

Молекулярно-генетическая характеристика циркулирующих линий SARS-CoV-2 в Москве

Кустова Дарья Дмитриевна

Студент (магистр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра вирусологии, Москва, Россия

E-mail: kustovad70@gmail.com

Вирус SARS-CoV-2, обнаруженный в Китае в конце 2019 года, быстро распространился по миру и стал причиной пандемии COVID-19. По состоянию на 16 февраля 2023 года в мире насчитывается более 673 миллионов подтвержденных случаев заболевания COVID-19 и более 6,8 миллиона смертей [2]. Наблюдаемая постоянная эволюция вируса и соответствующая смена доминирующих вариантов оказывают непосредственное влияние на эффективность терапевтических и профилактических препаратов. В связи с этим проведение молекулярно-генетического мониторинга вариантов SARS-CoV-2 становится важным подходом для контроля пандемии COVID-19.

Данная работа представляет собой результаты мониторинга, проводимого в городе Москва с начала пандемии по настоящее время. В рамках исследования было получено более тысячи последовательностей генома SARS-CoV-2. К полученным данным была добавлена информация о генетическом разнообразии вируса из международной базы GISAID. Таким образом, интегрированная база данных включала информацию о 25 тысячах образцов.

В результате проведенного анализа было выделено шесть периодов роста заболеваемости, связанных с появлением и дальнейшей эволюцией вариантов Ухань (B.1.X+B.1.1.X), Дельта и Омикрон. Также была отмечена циркуляция варианта Альфа и эндемичных для Москвы линий (B.1.1.523, B.1.1.317 и B.1.1.141), которые не получили дальнейшего распространения ввиду интродукции варианта Дельта. Считается, что одним из факторов, обуславливающих контагиозность и оказывающих влияние, в частности, на вирусную нагрузку и тяжесть протекания заболевания, являются мутации. Для проверки этого предположения была проведена оценка вирусной нагрузки (эквивалент - пороговый цикл ПЦР) в назофарингеальных мазках госпитализированных пациентов с COVID-19. Так, медианное значение порогового цикла для варианта Дельта составило 23.85 и статистически достоверно отличалось от Ухань (31.55) и Омикрон (29.62) (p -value < 0.0001). Полученный результат свидетельствует при прочих равных условиях на более высокое выделение вируса варианта Дельта от инфицированных людей, что оказывает непосредственное влияние на его контагиозность. В период доминирования варианта Дельта вирусная нагрузка была статистически достоверно меньше у вакцинированных препаратами Спутник V и Спутник Лайт, что косвенно указывает на эффективность вакцинации против варианта Дельта. С интродукцией вариантов Омикрон статистически значимых различий в вирусной нагрузке между группами вакцинированных и “иммунонаивных” не было обнаружено [1].

Источники и литература

- 1) Gushchin V.A. Dynamics of SARS-CoV-2 Major Genetic Lineages in Moscow in the Context of Vaccine Prophylaxis / Gushchin V.A., Pochtovyi A.A., Kustova D.D. [и др.] // Int. J. Mol. Sci. 2022. № 23. С. 14670. DOI 10.3390/ijms232314670
- 2) Center for Systems Science and Engineering (CSSE) at Johns Hopkins University: <http://coronavirus.jhu.edu/map.html>