

дительного секвенирования на платформе Ion S5 (Thermo Scientific, США) с целью типирования гена, кодирующего 16S рРНК. Полученные нуклеотидные последовательности сравнивали относительно референс-штаммов, представленных в международной базе данных GeneBank NCBI.

В результате работы в одной пробе клещей, представленных видом *Hyalomma scupense*, собранных в Саратовской области (4,8% от общего количества), в восьми (88,9%) (все *Hyalomma asiaticum*) из Астраханской и в четырех (100%) из Гвинейской Республики (*Rhipicephalus geigy*, *Amblyomma variegatum*, *Rhipicephalus sanguineus*, *Hyalomma truncatum*, соответственно) выявлены генетические маркеры (ДНК и 16S рРНК) возбудителя лихорадки Ку.

Анализ результатов секвенирования установил, что нуклеотидные последовательности гена, кодирующего 16S рРНК, изученных образцов на 99,9% совпадают с референс-штаммами *C. burnetii*. Из этого следует, что в клещах отсутствуют *Soxiella*-подобные микроорганизмы. Часть полученных уникальных генетических последовательностей были депонированы в международной базе данных GeneBank NCBI в установленном порядке.

Осложненное течение COVID-19 у пациентки с сахарным диабетом II типа

Хань А.В., Паньков А.С.

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Оренбургский государственный медицинский университет», Оренбург, Российская Федерация

Основным осложнением у госпитализированных больных с COVID-19, определяющим тяжесть заболевания и летальные исходы является внебольничная пневмония. Пациенты с коморбидной патологией остаются самой уязвимой группой, у которой риск развития неблагоприятных исходов наиболее высок.

Клинический пример. Женщина Б., 82 года с отягощенным соматическим анамнезом (сахарный диабет второго типа, ожирение 1 степени) поступила с жалобами на повышение температуры тела, выраженную общую слабость, малопродуктивный кашель, одышку при физической нагрузке.

Объективно: Температура тела 37,1°C. Кожный покров бледноватый. Задняя стенка глотки умеренно гиперемирована. Носовое дыхание свободное, периодический малопродуктивный кашель. ЧДД – 22 в минуту, сатурация на кислородотерапии через лицевую маску потоком 7 л/мин 97%, на атмосферном воздухе снижается до 89%. В легких дыхание диффузно ослаблено по всем легочным полям, мелкопузырчатые хрипы в нижних отделах справа. Тоны сердца приглушены, ритмичные, ЧСС 82 в минуту. АД 132/84 мм.рт.ст.

При дообследовании: на КТ ОГК на фоне уплотнения паренхимы по типу матового стекла (КТ 2–35%) полисегментарные очаги инфильтрации в нижней доле справа –

вирусно-бактериальная пневмония. ПЦР мазка из носоглотки на PHK SARS-CoV-2 – положительный. В ОАК: лейкоциты 14,3х10⁹/л, СОЭ 89 мм/ч. В БАК: ЛДГ 530 Е/л, глюкоза 11,8 ммоль/л, СРБ 65 мг/л, Д-димер 439 нг/мл, прокальцитонин 0,54 нг/мл. При бактериологическом исследовании мокроты были выделены *S. pneumoniae*, чувствительные к левофлоксацину.

Назначения: поточная кислородотерапия через лицевую маску; ремдесивир по схеме, левофлоксацин 1000 мг, дезинтоксикационная, симптоматическая и антикоагулянтная терапия, базис-болюсная инсулинотерапия.

Динамика: в течение недели купировались признаки дыхательной недостаточности, в ОАК: лейкоциты 8,1х10⁹/л, в БАК: прокальцитонин 0,16 нг/мл, на КТ ОГК уменьшение объема инфильтрации и уплотнения паренхимы легких.

Выводы: наличие коморбидной патологии у пациента с COVID-19 представляет существенный риск развития осложнений бактериальной природы и требует комплексного подхода, направленного как на стабилизацию коморбидных состояний, так и на оптимальное лечение коронавирусной инфекции.

Современные вопросы заболеваемости и специфической профилактики менингококковой инфекции в Республике Башкортостан

Хасанова Г.М.¹, Мухаметзянов А.М.², Гумерова Р.^{3,2}, Дубровская Д.Н.², Усманова Л.Д.³, Камаева З.Р.³, Хасанова А.Н.⁴

¹Башкирский государственный медицинский университет, Уфа, Россия;

²Республиканская клиническая инфекционная больница, Уфа, Россия;

³Управление Роспотребнадзора по Республике Башкортостан, Уфа, Россия

⁴Городская клиническая больница № 13, Уфа, Россия

Миграция населения увеличивает риск завоза на территорию Республики Башкортостан инфекционных заболеваний, в т.ч. менингококковой инфекции (МКИ). Эпидемический процесс МКИ характеризуется цикличностью течения, чередование временных периодов подъема и спада заболеваемости указывает на возможность начала очередного периодического подъема заболеваемости МКИ.

В 2022 году заболеваемость генерализованными формами менингококковой инфекции (ГФМИ) в Республике Башкортостан составила 0,12 на 100 тыс. населения, что ниже показателя заболеваемости по Российской Федерации в 3,6 раз (0,43 на 100 тыс. населения) и в 1,6 раз ниже показателя заболеваемости по Приволжскому федеральному округу (0,2 на 100 тыс. населения).

За 2022 год в республике зарегистрировано 5 случаев ГФМИ, показатель заболеваемости составил 0,12 на 100

тыс. населения, что выше уровня прошлого года в 2,4 раза (2 сл., показатель – 0,05).

На долю детей в структуре заболевших ГФМИ приходится 60%. Показатель заболеваемости детей выше, чем у взрослых в 5 раз (0,3 против 0,06). Наиболее поражаемые группы среди детей – это дети до 1 года (показатель – 2,5) и 1–2 лет (показатель – 1,2).

В структуре клинических проявлений ГФМИ преобладали смешанные формы менингококцемии и менингита. Лабораторно подтвержден диагноз в 65% случаев. До пандемии в серогрупповом пейзаже преобладали менингококки группы C (56%) и W-135 (16%). За последние два года на территории республики преобладает серогруппа B (80%). Показатель летальности при ГФМИ определен как высокий и составляет в среднем – 9–11%.

В Республике Башкортостан используется вакцина для профилактики менингококковых инфекций серогрупп A, C, Y и W-135. Учитывая смену ведущего серотипа возбудителя на серотип B, против которого данная вакцина не обеспечивает защиту, Министерству здравоохранения Республики Башкортостан рекомендуется рассмотреть вопрос о заявке на закупку нового иммунологического препарата, зарегистрированного в России, который эффективен в отношении *Neisseria meningitidis* серогруппы B. В связи с ожидаемым циклическим периодическим подъемом заболеваемости менингококковой инфекцией, в связи со сменой ведущего серотипа возбудителя, необходимо уже сейчас принять все меры для уменьшения негативных последствий роста заболеваемости.

Использование высокопроизводительного секвенирования в рамках мониторинга за генетической изменчивостью SARS-CoV-2

Хафизов К.Ф.¹, Борисова Н.И.¹, Пимкина Е.В.¹, Надтока М.И.¹, Саенко В.В.², Лысенков В.Г.¹, Роев Г.В.¹, Аглетдинов М.Р.¹, Котов И.А.¹, Акимкин В.Г.¹

¹ФБУН Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия;

²Лаборатория геномных исследований, ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия

Геномная эпидемиология возбудителей вирусных инфекционных заболеваний позволяет отслеживать передачу патогенов на всех уровнях, от локальных вспышек до глобальных эпидемий, тем самым подчеркивая степень необходимости государственного вмешательства. Одним из ключевых компонентов мер реагирования на пандемию COVID-19 стало прочтение геномов патогена и установление связей с соответствующими метаданными. В 2021 году в ЦНИИ эпидемиологии Роспотребнадзора была разработана и создана российская платформа агрегации данных о геномах вирусов VGARus. Все геномные последовательности SARS-CoV-2, полученные в рамках мониторинга коронавирусной инфекции, загру-

жаются в базу VGARus. Это позволило проанализировать динамику и закономерности распространения выявляемых вариантов SARS-CoV-2 в РФ. Был сформирован консорциум, в который вошли институты Роспотребнадзора, а также научные организации других ведомств.

При этом если в начале существования платформы активно применялось как полногеномное, так и таргетное (фрагментарное) секвенирование, то в 2022 году, с активным распространением различных подвариантов Омикрона, стало ясно, что только полногеномное секвенирование способно обнаружить различные версии варианта, включая его рекомбинантные формы. Например, секвенирование части или всей последовательности гена S-белка даже теоретически не дает данных для стратификации версий BA.4/BA.5 или рекомбинантов ХВВ* и сублинии BA.2. В результате большинство лабораторий все чаще применяют полногеномное секвенирование и используют эффективные протоколы подготовки образцов. Тем не менее, мы постоянно обновляем наше программное обеспечение для анализа фрагментов генома на основе анализа комбинаций ключевых мутаций, чтобы максимизировать потенциал таргетного секвенирования, которое все еще применяется рядом лабораторий.

В целом, благодаря внедрению VGARus были достигнуты значительные результаты: время между сбором биоматериала и результатами секвенирования значительно сократилось, многие лаборатории по всей стране загружают геномные данные, анализ выполняется централизованно и единообразно по всем имеющимся данным с возможностью для быстрой загрузки результатов для прогнозирования эпидемиологической ситуации. На конец января 2023 г. накоплено более 228 000 геномных последовательностей SARS-CoV-2, включая более 136 000 полных геномов вируса.

Эпидемиологический анализ показателей заболеваемости злокачественными новообразованиями трахеи, бронхов, легких (С33, С34) у мужчин в Российской Федерации в 2010–2020 гг.

Хвалюк П.О.

ФГАОУ ВО Первый МГМУ им. И.М. Сеченова Минздрава России, Москва, Российская Федерация

Введение. Злокачественные новообразования легких (ЗН) в 2020 г. у мужчин находятся на первом месте в структуре заболеваемости ЗН (14,3% от общего числа ЗН у мужчин) в мире. В РФ ЗН трахеи, бронхов, легких (С33, С34) занимают первое место (16,5% в структуре ЗН у мужчин). Кумулятивный риск заболеть ЗН трахеи, бронхов, легких у мужчин в РФ в 2020 г. составил 5,30%.

Цель. Проанализировать показатели заболеваемости ЗН трахеи, бронхов, легких (С33, С34) у мужчин в РФ в 2010–2020 гг.