

References

1. van der Lee R., Buljan M., Lang B., Weatheritt R. J. et al. Classification of Intrinsically Disordered Regions and Proteins. | Chem. Rev. 2014, 114, 6589–6631. doi:10.1021/cr400525m.
2. Kharchenko E.P. The Coronavirus SARS-Cov-2: the characteristics of structural proteins, contagiousness, and possible immune collisions. *Epidemiology and Vaccinal Prevention*. 2020;19(2):13–30. https://doi: 10.31631/2073-3046-2020-19-2-13-30.
3. Kharchenko E. P. The Spanish influenza virus: treats to the portrait after 100 years // *Russian Journal of Infection and Immunity = Infektsiya i immunitet*, 2018, vol. 8, no. 3, pp. 325–334. doi: 10.15789/2220-7619-2018-3-325-334
4. Kharchenko E. P. The invariant patterns of the internal proteins of pandemic influenza viruses // *Russian Journal of Infection and Immunity = Infektsiya i immunitet*, 2015, vol. 5, no. 4, pp. 323–330. doi: 10.15789/2220-7619-2015-4-323-330.
5. Morens D.M., Taubenberger J.K. Pandemic influenza: certain uncertainties. *Rev. Med. Virol.*, 2011, vol. 21, pp. 262–284. doi: 10.1002/rmv.689
6. McCallum M., Bassi J., De Marco A., Chen A. et al. SARS-CoV-2 immune evasion by the B.1.427/B.1.429 variant of concern. *Science* 2021 doi: 10.1126/science.abi7994.
7. Andreano E., Piccini G., Licastro D., Casalino L., et al. SARS-CoV-2 escape in vitro from a highly neutralizing COVID-19 convalescent plasma. *bioRxiv/preprint*, doi: 10.1101/2020.12.28.424451.
8. Johnson W.E. Endogenous Retroviruses in the Genomics Era. // *Annu. Rev. Virol.* 2015. Vol. 2, P. 135–159. doi: 10.1146/annurev-virology-100114-054945.
9. Jachiet P.A., Colson P., Lopez P., Baptiste E. Extensive gene remodeling in the viral world: new evidence for nongradual evolution in the mobilome network. *Genome Biol. Evol.* //2014. Vol. 6, N. 9. P. 2195–2205. doi:10.1093/gbe/evu168.
10. Stedman K. M. Deep Recombination: RNA and ssDNA Virus Genes in DNA Virus and Host Genomes. // *Annu. Rev. Virol.* 2015. Vol. 2, P. 203–217. doi: 10.1146/annurev-virology-100114-055127.
11. Wang WK, Chen M.Y., Chuang C.Y., Jeang K.T., Huang L.M. Molecular biology of human immunodeficiency virus type 1. *J Microbiol Immunol Infect.* 2000 ;33(3):131–40.
12. Ke Z., Oton J., Qu K., Cortese M. et al. Structures and distributions of SARS-CoV-2 spike proteins on intact virions. *Nature*. 2020. doi:10.1038/s41586-020-2665-2
13. Wang L, Zhou T, Zhang Y, Yang ES, Ultrapotent antibodies against diverse and highly transmissible SARS-CoV-2 variants. *Science*. 2021. doi: 10.1126/science.abh1766.
14. Dolgin E. *Nature Biotechnology* 2021; Vol 39, P. 783–785. doi:10.1038/s41587-021-00980-x.
15. Kwong P.D., Mascola J.R. HIV-1 Vaccines based on antibody identification, b cell ontogeny, and epitope structure. // *Immunity*. 2018. Vol. 48, N 5. P. 855–871. doi: 10.1016/j.immuni.2018.04.029.
16. Burton DR. Advancing an HIV vaccine advancing vaccinology. // *Nat Rev Immunol.* 2019. Vol. 19, N 2. P. 77–78. doi: 10.1038/s41577-018-0103-6.
17. Sok D, Burton DR. Recent progress in broadly neutralizing antibodies to HIV. // *Nat Immunol.* 2018. Vol. 19, N 11. P. 1179–1188. doi: 10.1038/s41590-018-0235-7.
18. Andrabi R, Bhiman J.N., Burton D.R. Strategies for a multi-stage neutralizing antibody-based HIV vaccine. // *Curr Opin Immunol.* 2018. Vol. 53. P. 143–151. doi: 10.1016/j.coi.2018.04.025.
19. Bajic G., van der Poel C.E., Kuraoka M. et al. Autoreactivity profiles of influenza hemagglutinin broadly neutralizing antibodies. // *Sci Rep.* 2019. Vol. 9, N 1. P. 3492. doi:10.1038/s41598-019-40175-8.
20. Kharchenko E.P. Vaccines against Covid-19: comparison, limitations, the decrease of pandemic and the perspective of viral respiratory diseases. *Epidemiology and Vaccinal Prevention*. 2020;20(1): 4–19 (In Russ.). https://doi: 10.31631/2073-3046-2020-20-1-4-19.
21. Kharchenko E.P. The Coronavirus SARS-Cov-2: the Complexity of Infection Pathogenesis, the Search of Vaccines and Possible Future Pandemics. *Epidemiology and Vaccinal Prevention*. 2020;19(3):4–20. (In Russ.). https://doi: 10.31631/2073-3046-2020-19-3-4-20.
22. https://assets.publishing.service.gov.uk. Can we predict the limits of SARS-CoV-2 variants and their phenotypic consequences?
23. Puranik A., Lenehan P. J., Silvert E., Niesen M.J.M. et al. Comparison of two highly-effective mRNA vaccines for COVID-19 during periods of Alpha and Delta variant prevalence. doi:10.1101/2021.08.06.21261707;
24. Riemersma K. K., Grogan B.E., Kita-Yarbro A., Halfmann P., et al. Shedding of Infectious SARS-CoV-2 Despite Vaccination when the Delta Variant is Prevalent - Wisconsin, July 2021. doi: 10.1101/2021.07.31.21261387.
25. Maxmen A. COVID boosters for wealthy nations spark outrage. *Nature*. 2021. doi.org/10.1038/d41586-021-02109-1.

Об авторе

- Евгений Петрович Харченко – д. б. н., ведущий научный сотрудник Института эволюционной физиологии и биохимии им. И. М. Сеченова, РАН. 194223, Россия, Санкт-Петербург, пр. Тореца, 44. +7 (904) 338-22-80, neuro.children@mail.ru.

Поступила: 08.06.2021. Принята к печати: 03.08.2021.

Контент доступен под лицензией CC BY 4.0.

About the Author

- Eugene P. Kharchenko – Dr. Sci. (Biol.), leader researcher of I. Sechenov Institute of Evolutionary Physiology and Biochemistry, Russian Academy Sciences. 194223, Russian Federation, St. Petersburg, Toreza pr., 44. +7 (904) 338-22-80, neuro.children@mail.ru.

Received: 08.06.2021. Accepted: 03.08.2021.

Creative Commons Attribution CC BY 4.0.

ИНФОРМАЦИЯ РОСПОТРЕБНАДЗОРА

Новая коронавирусная инфекция в Российской Федерации в 2020 году

Всего в Российской Федерации в 2020 г. выявлено более 3 159 млн случаев коронавирусной инфекции в регионах, показатель заболеваемости на 100 тыс. населения составил 2152,63.

Динамика числа заболевших COVID-19 в 2020 г. характеризовалась двумя подъемами заболеваемости и снижением в летний период.

Динамика числа заболевших и госпитализированных с COVID-19 в 2020 г. характеризовалась в период первого подъема заболеваемости большей долей госпитализированных пациентов из общего числа заболевших, в то время как в период повторного подъема заболеваемости в осенне-зимний период 2020 г. доля госпитализированных от общего числа зарегистрированных больных уменьшилась, что связано с оптимизацией терапевтических подходов. В возрастной структуре заболевших COVID-19 отмечено, что преимущественно поражаемым контингентом были лица в возрасте от 30 до 64 лет. Доля детей на протяжении всего периода наблюдения в общей возрастной структуре не менялась. Начиная с 13 недели года доля лиц старше 65 лет также значимо не менялась в общей возрастной структуре заболевших. Тяжелые формы инфекции отмечались преимущественно в возрастной группе старше 55 лет (77,6%).

В структуре заболевших COVID-19 по социальному статусу преобладали работающие лица (40,9%), среди которых на долю медицинских работников приходилось

9,8%. Среди учащихся на долю школьников приходилось 5,1%, студентов – 1,8%, а дети дошкольного возраста в общей структуре больных COVID-19 составили 3,3%.

В связи с неблагоприятной ситуацией по COVID-19 в мире Роспотребнадзор был организован и проводился комплекс противоэпидемических и профилактических мероприятий по недопущению ввоза и распространения на территории Российской Федерации новой коронавирусной инфекции.

Результатом проведенных мероприятий по повышению доступности тестирования на COVID-19 в Российской Федерации стало увеличение мощности лабораторной базы и количества исследований на новую коронавирусную инфекцию

По состоянию на 31.03.2020 исследования проводились в 221 лаборатории с максимальной суммарной мощностью более 86 тыс. исследований в сутки, из них 60% (52,4 тыс. исследований) – мощности лабораторий Роспотребнадзора: на 31.12.2020 исследования проводились более чем в 970 лабораториях, в том числе 111 лабораториях системы Роспотребнадзора, максимальная суммарная мощность всех лабораторий, задействованных в тестировании на COVID-19, составила 732,9 тыс. исследований, из них мощность лабораторий Роспотребнадзора – 88,1 тыс. исследований.

Источник: https://www.rosпотребнадзор.ru/upload/iblock/5fa/gd-seb_02.06-_s-podpisyu_.pdf