

2. Bystrova T.N., Mikhailova Yu.V. Genotype structure and viral load levels in patients with various forms of HCV infection. Vestnik Nizhegorodskogo Universiteta of N.I. Lobachevskogo. Series: Microbiologiya i epidemiologiya. 2012; 3 (2): 25 – 29 (in Russian).
3. Simmonds P, Bukh J., Combet C., Deleage G., Enomoto N., Feinstone S. et al. Consensus proposals for a unified system of nomenclature of hepatitis C virus genotypes. Hepatology. 2005; 42: 962 – 973.
4. Smith D.B., Bukh J., Kuiken C., Muerhoff A.S., Rice C.M., Stapleton J.T., Simmonds P. Expanded classification of hepatitis C virus into 7 genotypes and 67 subtypes: updated criteria and genotype assignment web resource. Hepatology. 2014; 59 (1): 318 – 327.
5. Simmonds P. The origin of hepatitis C virus. Curr. Top. Microbiol. Immunol. 2013; 369: 1 – 15.
6. Lu L., Li C., Xu Y., Murphy D.G. Full-length genomes of 16 hepatitis C virus genotype 1 isolates representing subtypes 1c, 1d, 1e, 1g, 1h, 1i, 1j and 1k, and two new subtypes 1m and 1n, and four unclassified variants reveal ancestral relationships among subtypes. Gen. Virol. 2014; 95: 1479 – 1487.
7. Li C., Lu L., Murphy D.G., Negro F., Okamoto H. Origin of hepatitis C virus genotype 3 in Africa as estimated through an evolutionary analysis of the full-length genomes of nine subtypes, including the newly sequenced 3d and 3e. Gen. Virol. 2014; 95: 1677 – 1688.
8. Gededzha M.P., Selabe S.G., Blackard J.T., Kyaw T., Mphahlele M.J. Near full-length genome analysis of HCV genotype 5 strains from South Africa. Infect. Genet. Evol. 2014; 21: 118 – 123.
9. Li C., Cao H., Lu L., Murphy D. Full-length sequences of 11 hepatitis C virus genotype 2 isolates representing five subtypes and six unclassified lineages with unique geographical distributions and genetic variation patterns. Gen. Virol. 2012; 93: 1173 – 1184.
10. Li C., Njoum R., Pepin J., Nakano T., Bennett P., Pybus O.G. et al. Characterization of full-length hepatitis C virus sequences for subtypes 1e, 1h and 1l, and a novel variant revealed Cameroon as an area in origin for genotype. Gen. Virol. 2013; 94: 1780 – 1790.
11. Thong V.D., Akkarathamrongsin S., Poovorawan K., Tangkijvanich P., Poovorawan Y. Hepatitis C virus genotype 6: Virology, Epidemiology, Genetic Variation and Clinical Implication. World J. Gastroenterol. 2014; 20: 2927 – 2940.
12. Pybus O.G., Barnes E., Taggart R., Lemey P., Markov P.V., Rasachak B.J. et al. Genetic History of Hepatitis C Virus in East Asia. Virol. Jan. 2009; 83: 1071 – 1082.
13. Alter M.J. Global epidemiology of hepatitis C virus infection. 2007; 13: 2436 – 2441.
14. Gower E., Estes C.C., Hindman S., Razavi-Shearer K., Razavi H. Global epidemiology and genotype distribution of the hepatitis C virus infection. J. Hepatol. 2014. 61: S45 – S47.
15. Batsikh S.N., Morozov S.V., Chulanov V.P., Pokrovsky V.I. Hepatitis C virus genotype 3: so simple, so complex Ter. Arkh. 2012; 11: 1 – 7 (in Russian).
16. Lvov D.K., Samokhvalov E.I., Tsuda F., Selivanov N.A., Okamoto H., Stakhanova V.M. et al. Prevalence of hepatitis C virus and distribution of its genotypes in Northern Eurasia. Arch. Virol. 1996; 141: 1613 – 1622.
17. Kusin S.N., Samokhvalov E.I., Zabolotina E.E., Kudriavtseva E.N., Krel P.E., Korabelnikova M.I., et al. Hepatitis C virus genotype structure in patients with chronic hepatitis C. Zn. Mikrobiol. Epidemiol Immunobiol. 2011; 3: 33 – 38 (in Russian).
18. Esaulenko E.V., Vetrov T.A., Dunaev N.V., Go A.A. Distribution of hepatitis C virus genotypes in St.-Peterburg. Virusnie hepatiti: perspektivii i dostizheniya. 2014; 1: 14 – 16 (in Russian).
19. Kyuregyan K.K., Michilov M.I. Molecular and biological bases of control of viral hepatitis. Moscow: Ikar; 2013: 336 (in Russian).
20. Nikolaeva L.I., Toichuev R.M., Leibman E.A., Grishechkin A.E., Omorbekova Ch.T., Akhmedova D.P. et al. Factors influencing on the course of chronic hepatitis C in children. Epidemiologiya i Vaktsinoprofilaktika. 2013; 6: 37 – 44 (in Russian).
21. Goryacheva L.G., Ponomoreva M.A., Rogozina N.V., Aksenov O.A., Mukomolov S.L., Tikhonova I.V. et al. HCV infection in children and teenagers. St.-Peterburg. Commercial and Industrial Palace of St.-Peterburg. 2002: 44 (in Russian).
22. Kalinina O., Norder H., Mukomolov S., Magnus L.O. A natural intergenotypic recombinant of hepatitis C virus identified in Saint-Petersburg. J. Virol. 2002; 76: 4034 – 4043.
23. Raghwan J., Thomas X.V., Koekkoek S.M., Schikel J., Molenkamp R., Van de Laar T.J. et al. Origin and evolution of the unique hepatitis C virus circulating recombinant form 2k/1b. J. Virol. 2012; 86: 2212 – 2220.
24. Pisarev A.G. Ultrasound assessment of liver fibrosis degree in children with chronic viral hepatitis. Medical imagin. 2001; Special issue: 48 – 53 (in Russian).
25. Samokhvalov E.I., Nikolaeva L.I., Alkhovsky S.V., Khlopova I.N., Petrova E.V. et al. Frequency of detection of different hepatitis C virus subtypes in the Moscow region. Vopr. virusol. 2012; 1: 36 – 39 (in Russian).
26. Kalinina O.V. Genome organization and geographical distribution of the natural intergenotypic recombinant of hepatitis C virus RF1_2k/1b. Infektsiya i immunitet. 2012; 2: 677 – 686 (in Russian).
27. Nikolaeva L.I., Sapronov G.V., Samokhvalov E.I., Kolotvin A.V., Samokhotskaya L.M., Leybman E.A. Hepatitis C coursed by recombinant form RF 2k/1b of the hepatitis virus: clinical course and therapy. Epidemiologiya i infektsionii bolezni. 2014; 3: 9 – 15 (in Russian).
28. Shepard C.W., Finelli L., Alter M.J. Global epidemiology of hepatitis C virus infection. Lancet Infect. Dis. 2005; 5: 558 – 567.
29. Bortolotti F., Verucchi G., Camma C., Cabibbo G., Zancan L., Indolfi G. et al. Long-term course of chronic hepatitis C in children: from viral clearance to end-stage liver disease. Gastroenterology. 2008; 134: 1900 – 1907.
30. Berg T., Hopf U., Stark K., Baumgarten R., Lobeck H., Schreier E. Distribution of hepatitis C virus genotypes in German patients with chronic hepatitis C: correlation with clinical and virological parameters. J. Hepatol. 1997; 26: 484 – 491.

КОРОТКОЙ СТРОКОЙ

Вакцины против геморрагической лихорадки Эбола

Одна из вакцин-кандидатов против геморрагической лихорадки Эбола представляет собой рекомбинантный аденовирус шимпанзе типа 3 (ChAd3), в который встроены два сегмента гена вируса Эбола. Вакцина разработана компанией ГлаксоСмитКляйн и Национальным институтом США по аллергии и инфекционным болезням (NIAID). Результаты первой фазы клинических испытаний, в которых участвовали здоровые, взрослые добровольцы из Уганды, показали, что вакцина ChAd3 безопасна и иммуногенна. В настоящее время вакцина находится во второй фазе клинических испытаний.

Другая вакцина – рекомбинантный вирус везикулярного стоматита (rVSV), экспрессирующий протеин вируса Эбола – разработана Министерством общественного здравоохранения Канады и американской фирмой «НьюЛинк фармасьютикэлз». Вакцина продемонстрировала хорошие защитные свойства при испытаниях на животных. Компания

«НьюЛинк» недавно передала лицензию на технологию производства препарата фирме «Мерк», которая возьмет на себя будущую разработку вакцин.

Третья вакцина, разрабатываемая фирмой «Джонсон энд Джонсон», подлежит тестированию в ходе первого этапа клинических испытаний.

Кроме того, 5 фирм США – «Профектус байосайенсиз», «Протеин сайенсиз», «Новавакс», «Ваксарт» и «Иновио» – разрабатывают собственные вакцины-кандидаты, и еще три вакцины-кандидата создаются в Российской Федерации и других европейских странах.

Разработкой вакцин против вируса Эбола в России занимаются: Вирусологический центр НИИ микробиологии Минобороны в Сергиевом Посаде (г. Загорск-6) и Государственный НЦ вирусологии и биотехнологии «Вектор» (г. Новосибирск).

Продолжение на странице 64.