

**Филогенетический анализ популяции SARS-CoV-2, циркулировавшей в
Москве в 2022-2023 гг.**

Научный руководитель – Козловская Любовь Игоревна

Сиразова Дина Ильгамовна

Студент (магистр)

Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова,
Москва, Россия

E-mail: dinasirzva@gmail.com

SARS-CoV-2, или Коронавирус тяжелого острого респираторного синдрома 2 (SARS-CoV-2), является РНК-содержащим вирусом, принадлежащим к семейству *Coronaviridae* рода *Betacoronavirus*. Вирус вызывает заболевание известное как COVID-19, симптомами которого являются лихорадка, кашель, затрудненное дыхание, утрата обоняния и вкуса, а в тяжелых случаях возможны системные поражения органов. Несмотря на официальное окончание пандемии, заболеваемость COVID-19 продолжается и могут возникать подъёмы заболеваемости из-за высокой мутационной активности вируса. Наиболее подверженным изменениям является шиповидный белок S, который играет важную роль в проникновении вируса в клетку человека через связывание с мембранным рецептором ACE-2 и слияние мембран. Мутации приводят к образованию новых вариантов вируса с разной степенью инфекционности, трансмиссивности и вирулентности.

Целью данного исследования является выявление новых вариантов вируса SARS-CoV-2, циркулирующих на территории города Москвы и их филогенетический анализ, для использования в дальнейшем при оценке иммунитета.

В работу взяли положительные на коронавирусную инфекцию образцы мазков из носоглотки пациентов, полученные из больниц г. Москвы в период с июля 2022 по октябрь 2023 года. Вирус изолировали в культуре клеток Vero. Из изолятов, вызывавших ЦПД, выделяли РНК вируса и проводили ОТ-ПЦР с амплификацией участков белка S с праймерами библиотеки ARTIC v3. Продукты амплификации очищали, и определение нуклеотидных последовательностей проводили методом секвенирования по Сэнгеру.

Всего было исследовано 550 образцов, из них выделили 49 изолятов SARS-CoV-2 и проанализировали. Результаты показали, что в 2023 году продолжалась циркуляция варианта Омикрон и наблюдалась смена циркулирующих подвариантов BA.4/BA.5, XBB.1.1 и XBB.1.5/XBB.1.9.

Таким образом, был проведен филогенетический анализ изолятов вируса SARS-CoV-2 и выявлены новые циркулирующие варианты, которые в дальнейшем будут использованы для определения особенностей иммунного ответа и совершенствования вакцин.