Уральский медицинский журнал. 2023;22(5):33–41
Ural Medical Journal. 2023;22(5):33–41

Научная статья
УДК 616.036.22:616.98:578.834
http://doi.org/10.52420/2071-5943-2023-22-5-33-41

Особенности эпидемического процесса при распространении новой коронавирусной инфекции COVID-19 на территории мегаполиса в период 2020–2022 годов

О. М. Оленькова[1]✉, О. П. Ковтун[2], Я. Б. Бейкин[3], Е. А. Кузнецова[4], А. А. Тихомирова[5], Т. С. Черемохина[65]

[1, 3–6] Клинико-диагностический центр, Екатеринбург, Россия
[2] Уральский государственный медицинский университет, Екатеринбург, Россия
✉ dcldvir@mail.ru

Аннотация

Введение. Проведение комплексного эпидемиологического анализа развития пандемии COVID-19 в условиях мегаполиса представляет интерес для специалистов разного профиля (эпидемиологов, инфекционистов, педиатров, терапевтов, иммунологов, вирусологов). Важным элементом эпидемиологического надзора является оценка коллективного иммунитета к возбудителям инфекционных заболеваний, в том числе и к вирусу SARS-CoV-2. Природная способность вирусов к изменчивости приводит к появлению новых типов и штаммов. В настоящее время идентифицирован ряд мутаций и полиморфизмов, влияющих на структуру и стабильность белков, факторов восприимчивости к инфекции SARS-CoV-2, патогенности и вирулентности вируса, способности к «ускользанию» от иммунного ответа организма-хозяина. **Цель работы** – оценить характер развития эпидемического процесса новой коронавирусной инфекции на территории мегаполиса в период 2020–2022 гг. **Материалы и методы.** Методом ПЦР на наличие РНК SARS-CoV-2 в мазках из носо- и ротоглотки обследовано 331 013 человек. Специфические антитела IgM и IgG к SARS-CoV-2 в сыворотке крови выявляли методом ИФА у 42 955 человек. Проведено типирование генетических вариантов вируса (методом ПЦР и секвенирования). **Результаты.** За весь период наблюдения наибольший процент «положительных на Covid-19» отмечен в феврале 2022 г. (58,9 %) и сентябре 2022 г. (46,8 %). Среди всех обследованных (n = 331 013) взрослые пациенты составили наибольшую часть, – 83,9 %, дети – 16,1 %. Доля лиц с наличием специфических IgG к SARS-CoV-2 в 2020–2021 гг. была в пределах 53,3–82,6 %. **Обсуждение.** В 2020–2022 гг. отмечено увеличение доли лиц с выявленной РНК вируса. Наибольшее инфицирование наблюдали в возрастных группах 19–27 лет и 28–65 лет. Установлено, что линейная зависимость нарастания удельного веса серопозитивных лиц в отношении IgG среди жителей Екатеринбурга имеет прогрессивную тенденцию, коэффициент достоверности аппроксимации R^2 соответствует 0,8172. В пробах пациентов, обследованных в апреле–августе 2022 г., в 96,9 % случаев выявлены маркеры генетического варианта Omicron. Увеличение в структуре инфицированных детского населения (практически в два раза за 2020–2022 гг.), возможно, вызвано приспособлением возбудителя к новой восприимчивой когорте людей. **Заключение.** Динамика количества обследованных и доли выявляемости РНК SARS-CoV-2 в Екатеринбурге за весь период пандемии (март 2020 г. – декабрь 2022 г.) имела волнообразный характер. К концу 2022 г. значительно вырос уровень серопозитивных лиц во всех возрастных группах, что подтверждает наличие на территории сформировавшегося коллективного иммунитета.

Ключевые слова: вирус, циркуляция, генетические варианты, антитела, инфекция, дети, коллективный иммунитет, серопревалентность

Для цитирования: Оленькова О.М., Ковтун О.П., Бейкин Я.Б. с соавт. Особенности эпидемического процесса при распространении новой коронавирусной инфекции COVID-19 на территории мегаполиса в период 2020–2022 годов. *Уральский медицинский журнал.* 2023;22(5):33–41 http://doi.org/10.52420/2071-5943-2023-22-5-33-41

© Оленькова О. М., Ковтун О. П., Бейкин Я. Б., Кузнецова Е. А., Тихомирова А. А., Черемохина Т. С., 2023
© Olenkova O. M., Kovtun O. P., Beikin Ya. B., Kuznetsova E. A., Tikhomirova A. A., Cheremokhina T. S., 2023

Original article

Features of the epidemic process in the spread of a new coronavirus infection COVID-19 on the territory of the metropolitan area in the period 2020–2022

O. M. Olenkova[1]✉, O. P. Kovtun[2], Ya. B. Beikin[3], E. A. Kuznetsova[4], A. A. Tikhomirova[5], T. S. Cheremokhina[6]

[1, 3–6] Clinical and Diagnostic Center, Ekaterinburg, Russia

[2]Ural State Medical University Ekaterinburg, Russia

✉ dcldvir@mail.ru

Abstract

Introduction Conducting a comprehensive epidemiological etiological analysis of the development of the COVID-19 pandemic in a metropolitan area is of interest to specialists of didderent profiles (epidemiologists, infectious disease specialists, pediatricians, therapists, immunologists, virologists). An important element of epidemiological surveillance is the assessment of collective immunity to infectious agents, including the SARS-CoV-2 virus. The natural ability of viruses to variability leads to the emergence of new types and strains. Currently, a number of mutations and polymorphisms have been identified that affect the structure and stability of proteins, factors of susceptibility to SARS-CoV-2 infection, pathogenicity and virulence of the virus, and the ability to "elude" the immune response of the host organism. **The aim of the work** was to assess evaluate the character of the epidemic process development of a new coronavirus infection on the territory of the metropolitan area in the period 2020–2022. **Materials and methods** A total of 331,013 people were examined by PCR for the presence of SARS-CoV-2 RNA in nasopharyngeal and oropharyngeal swabs. Specific IgM and IgG antibodies to SARS-CoV-2 in serum were detected by ELISA in 42,955 people. Genetic variants of the virus were typed (by PCR and sequencing). **Results** During the entire follow-up period, the highest percentage of "positive for Covid-19" was observed in February 2022 (58.9 %) and September 2022 (46.8 %). Among the total number of patients examined (n = 331,013), adult patients accounted for the largest proportion, – 83.9 %, children – 16.1 %. The proportion of individuals with specific IgG to SARS-CoV-2 in 2020–2021 ranged from 53.3–82.6 %. **Discussion** In 2020–2022, there was an increase in the proportion of individuals with detectable RNA virus. The greatest infection was observed in the age groups 19–27 years and 28–65 years. It was found that the linear dependence of the increase in the specific weight of seropositive persons with respect to IgG among the residents of Ekaterinburg has a progressive trend, the approximation reliability coefficient R2 corresponds to 0.8172. In samples of patients examined in April–August 2022, markers of the genetic variant Omicron were detected in 96.9 % of cases. The increase in the structure of infected pediatric population (almost twofold over 2020–2022 years) is probably caused by the adaptation of the pathogen to a new susceptible cohort of people. **Conclusion** The dynamics of the number of people examined and the proprtion of detectability of SARS-CoV-2 RNA in Ekaterinburg during the entire period of the pandemic (March 2020–December 2022) had a wave-like character. By the end of 2022, the level of seropositive individuals in all age groups increased significantly, which confirms the presence of collective immunity in the territory.

Keywords: virus, circulation, genetic variants, antibodies, infection, children, collective immunity, seroprevalence

For citation: Olenkova OM, Kovtun OP, Beikin YaB et al. Features of the epidemic process in the spread of a new coronavirus infection COVID-19 on the territory of the metropolitan area in the period 2020–2022. *Ural Medical Journal.* 2023;22(5):33–41. (In Russ.). http://doi.org/10.52420/2071-5943-2023-22-5-33-41

ВВЕДЕНИЕ

В январе 2020 г. Всемирная организация здравоохранения объявила вспышку эпидемии, связанной с SARS-CoV-2, чрезвычайной ситуацией международного значения в области здравоохранения, а 11 марта 2020 г. обозначила принявшую мировой масштаб распространения болезнь, как пандемию[1].

SARS-CoV-2 (*англ.* Sever acute respiratory syndrome-related coronavirus 2) – это оболочечный одноцепочный (+)РНК-вирус, относящийся к подроду *Sarbecovirus*, рода *Betacoronavirus* [1]. Коронавирусы, в том числе SARS-CoV-2, обычно ассоциируются с ОРВИ, но к этому же семейству относят опасные вирусы SARS-CoV и MERS-CoV, вызывающие тяжелый острый респираторный синдром и ближневосточный респираторный синдром [2–4].

Описано несколько тысяч штаммов вируса SARS-CoV-2. Их принято объединять в крупные группы, называемые кладами. Было предложено несколько различных номенклатур клад для SARS-CoV-2[2]: По состоянию на декабрь 2020 г. в GISAID (*англ.* Global Initiative on Sharing All Influenza Data – Глобальная инициатива по обмену всеми данными о гриппе)

[1] Communicable Disease Threats Report, https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/communicable-disease-threats-report-15-Feb-2020-PUBLIC.pdf

[2] https://microbius.ru/news/voz-obnovlyaet-nomenklaturu-raznovidnostey-sars-cov-2

идентифицировали семь клад (O, S, L, V, G, GH и GR), обозначая SARS-CoV-2 как hCoV-19. В обзорах литературы обсуждается статья журнала International Journal of Infectious Diseases за ноябрь 2020 г., авторы которой идентифицировали пять глобальных клад (G_{614}, S_{84}, V_{251}, I_{378} и D_{392}) [4, 5].

Появление в конце 2020 г. новых вариантов вируса, ставших источником повышенного риска для глобального общественного здравоохранения, способствовало ускоренному проведению классификации отдельных вариантов, вызывающих интерес (*англ.* Variants of Interest, VOI), и вариантов, вызывающих обеспокоенность (*англ.* Variants of Concern, VOC) [6].

По данным ВОЗ на октябрь 2022 г. единственным VOC является вариант Омикрон. Ранее к этой группе относили варианты Альфа, Бета, Дельта, Гамма и другие. Каждый из существующих вариантов вируса отличался наличием тех или иных мутаций, в том числе в рецептор-связывающем домене спайкового гликопротеина вируса [7]. Возникающие мутации, безусловно, оказывают влияние на свойства вируса: на его вирулентность, способность связываться с клетками мишенями и «ускользать» от иммунного ответа организма. Указанные факты составляют основу патогенности, эпидемиологического процесса, способности изменять модель передачи инфекции и иммунитета хозяина [8–10].

С момента начала пандемии прошло практически три года. Динамика заболеваемости COVID-19 имела волнообразный характер с периодами подъема и спада. По данным официальных источников[3], пики заболеваемости в России отмечали в мае–июне и декабре 2020 г., июле и ноябре 2021 г. и в феврале и сентябре 2022 г. Волнообразный характер заболеваемости может быть связан как с введением всеобщей вакцинации, так и с формированием естественной иммунной прослойки населения в результате перенесенной ранее инфекции.

В целях оценки уровня коллективного иммунитета, который является итогом двух процессов (вакцинации и естественного распространения возбудителя в популяции восприимчивых индивидов), целесообразным считается использование серологических исследований. Они становятся важным инструментом для мониторинга течения инфекционного процесса, определения групп риска и прогнозирования новых угроз, а выявление лиц с наличием (отсутствием) специфических антител к возбудителям вирусных заболеваний оказывается важной эпидемиологической характеристикой [11–13].

В России начало массового скрининга на наличие специфических антител к SARS-CoV-2 организовано 15 мая 2020 г. Данное мероприятие (скрининг населения) позволяет установить как индивидуальные особенности формирования иммунитета у конкретного пациента, так и гендерно-возрастные особенности [14, 15].

Цель исследования – оценить характер развития эпидемического процесса новой коронавирусной инфекции на территории мегаполиса в период 2020–2022 гг.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В период 2020–2022 гг. в Клинико-диагностическом центре (КДЦ) Екатеринбурга было обследовано 331 013 человек на наличие РНК SARS-CoV-2 в мазках из носо- и ротоглотки. Выявление РНК проводили методом ПЦР с использованием следующих реагентов: для экстракции нуклеиновой кислоты из образцов использовали наборы РИБО-преп (ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора) и (или) МагноПрайм ФАСТ-Р (ООО «НекстБио»). Амплификацию осуществляли на приборах Rotor-Gene, CFX96 C1000 Touch с использованием наборов АмплиСенс®Cov-Bat-FL (ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора), РеалБест РНК SARS-CoV-2 (АО «ВекторБест»). Часть образцов, в которых была выявлена нуклеиновая кислота вируса (n = 818), были ретроспективно протестированы на реагентах АмплиТест SARS-CoV-2 VOC v.3 (ФГБУ «ЦСП» ФМБА России). Данные реагенты предназначены для качественного определения РНК коронавирусов, генетических вариантов особого эпидемиологического значения (VOC) Omicron и Delta путем выявления характерных для данных видов мутаций в S гене вируса. Кроме того, было проведено полногеномное секвенирование на платформе Illumina MiSeq (США) с использованием панели KAPA HyperCap SARS-CoV-2 Panel (Roche Diagnostics, USA). Для исследования были отобраны образцы, в которых пороговое число циклов (Ct) не превышало 23 (среднее значение Ct – 16,9). Секвенированию подвергли 79 проб.

На наличие специфических антител IgM и IgG к SARS-CoV-2 в сыворотке крови обследовано 42 955 человек с использованием тест-систем для иммуноферментного анализа производства АО «Вектор Бест» и НПО «Диагностические системы».

Статистическую обработку материала проводили с использованием пакета прикладных программ Microsoft Office 2016 и онлайн-сервиса https://medstatistic.ru/. Результаты номинальных признаков выражены в абсолютных числах с указанием долей (%). Для оценки различий номинальных показателей (долей) использовали критерий χ^2 Пирсона. Регрессионный анализ проведен с использованием коэффициента достоверности аппроксимации R^2. Результаты считали статистически значимыми при $p < 0,05$.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Обследование жителей Екатеринбурга на наличие РНК SARS-CoV-2 на базе КДЦ было начато с марта 2020 г. и ведется по настоящий день. Количество положительных результатов за время наблюдения составило 90 584 (27,4 % от всего числа обследованных).

Динамика выделения РНК SARS-CoV-2 из проб пациентов в КДЦ совпадала с выявляемостью случаев заражения новой коронавирусной инфекцией (НКВИ) в России[4]. Максимальное количество обследованных нами лиц зарегистрировано в периоды: июль и октябрь–ноябрь 2020 г., июль–

[3] URL: www.coronavirus-meter.ru.

[4] https://yandex.ru/covid19/stat

август 2021 г. Кривая удельного веса позитивных находок в период 2020–2022 гг. имела волнообразный характер. Показано, что с марта 2020 г. по март 2021 г. и с марта 2021 г. по март 2022 г. имели место пять пиков (разной интенсивности) нарастания доли лиц, инфицированных вирусом SARS-CoV-2 (рис. 1). За весь период наблюдения наибольший процент «положительных на COVID-19» отмечен в феврале 2022 г. (58,9 %) и сентябре 2022 г. (46,8 %).

Среди всего количества обследованных (n = 331 013) взрослые пациенты составили наибольшую часть, – 83,9 %, дети соответственно – 16,1 %. Показатель выявляемости нуклеиновой кислоты вируса SARS-CoV-2 среди детей (0–18 лет) и взрослых (старше 18 лет) был практически на одном уровне (рис. 2).

Рис. 1. Результаты обследования жителей Екатеринбурга на наличие РНК SARS-CoV-2 в 2020–2022 гг.

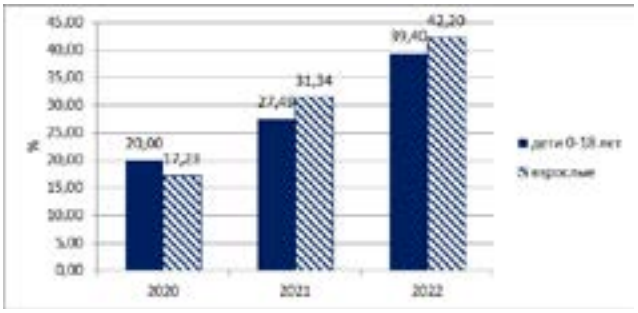

Рис. 2. Удельный вес выявления РНК SARS-CoV-2 в возрастных группах за период 2020–2022 гг.

При анализе данных обследования детей на наличие РНК SARS-CoV-2 в разрезе возрастных групп отмечено, что в 2020 и 2021 гг. максимальное количество инфицированных детей было в возрасте от 0 до трех лет (22,17 % и 30,65 % соответственно) и 15–18 лет (23,26 % и 30,7 % соответственно). В 2022 г. доминирующие позиции занимали дети старше 8 лет (8–14 лет – 43,4 %, 15–18 лет – 47,16 %). Самой малочисленной в отношении количества инфицированных на протяжении всего периода наблюдения была когорта детей 4–7 лет (17,05 %, 22,9 % и 28,82 % в 2020, 2021 и 2022 гг. соответственно) (рис. 3).

Результаты исследований жителей Екатеринбурга на наличие специфических антител IgM и IgG к SARS-CoV-2 представлены на рис. 4 и 5. Показано, что линейная зависимость нарастания доли серопозитивных лиц среди жителей Екатеринбурга имеет прогрессивную тенденцию, коэффициент достоверности аппроксимации R^2

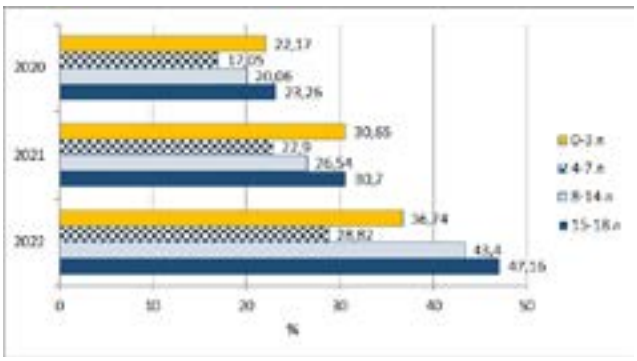

Рис. 3. Результаты обследования детей на наличие РНК SARS-CoV-2, 2020–2022 гг.

соответствует 0,8172 (рис. 4). В отношении IgM отмечено снижение числа выявления среди обследованных лиц, коэффициент достоверности аппроксимации R^2 соответствует 0,7067.

Рис. 4. Удельный вес выявления РНК SARS-CoV-2 и специфических антител IgM и IgG в период 2020–2022 гг.

Проведено комплексное сравнение показателей (удельный все лиц с наличием IgG к SARS-CoV-2 в разных возрастных группах), полученных в 2021 и 2022 гг. Показано, что за период 2021–2022 гг. у детей (пациенты от 0 до 18 лет) произошло весомое увеличение числа лиц, имеющих специфические антитела IgG к SARS-CoV-2 (p < 0,001). Количество детей, имеющих антитела IgG к SARS-CoV-2, возросло следующим образом: в группе 0–3 лет – с 59,6 % до 76,3 %; в группе 4–7 лет – с 60,4 % до 81,4 %; в группе 8–14 лет – с 57,4 % до 82,6 %. У взрослых отмечена устойчивая картина серопревалентности: у пациентов 19–27 лет наблюдали незначительное снижение числа обследованных с наличием специфических антител (с 63,0 % до 53,3 %), а в возрастных группах 28–65 лет и старше 65 лет данные показатели оставались практически на одном уровне (рост с 63,0 % до 67,1 % и с 60,9 % до 67,9 % соответственно) (рис. 5).

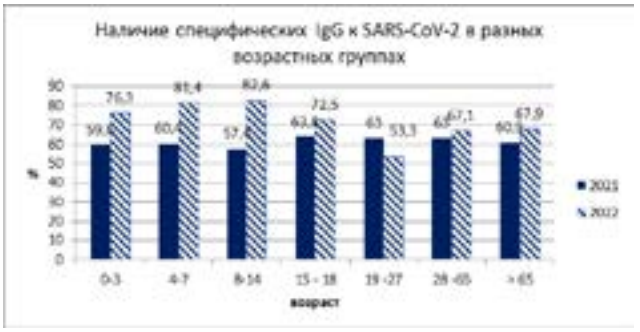

Рис. 5. Наличие специфических IgG к SARS-CoV-2 в возрастных группах обследуемых лиц

Положительные на наличие РНК SARS-CoV-2 образцы (n = 77) от пациентов, проходивших обследование в январе 2022 г., были исследованы методом секвенирования. Пробы отобраны случайным образом, но при условии, что пороговое число циклов (Ct) при постановке ПЦР не превышало 23, среднее значение Ct – (16,9±2,1). Детей при этом обследовано семь человек, взрослых – 70.

По итогу секвенирования получено 77 (97 %) положительных результатов. Установлено, что у 13 (16,9 %) пациентов (11 взрослых, двое детей) НКВИ была вызвана вирусом SARS-CoV-2 штамм Delta (B.1.617.2), у 58 (75,3 %) человек (54 взрослых, четыре ребенка) определен штамм Omicron (BA.1), у одного ребенка – штамм Omicron (BA.2). В пяти случаях (6,5 %) штамм установить не удалось.

Кроме вышеописанного этапа работы нами проведен еще ряд исследований, направленных на определение вариантов вируса SARS-CoV-2, циркулирующих на территории Екатеринбурга. Образцы, в которых была выявлена нуклеиновая кислота вируса, ретроспективно протестированы на реагентах АмплиТест SARS-CoV-2 VOC v.3. Данный диагностический набор позволяет выявлять в гене S вируса SARS-CoV-2 мутации A67V, del69-70, P681H, N679K, сочетание которых характерно для генетического варианта Omicron (линий B.1.1.529), мутации P681R и L452R, сочетание которых характерно для генетического варианта Delta (линий B.1.617.2) SARS-CoV-2, а также определять наличие каждой из указанных мутаций в отдельности. Всего исследовано 818 проб от пациентов, проходивших обследование в период с апреля по август 2022 г. Из числа исследуемых образцов в 22 случаях РНК вируса было недостаточно для анализа. Маркеры SARS-CoV-2 генетического варианта Omicron выявлены в 793 случаях (табл. 1), в одной пробе присутствовали маркеры вариантов Omicron и Delta, в двух пробах РНК вируса вариантов Omicron и Delta не обнаружены.

Таблица 1

Частота выявления мутаций вируса SARS-CoV-2 вариант Omicron

Маркер		Количество пациентов (n = 793) по возрастным группам обследуемых лиц, лет							Всего
		0–3	4–7	8–14	15–18	19–27	28–65	> 65	
P681H, N679K	абс.	1	3	1	2	7	74	31	119
	%	0,13	0,38	0,13	0,26	0,89	9,34	3,91	15,00
Одновременно с маркерами линий Omicron обнаружена мутация L452R	абс.	20	16	17	6	58	334	136	587
	%	2,53	2,02	2,15	0,75	7,32	42,12	17,15	74,00
P681H, N679K, A67V и 69-70del	абс.	2	2	2	–	10	53	17	86
	%	0,26	0,26	0,26	–	1,27	6,69	2,15	10,90
L452R, A67V и 69-70del	абс.	–	–	–	–	–	1	–	1
	%	–	–	–	–	–	0,13	–	0,13
Итого:	абс.	23	21	20	8	75	462	184	793
	%	2,90	2,65	2,53	1,01	9,46	58,26	23,21	100,00

ОБСУЖДЕНИЕ

В 2020 и 2021 гг. уровень лабораторного выявления НКВИ был ниже, чем в 2022 г.: самые высокие значения доли позитивных лиц – это 39,8 % (июль 2021 г.), 37,6 % (октябрь 2021 г.), 32,4 % (декабрь 2020 г. и январь 2021 г.). По результатам наших исследований динамика выявления РНК SARS-CoV-2 у пациентов педиатрического профиля была аналогична общей картине лабораторного обследования пациентов независимо от возраста (рис. 1). Установлен рост числа инфицированных в период с 2020 по 2022 гг. во всех возрастных группах. Процент положительных находок у детей возрос в 1,9 раза (в 2020 г. – 20,0 %, в 2022 г. – 39,40 %), у взрослых – в 2,4 раза (в 2020 г. – 17,23 %, в 2022 г. – 42,2 %). Увеличение количества зараженных, по мнению ряда авторов, связано с появлением мутаций вируса, которые могут оказывать влияние на вирулентность, патогенность и, конечно, контагиозность возбудителя [4]. Установлено, что увеличение количества лиц, имеющих IgG-SARS-CoV-2, происходит после очередной волны роста числа инфицированных вирусом (рис. 4).

В условиях пандемии и после нее важным аспектом является оценка состояния коллективного иммунитета к возбудителю НКВИ. Закономерность, установленная в отношении наличия у жителей Екатеринбурга специфических IgG к SARS-CoV-2 (нарастания доли серопозитивных), является отра-

жением формирования коллективного иммунитета к возбудителю НКВИ [16].

По данным литературы, дети болели и болеют НКВИ меньше и легче, чем взрослые. I. Liguoro с соавт. [17] обозначили, что средний возраст детей, заболевших Covid-19, составлял 7,6 года, заболевание в основном протекало в легкой (42,5 %) или умеренно тяжелой (39,6 %) формах, часть детей могла перенести данное заболевание в бессимптомной форме [18]. В итоге, по результатам наших исследований именно у пациентов от 0 до 14 лет произошло резкое увеличение количества серопозитивных лиц. В возрастных группах 28–65 лет и старше 65 лет данные показатели оставались практически на одном уровне (рост с 63,0 % до 67,1 % и с 60,9 % до 67,9 % соответственно). Такая стабильная картина достаточно высокого числа лиц, имеющих защитные антитела против возбудителя НКВИ, может быть результатом формирования стойкого коллективного иммунитета [11].

Установлено, что в период с апреля по август 2022 г. новая коронавирусная инфекция вызвана преимущественно вирусом варианта Omicron. Аналогичная этиологическая картина НКВИ была во всех регионах России (по информации на 7 июня 2022 г. на «Омикрон» приходилось 98,29 % от выявленных в стране случаев заболевания COVID-19, на дельта-вариант – 0,43 %, на прочие варианты – 1,28 %)[5].

Большинство пациентов (74,0 %) было инфицировано вирусом SARS-CoV-2, у которого наряду с характерными для этой линии мутациями обнаружена мутация L452R. Она является релевантной (особо значимой) мутацией в этом штамме, усиливающей способность связывания с рецептором ACE2 и препятствующей прикреплению стимулированных вакциной антител к этому измененному спайковому белку [19]. Некоторые исследования показывают, что L452R может сделать коронавирус устойчивым к Т-клеткам, которые необходимы для нацеливания и уничтожения инфицированных вирусом клеток.

Более чем у 10 % обследованных SARS-CoV-2 обладал мутацией 69-70del, которая может привести к «сбою гена-мишени spike». Известно также, что делеция H69/V70 способствует «ускользанию» вируса от иммунного ответа. У 119 человек выявлена мутация штамма Omicron P681H, наличие которой обеспечивает вирусу прочное связывание с рецептором ACE2, что приводит к увеличению числа зараженных клеток в организме хозяина [7, 19].

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Динамика количества обследованных лиц и доли выявляемости РНК SARS-CoV-2 в Екатеринбурге за весь период пандемии (с марта 2020 г. по декабрь 2022 г.) имела волнообразный характер, что сопоставимо с аналогичными данными по России. На территории мегаполиса наблюдали пять пиков подъема уровня числа инфицированных вирусом SARS-CoV-2. Первый максимум количества обследованных и позитивных на наличие РНК вируса лиц может быть обусловлен появлением нового возбудителя на территории нашей страны и города. Последующие подъемы, возможно, связаны с изменениями биологии вируса, появлением новых его мутаций, а, значит, и новых свойств. При появлении обновленных геновариантов вирус SARS-CoV-2 стал менее патогенен, но более контагиозен. Изменение характеристик возбудителя привело к увеличению числа взрослых больных, которые стали источником заражения для детского населения.

Эпидемия любого инфекционного заболевания, как правило, заканчивается формированием иммунной прослойки среди населения. В Екатеринбурге к концу 2022 г. значительно вырос уровень серопозитивных лиц во всех возрастных группах, что подтверждает наличие на территории коллективного иммунитета, а это, в свою очередь, может быть хорошим прогностическим критерием для предупреждения развития нового всплеска НКВИ в ближайшее время.

[5] www.rospotrebnadzor.ru

Конфликт интересов
Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Источник финансирования
Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования при проведении исследования.

Этическая экспертиза
Исследование одобрено локальным этическим комитетом Клинико-диагностического центра Екатеринбурга (экспертное заключение от 24.03.2023 №29).

Информированное согласие не требуется.

Conflicts of interests
The authors declare no conflicts of interests.

Funding source
This study was not supported by any external sources of funding.

Ethics approval
The study was approved by the local ethical committee of the Ekaterinburg Clinical abd Diagnostic Centre (expert opinion No. 29 dated 24.03.2023).

Informed consent is not required.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ / REFERENCES

1. Бевова М.Р., Нетесов С.В., Аульченко Ю.С. Новая коронавирусная инфекция Covid-19. *Молекулярная генетика, микробиология и вирусология.* 2020;38(2):51–58. http://doi.org/10.17116/molgen20203802151. https://doi.org/10.17116/molgen20203802151.
   Bevova MR, Netesov SV, Aul'chenko IuS. New coronavirus infection COVID-19. *Molecular Genetics, Microbiology and Virology.* 2020;38(2):51-58. (In Russ.). https://doi.org/10.17116/molgen20203802151.
2. Супотницкий М.В. Новый коронавирус SARS-CoV-2 в аспекте глобальной эпидемиологии коронавирусных инфекций. *Вестник войск РХБ защиты*. 2020;4(1):32–65. https://doi.org/10.35825/2587-5728-2020-4-1-32-65.
   Supotnitskiy MV. The new coronavirus SARS-CoV-2 in the aspect of global epidemiology of coronavirus infections. *Bulletin of the Russian Chemical Defense Forces*. 2020;4(1):32–65. (In Russ.). https://doi.org/10.35825/2587-5728-2020-4-1-32-65.
3. Кононенко А.А., Носков А.К., Водяницкая С.Ю. с соавт. Коронавирусы человека, способные вызывать чрезвычайные ситуации. *Медицинский вестник Юга России*. 2021;12(1):14–23. https://doi.org/10.21886/2219-8075-2021-12-1-14-23.
   Kononenko AA, Noskov AK, Vodyanitskaya SYu et al. Human coronaviruses that can cause emergencies. *Medical Herald of the South of Russia.* 2021;12(1):14–23. (In Russ.). https://doi.org/10.21886/2219-8075-2021-12-1-14-23.
4. Никонова А.А., Файзолуев Е.Б,. Грачева А.В с соавт. Генетические разнообразие и эволюция биологических свойств коронавируса SARS-CoV-2 в условиях глобального распространения. *ACTA NATURA*. 2021;13(3–50):77–90. https://doi.org/10.32607/actanaturae.11337.
   Nikonova AA, Fayzuloev EB, Gracheva AV et al. Genetic diversity and evolution of biological properties of MERS-CoV-2 coronavirus in conditions of global spread. *ACTA NATURA*. 2021;13(3–50):77–90. (In Russ.) https://doi.org/10.32607/actanaturae.11337.
5. McIntosh K. COVID-19: Epidemiology, virology and prevention. 2023.
   URL: https://www.uptodate.com/contents/covid-19-epidemiology-virology-and-prevention?sectionName=EPIDEMIOLOG#H3392906512.
6. Дмитриева Л.Н., Краснов Я.М., Чумачкова Е.А. с соавт. Распространение вариантов вируса SARS-COV-2, вызывающих озабоченность (VOC) на основе количества их геномов, депонированных в базу данных GISAID за неделю с 14.01.2023 г. по 20.01.2023 г. *COVID19-PREPRINTS.MICROBE.RU*. http://doi.org/10.21055/preprints-3112163.
   Dmitrieva LN, Krasnov YaM, Chumakova EA et al. Distribution of SARS-COV-2 virus variants of concern (VOC) based on the number of their genomes deposited in the GISAID database for the week from 14.01.2023 to 20.01.2023. *COVID19-PREPRINTS.MICROBE.RU.* (In Russ.). http://doi.org/10.21055/preprints-3112163.
7. Хайтович А.Б., Ермачкова П.А. Коронавирусные инфекции (мутации, генотипы). *Крымский журнал экспериментальной клинической медицины*. 2021;11(1):61–75. http://doi.org/10.37279/2224-6444-2021-11-1-61-75.
   Haitovich AB, Ermachkova PA. Coronavirus (genome structure, replication). *Crimean Journal of Experimental Clinical Medicine*. 2021;11(1):61–75. (In Russ.). http://doi.org/10.37279/2224-6444-2021-11-1-61-75.
8. Новикова И.А. Генетическая характеристика вируса SARS-CoV-2. *Живые и биокосные системы*. 2021;35:4. http://doi.org/10.18522/2308-9709-2021-35-4.
   Novikova IA. Genetic characteristics of the SARS-CoV-2. *Living and Biocosal Systems*. 2021;35:4. (In Russ.). http://doi.org/10.18522/2308-9709-2021-35-4.
9. Вологжанин Д.А., Голота А.С., Камилова А.С. с соавт. Генетика Covid-19. *Клиническая практика*. 2021;12(1):41–52. http://doi.org/10.17816/clinpract64972.
   Vologzhanin DA., Golota AS, Kamilova TA et al. Genetics of COVID-19. *Journal of Clinical Practice*. 2021;12(1):41–52. (In Russ.). http://doi.org/10.17816/clinpract64972.
10. Korber B, Fischer WM, Gnanakaran S et al. Tracking changes in SARS-CoV-2 spike: evidence that D614G increases infectivity of the COVID-19 Virus. *Cell*. 2020'182(4):812–827.e19. http://doi.org/10.1016/j.cell.2020.06.043.
11. Попова А.Ю., Андреева Е.Е., Бабура Е.А. с соавт. Особенности формирования серопревалентности населения Российской Федерации к нуклеокапсиду SARS-CoV-2 в первую волну эпидемии COVID-19. *Инфекция и иммунитет*. 2021;11(2):297–323. http://doi.org/10.15789/2220-7619-FOD-1684.
    Popova AYu, Andreeva EE, Babura EA et al. Features of developing SARS-CoV-2 nucleocapsid protein population-based seroprevalence during the first wave of the COVID-19 epidemic in the Russian Federation. *Russian Journal of Infection and Immunity*, 2021;11(2):297–323. (In Russ.). http://doi.org/10.15789/2220-7619-FOD-1684.
12. Перевезенцев О.А., Холодня Т.О., Бурцев Д.В. Зарубежный опыт молекулярно-генетической и иммунологической диагностики SARS-CoV-2 (обзор). *Лабораторная служба*. 2021;10(4):47–54. http://doi.org/10.17116/labs20211004147.
    Perevesentsev OA, Cholodnaya TO, Burtsev DV. Foreign experience in molecular genetic and immunological diagnostics of SARS-CoV-2 (review). *Laboratory Service.* 2021;10(4):47-54. (In Russ.). http://doi.org/10.17116/labs20211004147.
13. Попова А.Ю., Тотолян А.А. Методология оценки популяционного иммунитета к вирусу SARS-CoV-2 в условиях пандемии COVID-19. *Инфекция и иммунитет*. 2021;11(4):609–616. http://doi.org/10.15789/2220-7619-MFA-1770.

Popova AYu, Totolian AA. Methodology for assessing herd immunity to the SARS-CoV-2 virus in the context of the COVID-19 pandemic. *Russian Journal of Infection and Immunity*. 2021;11(4):609–616. (In Russ.). http://doi.org/10.15789/2220-7619-MFA-1770.

14. Годков М.А., Шустов В.В., Кашолкина Е.А. Динамика и гендерно-возрастные особенности эпидемического процесса COVID-19 в городе Москве (итоги скринингового обследования за 1,5 года). *Лабораторная служба*. 2021;10(4):30–37. http://doi.org/10.17116/labs20211004130.
Godkov MA, Shustov VV, Kasholkina EA. Dynamics and gender and age features of the COVID-19 EPIDEMIC process in Moscow (results of screening survey for 1.5 years). *Laboratory Service.* 2021;10(4):30-37. (In Russ.). http://doi.org/10.17116/labs20211004130.
15. Попова А.Ю., Тарасенко А.А., Смоленский В.Ю. с соавт. Коллективный иммунитет к SARS-CoV-2 населения Республики Беларусь в условиях пандемии COVID-19. *Инфекция и иммунитет*. 2021;11(5):887–904. http://doi.org/10.15789/2220-7619-HIT-1798.
Popova AYu, Tarasenko AA, Smolenskiy VYu et al. Herd immunity to SARS-CoV-2 among the population of the Republic of Belarus amid the COVID-19 pandemic. *Russian Journal of Infection and Immunity.* 2021;11(5):887–904. (In Russ.). http://doi.org/10.15789/2220-7619-HIT-1798.
16. Решетникова И.Д., Тюрин Ю.А., Агафонов Е.В. Изучение особенностей гуморального иммунного ответа к новой коронавирусной инфекции COVID-19 среди медицинских работников. *Инфекция и иммунитет.* 2021;11(5):934–942. http://doi.org/10.15789/2220-7619-SOT-1587.
Reshetnikova ID, Tyurin YuA, Agafonova EV et al. Study of features of humoral immune response to the new coronavirus infection COVID-19 among healthcare workers. *Russian Journal of Infection and Immunity.* 2021;11(5):934–942. (In Russ.). http://doi.org/10.15789/2220-7619-SOT-1587.
Liguoro I, Pilotto C, Bonanni M et al. SARS-COV-2 infection in children and newborns: a systematic review. *Eur J Pediatr*. 2020;179(7):1029–1046. http://doi.org/10.1007/s00431-020-03684-7.
Малых А.Л., Ибрагимова Б.А, Малых Д.А, с соавт. Современные особенности течения новой коранавирусной инфекции у детей и подростков. *Современные проблемы науки и образования*. 2022;2. http://doi.org/10.17513/spno.31545.
Malykh A.L., Ibragimova B.A., Malykh D.A. et al. Modern features of the course of a new coronavirus infection in children and adolescents. *Modern Problems of Science and Education*. 2022;2. (In Russ.). http://doi.org/10.17513/spno.31545.
17. Lauring AS, Hodcroft EB. Genetic Variants of SARS-CoV-2 What do they mean? *JAMA.* 2021;325(6):529–531. http://doi.org/10.1001/jama.2020.27124.
18. Акимкин В.Г., Кузин С.Н., Семененко Т.А. с соавт. Закономерности эпидемического распространения SARS-CoV-2 в условиях мегаполиса. *Вопросы вирусологии*. 2020;65(4):203–211. http://doi.org/10.36233/0507-4088-2020-65-4-203-211.
Akimkin VG, Kuzin SN, Semenenko TA et al. Patterns of the SARS-CoV-2 epidemic spread in a megacity. *Problems of Virology*. 2020;65(4):203–211. http://doi.org/10.36233/0507-4088-2020-65-4-203-211.

Сведения об авторах

Ольга Михайловна Оленькова
кандидат медицинских наук, заведующий лабораторией молекулярно-биологических методов исследования,
dcldvir@mail.ru,
http://orcid.org/0000-0001-7360-5535

Ольга Петровна Ковтун
доктор медицинских наук, профессор, академик РАН, ректор,
http://orcid.org/0000-0002-4462-4179

Яков Борисович Бейкин
доктор медицинских наук, профессор,
http://orcid.org/0000-0001-8622-1602

Елена Александровна Кузнецова
врач лаборатории молекулярно-биологических методов исследования,
warkiza@mail.ru ,
http://orcid.org/0009-0002-5182-220X

Information about the authors

Olga M. Olenkova
PhD (Medicine), Head of the Laboratory of Molecular Biological Research Methods,
dcldvir@mail.ru,
http://orcid.org/0000-0001-7360-5535

Olga P. Kovtun
Doctor of Science (Medicine), Professor, Academician of the Russian Academy of Sciences, Rector,
http://orcid.org/0000-0002-4462-4179

Yakov B. Beikin
Doctor of Science (Medicine), Professor,
http://orcid.org/0000-0001-8622-1602

Elena A. Kuznetsova
Physician of the Laboratory of Molecular Biological Research Methods,
warkiza@mail.ru ,
http://orcid.org/0009-0002-5182-220X

Анна Александровна Тихомирова
врач лаборатории молекулярно-биологических методов исследования,
Tihomirovaanna@autorambler.ru,
http://orcid.org/0009-0001-0703-8939

Таисия Станиславовна Черемохина
врач лаборатории молекулярно-биологических методов исследования,
Taisia33@yandex.ru,
http://orcid.org/0009-0004-5070-9146

Статья поступила в редакцию 31.03.2023;
одобрена после рецензирования 04.07.2023;
принята к публикации 08.09.2023.

Anna A. Tikhomirova
Physician of the Laboratory of Molecular Biological Research Methods,
Tihomirovaanna@autorambler.ru,
http://orcid.org/0009-0001-0703-8939

Taisiya S. Cheremokhina
Physician of the Laboratory of Molecular Biological Research Methods,
Taisia33@yandex.ru,
http://orcid.org/0009-0004-5070-9146

The article was submitted 31.03.2023;
approved after reviewing 04.07.2023;
accepted for publication 08.09.2023.