тест. Накануне эксперимента ЭК культивировали до образования монослоя. На следующий день в планшет вносили супернатант в разных концентрациях. После инкубации

к клеткам добавляли МТТ-реагент. Далее клетки экстрагировали, измеряли оптическую плотность. Оценку жизнеспособности производили на проточном цитометре. Инкубацию ЭК с супернатантом осуществляли 24 часа. Далее к клеткам добавляли оксазол желтый и иодистый пропидий. Инкубировали 20 мин, затем анализировали на проточном цитометре. Для статистического анализа данных использовали критерий Манна–Уитни.

Результаты. Показано, что супернатант *Enterobacter cloacae* снижает пролиферацию, миграцию и метаболическую активность ЭК. При оценке концентраций супернатанта, оказавших влияние на функционирование эндотелия, было показано, что высокие концентрации повышают относительное количество некротических клеток. При разбавлении супернатанта *Enterobacter cloacae* негативная регуляция функционирования эндотелия сохранялась, при этом доля жизнеспособных клеток не отличалась от контроля.

Заключение. Таким образом, нами показано, что супернатант *Enterobacter cloacae* влияет на ангиогенез. Можно предположить, что присутствие данного патогена в микробиоте является одним из факторов нарушения функционирования эндотелия.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Santajit S., Indrawattana N. Mechanisms of Antimicrobial Resistance in ESKAPE Pathogens // *Biomed. Res. Int.* 2016. Vol. 2016. 2475067. doi: 10.1155/2016/2475067.
2. Ince C., Mayeux P.R., Nguyen T. et al.; ADQI XIV Workgroup The endothelium in sepsis // *Shock*. 2016. Mar; Vol. 45, No. 3. P. 259–270. doi: 10.1097/SHK.0000000000000473.
3. Bautch V.L., Caron K.M. Blood and lymphatic vessel formation // *Cold Spring Harb. Perspect Biol.* 2015. Mar 2; Vol. 7, No. 3. a008268. doi: 10.1101/cshperspect.a008268.

УДК 616.992.282:615.036

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ЭФФЕКТИВНОСТИ ИННОВАЦИОННОГО ПРЕПАРАТА И НЕКОТОРЫХ ДРУГИХ АНТИМИКОТИКОВ В ОТНОШЕНИИ ГРИБОВ РОДА *CANDIDA*

© Е. А. Петрачкова

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия
Городская поликлиника № 75, Санкт-Петербург, Россия

A COMPARATIVE ANALYSIS OF THE EFFECTIVENESS OF AN INNOVATIVE DRUG AND SOME OTHER ANTIFUNGAL AGENTS AGAINST *CANDIDA* FUNGI

© E. A. Petrachkova

St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

City Polyclinic No. 75, St. Petersburg, Russia

Актуальность. По многочисленным данным литературы и статистических исследований отмечено, что повсеместно наблюдается рост заболеваемости поверхностными микозами, вызываемыми, в том числе, грибами рода *Candida*, способными к биопленкообразованию. Для лечения поверхностных микозов использование наружных противогрибковых препаратов представляется более рациональным, поскольку они способны обеспечить высокий терапевтический эффект, сопоставимый с применением системных средств, без явного побочного действия. В связи с этим актуальными представляются поиски и разработка новых противогрибковых препаратов местного действия с иными механизмами воздействия на грибную клетку и преодоление, таким образом, существующей резистентности грибов рода *Candida*.

Цель исследования. Провести сравнительный анализ эффективности в отношении *C. albicans* некоторых известных антимикотических препаратов для местного применения (нафтифин, аморолфин) и новой полимерной антисептической композиции, содержащей синтетический полимер и известные антисептики с различными механизмами действия.

Материалы и методы. На первом этапе исследование воздействия противогрибковых препаратов на клетки *C. albicans* проводили методом лунок на плотной питательной среде Сабуро. Чашку засеивали газонм инокулюмом *C. albicans* плотностью 0,5 по МакФарланду. В лунку в питательной среде диаметром 8 мм вносили 100 мкл соответствующего препарата, чашки инкубировали при $35 \pm 2^\circ \text{C}$ в аэробных условиях 24 ч. Учет результатов проводили путем измерения зоны задержки роста в мм. На втором этапе исследование воздействия противогрибковых препаратов проводили методом микроразведений в планшетах. Оценивали количественно жизнеспособность клеток *C. albicans* после воздействия различных концентраций антимикотических средств, зависимость скорости гибели грибковых клеток от концентрации применяемых препаратов и времени их воздействия. Оценку полученных результатов интерпретировали согласно рекомендациям EUCAST. Для исследования использовали два клинических штамма *C. albicans* (выделены с ногтей пластин кистей рук пациенток с онихомикозом). Мутность инокулюма соответствовала стандарту 0,5 по МакФарланду. В 96-луночном планшете готовили серию разведений исследуемых противогрибковых препаратов от 100% до 20%, в каждую лунку планшета вносили по 100 мкл соответствующего препарата и по 100 мкл инокулюма с резазурином. Планшет инкубировали при $35 \pm 2^\circ \text{C}$ в аэробных условиях. Учет результатов производили через 2, 4, 8, 12 и 24 ч путем высева из каждой лунки 10 мкл на агар

Сабуро и по изменению цвета резазурина. Через 24 ч проводили нативную и окрашенную микроскопию содержимого из каждой лунки. Кроме того, проведено исследование влияния сравниваемых противогрибковых препаратов на уже сформированный мицелий *C. albicans*. В 96-луночный планшет вносили по 100 мкл жидкой среды Сабуро с предварительно сформированным мицелием, в каждую лунку планшета вносили по 100 мкл соответствующего препарата. Планшет инкубировали при $35 \pm 2^\circ \text{C}$ в аэробных условиях. Учет результатов производили через 24 и 72 ч путем посева из каждой лунки 10 мкл на агар Сабуро и путем нативной микроскопии содержимого из каждой лунки.

Результаты. Самую большую зону задержки роста тест-штаммов отмечали у новой полимерной антисептической композиции, а также она проявляла выраженный противогрибковый эффект при 8-часовой экспозиции, когда в разведении 20% от исходной концентрации вызывала гибель 100% клеток *C. albicans*. У остальных исследуемых препаратов в аналогичных условиях гибель клеток дрожжей не наступала. Отмечали значительное фунгицидное действие новой полимерной композиции на уже сформированный мицелий гриба, когда через 2 ч инкубации наблюдали уменьшение размеров дрожжевых клеток по сравнению с контролем и значительное снижение количества нитей мицелия, а через 24 ч нити мицелия не обнаруживали. При воздействии остальных исследуемых препаратов обнаруживали единичные нити мицелия и дрожжевые клетки.

Заключение. Исследуемая новая полимерная антисептическая композиция дала большую зону задержки роста тест-штаммов на агаре Сабуро и показала выраженное фунгицидное действие в малых концентрациях за короткий временной промежуток в отношении дрожжевых и гифальных форм *C. albicans*, чем препараты нафтифина и аморолфина. Продолжается исследование по оценке противогрибковой эффективности разработанной композиции для предотвращения процесса биопленкообразования штаммов *C. albicans* и ее влияния на уже сформировавшиеся биопленки.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Российские рекомендации. Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам. Версия 2024–02. МАКМАХ. Смоленск: Изд-во СГМУ, 2024. 192 с. [Russian recommendations. Determination of the sensitivity of microorganisms to antimicrobial drugs. Version 2024-02. МАКМАН. Smolensk: SMU, 2024. 192 p. (In Russ.).]
2. Wu S., Guo W., Li B. et al. Progress of polymer-based strategies in fungal disease management: Designed for different roles // *Front. Cell. Infect. Microbiol.* 2023. Vol. 13. P. 1142029. doi: 10.3389/fcimb.2023.1142029.
3. Чеботарь И.В., Паршиков В.В. Исследование действия антимикотических препаратов на биопленки, сформированные грибами рода *Candida* // *Фарматека*. 2013, № 5. С. 98–102. [Chebotar I.V., Parshikov V.V. Study of the effect of antimycotic drugs on biofilms formed by *Candida* fungi. *Farmateka*, 2013, No. 5, pp. 98–102 (In Russ.).]

**АНАЛИЗ ГЕНОМОВ НОВЫХ БАКТЕРИОФАГОВ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ СТОЧНЫХ ВОД БОЛЬНИЦЫ
В г. МУМБАИ, ИНДИЯ**

© ¹С. Е. Платова, ¹А. В. Шабалина, ¹М. В. Безручко, ¹А. С. Долгова,
²Р. Б. Городничев

¹Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии
и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²Научно-клинический центр физико-химической медицины имени
Ю. М. Лопухина, Москва, Россия

**GENOME ANALYSIS OF NOVEL *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*
BACTERIOPHAGES ISOLATED FROM MUMBAI HOSPITAL WASTEWATER, INDIA**

© ¹S. E. Platova, ¹A. V. Shabalina, ¹M. V. Bezruchko, ¹A. S. Dolgova,
²R. B. Gorodnichev

¹St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

²Lopukhin Federal Research and Clinical Center of Physical-Chemical Medicine
of Federal Medical Biological Agency, Moscow, Russia

Цель исследования: комплексная характеристика геномов новых литических бактериофагов, специфичных к *Klebsiella pneumoniae*, для оценки их потенциала в фазовой терапии [1].

Материалы и методы. Образцы сточных вод были получены из больницы в г. Мумбаи (Индия). Выделение фагов проводили с использованием клинических изолятов *K. pneumoniae*. Для каждого фагового изолята было проведено выделение ДНК с последующим полногеномным секвенированием на платформе DNBSEQ-G50 (MGI, Китай). Биоинформатический анализ включал: сборку геномов (SPAdes), постобработку сборки (minimap2, Pilon), структурную и функциональную аннотацию (Pharokka, DIAMOND blastp против NCBI пг и UniRef100, eggNOG-mapper), оценку полноты и качества сборки (PhageScore), поиск терминальных повторов (PhageTerm), предсказание жизненного цикла (BACPHLIP) и поиск генов антибиотикорезистентности и вирулентности (PhageScore). Таксономическое положение определялось с помощью VirTree, taxMyPhage и VIRIDIC [2]. Предсказание белков с деполимеразной активностью проводилось с помощью DePP и DepoScore.

Результаты. Выделено семь новых бактериофагов. Филогенетический анализ показал, что четыре фага (1047Halo, 1047noHalo, KBKp12, 1627) относятся к роду *Przondovirus*, один (G66) — к роду *Teetrevirus* (семейство *Autographiviridae*), два других (G4-1, G44) — к роду *Pseudotenevirus* (семейство *Straboviridae*). Сравнение геномного сходства показало, что фаги 1047Halo, 1047noHalo, KBKp12,

1627 и G66 представляют новые виды, так как их сходство с известными геномами не превысило порог в 95%. Бактериофаги G4–1 и G44 относятся к уже известному виду. У всех фагов был предсказан строго литический жизненный цикл и показано отсутствие генов вирулентности и антибиотикорезистентности.

Аннотирование позволило предсказать функцию для большинства открытых рамок считывания, однако 19–45% предсказанных белков были аннотированы как гипотетические. Два гена тРНК были найдены в геномах фагов G4–1 и G44. Прямые терминальные повторы были выявлены у фагов 1047Halo, 1047noHalo, 1627, KBKp12 и G66. У всех изолятов предсказаны анти-защитные системы. Были идентифицированы ключевые структурные белки (major head protein, хвостовые белки, большая и малая субъединицы терминазы) и литические белки (эндолизины, Rz-подобные спанины). Демонстрация активности была предсказана для хвостовых белков у всех фагов.

Заключение. Полученные данные характеризуют выделенные фаги как перспективных кандидатов для дальнейшего изучения в контексте терапии инфекций, вызванных *K. pneumoniae*.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Zaki B.M., Hussein A.H., Hakim T.A., Fayez M.S., El-Shibiny A. Phages for treatment of Klebsiella pneumoniae infections // *Progress in molecular biology and translational science*. 2023. Vol. 200. P. 207–239. <https://doi.org/10.1016/bs.pmbts.2023.03.007>.
2. Turner D., Kropinski A.M., Adriaenssens E.M. A Roadmap for Genome-Based Phage Taxonomy // *Viruses*. 2021. Vol. 13, No. 3. P. 506. <https://doi.org/10.3390/v13030506>.

УДК 614.4:575.113

РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ И ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ ВИРУСА ПАПИЛЛОМЫ ЧЕЛОВЕКА 16 ТИПА СРЕДИ НАСЕЛЕНИЯ САНКТ-ПЕТЕРБУРГА

© ^{1,2}А. Р. Плескачёва, ^{1,2}Ю. В. Антонова

¹Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии
и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²Кожно-венерологический диспансер № 8, Санкт-Петербург, Россия

PREVALENCE AND GENETIC VARIABILITY OF HUMAN PAPILOMAVIRUS TYPE 16 AMONG POPULATION IN ST. PETERSBURG

© ^{1,2}A. R. Pleskacheva, ^{1,2}U. V. Antonova

¹St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

²Skin and Venereal Diseases Dispensary No. 8, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Вирус папилломы человека (ВПЧ) представляет глобальную медико-социальную проблему в связи с повсеместным распространением и доказанной этиологической ролью в развитии ВПЧ-ассоциированных злокачественных новообразований [1]. В Российской Федерации недостаточно данных о региональных особенностях циркуляции онкогенных генотипов ВПЧ, их генотипической структуре и филогенетическом разнообразии [2].

Цель исследования: оценка распространенности генотипов вируса папилломы человека высокого канцерогенного риска, филогенетических линий и сублиний ВПЧ 16 типа среди населения Санкт-Петербурга.

Материалы и методы. Контингент обследованных включал 109 051 пациента (577 мужчин и 108 474 женщины) в возрасте от 9 до 60 лет и старше — лица, обследованные на наличие ВПЧ высокого канцерогенного риска (ВКР) в 2020–2025 гг. (9 месяцев). Генотипирование ВПЧ проводили методом ПЦР с гибридационно-флуоресцентной детекцией продуктов амплификации в режиме реального времени (qRT-PCR) на базе Городской поликлиники № 107 Санкт-Петербурга. Выявляли наличие ВПЧ 16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66 и 68 генотипов в соскобе из уретры (у мужчин) и цервикального канала (у женщин). Секвенирование генов E6–E7 ВПЧ 16 осуществлялось по методу Сэнгера. Поиск однонуклеотидных полиморфизмов проводили в сравнении с референсной последовательностью ВПЧ16 K02718 Европейской линии. Эпидемиологический анализ и статистическая обработка данных проводились с расчетом относительных показателей (распространенность на 100 обследованных пациентов, %) и их 95% доверительных интервалов (ДИ). Статистическая значимость определялась при уровне $p < 0,05$.

Результаты. Среди всех обследованных выявлено 20 837 ВПЧ-позитивных — 19,1% (95% ДИ 18,9–19,3). Распространенность ВПЧ ВКР среди мужчин составила 17,2% (95% ДИ 14,2–20,5; $n=577$), среди женщин — 19,1% (95% ДИ 18,9–19,3; $n=108\,474$), различия статистически незначимы ($p > 0,05$). При анализе по возрастным группам наибольшая частота выявления ВПЧ ВКР среди обследованных за весь период наблюдения была зарегистрирована у пациентов в возрасте до 20 лет — 27,6% (95% ДИ 26,2–29,0; $n=1036/3754$) и 20–29 лет — 29,6% (95% ДИ 29,0–30,2; $n=6249/21\,120$). Наименьшие показатели отмечались в группах 50–59 лет — 13,2% (95% ДИ 12,6–13,8; $n=1396/10\,578$) и 40–49 лет — 13,8% (95% ДИ 13,4–14,2; $n=3585/26\,027$). У пациентов старше 60 лет распространенность ВПЧ ВКР составила 16,1% (95% ДИ 15,1–17,1; $n=947/5893$). За период исследования наблюдалась тенденция к снижению общей распространенности ВПЧ ВКР с 24,8% (95% ДИ 23,6–26,0) в 2020 г. до 13,4% (95% ДИ 12,9–13,9) в 2025 г., что отмечалось как среди женщин, так и среди мужчин. При анализе структуры инфицирования ВПЧ в 2020–2025 гг. ($n=19\,973$) было установлено, что инфекция, обусловленная одним типом вируса, была диагностирована у 14 028 пациентов (70,2% (95% ДИ

69,6–70,8)), микст-инфекция выявлена у 5945 (29,8% (95% ДИ 29,2–30,4)), различия статистически значимы ($p < 0,05$). Особого внимания заслуживает доминирующая роль 16 генотипа ВПЧ в общей структуре инфицирования. Суммарно он был выявлен у 5275 пациентов, что составило 26,4% (95% ДИ 25,8–27,0), это подтверждает его статус самого распространенного генотипа высокого онкогенного риска в исследуемой популяции. Среди пациентов с моноинфекцией доля генотипов ВПЧ ВКР (31, 33, 35, 39, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 68), определяемых суммарно (10 427 случаев) составила 52,2% (95% ДИ 51,5–52,9). Генотипы 18 и 45 выявлены у 1112 (5,6% (95% ДИ 5,3–5,9)) и 394 (2,0% (95% ДИ 1,8–2,2)) пациентов соответственно. В структуре коинфекции наиболее распространенными вариантами являлись сочетания генотипа 16 с другими генотипами ВКР — 3180 случаев (15,9% (95% ДИ 15,4–16,4)), а также генотипа 18 с другими генотипами ВКР — 1503 случая (7,5% (95% ДИ 7,1–7,9)). Другие комбинации, включающие три и более генотипов, в сумме составили менее 2,5% от всех случаев. При анализе филогенетической структуры ВПЧ 16 генотипа ($n=83$) доминировала линия А — 81 случай (97,6% (95% ДИ 93,8–99,5)), в двух импортированных случаях выявлена линия D — 2,4% (95% ДИ 0,4–7,5)), сублиния D1. Внутри линии А наиболее распространенной сублинией оказалась А2 — 58 случаев (71,6% (95% ДИ 61,6–81,6)), сублиния А1 была выявлена у 22 пациентов (27,2% (95% ДИ 17,3–37,0)). Сублиния А3 установлена в одном случае — 1,2% (95% ДИ 1,22–3,69).

Заключение. Результаты исследования свидетельствуют о высокой интенсивности скрыто развивающегося эпидемического процесса папилломавирусной инфекции, обусловленной ВПЧ высокого онкогенного риска и отсутствии статистически значимых различий в показателях распространенности среди мужского и женского населения Санкт-Петербурга. Возрастной группой риска являются женщины 20–29 лет (29,6%), что подтверждает необходимость включения ВПЧ-тестирования в скрининг для данной возрастной группы. Выявлен значительный пробел в обследовании мужчин (0,5% в структуре обследованных при распространенности ВПЧ ВКР 17,2%), требующий разработки целевых скрининговых программ для мужского населения. Впервые на представительной выборке охарактеризована филогенетическая структура ВПЧ 16 в регионе: доминирует Европейская линия А (97,6%), с преобладанием сублинии А2 (71,6%), что имеет большое значение для оценки онкогенного потенциала циркулирующих генетических вариантов вируса и мониторинга эффективности вакцинопрофилактики. Преобладание в структуре инфицирования агрегированного пула генотипов ВПЧ ВКР (52,2%) при отсутствии их индивидуальной расшифровки ограничивает оценку их вклада в канцерогенез. Для определения роли конкретных генотипов (таких как 31, 33, 52, 58) требуется применение методов расширенного генотипирования, что является перспективным направлением дальнейших исследований.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Кулешова О.Б., Домонова Э.А., Романюк Т.Н. и др. Практические аспекты реализации скрининга на выявление злокачественных новообразований шейки матки при проведении диспансеризации определенных групп взрослого населения // *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2023. Т. 22, № 4. С. 75–85. [Kuleshova O.B., Domonova E.A., Romanuk T.N. et al. Practical Aspects of the Implementation of Screening for the Detection of Malignant Neoplasms of the Cervix during the Medical Examination. *Epidemiology and Vaccinal Prevention*, 2023, Vol. 22, No. 4, pp. 75–85 (In Russ.)]. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2023-22-4-75-85>.
2. Касаткин Е.В., Лялина Л.В., Холопов Д.В. и др. Распространенность, вирусная нагрузка и физический статус вируса папилломы человека у пациентов групп риска по инфекциям, передаваемым половым путем // *Медицинский алфавит*. 2025. № 22. С. 79–88. [Kasatkin E.V., Lyalina L.V., Kholopov D.V. et al. Prevalence, viral load and physical status of human papillomavirus in patients at risk for sexually transmitted infections. *Medical Alphabet*, 2025, No. 22, pp. 79–88 (In Russ.)]. <https://doi.org/10.33667/2078-5631-2025-22-79-88>.

УДК 595.77

МЕТАВИРОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ КОМАРОВ *Aedes aegypti*, СОБРАННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ НЕКОТОРЫХ ПРОВИНЦИЙ ВЬЕТНАМА

© ¹М. Р. Попова, ¹А. А. Шарова, ¹Т. В. Арбузова, ²Нгуен Тхань Донг,
²Буй Тхань Фу, ²До Тай Хунг, ¹А. С. Гладких

¹Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии
и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²Институт Пастера, Нячанг, Вьетнам

METAVIROME SEQUENCING OF *Aedes aegypti* MOSQUITOES COLLECTED IN SEVERAL PROVINCES OF VIETNAM

© ¹M. R. Popova, ¹A. A. Sharova, ¹T. V. Arbuzova, ²Nguyen Thanh Dong,
²Bui Thanh Phu, ²Do Thai Hung, ¹A. S. Gladkikh

¹St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

²Nha Trang Pasteur Institute, Nha Trang, Vietnam

Актуальность. Комары, в том числе широко распространенный во Вьетнаме *Aedes aegypti*, являются переносчиками многочисленных патогенов. За последние два десятилетия в популяциях комаров по всему миру было выявлено множество вирусов, классифицируемых как вирусы, специфичные для насекомых (ISV) [1]. Эти вирусы широко распространены в природных популяциях комаров и, как сообщается, могут подавлять, усиливать или не влиять на репликацию клинически значимых арбовирусов, тем самым потенциально влияя на векторную компетентность переносчиков [2].

Цель исследования: провести метавиромный анализ комаров *Aedes aegypti* с территорий ряда провинций Вьетнама.

Материалы и методы. В ходе исследования было проведено полногеномное секвенирование 70 пулов комаров вида *Aedes aegypti* (по 10 особей в каждом). Вирусное разнообразие в образцах варьировало; всего было выявлено 16 различных вирусов. Тринадцать из них распределены по девяти семействам: *Totiviridae*: *Aedes aegypti totivirus*, *Aedes aegypti totivirus 2*; *Flaviviridae*: *Cell fusing agent virus*, *Aedes aegypti To flavivirus-like*; *Partitoviridae*: *Verdadero virus*, *Chaq-like virus*, *Aedes partiti-like virus 1*; *Phenuiviridae*: *Phasi Charoen-like phasivirus*; *Orthomyxoviridae*: *Guadeloupe mosquito quaranja-like virus 1*; *Xinmoviridae*: *Aedes anphevirus*; *Spiciviridae*: *Aedes aegypti toti-like virus*; *Rhabdoviridae*: *Aedes rhabdo-like virus*; *Chuviridae*: *Gurupi chuvirus-like 1*.

Еще три идентифицированных вируса принадлежали к недавно описанным РНК-вирусам, таксономическое положение которых не определено в текущей классификации ICTV: вирусы *Humaita-Tubiacanga*, *Aedes aegypti To virus 1* и *Aedes aegypti To virus 2*.

Результаты. Метавирусный анализ показал, что комары *Aedes aegypti* во Вьетнаме являются хозяевами сложного сообщества вирусов, специфичных для насекомых. Было идентифицировано 16 различных ISV, принадлежащих к девяти известным семействам и трем новым, таксономически не определенным вирусам. Это разнообразие подчеркивает важность дальнейшего изучения роли ISV в экологии переносчиков, в частности их влияния на передачу клинически значимых арбовирусов.

Заключение. Полученные данные являются важным вкладом в понимание вирусного профиля ключевого переносчика и открывают перспективы для разработки новых подходов к контролю за трансмиссивными болезнями.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Blitvich B.J., Firth A.E. Insect-specific flaviviruses: A systematic review of their discovery, host range, mode of transmission, superinfection exclusion potential and genomic organization // *Viruses*. 2015. Vol. 74. P. 1927–1959. pmid: 25866904.
2. Schultz M.J., Frydman H.M., Connor J.H. Dual Insect specific virus infection limits Arbovirus replication in *Aedes* mosquito cells // *Virology*. 2018. Vol. 518. P. 406–413. pmid: 29625404.

УДК 57:616.36

НАПРЯЖЕННОСТЬ ПОСТВАКЦИНАЛЬНОГО ИММУНИТЕТА К ГЕПАТИТУ В

© ^{1,2}Е. Н. Прийма, ^{1,2}В. В. Скворода, ²М. С. Толкмит

¹Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет, Санкт-Петербург, Россия

STRENGTH OF POST-VACCINAL IMMUNITY TO HEPATITIS B

© ^{1,2}*E. N. Priyma*, ^{1,2}*V. V. Skvoroda*, ²*M. S. Tolkmitt*

¹St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

²St. Petersburg State Pediatric Medical University, St. Petersburg, Russia

Цель исследования: охарактеризовать длительность и напряженность поствакцинального иммунитета в зависимости от схемы вакцинации.

Материалы и методы. Для оценки поствакцинального иммунитета проанализированы результаты серологического обследования в зависимости от срока проведения последней прививки, применяемые схемы иммунизации, возраст обследуемых. Проведена оценка 381 образца сыворотки крови. Исследование проводилось методом иммуноферментного анализа (ИФА) с использованием иммуноферментной тест-системы производства ЗАО «Вектор-Бест». Протективным уровнем специфических антител считали 10 МЕ/л и выше. Статистическая обработка проведена с использованием программ Microsoft Excel 2007 и SPSS Statistica 17.0. В качестве критического при проверке нулевой гипотезы принимали уровень статистической значимости (p), равный 0,05.

Результаты. Полный курс вакцинации против ГВ по схеме 0–1–6, получили 330 обследуемых — 85,7% (ДИ 95% 75,33–82,97%). Доля имеющих нарушения в схеме вакцинации составила 9,1% (ДИ 95% 6,41–11,78%) ($n=35$). Ревакцинация проведена 5,2% ($n=16$) обследуемых. Длительный иммунитет (17 лет) наблюдался у получивших полную схему вакцинации в первые три года жизни ($n=109$). Самый низкий уровень протекции (восемь лет) установлен у получивших первичную иммунизацию в 14–15 лет ($n=51$). В литературе авторы отмечают высокую напряженность поствакцинального иммунитета у привитых полной схемой [1, 2]. Получившие ревакцинацию (87,5%) и иммунизированные трехкратно (84%) имеют наиболее высокие показатели протективного иммунитета (>1000 мМЕ/мл). У привитых полной схемой вакцинации, в отличие от тех, кто имел нарушения вакцинации, установлена длительность поствакцинального иммунитета 11–15 лет с самой высокой долей серопревалентности (уровень анти-НВs >1000 мМЕ/мл): 22,54% (ДИ 95% 17,30–28,51) и 6,67% (ДИ 95% 0,33–28,73), $p \geq 0,05$. У привитых по схеме 0–1–6 сохранялся 100% иммунитет и свыше 20 лет. В исследованиях, проведенных в других странах, поствакцинальный иммунитет против ГВ сохранялся в течение 30 лет [3].

Заключение. Таким образом, в большинстве случаев длительный поствакцинальный иммунитет против гепатита В формируется у привитых в первые три года жизни. Свыше 20 лет напряженный иммунитет сохраняется в 100% случаях только у привитых полной схемой (0–1–6). При нарушении вакцинации иммунологический ответ со временем ослабевает и требуется ревакцинация.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Скворода В.В., Васильева Д.А. Серио-эпидемиологическая характеристика поствакцинального иммунитета против гепатита В у лиц молодого возраста в Санкт-Петербурге // *Вестник НовГУ. Сер.: Медицинские науки*. 2022. № 4 (129). С. 51–54. [Skvoroda V.V., Vasilieva D.A. Sero-epidemiological characteristics of post-vaccination immunity against hepatitis B in young adults in St. Petersburg. *Novgorod State University Bulletin. Series: Medical Sciences*, 2022, No. 4 (129), pp. 51–54 (In Russ.)].
2. Эсауленко Е.В., Сухорук А.А., Захаров К.А., Яковлев А.А. Иммуногенность вакцины против гепатита В третьего поколения (pre-S1/pre-S/S) // *Инфекция и иммунитет*. 2018. Т. 8 (1). С. 71–78. [Esaulenko E.V., Sukhoruk A.A., Zakharov K.A., Yakovlev A.A. Immunogenicity of the third-generation hepatitis B vaccine (pre-S1/pre-S/S). *Russian Journal of Infection and Immunity*, 2018, Vol. 8, No. 1, pp. 71–78 (In Russ.)].
3. Yu-Liang Zhao Immune persistence 17 to 20 years after primary vaccination with recombination hepatitis B vaccine (CHO) and the effect of booster dose vaccination // *Infect Dis*. 2019 May 30. Vol. 19, No. 1. P. 482. doi: 10.1186/s12879-019-4134-9.

УДК 616.981.21/.958.7

ОСОБЕННОСТИ ВЕДЕНИЯ ЖЕНЩИН С ВИЧ-ИНФЕКЦИЕЙ ДЕТОРОДНОГО ВОЗРАСТА В СОВРЕМЕННЫХ УСЛОВИЯХ

© Я. В. Романова

Первый Санкт-Петербургский государственный медицинский университет
имени академика И. П. Павлова, Санкт-Петербург, Россия
Республиканская клиническая инфекционная больница, Санкт-Петербург,
Россия

FEATURES OF MONITORING WOMEN WITH HIV INFECTION OF CHILDBEARING AGE IN MODERN CONDITIONS

© Ya. V. Romanova

Pavlov First St. Petersburg State Medical University, St. Petersburg, Russia
Republican Clinical Infectious Diseases Hospital, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Во всем мире женщины репродуктивного возраста составляют 53% от 40,8 млн людей, живущих с ВИЧ (ЛЖВ). В 2023 г. у ЛЖВ было отмечено превышение смертности от коморбидных заболеваний (53,4%) над летальностью от оппортунистических инфекций (41%), при этом необходимость репродуктивного планирования и необходимости многолетнего поддержания вирусологической супрессии ВИЧ определяют особую медико-социальную значимость проблемы у женщин, получающих антиретровирусную терапию (АРТ).

Цель работы: на основе ретроспективного и проспективного анализа клинико-лабораторных особенностей течения ВИЧ-инфекции и спектра коморбидных заболеваний, характеристик АРТ проанализировать тактику ведения женщин детородного возраста.

Материалы и методы. В одноцентровом когортном исследовании, проведенном на клинической базе 3-го отделения Республиканской клинической инфекционной больницы в период с октября 2024 по август 2025 г. Критериям включения соответствовала группа из 100 женщин детородного возраста (диапазон 35–52 года) с подтвержденным диагнозом ВИЧ-инфекции. Средний возраст обследуемых составил $42,5 \pm 0,6$ года. Длительность заболевания варьировала от 2 до 26 лет, составляя в среднем $15,6 \pm 1,2$ года. Анализ путей инфицирования выявил преобладание полового пути передачи (63% случаев) над парентеральным (37% случаев). Коинфекция вирусом гепатита С была диагностирована у 42% пациенток, при этом 90% из этой подгруппы прошли полный курс противовирусной терапии.

Среди участниц исследования 62% состояли в зарегистрированном браке, 28% — в гражданском браке, 10% проживали одни. Постоянную трудовую занятость сохраняли 78% женщин. Все участницы имели детей (в среднем $2,4 \pm 0,5$ ребенка на женщину), при этом лишь в одном случае была документально подтверждена перинатальная передача ВИЧ-инфекции. Верификация диагноза ВИЧ-инфекции проводилась в соответствии с общепринятыми клинико-лабораторными критериями. Согласно распределению по стадиям ВИЧ-инфекции (Российская классификация 2006 г.), у 87% пациенток была установлена 4В стадия заболевания. Для оценки эффективности АРТ анализировались динамические изменения уровня РНК ВИЧ в плазме крови (копий/мл) и количества CD4+ Т-лимфоцитов (кл/мкл). Указанные параметры оценивались в двух временных точках: до начала терапии и на момент проведения исследования. Обработка полученных данных проводилась с применением пакета статистических программ SPSS 22.0.

Результаты. Современная АРТ демонстрирует высокую эффективность у женщин детородного возраста с ВИЧ-инфекцией. В исследуемой когорте ($n=100$) была достигнута 100% частота вирусологической супрессии, о чем свидетельствует отсутствие детектируемой РНК ВИЧ на момент исследования. Зафиксировано статистически значимое снижение вирусной нагрузки с исходного уровня $375\ 240 \pm 15\ 400$ копий/мл. Параллельно наблюдался значительный прирост количества CD4+ Т-лимфоцитов в 2,3 раза — с $285,5 \pm 14,3$ до $665,5 \pm 13,7$ кл/мкл ($p < 0,001$). В РФ такие показатели эффективности АРТ обеспечивают крайне низкий ($\leq 1\%$) процент перинатальной передачи ВИЧ.

Анализ терапевтических режимов выявил преобладание схем на основе ингибиторов интегразы с долутегавиром: TDF+3TC+DTG (47%) и 3TC+DTG (44%), что в совокупности с другими современными режимами (ABC+3TC+DTG — 5%, TAF+FTC+VIC — 3%) составляет 91% случаев применения фиксированных комбинаций или дитерапии. Однако у 85% пациенток в анамнезе отмечалась смена схемы АРТ, преимущественно обусловленная нежелательными явлениями (96%), среди которых доминировали дислипидемия (35%) и гастроинтестинальные нарушения (25%),

реже наблюдались нейropsychиатрическая симптоматика (20%), снижение скорости клубочковой фильтрации (15%) и гипербилирубинемия (5%), тогда как резистентность являлась причиной замены терапии лишь в 4% случаев. Одновременно выявлен высокий уровень полиморбидности с преобладанием поражений центральной нервной (87%) и сердечно-сосудистой (65%) систем, а также патологий желудочно-кишечного тракта (37%), эндокринной системы (33%), костно-суставного аппарата (28%), репродуктивной системы (18%) и системы крови (18%), что подтверждается данными инструментальной диагностики (МРТ, ЭЭГ, ЭКГ, УЗИ) и требует комплексного мультидисциплинарного подхода к ведению данной категории пациенток.

Заключение. Полученные данные свидетельствуют о необходимости дифференцированного подхода к ведению ВИЧ-инфицированных женщин детородного возраста. Для оптимизации медицинской помощи необходимо дифференцировать генез коморбидной патологии (связанный с ВИЧ, АРТ или независимый). Мультифакториальная природа сопутствующих состояний требует внедрения слаженного мультидисциплинарного подхода с привлечением врачей-специалистов (невролога, кардиолога, гинеколога, эндокринолога и др.), психологов и социальных работников для адресного управления каждым из выявленных состояний.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Покровский В.В., Юрин О.Г., Кравченко А.В. и др. ВИЧ-инфекция и СПИД: Национальное руководство. М.: ГЭОТАР-Медиа, 2023. 696 с. [Pokrovsky V.V., Yurin O.G., Kravchenko A.V. et al. HIV infection and AIDS: A national guide. Moscow: Publishing house GEOTAR-Media, 2023. 696 p. (In Russ.).]
2. Беляков Н.А., Рассохин В.В. Коморбидные состояния при ВИЧ-инфекции. Часть 1. Основные проблемы. СПб.: Балтийский медицинский образовательный центр, 2018. 184 с. [Belyakov N.A., Rassokhin V.V. Comorbid conditions in HIV infection. Part 1. The main problems. St. Petersburg: Publishing house Baltic Medical Educational Center, 2018. 184 p. (In Russ.).]
3. Беляков Н.А., Рассохин В.В. Коморбидность при ВИЧ-инфекции: от патогенеза к тактике ведения // *Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы*. 2020. № 2. С. 87–94. [Belyakov N.A., Rassokhin V.V. Comorbidity in HIV infection: from pathogenesis to management tactics. *Epidemiology and infectious diseases. Current issues*, 2020, No. 2, pp. 87–94 (In Russ.).]
4. Клинические рекомендации «ВИЧ-инфекция у взрослых». М.: Министерство здравоохранения Российской Федерации; 2024. [Clinical recommendations «HIV infection in adults». Moscow: Ministry of Health of the Russian Federation; 2024 (In Russ.). URL: https://apicr.minzdrav.gov.ru/api.ashx?op=GetClinrecPdf&id=79_1.
5. Global AIDS Update 2024. Geneva: UNAIDS, 2024. [Электронный ресурс]. URL: <https://crossroads.unaids.org>.

**МЕЛКИЕ МЛЕКОПИТАЮЩИЕ СЕВЕРО-ЗАПАДА РОССИИ КАК
РЕЗЕРВУАРЫ ВОЗБУДИТЕЛЯ ЛЕПТОСПИРОЗА: РЕЗУЛЬТАТЫ
ЭПИЗООТОЛОГИЧЕСКОГО МОНИТОРИНГА**

© Е. Г. Рябико, Р. Р. Баимова, И. А. Кармоков, Д. И. Гречишкина,
И. С. Лызенко

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии
и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

**SMALL MAMMALS OF NORTHWEST RUSSIA AS RESERVOIRS OF THE
LEPTOSPIROSIS AGENT: RESULTS OF EPIZOOTOLOGICAL MONITORING**

© E. G. Riabiko, R. R. Baimova, I. A. Karmokov, D. I. Grechishkina,
I. S. Lyzenko

St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Лептоспироз остается опасной природно-очаговой инфекцией. Основным резервуаром возбудителя — дикие мелкие млекопитающие [1]. В последние годы возрастает внимание к рукокрылым как потенциальному резервуару лептоспир [2, 3].

Цель: оценить зараженность мелких млекопитающих (грызунов, насекомоядных и рукокрылых) Северо-Западного федерального округа (СЗФО) патогенными лептоспирами.

Материалы и методы. В период с 2023 по 2025 г. было исследовано 88 образцов мочи от рукокрылых, отловленных в Ленинградской области (Танечкина и Саблинские пещеры). Видовой состав: *Myotis daubentonii*, *M. dasycneme*, *M. nattereri*, *M. brandtii*, *Plecotus auritus*, *Eptesicus nilssonii*. Отлов и неинвазивный сбор мочи проводили без причинения вреда животным с последующим их выпуском в природу. Также исследованы органы (почки и/или селезенки) от 773 грызунов и насекомоядных, отловленных давилками Геро в Архангельской, Ленинградской, Псковской областях, Республике Карелия и Санкт-Петербурге. Основные виды: *Myodes glareolus*, *Apodemus flavicollis*, *Apodemus uralensis*, *Apodemus agrarius*, *Sorex araneus*, *Mus musculus* и др. Детекцию ДНК патогенных лептоспир осуществляли методом ПЦР в реальном времени с применением тест-системы «АмплиСенс® Leptospira-FL» в соответствии с инструкцией производителя. Статистическую обработку данных проводили с расчетом доли положительных находок и ее ошибки.

Результаты. Генетические маркеры патогенных лептоспир были обнаружены в 10 образцах мочи рукокрылых ($11,4 \pm 3,4\%$), максимальная зараженность была выявлена у *M. daubentonii* — $21,4 \pm 7,8\%$ (6/28) в Танечкиной пещере и $33,3 \pm 27,2\%$ (1/3) в Саблинских пещерах. Положительные пробы также выявлены у *M. dasycneme* ($10,0 \pm 6,7\%$, 2/20) и *M. nattereri* ($6,3 \pm 6,1\%$, 1/16).

Среди грызунов и насекомоядных ДНК лептоспир была выявлена в органах 19 особей ($2,5 \pm 0,6\%$). Наибольшая частота инфицирования была отмечена в Санкт-Петербурге ($3,2 \pm 1,3\%$) и Республике Карелия ($3,0 \pm 2,9\%$). В Псковской и Ленинградской областях доля положительных образцов составила $2,8 \pm 0,9\%$ и $1,9 \pm 1,1\%$ соответственно. В органах грызунов и насекомоядных из Архангельской области генетический материал патогенных лептоспир не обнаружен. Анализ зараженности по видам млекопитающих показал, что наибольший процент инфицирования был у *Mus musculus* — $10,5 \pm 7,0\%$ (2/19), а также у *Apodemus agrarius* — $4,7 \pm 2,3\%$ (4/85) и *Apodemus flavicollis* — $3,5 \pm 1,5\%$ (5/143). У доминирующего в отловах вида — *Myodes glareolus* — зараженность составила $2,1 \pm 0,8\%$ (7/334).

Заключение. Установлена циркуляция патогенных лептоспир в популяциях мелких млекопитающих СЗФО. Подтверждена роль грызунов как основных резервуаров лептоспир и выявлена значительная инфицированность рукокрылых. Результаты свидетельствуют о необходимости включения рукокрылых в систему эпизоотологического мониторинга лептоспироза в СЗФО.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Транквилевский Д.В., Киселева Е.Ю., Корзун В.М. и др. Эпизоотолого-эпидемиологическая ситуация по лептоспирозам в Российской Федерации в период с 2013 по 2022 г. и прогноз на 2023 г. // *Проблемы особо опасных инфекций*. 2023. № 3. С. 43–50. [Trankvilevsky D.V., Kiseleva E.Yu., Korzun V.M., Breneva N.V., Verzhutskaya Yu.A., Zarva I.D., Skudareva O.N., Balakhonov S.V. Epizootiological and Epidemiological Situation on Leptospirosis in the Russian Federation over the Period of 2013–2022 and the Forecast for 2023. *Problems of Particularly Dangerous Infections*, 2023, No. 3, pp. 43–50 (In Russ.)]. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2023-3-43-50>.
2. Dietrich M., Mühlendorfer K., Tortosa P., Markotter W. Leptospira and Bats: Story of an Emerging Friendship // *PLoS Pathogens*. 2015. Vol. 11, No. 11. P. e1005176. doi: 10.1371/journal.ppat.1005176.
3. Viskontene A.L., Radyuk E.V., Shapkin O.A. et al. In search of pathogenic Leptospira species in Myotis and other vesper bats, Russia // *Acta Tropica*. 2025. Vol. 262. P. 107506. doi: <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2024.107506>.

УДК 579.842.14:579.25

ПАНГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ *SALMONELLA* TYPHIMURIUM, ВЫДЕЛЕННЫХ В САНКТ-ПЕТЕРБУРГЕ

© А. Т. Саитова, С. Х. Жамборова

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

PANGENOMIC ANALYSIS OF *SALMONELLA* TYPHIMURIUM ISOLATED IN ST. PETERSBURG

© A. T. Saitova¹, S. Kh. Zhamborova

St. Petersburg Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia

Цель исследования: провести сравнительный пангеномный анализ и охарактеризовать структуру детерминант антимикробной резистентности у штаммов *Salmonella* Typhimurium для выявления специфических паттернов генетического разнообразия и профилей устойчивости.

Материалы и методы. В работе проанализированы 603 штамма *Salmonella* Typhimurium (102 изолята, выделенных в Санкт-Петербурге, и 501 геном из NCBI). Подготовку библиотек для секвенирования выполняли с использованием набора NadPrep EZ DNA Library preparation Module v2 (Nanodigmbio, Китай). Полногеномное секвенирование проводили на платформе DNBSEQ-G50 (MGI). Контроль качества прочтений и сборку *de novo* осуществляли с помощью программного обеспечения Trim Galore! и SPAdes (v.4.0.0) [1] соответственно. Определение сиквенса-типов и сероваров проводили с помощью инструментов SeqSero2 и MLST 2.0. Детекцию генов антибиотикорезистентности производили с помощью AMRFinderPlus [2]. Пангеномный анализ выполняли с использованием Roary.

Результаты. Пангеномный анализ выявил открытый пангеном, насчитывающий 19 522 гена. Консервативное ядро (core genome, присутствующее как минимум в 95% изолятов) включало 3953 гена (20,2% от общего числа), что свидетельствует о высокой геномной пластичности вида. В состав добавочного генома (cloud genes, встречающихся менее чем в 15% геномов) вошли 14 334 гена, что указывает на наличие обширного мобильного генного пула. Популяционно-генетический анализ выявил четкую кластеризацию по вариантам серовара и ассоциацию с определенными сиквенса-типами: доминирование ST19 в кластере вариантов Typhimurium/Typhimurium var. Copenhagen и ST34 — в кластере I 4,[5],12:i:-/I 4,[5],12:i:- var. Copenhagen. Анализ выявил высокую распространенность генов устойчивости к аминогликозидам (*aadA*, *aph*), β-лактамам (*blaTEM-1*), тетрациклинам (*tet*), сульфонидами (*sul*) и фениколам (*floR*) в изученной коллекции штаммов. Критически важные с клинической точки зрения гены резистентности, такие как карбапенемазы (*blaNDM*, *blaVIM*), мобильные гены устойчивости к колистину (*mcr*) и детерминанты устойчивости к фторхинолонам (*qnr*), были идентифицированы как редкие, эпизодические события, свидетельствующие о единичных случаях горизонтального переноса генов. Качественный анализ выявил серовар-ассоциированные паттерны антибиотикорезистентности. Наибольшее разнообразие профилей резистентности демонстрировали штаммы серовара Typhimurium.

Заключение. Полученные результаты подчеркивают необходимость молекулярного эпидемиологического надзора за распространением *Salmonella* Typhimurium

и внедрения современных методов геномного анализа в практику лабораторного мониторинга возбудителей кишечных инфекций.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Bankevich A. et al. SPAdes: A New Genome Assembly Algorithm and Its Applications to Single-Cell Sequencing // *J. Comput. Biol.* 2012. Vol. 19, No. 5. P. 455–477.
2. Feldgarden M. et al. AMRFinderPlus and the Reference Gene Catalog facilitate examination of the genomic links among antimicrobial resistance, stress response, and virulence // *Sci. Rep.* 2021. Vol. 11, No. 1. P. 12728.

УДК 616.981.21/.958.7

СОЦИАЛЬНО-ДЕМОГРАФИЧЕСКИЕ ПАРАЛЛЕЛИ И КЛИНИЧЕСКИЕ ВЗАИМОСВЯЗИ У ПАЦИЕНТОВ С ВИЧ-ИНФЕКЦИЕЙ НА ПОЗДНИХ СТАДИЯХ ЗАБОЛЕВАНИЯ

© З. А. Халухоева, Л. А. Фаворская

Первый Санкт-Петербургский государственный медицинский университет
им. акад. И. П. Павлова, Санкт-Петербург, Россия

SOCIO-DEMOGRAPHIC PARALLELS AND CLINICAL INTERRELATIONS IN PATIENTS WITH HIV INFECTION AT LATE STAGES OF THE DISEASE

© Z. A. Khalukhоеva, L. A. Favorskaya

Pavlov First St. Petersburg State Medical University, St. Petersburg, Russia

Цель: провести сравнительный анализ клинических, лабораторных и социальных параметров пациентов с ВИЧ-инфекцией 4В стадии, включая оценку распространенности вторичных заболеваний, структуру иммунного статуса на динамику заболевания.

Материалы и методы. Проведен анализ 100 стационарных карт истории болезни пациентов, выявленных в СПб ГБУЗ «Клиническая инфекционная больница им. С. П. Боткина» (КИБ им. С. П. Боткина) в 4В стадии ВИЧ-инфекции в период 13.01.2025–20.06.2025 гг., выполнена оценка клинических и лабораторных данных пациентов.

Результаты и их обсуждение. В исследование включены 100 мужчин, которые в период с 13.01.2025 г. по 20.06.2025 г. с диагнозом «ВИЧ-инфекция, 4В стадия» состояли на диспансерном учете и получали АРТ в КИБ им. С. П. Боткина. Средний возраст пациентов, включенных в исследуемую группу, составляет $44 \pm 9,4$ года, что отражает довольно узкий интервал вокруг центральной тенденции и указывает на гомогенность возрастного состава данной выборки. Такой возраст характеризует пациентов преимущественно в трудоспособном возрасте, что имеет большое значение

для оценки клинических исходов и оценки социальных последствий заболевания. Постоянное место работы имели 41 (41%) мужчин. Среди пациентов 34 человека (34%) проживали одни, в то время как 61 (61%) жил с семьей. 54 пациента имели постоянного полового партнера: 12 (22%) из них состояли в парах, где оба партнера были ВИЧ-позитивными, 36 (67%) — в дискордантных парах, и у 6 (11%) пациентов статус партнера оставался неизвестным. У 39 пациентов (39%) есть дети.

Образовательный уровень пациентов варьировался: 16 человек (16%) имели основное общее образование (5–9 классов средней школы), 4 человека (4%) — среднее общее образование (10–11 классов средней школы), 52 человека (52%) обладали средним профессиональным образованием, 21 человек (21%) имел высшее образование, а у 7 человек (7%) отсутствовали данные об образовании. Значительное число пациентов 50 (50%) отмечали злоупотребление алкоголем, у 51 (51%) пациентов — потребление инъекционных наркотиков в анамнезе (32 (32%) из них активно употребляют на момент анализа). Что касается места проживания, то 83 мужчины (83%) жили в квартирах или домах, 11 мужчин (11%) — в общежитиях или коммунальных квартирах, 4 мужчин (4%) были без определенного места жительства (БОМЖ), и 2 мужчин (2%) находились в реабилитационном центре, больнице или приюте. Преобладающим путем инфицирования был парентеральный — 59 пациентов, половым путем заразились 39 пациентов (включая 3 МСМ); путь неизвестен у 2 пациентов. Из 100 пациентов в стадии 4В, в фазе прогрессирования находились 60 мужчин (60%), из них: на фоне отсутствия АРВТ — 23 человека (39%), на фоне прерывания АРВТ — 25 человек (42%), на фоне АРВТ — 7 человек (11%), на фоне нерегулярного приема АРВТ — 5 человек (8%). В фазе ремиссии на фоне АРТ находились 40 мужчин (40%). Из вторичных и оппортунистических заболеваний (ОЗ) преобладали: пневмоцистная пневмония — 21 мужчин, кандидоз пищевода — 16 мужчин, туберкулез легких — 13 мужчин, также были выявлены другие ОЗ (ВИЧ-энцефалопатия — 6 мужчин, ЦМВ-инфекция, ретиниты — 8 мужчин, онкологические заболевания — 9 мужчин, прогрессирующая мультифокальная лейкоэнцефалопатия (ПМЛ) — 6 мужчин, генерализованный туберкулез — 6 мужчин, церебральный токсоплазмоз — 3 мужчин, рецидивирующая HSV-инфекция — 2 мужчин, внелегочный криптококкоз — 3 мужчин, аспергиллез легких — 2 мужчин, микобактериоз — 1 мужчина. Медиана количества CD4-лимфоцитов составила $164,13 \pm 86,5$ кл/мкл. ВН ВИЧ ниже уровня определения тест-систем (<50 коп/мл) у 20 пациентов. У 15 (15%) мужчин ВИЧ-инфекция была выявлена до 2000 года, у 28 (28%) мужчин в период 2001–2010 гг., у 30 (30%) мужчин в 2011–2020 гг., у 27 (27%) мужчин после 2021 года. 28 (28%) пациентов начали прием АРТ в год постановки диагноза, у 25 (25%) пациентов старт лечения пришелся на период от 1 до 5 лет после постановки диагноза, у 17 (17%) пациентов — спустя 6–10 лет, более 10 лет — 22 (22%) пациента. 1 пациент 1% — нет данных о старте АРТ. 7 (7%)

мужчин не начали АРТ в период госпитализации, из которых: 2 (27%) — умерли в период госпитализации, 4 (55%) выписаны без АРТ для начала амбулаторно в ЦС, один (18%) пациент отказался от АРТ по личным причинам. В условиях мест лишения свободы (МЛС) находились 36 (36%) мужчин, из них 13 (35%) мужчин получили АРТ в МЛС, в то время как 23 (65%) не имели доступа к АРТ.

Заключение. Поздняя диагностика ВИЧ-инфекции и нерегулярный прием АРТ, особенно среди лиц из мест лишения свободы и злоупотребляющих психоактивными веществами, являются важными факторами прогрессирования заболевания до поздних стадий. Полученные данные подчеркивают необходимость усиления мер по своевременному выявлению ВИЧ-инфекции, обеспечению доступа к АРТ и повышению приверженности к лечению, особенно среди уязвимых групп населения.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Покровский В.В., Юрин О.Г., Кравченко А.В. и др. ВИЧ-инфекция и СПИД: Национальное руководство. М.: ГЭОТАР-Медиа, 2023. 696 с. [Pokrovsky V.V., Yurin O.G., Kravchenko A.V. et al. HIV infection and AIDS: A national guide. Moscow: Publishing house GEOTAR-Media, 2023. 696 p. (In Russ.)].
2. Беляков Н.А., Рассохин В.В. Коморбидные состояния при ВИЧ-инфекции. Часть 1. Основные проблемы. СПб.: Балтийский медицинский образовательный центр, 2018. 184 с. [Belyakov N.A., Rassokhin V.V. Comorbid conditions in HIV infection. Part 1. The main problems. St. Petersburg: Publishing house Baltic Medical Educational Center, 2018. 184 p. (In Russ.)].
3. Беляков Н.А., Рассохин В.В. Коморбидность при ВИЧ-инфекции: от патогенеза к тактике ведения // *Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы*. 2020. № 2. С. 87–94. [Belyakov N.A., Rassokhin V.V. Comorbidity in HIV infection: from pathogenesis to management tactics. *Epidemiology and infectious diseases. Current issues*. 2020, No. 2, pp. 87–94 (In Russ.)].
4. Клинические рекомендации «ВИЧ-инфекция у взрослых». М.: Министерство здравоохранения Российской Федерации, 2024. [Clinical recommendations «HIV infection in adults». Moscow: Ministry of Health of the Russian Federation, 2024 (In Russ.)]. URL: https://apicr.minzdrav.gov.ru/api.ashx?op=GetClinrecPdf&id=79_1.
5. Global AIDS Update 2024. Geneva: UNAIDS, 2024. [Электронный ресурс]. URL: <https://crossroads.unaids.org>.

УДК 616.981.21/.958.7:615.036

ЭФФЕКТИВНОСТЬ АНТИРЕТРОВИРУСНОЙ ТЕРАПИИ У ЖЕНЩИН И МУЖЧИН С ВИЧ-ИНФЕКЦИЕЙ

© З. А. Халухова, Л. А. Фаворская

Первый Санкт-Петербургский государственный медицинский университет
им. акад. И. П. Павлова, Санкт-Петербург, Россия

EFFECTIVENESS OF ANTIRETROVIRAL THERAPY IN WOMEN AND MEN WITH HIV INFECTION

© Z. A. Khalukhoeva, L. A. Favorskaya

Pavlov First St. Petersburg State Medical University, St. Petersburg, Russia

Цель: сопоставить клинические, социально-демографические и психологических особенности с эффективностью антиретровирусной терапии (АРТ) и тяжестью течения ВИЧ-инфекции у женщин и мужчин.

Материалы и методы. В исследование включены 80 (22 женщины и 58 мужчин) пациентов с диагнозом «ВИЧ-инфекция, стадия 4А–4В», инфицированных ВИЧ в период 2010–2025 гг., получавших лечение в Клинической инфекционной больнице им. С. П. Боткина (КИБ) в период с 01.2024 г. по 06.2025 г. Средний возраст пациентов составил 43,8 года. Мужчины и женщины, включенные в исследование, были сопоставимы по возрасту, длительности ВИЧ-инфекции, основным клинико-лабораторным характеристикам. Изучены социальный статус, опыт употребления психоактивных веществ и алкоголя, путь инфицирования, количество CD4-лимфоцитов и РНК ВИЧ в крови, оппортунистические заболевания (ОЗ), количество схем и эпизоды прерывания АРТ в анамнезе.

Результаты. Среди женщин 82% проживали в семье, у 91% есть дети, 50% женщин имели постоянное место работы, все отрицали факт пребывания в местах лишения свободы. Опыт употребления инъекционных наркотиков был только у 1 пациентки, доля пациенток, злоупотребляющих алкоголем, составила 14%. В группе мужчин 52% имели семью, у 29% есть дети, у 36% — постоянная работа, злоупотребление алкоголем отмечено у 62%, потребление инъекционных наркотиков в анамнезе — у 45%, 22% — активно употребляют в настоящее время. В местах лишения свободы находились 41% мужчин ($p < 0,05$). Среди женщин преобладал половой путь инфицирования (86%), среди мужчин его доля составила 55% (в том числе 9% гомосексуальный) ($p < 0,05$). Среднее количество CD4-лимфоцитов в крови у женщин и мужчин составило 438 кл/мкл и 172 кл/мкл соответственно ($p < 0,05$), неопределяемый уровень ВН ВИЧ (количество РНК ВИЧ < 40 коп/мл) отмечался у 18% женщин и 10% мужчин (у 23% мужчин отсутствовали данные о ВН ВИЧ в крови). Прерывания АРТ в анамнезе среди женщин отмечались в 41% случаев, количество схем АРТ варьировалось от 1 (18%), 2 (27%), до ≥ 3 (55%). Мужчины прерывали АРТ в 47% случаев, количество схем АРТ в анамнезе: 1 — 83%, 2 — 12%, ≥ 3 — 5%. У 78% женщин на момент исследования выявлено 1 ОЗ (ВИЧ-энцефалопатия), у 22% — ≥ 2 (в том числе церебральный токсоплазмоз, затяжное течение HSV-инфекции, пневмоцистная пневмония (ПЦП)). Среди мужчин 1 ОЗ диагностировано у 66%, ≥ 2 ОЗ — у 34% пациентов (в том числе кахексия, ПЦП, ВИЧ-энцефалопатия, кандидоз пищевода, ПМЛ, церебральный токсоплазмоз, ЦМВ-инфекция, аспергиллез легких). Среди мужчин зафиксировано 8 случаев смерти от ОЗ.

Заключение. Таким образом, эффективность АРТ у женщин, оцененная по количеству CD4-лимфоцитов и РНК ВИЧ в крови, тяжести течения ВИЧ-инфекции и ОЗ, выше, чему может способствовать более высокий уровень приверженности к терапии, социально-демографические факторы (стабильное семейное положение, наличие детей и постоянная занятость у большинства женщин). Частое развитие ОЗ (78% женщин имели хотя бы одно заболевание), прерывания АРТ подчеркивают необходимость оптимизации диспансерного наблюдения на амбулаторном этапе. Группа ВИЧ-инфицированных мужчин отличалась более тяжелым течением ВИЧ-инфекции и ОЗ на фоне прерывания АРТ и меньшей вариативности схем терапии, что вызвано низкой приверженностью к терапии, возможными ограничениями в доступе к лечению (высокий уровень пребывания в местах лишения свободы, злоупотребления алкоголем и наркотиками). Необходимо раннее начало и поддержание приверженности к АРТ, осуществление социально-психологической поддержки и мер, направленных на прерывание употребления психоактивных веществ и алкоголя.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Покровский В.В., Юрин О.Г., Кравченко А.В. и др. ВИЧ-инфекция и СПИД: Национальное руководство. М.: ГЭОТАР-Медиа, 2023. 696 с. [Pokrovsky V.V., Yurin O.G., Kravchenko A.V. et al. HIV infection and AIDS: A national guide. Moscow: Publishing house GEOTAR-Media, 2023. 696 p. (In Russ.)].
2. Беляков Н.А., Рассохин В.В. Коморбидные состояния при ВИЧ-инфекции. Часть 1. Основные проблемы. СПб.: Балтийский медицинский образовательный центр, 2018. 184 с. [Belyakov N.A., Rassokhin V.V. Comorbid conditions in HIV infection. Part 1. The main problems. St. Petersburg: Publishing house Baltic Medical Educational Center, 2018. 184 p. (In Russ.)].
3. Беляков Н.А., Рассохин В.В. Коморбидность при ВИЧ-инфекции: от патогенеза к тактике ведения // *Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы*. 2020. № 2. С. 87–94. [Belyakov N.A., Rassokhin V.V. Comorbidity in HIV infection: from pathogenesis to management tactics. *Epidemiology and infectious diseases. Current issues*, 2020, No. 2, pp. 87–94 (In Russ.)].
4. Клинические рекомендации «ВИЧ-инфекция у взрослых». М.: Министерство здравоохранения Российской Федерации, 2024 [Clinical recommendations «HIV infection in adults». Moscow: Ministry of Health of the Russian Federation, 2024 (In Russ.)]. URL: https://apicr.minzdrav.gov.ru/api.ashx?op=GetClinrecPdf&id=79_1.
5. Global AIDS Update 2024. Geneva: UNAIDS, 2024. [Электронный ресурс]. URL: <https://crossroads.unaids.org>.

УДК 616.921.8

ЭПИДЕМИЧЕСКАЯ АКТИВАЦИЯ КОКЛЮША У РАЗНЫХ ВОЗРАСТНЫХ ГРУПП НАСЕЛЕНИЯ САНКТ-ПЕТЕРБУРГА

© М. Л. Эркинов, А. В. Абасния, Л. К. Церцвадзе, Г. К. Церцвадзе
 Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет, Санкт-Петербург, Россия

EPIDEMIC REACTIVATION OF WHOOPING COUGH IN DIFFERENT AGE GROUPS OF THE POPULATION OF ST. PETERSBURG

© M. L. Erkinov, A. V. Abasnia, L. K. Tsertsvadze, G. K. Tsertsvadze

St. Petersburg State Pediatric Medical University, St. Petersburg, Russia

Актуальность. Всемирная организация здравоохранения (ВОЗ) признает коклюш серьезной угрозой для здорового населения. За 2023–2024 гг. наблюдается активация коклюшной инфекции среди разных возрастных групп в Санкт-Петербурге [1–4].

Цель исследования: охарактеризовать эпидемический процесс коклюша у разных возрастных групп населения в Санкт-Петербурге за 2023–2024 гг.

Материалы и методы. Ретроспективно проанализировано 16 историй болезни пациентов с диагнозом «коклюш», госпитализированных в СПб ГБУЗ «КИБ им С. П. Боткина» в сезон 2023–2024 гг. Анализ данных проведен ретроспективно и включал в себя демографические сведения (пол и возраст) пациентов, а также оценку вакцинального статуса. Диагноз «коклюш» устанавливался с помощью ИФА у 50%, ПЦР у 31,25% (n=5) и у трех пациентов на основании клинико-эпидемиологических данных. У некоторых больных были выявлены микст-инфекции — коклюш + грипп, коклюш + COVID-19, коклюш + РС инфекция. Для статистической обработки данных использовались «MS Office Excel 2010» и методы описательной статистики.

Результаты. Результаты показали, что у 1/3 больных заражение произошло в результате контакта с больным ребенком, в остальных случаях источник инфекции установить не удалось. Возраст колебался от 13 до 51 года: 15–17 лет — 25%, ≥18 лет — 75%, при этом 75% взрослых пациентов не получали вакцинацию против коклюша. Среди пациентов преобладали женщины (87,5%, n=14), в том числе 2 беременные на сроках 36 и 28 недель. Госпитализация больных происходила на ранних стадиях заболевания (2–4-й день болезни). Доля работающих составила 37,5% (n=6), студентов — 6,25% (n=1), школьников — 25% (n=4), неработающих — 31,25% (n=5). В 2023 г. заболеваемость чаще всего регистрировалась зимой (43,75%, n=7), в 2024 г. весной и летом (31,25%, n=5).

Заключение. Таким образом, активация эпидемиологического процесса коклюша в Санкт-Петербурге в 2023 г. произошла в зимнее время года, а в 2024 г. — весенне-летнем сезоне. Важным фактором риска оказалась низкая иммунизация взрослого населения.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Неверов В.А., Кирпичникова Г.И., Антонов В.М. и др. Все еще «недоуправляемая» инфекция — коклюш // *Российский семейный врач*. 2024. Т. 28, № 3. С. 5–15. [Neverov V.A., Kirpichnikova G.I., Antonov V.M. et al. Still an «unmanageable» infection — whooping cough. *The Russian family doctor*, 2024, Vol. 28, No. 3, pp. 5–15 (In Russ.).]

2. Басов А.А., Высочанская С.О., Цвиркун О.В. и др. Критерии оценки эпидемиологической ситуации по коклюшу в Российской Федерации // *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2024. Т. 23, № 1. С. 4–13 [Basov A.A., Vysochanskaya S.O., Tsvirkun O.V. et al. Criteria for assessing the epidemiological situation of whooping cough in the Russian Federation. *Epidemiology and Vaccine prevention*, 2024, Vol. 23, No. 1, pp. 4–13 (In Russ.)].
3. Маслянинова А.Е., Ахмедова Н.Ю., Куликов С.В. и др. Клинико-эпидемиологические аспекты коклюша у детей // *Международный научно-исследовательский журнал*. 2024. № 7. С. 145. [Maslyaninova A.E., Akhmedova N.Yu., Kulikov S.V. et al. Clinical and epidemiological aspects of whooping cough in children. *International Scientific Research Journal*, 2024, No. 7, pp. 145 (In Russ.)].
4. Богвилене Я.А., Мартынова Г.П., Евреимова С.В. и др. Коклюш у детей: клинико-эпидемиологические особенности, возможности вакцинопрофилактики на современном этапе // *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2021. Т. 20, № 6. С. 56–62. [Bogvilene Ya.A., Martynova G.P., Evreimova S.V. et al. Whooping cough in children: clinical and epidemiological features, possibilities of vaccination prevention at the present stage. *Epidemiology and Vaccine prevention*, 2021, Vol. 20, No. 6, pp. 56–62 (In Russ.)].

**СБОРНИК МАТЕРИАЛОВ КОНФЕРЕНЦИИ МОЛОДЫХ УЧЕНЫХ
И СПЕЦИАЛИСТОВ «НОВОСТИ ИНФЕКТОЛОГИИ, МИКРОБИОЛОГИИ
И БИОТЕХНОЛОГИИ-2025»**