

Биобезопасность и геномный эпидемиологический надзор

В. Г. Акимкин¹, Т. А. Семененко², К. Ф. Хафизов¹, С. В. Углева^{*1}, Д. В. Дубоделов¹,
Е. Д. Сverdlov³, А. С. Черкашина¹, Г. А. Гасанов¹, М. И. Надтока¹, Н. П. Румянцева¹,
Ю. В. Михайлова¹, А. А. Шеленков¹, А. С. Есьман¹, И. В. Алексеенко³,
Л. Г. Кондратьева³, Р. М. Береговых¹

¹ФБУН «ЦНИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва

²ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н. Ф. Гамалеи», Москва

³НИЦ «Курчатовский институт», Москва

Резюме

Актуальность. Проблема биологической безопасности сегодня крайне актуальна для всех стран мира из-за расширения спектра реальных и потенциальных угроз, вызванных биологическими агентами, что наглядно продемонстрировала пандемия COVID-19, повлиявшая на все аспекты жизни людей и обнажившая уязвимость системы здравоохранения. **Цель.** Определить приоритетные направления совершенствования системы эпидемиологического надзора и предотвращения дальнейших пандемий на территории Российской Федерации. **Результаты и обсуждение.** Для противодействия новым биологическим угрозам в России создана научная концепция будущей биобезопасности, делающая акцент на развитии геномного эпидемиологического надзора, цифровой трансформации и мобильных технологий. Эффективное управление эпидемическим процессом требует постоянного мониторинга мутационной изменчивости возбудителей инфекций с пандемическим потенциалом и оперативного реагирования на новые биологические угрозы, что обеспечивает созданная в России платформа VGARus. **Заключение.** Геномный эпидемиологический надзор становится ключевым элементом обеспечения биологической безопасности и научно-технологического развития России.

Ключевые слова: биобезопасность, эпидемиология, геномный эпидемиологический надзор, COVID-19, SARS-CoV-2, молекулярно-генетический мониторинг, глобальные угрозы

Конфликт интересов не заявлен.

Для цитирования: Акимкин В. Г., Семененко Т. А., Хафизов К. Ф. и др. Биобезопасность и геномный эпидемиологический надзор. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2024;23(5):4-12. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2024-23-5-4-12>

Biosafety and Genomic Epidemiological Surveillance

VG Akimkin¹, TA Semenenko², KF Khafizov¹, SV Ugleva^{*1}, DV Dubodelov¹, ED Sverdlov³, AS Cherkashina¹, GA Gasanov¹, MI Nadтока¹, NP Rumyantseva¹, YuV Mikhailova¹, AA Shelenkov¹, AS Esmen¹, IV Alekseenko³, LG Kondratyeva³, RM Beregovykh¹

¹Central Research Institute of Epidemiology, Moscow, Russia

²N.F. Gamaleya National Research Center of Epidemiology and Microbiology, Moscow, Russia

³National Research Center Kurchatov Institute, Moscow, Russia

Abstract

The problem of biological safety is extremely relevant today for all countries of the world because of the real and potential threats caused by biological agents that are dangerous to public health and the environment. Modern microorganisms are becoming increasingly aggressive towards humans, as clearly demonstrated by the COVID-19 pandemic, which has affected all aspects of people's lives and exposed the vulnerability of the healthcare system. According to the Decree of the President of the Russian Federation «On the Fundamentals of the State policy of the Russian Federation in the field of chemical and biological safety for the period up to 2025 and beyond» and the Federal Law «On Biological Safety in the Russian Federation», the main objectives of state policy are to reduce the risks of negative effects of biological factors on the population and the environment. Antimicrobial resistance, the emergence of new infections and the overcoming of interspecific barriers by microorganisms are of particular concern. Infectious disease agents with epidemic potential, such as Ebola, Zika, Marburg, Lassa, MERS-CoV and SARS-CoV viruses, continue to pose a high threat. To counteract new biological threats, Russia has created a scientific concept of future biosafety, focusing on the development of genomic epidemiological surveillance, digital transformation and mobile technologies. Effective management of epidemic processes

* Для переписки: Углева Светлана Викторовна, д.м.н., доцент, руководитель научно-аналитического отдела ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, 111123, Россия, Москва, ул. Новогиреевская, д. 3а. +7 (495) 974-96-46 (доб. 1122), uglevas@bk.ru. ©Акимкин В. Г. и др.

** For correspondence: Svetlana V. Ugleva, Dr. Sci. (Med.), Assoc. Prof., Head, Scientific and analytical department. Central Research Institute for Epidemiology, 3a, st. Novogireevskaya, Moscow, 111123, Russia. +7 (495) 974-96-46 (доб. 1122), uglevas@bk.ru. ©Akimkin VG, et al.

requires constant monitoring of genetic changes in infectious agents and prompt response to new threats, which allows the VGARus platform created in Russia to monitor virus mutations. Thus, genomic epidemiological surveillance is becoming a key element of ensuring biological safety and scientific and technological development in Russia.

Keywords: biosafety, epidemiology, genomic epidemiological surveillance, COVID-19, SARS-CoV-2, molecular genetic monitoring, global threats

No conflict of interest to declare.

For citation: Akimkin VG, Semenenko TA, Khafizov KF, et al. Biosafety and Genomic Epidemiological Surveillance. *Epidemiology and Vaccinal Prevention*. 2024;23(5):4-12 (In Russ.). <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2024-23-5-4-12>.

Введение

В настоящее время проблема биологической безопасности является чрезвычайно актуальной для всех стран мира в связи с расширением спектра реальных и потенциальных угроз, вызванных воздействием агентов биологической природы опасных для здоровья и благополучия общества и окружающей среды. Мир микроорганизмов становится все более агрессивным по отношению к человеку, что наглядно продемонстрировала пандемия COVID-19, оказавшая комплексное воздействие на все аспекты жизнедеятельности населения, выходя далеко за пределы сферы здравоохранения. В связи с этим ведущую роль в контексте обеспечения биологического суверенитета приобретает необходимость противостоять агрессивным биологическим вызовам, способным привести (обладающих потенциалом) к возникновению и распространению заболеваний с развитием эпидемий, эпизоотий, эпифитотий, массовых отравлений, а также возможность предупреждать и купировать биологические риски.

Формированию современных взглядов на проблему биологической безопасности в России содействовали широкие научные дискуссии на организованных Роспотребнадзором и МИД РФ Международных научно-практических конференциях «Глобальные угрозы биологической безопасности. Проблемы и решения» (2017–2023 гг.); общих собраниях и заседаниях Президиума Российской академии наук; в научных публикациях ведущих специалистов страны по обоснованию концепции и основополагающих позиций по проблемам биологического суверенитета и др. [1–5].

В соответствии с Указом Президента РФ от 11 марта 2019 г. № 97 «Об Основах государственной политики Российской Федерации в области обеспечения химической и биологической безопасности на период до 2025 года и дальнейшую перспективу»* и Федеральным законом от 30.12.2020 № 492-ФЗ «О биологической безопасности в Российской Федерации»** целью государственной

политики является поддержание допустимого уровня риска негативного воздействия опасных факторов на население и окружающую среду.

К основным биологическим угрозам отнесены риски, связанные с распространением антимикробной резистентности; появлением новых инфекций, вызываемых неизвестными патогенами; преодолением микроорганизмами межвидовых барьеров в сочетании с возникающими под воздействием внешней среды изменениями генотипа и фенотипа организма человека и животных и др.

Основная сложность борьбы с инфекционными агентами, особенно вирусной природы, заключается в их разнообразии, в связи с чем не существует универсального терапевтического средства. В условиях пандемии COVID-19 лечение огромных контингентов пациентов проводилось с широким и зачастую избыточным использованием антибиотиков, формируя практически неограниченный резервуар генов устойчивости, что обострило интерес к проблеме антибиотикорезистентности, которая уже достигла критического уровня [6,7]. По оценкам ООН, около 5 млн смертельных исходов в мире были связаны с инфекциями, вызываемыми микроорганизмами, устойчивыми к лекарственным средствам. К 2050 г. это число удвоится, что сопоставимо с числом смертельных исходов от онкологических заболеваний в 2020 г. [8]. Мероприятия по снижению устойчивости патогенов к антибиотикам различного спектра действия отражены в разработанной ВОЗ классификационной базе данных «AWaRe» (Access – доступные, Watch – поднадзорные и Reserve – резервные) с указанием их фармакологических классов [9]. Правовой основой борьбы с этой проблемой, которая рассматривается в качестве одной из глобальных биологических угроз XXI века, в нашей стране является «Стратегия предупреждения распространения антимикробной резистентности в Российской Федерации на период до 2030 года», утвержденная Распоряжением Правительства Российской Федерации***.

Высокий риск для общественного здравоохранения представляют также возбудители инфекционных болезней с эпидемическим потенциалом,

* Указ Президента РФ от 11.03.2019 № 97 «Об Основах государственной политики Российской Федерации в области обеспечения химической и биологической безопасности на период до 2025 года и дальнейшую перспективу». Собрание законодательства РФ. 2019. № 11. Ст. 1106.

** Федеральный закон от 30.12.2020 № 492-ФЗ «О биологической безопасности в Российской Федерации». Собрание законодательства РФ. 2021. № 1 (часть I).

*** Распоряжение Правительства Российской Федерации от 25.09.2017 № 2045-р «Стратегия предупреждения распространения антимикробной резистентности в Российской Федерации на период до 2030 года»

такие как геморрагические лихорадки, вызываемые вирусами Эбола, Зика, Марбург, Ласса и др.; ближневосточный респираторный синдром (MERS-CoV) и тяжелый острый респираторный синдром (SARS-CoV). По-прежнему на повестке дня остается реальная опасность и со стороны традиционных особо опасных инфекций, характеризующихся возникновением вспышек или эпидемий, отдельные из которых в истории развития человеческой цивилизации сыграли опустошительную роль (оспа, чума, холера, туляремия, сибирская язва, сепсис, а также другие заболевания, вызываемые микроорганизмами I–II групп патогенности).

Пандемия COVID-19 наглядно продемонстрировала миру, что эпидемические и эпизоотические вспышки новых и вновь возникающих инфекций (emerging-reemerging infectious diseases), большинство которых характеризуется внезапностью возникновения, высокой смертностью, отсутствием специфических методов диагностики и лечения, а также значительным уровнем затрат на проведение противоэпидемических и противоэпизоотических мероприятий, представляют серьезную угрозу национальной безопасности.

В феврале 2018 г. ВОЗ включила «болезнь X», вызванную неким потенциальным патогеном, в обновленный список заболеваний (Blueprint List of Priority Diseases), инвестиции в изучение и борьбу с которыми должны стать международным приоритетом [10]. По мнению экспертов, на роль возбудителей неизвестной инфекции, представляющую угрозу для человечества, претендуют РНК-содержащие коронавирусы или ортомиксовирусы, способные вызывать эпидемии эксплозивного характера. В январе 2024 г. в рамках Всемирного экономического форума (ВЭФ) в Давосе при обсуждении новой гипотетической болезни отмечено, что она в ближайшем будущем вызовет мировой хаос, унесет в 20 раз больше жизней, чем COVID-19, и будет серьезным вызовом международной системе биобезопасности. И ключевое слово здесь – «будет», а не «может» [11]. В связи с этим в пресс-службе Роспотребнадзора заявили, что включение «болезни X» в повестку дня ВЭФ и финансово заинтересованный состав участников, включающий крупные фармацевтические компании, свидетельствует о намерении ВОЗ продвинуть идею о неизбежности реформы глобальной архитектуры здравоохранения, говоря о будущих угрозах и неготовности мира к ним и призывая увеличить финансирование организации. Возможно, что использование термина «болезнь X» также является попыткой сосредоточить внимание на подготовке усилий к гипотетической пандемии, повышению эффективности и надежности системы эпидемиологического надзора и разработке превентивных мер противодействия потенциальной угрозе [12].

Необходимость защиты населения от воздействия опасных биологических агентов в полной

мере подтвердила объявленная ВОЗ 11 марта 2020 г. пандемия COVID-19, которая повлекла тяжелые глобальные последствия для здравоохранения и экономики. В настоящее время в мировом масштабе подтверждено 775 678 436 случаев инфекции и установлено 7 052 476 случаев летальных исходов. Лидирующие позиции по общему количеству выявленных случаев COVID-19 занимает Европа (279 404 655), а по числу летальных исходов – Американский регион (3 020 756).

В соответствии с решением Комитета по коронавирусной инфекции 5 мая 2023 г. ВОЗ объявила о том, что COVID-19 более не представляет собой чрезвычайную ситуацию международного значения в связи со спадом эпидемии. Это событие в очередной раз подтвердило правильность теории академика В. Д. Белякова, согласно которой основу развития эпидемического процесса составляет фазовое изменение гетерогенности биологических свойств популяций возбудителя и человека, основанной на обратных связях в процессе взаимодействия на фоне лабильных социальных и природных условий [3]. Иллюстрацией ключевого положения теории саморегуляции паразитарных систем о фазном характере развития эпидемического процесса явилась динамика заболеваемости COVID-19 в России и мире в 2020–2024 гг., которая практически полностью доказала надежность исходной парадигмы (рис. 1).

Биологический фактор, являющийся движущей силой развития эпидемического процесса, связан с генетической вариабельностью и другими полидетерминантными характеристиками возбудителя. Этиологический агент COVID-19 SARS-CoV-2, адаптируясь к своим новым хозяевам – людям, подвержен генетической эволюции, что приводит к мутациям в вирусном геноме, которые могут изменять патогенный потенциал вируса. Поскольку сохранение возбудителя как биологического вида невозможно без эволюционного развития, начинается расширение диапазона гетерогенности популяции коронавируса за счет циркуляции как маловирулентных, так и вирулентных вариантов с последующим стабилизирующим отбором и становлением эпидемического варианта. Влияние изменения биологических и генетических свойств геновариантов вируса SARS-CoV-2 на заболеваемость и смертность в России в 2020–2024 гг. представлены на рисунке 2.

Многочисленные мутации, которым подвержены РНК-вирусы на фоне высокой репродуктивной активности, привели к значимой адаптационной изменчивости популяции SARS-CoV-2, обладающей высокой контагиозностью, но умеренной вирулентностью, что обусловлено реализацией возбудителем стратегии выживания в условиях давления нарастающего иммунитета популяции хозяина в ходе эпидемического процесса [13–17]. Доказательством этого утверждения служит изменение контагиозности и летальности в зависимости от появления

Рисунок 1. Динамика периодов подъема и спада заболеваемости COVID-19 в мире и России (в показателях на млн населения) с января 2020 по июль 2024 гг.

Figure 1. Dynamics of the periods of rise and decline in the incidence of COVID-19 in the world and Russia (in terms of per million population) for January 2020 to July 2024

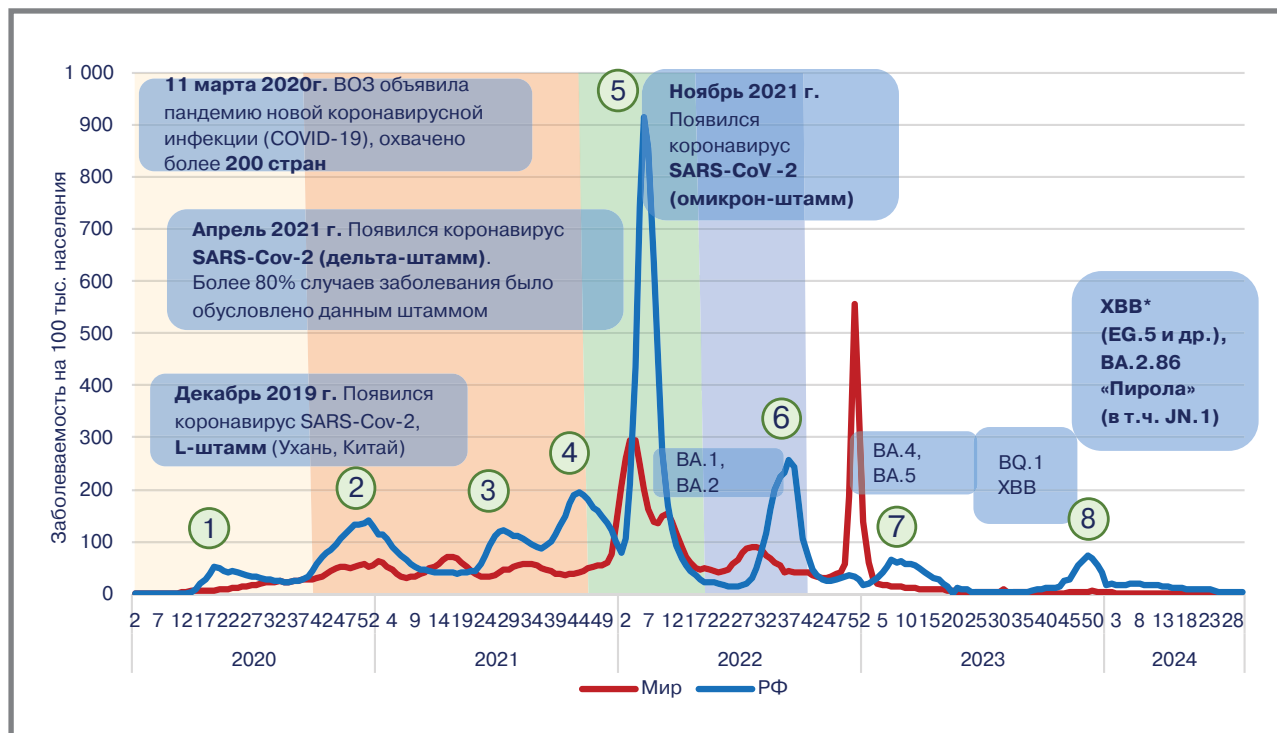
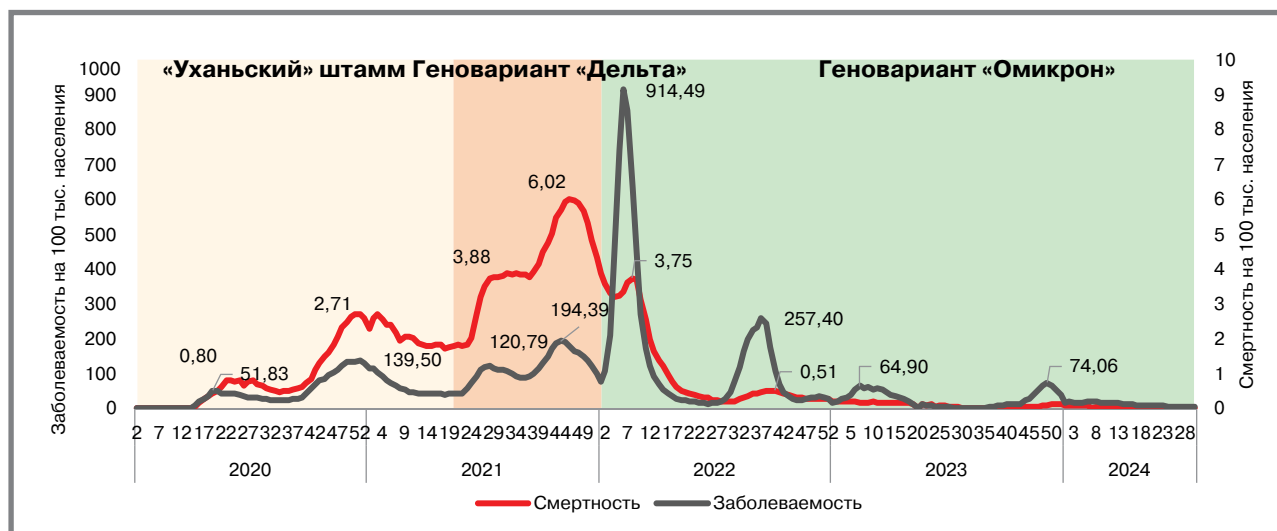


Рисунок 2. Показатели заболеваемости COVID-19 и смертности в России в 2020–2024 гг.

Figure 2. Indicators of COVID-19 morbidity and mortality in Russia, 2020–2024



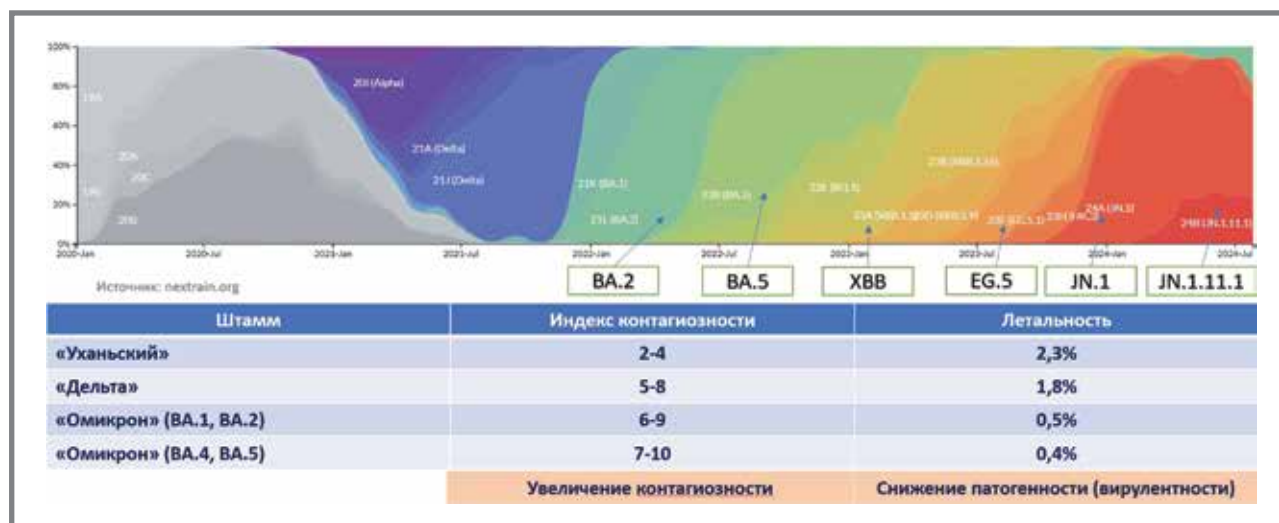
«значимых» геновариантов SARS-CoV-2 на территории Российской Федерации в 2020–2024 гг. (рис. 3).

Для обеспечения биологической безопасности и предотвращения дальнейших пандемий необходимо проведение как фундаментальных, так и прикладных исследований, направленных на изучение генетических свойств известных вирусов; мониторинг и поиск новых возбудителей инфекционных болезней человека; совершенствование и расширение методов диагностики и ее качества; создание

современных вакцин; изучение генома человека и поиск генетических, эпигенетических и клеточных механизмов противодействия инфекциям и другие аспекты. В выступлении на Форуме будущих технологий 2024 г. руководитель Роспотребнадзора А. Ю. Попова отметила, что в России для своевременного прогноза и оперативного реагирования на будущие биологические угрозы и анализа санитарно-эпидемиологической обстановки разработана уникальная научная концепция, включающая триаду будущей биобезопасности: геномный

Рисунок 3. Динамика индекса contagiозности и летальности в зависимости от появления «значимых» геновариантов SARS-CoV-2 в мире в 2020–2024 гг.

Figure 3. Dynamics of the contagiousness and mortality index depending on the appearance of «significant» SARS-CoV-2 gene variants in the world, 2020–2024



эпидемиологический надзор, цифровая трансформация с аналитикой больших массивов данных и мобильные технологии [18].

Глобальная стратегия эпидемиологического надзора на 2022–2032 гг., разработанная ВОЗ с учетом предыдущего опыта и уроков пандемии COVID-19, делает ставку на особую роль геномики в системе общественного здравоохранения. Она не ограничивается каким-либо одним возбудителем болезни, а направлена на мобилизацию усилий в области геномного надзора за любыми патогенами, несущими пандемическую или эпидемическую угрозу, путем укрепления всех лабораторий, выполняющих геномное секвенирование, и объединения их в единую глобальную сеть [19]. Целью стратегии геномного надзора является выработка единой концепции использования геномики в качестве мощного дополнительного инструмента для решения задач общественного здравоохранения по обеспечению готовности и осуществлению мер реагирования на пандемии и эпидемии самого широкого спектра [20].

В соответствии с Постановлением Правительства РФ от 23.03.2021 № 448 «Об утверждении Временного порядка предоставления данных расшифровки генома возбудителя новой коронавирусной инфекции (COVID-19)*» для обеспечения быстрой оценки динамики распространения известных и новых геновариантов SARS-CoV-2, циркулирующих на территории страны, специалистами ФБУН «ЦНИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора была разработана и внедрена Российская платформа агрегации данных о геномах вирусов (Virus Genome Aggregator of Russia — VGARus), которая

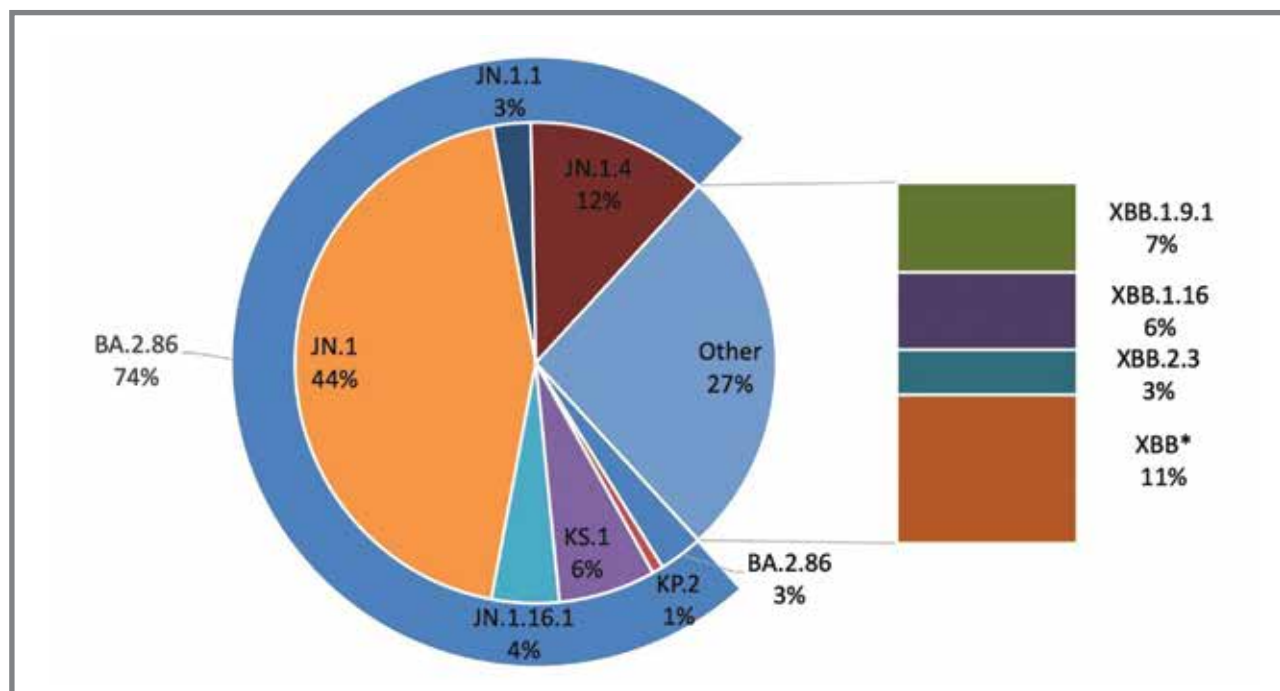
содержит информацию о нуклеотидных последовательностях коронавирусов и их мутациях. Программное обеспечение, интегрированное в платформу VGARus, позволяет анализировать результаты секвенирования, определять вероятный штамм вируса, формировать стандартизированные отчеты, загружать образцы, предназначенные для дальнейшего секвенирования [21].

Динамический мониторинг мутационной изменчивости циркулирующих коронавирусов позволил установить, что с декабря 2020 г. циркулировали варианты Alpha (B.1.1.7) и Beta (B.1.351), а с мая по декабрь 2021 г. на территории России преобладал геновариант Delta (B.1.617.2 + AY.*), который сопровождался значительным ростом числа заболевших и госпитализированных больных, тяжелым течением коронавирусной инфекции, высокими показателями летальности. С декабря 2021 г. начал стремительно распространяться вариант Omicron (B.1.1.529 по классификации PANGO) с диссоциацией генетической линии и наибольшей частотой циркуляции субвариантов BA.1, BA.1.1 и BA.2. Во второй половине 2022 г. Omicron эволюционировал с появлением субвариантов BA.4 и BA.5, а в начале 2023 г. отмечено возрождение «новых форм старых штаммов», таких как Omicron BA.2, который трансформировался в рекомбинантные формы XBB*. Внутри линии XBB появились собственные «лидеры», такие как XBB.1.5 (Kraken), XBB.1.16 (Arcturus), XBB.1.9.2.1 (EG.5, Eris) и другие. С конца 2023 г. начал свое распространение вариант BA.2.86 (Pirola), отличающийся от предыдущих форм большим числом изменений в геноме. По данным платформы VGARus, в России выявлено более 700 сублиний варианта Omicron. Появление новых геновариантов, включая доминирующий в настоящее время Omicron JN.1 и его потомков KP.2 и KP.3. (FLiRT), изменили пейзаж циркулирующих

* Постановление Правительства Российской Федерации №448 от 23.03.2021 г. «Об утверждении Временного порядка предоставления данных расшифровки генома возбудителя новой коронавирусной инфекции (COVID-19)»

Рисунок 4. Геноварианты SARS-CoV-2, представленные на территории Российской Федерации в январе–июле 2024 г.

Figure 5. SARS-CoV-2 gene variants presented on the territory of the Russian Federation in January–September 2024



вариантов и субвариантов SARS-CoV-2 в 2024 г. (рис. 4).

Во исполнение Постановления Правительства РФ № 2178 от 02.12.2021 г.* и № 2395 от 23.12.2022 г.** об утверждении Положения о федеральной государственной информационной системе (ФГИС) сведений санитарно-эпидемиологического характера и передачи данных расшифровки генома возбудителей инфекционных заболеваний специалистами ФБУН «ЦНИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора на базе платформы VGARus разработан модуль подсистемы ФГИС сведений санитарно-эпидемиологического характера с возможностью загрузки и биоинформатического анализа последовательностей геномов различных возбудителей инфекционных и паразитарных заболеваний. С января 2023 г. разработан 41 раздел для загрузки последовательностей генома различных возбудителей инфекционных заболеваний: вирусов гриппа А и В, вирусов гепатита А, В, С, D, E, энтеровирусов А, В, С, D, вируса кори, норовируса, цитомегаловируса, папилломавируса, сальмонелл, вируса ветряной оспы и др. К августу 2024 г. в российскую базу генетической информации VGARus уже загружено свыше 360 тыс. геномных последовательностей, полученных в результате полногеномного и фрагментного секвенирования, в том числе 326 тыс. сиквэнсов SARS-CoV-2.

* Постановление Правительства Российской Федерации от 02.12.2021 № 2178 «Об утверждении Положения о федеральной государственной информационной системе сведений санитарно-эпидемиологического характера»

** Постановление Правительства Российской Федерации от 23.12.2022 № 2395 «О внесении изменения в приложение к Положению о федеральной государственной информационной системе сведений санитарно-эпидемиологического характера»

Расширенная возможность загрузки последовательностей геномов различных возбудителей, увеличение скорости работы существующих биоинформационных скриптов, применение искусственного интеллекта, нейронной сети, возможность интеграции в рабочие процессы других подразделений (центров секвенирования) и другие базы данных, а также полная автоматизация позволяют использовать платформу VGARus в реализации программы импортозамещения и делают ее важным инструментом для обеспечения биобезопасности страны.

Таким образом, платформа VGARus дает возможность вести постоянный мониторинг мутационной изменчивости вирусов, предоставляя важнейшие данные для обнаружения новых геновариантов, и осуществлять оперативный и ретроспективный анализ их распространенности на территории России [22,23]. В настоящее время все научные учреждения России, занимающиеся секвенированием геномов коронавируса и зарегистрировавшиеся на портале genome.crie.ru в качестве пользователей, имеют возможность представить в VGARus свои изучаемые геномные последовательности. Полученные на портале регистрационные удостоверения позволяют участникам VGARus использовать информацию национальной базы данных.

В Указе Президента Российской Федерации от 28.02.2024 № 145 «О Стратегии научно-технологического развития Российской Федерации»***

*** Указ Президента Российской Федерации от 28.02.2024 № 145 «О Стратегии научно-технологического развития Российской Федерации»

отмечается, что создание широкого спектра технологических решений общего назначения (научно-технологических платформ) в цифровой и биологической сферах приобретает особую актуальность для реализации намеченных приоритетов, основных направлений и мер реализации государственной политики. В связи с тем, что эпидемии и пандемии остаются мировой реальностью, очевидно, что геномный эпидемиологический надзор, базирующийся на знаниях о молекулярно-генетических свойствах возбудителей инфекционных болезней, является важнейшей составляющей биобезопасности Российской Федерации и стратегическим направлением научно-технологического развития.

Именно своевременная и точная диагностика инфекционных заболеваний в сжатые сроки является в настоящее время важнейшим условием эпидемиологического благополучия населения, а также критерием оценки влияния биологических угроз на общественные отношения в части экономических, социальных и политических последствий [24,25].

Управление эпидемическим процессом на основе системных данных об изменении генетических свойств возбудителей инфекций, обладающих значительным эпидемическим потенциалом, и принятие оперативных управленческих решений, опережающих формирование фенотипических свойств патогенов, возможно при решении следующих основных задач геномного эпидемиологического надзора:

- анализ изменений генетических свойств циркулирующих и возникающих вариантов патогенов, позволяющий динамически отслеживать смену доминирующих геновариантов;
- оценка влияния структуры циркулирующих возбудителей (с учетом особенностей их территориального распространения) на характеристики эпидемического процесса;
- выявление предикторов неблагоприятного развития эпидемиологической ситуации на основе молекулярно-генетического мониторинга;
- прогнозирование развития эпидемического процесса инфекционных болезней с использованием инновационных платформенных решений и применения цифровых технологий;
- обеспечение оперативного реагирования на инфекции, вызываемые патогенами с пандемическим и эпидемическим потенциалом;
- управление эпидемическим процессом на основе осуществления и корректировки профилактических и противоэпидемических мероприятий.

На состоявшейся в мае 2024 г. семьдесят седьмой сессии Всемирной ассамблеи здравоохранения Генеральный директор ВОЗ Тедрос Гебрейесус в числе главных угроз человечеству выделил возможное возникновение новых эпидемий, требующих обеспечения соответствующей готовности и принятия мер реагирования в целях недопущения

пандемического распространения инфекционных заболеваний [26]. Критически важным решением является принятие пакета целевых поправок к Международным медико-санитарным правилам (ММСП), которые придадут мощный импульс развитию эпидемиологического надзора и позволят оперативно реагировать на чрезвычайные ситуации в области общественного здравоохранения, связанные с продолжающейся эволюцией возбудителей и факторов, определяющих их возникновение и распространение [27,28].

В России накоплена выдержавшая проверку временем обширная информация описательного и аналитического характера, обобщение которой позволило в значительной степени раскрыть общие причины и механизм развития эпидемического процесса и разработать концепцию борьбы с распространением инфекционных болезней. Без преувеличения можно сказать, что российская школа эпидемиологии является сильнейшей в мире, лидерство которой подтверждено актуальными и востребованными в настоящее время результатами научных исследований и их практической реализацией.

Дальнейшее совершенствование системы управления эпидемическим процессом на территории Российской Федерации предполагает прежде всего разработку и внедрение новых технологий, в частности, использование инструментов геномного эпидемиологического надзора. Благодаря теоретическим основам эпидемиологии, сформированным отечественными учеными, и возможности широкого использования молекулярно-биологических и генетических исследований в полном объеме внедряются инновационные разработки для предотвращения пандемического распространения новых и вновь возвращающихся инфекций. Происходит смена парадигмы диагностики и надзора за инфекционными болезнями: вместо поиска отдельных этиологических агентов возникает возможность выявить в любого рода биологическом образце весь спектр генетического материала микроорганизмов (метагеном) с последующей его идентификацией по видам, субтипам и генетическим вариантам благодаря технологии амплификации и методов секвенирования нового поколения.

Таким образом, стратегия геномного эпидемиологического надзора как мощного инструмента управления эпидемическим процессом на основе системных данных об изменении генетических свойств возбудителей инфекций, обладающих значительным эпидемическим потенциалом, является важнейшей составляющей биологической безопасности Российской Федерации и приоритетным направлением научно-технологического развития.

Работа выполнена за счет гранта Российского научного фонда №22–14–00308, <https://rscf.ru/project/22-14-00308/>

Литература

1. Акимкин В. Г., Зверев В. В., Кирпичников М. П. и др. Эпидемиологические, клеточные, генетические и эпигенетические аспекты биобезопасности. Вестник Российской академии наук. 2024; 94 (3): 287–298. doi:10.31857/S0869587324030127.
2. Ляпин М. Н., Кутырев В. В. Актуальные проблемы биобезопасности. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунологии. 2013; 90 (1): 97–102.
3. Акимкин В. Г., Семенов Т. А., Дубоделов Д. В. и др. Теория саморегуляции паразитарных систем и COVID-19. Вестник РАМН. 2024;79(1):33–41. doi:10.15690/vramn11607
4. Белащенко Д. А., Шоджонов И. Ф. К вопросу об обеспечении биологического суверенитета Российской Федерации. *Via in tempore*. История. Политология. 2023; 50(4): 1084–1094. doi:10.52575/2687-0967-2023-50-4-1084-1094
5. Семенов Т. А. Роль банка сывороток крови в системе биологической безопасности страны. Вестник Росздравнадзора. 2010;(3):55–8.
6. Орехов С. Н., Мохов А. А., Яворский А. Н. Устойчивость к антимикробным средствам - фактор риска системы биобезопасности. Безопасность и риск фармакотерапии. 2023;11(3):336–347. doi:10.30895/2312-7821-2023-11-3-336-347
7. COVID-19: U.S. Impact on Antimicrobial Resistance, Special Report 2022. Centers for Disease Control and Prevention, National Center for Emerging and Zoonotic Infectious Diseases, Division of Healthcare Quality Promotion; 2022. doi:10.15620/cdc:117915
8. Bracing for Superbugs. Strengthening environmental action in the One Health response to antimicrobial resistance. 2023 United Nations Environment Programme. <https://www.unep.org/resources/superbugs/environmental-action>. Ссылка активна на 4 августа 2024.
9. WHO. 2021 AWaRe classification. Доступно на: <https://www.who.int/publications/i/item/2021-aware-classification>. Ссылка активна на 4 августа 2024.
10. WHO Updates Blueprint List of Priority Diseases. Доступно на: <https://globalbiodefense.com/2018/02/12/who-updates-blueprint-list-of-priority-diseases/>. Ссылка активна на 4 августа 2024.
11. What Is Disease X? The Pandemic Threat Discussed At Davos 2024. Доступно на: <https://www.forbes.com/sites/brucelee/2024/01/27/what-is-disease-x-the-pandemic-threat-discussed-at-davos-2024/>. Ссылка активна на 4 августа 2024.
12. Роспотребнадзор прокомментировал заявления о «болезни X». Доступно на: <https://ria.ru/20240114/bolezni-1921282909.html>. Ссылка активна на 4 августа 2024.
13. Suzuki, R., Yamasoba, D., Kimura, I. et al. Attenuated fusogenicity and pathogenicity of SARS-CoV-2 Omicron variant. *Nature* 603, 700–705 (2022). <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04462-1>
14. Willett, B.J., Grove, J., MacLean, O.A. et al. SARS-CoV-2 Omicron is an immune escape variant with an altered cell entry pathway. *Nat Microbiol* 7, 1161–1179 (2022). <https://doi.org/10.1038/s41564-022-01143-7>
15. Willett, B.J., Grove, J., MacLean, O.A., et al. SARS-CoV-2 Omicron is an immune escape variant with an altered cell entry pathway. *Nat Microbiol* 7, 1161–1179 (2022). <https://doi.org/10.1038/s41564-022-01143-7>
16. Dejnirattisai W, Huo J, Zhou D, et al. SARS-CoV-2 Omicron-B.1.1.529 leads to widespread escape from neutralizing antibody responses. *Cell*. 2022;185(3):467–484.e15. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.12.046>
17. Tegally, H., Moir, M., Everatt, J., et al. Emergence of SARS-CoV-2 Omicron lineages BA.4 and BA.5 in South Africa. *Nat Med* 28, 1785–1790 (2022). <https://doi.org/10.1038/s41591-022-01911-2>
18. Будущее биобезопасности на Форуме будущих технологий 13.02.2024 г. Доступно на: https://rospotrebnadzor.ru/about/info/news/news_details.php?ELEMENT_ID=26987. Ссылка активна на 4 августа 2024.
19. Global genomic surveillance strategy for pathogens with pandemic and epidemic potential 2022–2032. Доступно на: <https://www.who.int/initiatives/genomic-surveillance-strategy>. Ссылка активна на 4 августа 2024.
20. Carter L.L., Yu M.A., Sacks J.A., et al. Global genomic surveillance strategy for pathogens with pandemic and epidemic potential, 2022–2032. *Bull. World Health Organ*. 2022;100(4):239–A. doi:10.2471/blt.22.288220
21. Акимкин В. Г., Семенов Т. А., Улева С. В. и др. COVID-19 в России: эпидемиология и молекулярно-генетический мониторинг. Вестник Российской академии медицинских наук. 2022;77(4):254–60. doi:10.15690/vramn2121
22. Akimkin V.; Semenenko T.A.; Ugleva, S.V.; Dubodelov, D.V.; Khafizov, K. COVID-19 Epidemic Process and Evolution of SARS-CoV-2 Genetic Variants in the Russian Federation. *Microbiol. Res.* 2024, 15, 213–224. doi:10.3390/microbiolres15010015
23. Котов И. А., Алетдинов М. Р., Роев Г. В. и др. Геномный надзор за SARS-CoV-2 в Российской Федерации: возможности платформы VGARus. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунологии. 2024;101(4):435–447. doi:10.36233/0372-9311-554
24. Берман А. М. Влияние биологических вызовов на общественно-политические отношения: проблемы и перспективы. Территория новых возможностей. Вестник Владивостокского государственного университета экономики и сервиса. – 2020; 12(4): 79–87. doi:10.24866/VVSU/2023-3984/2020-4/079-087
25. Акимкин В. Г., Семенов Т. А., Хафизов К. Ф. и др. Стратегия геномного эпидемиологического надзора. Проблемы и перспективы. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунологии. 2024;101(2):163–172. doi:10.36233/0372-9311-507
26. WHO Director-General's High-Level Welcome at the Seventy-seventh World Health Assembly – 27 May 2024. Доступно на: <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-high-level-welcome-at-the-seventy-seventh-world-health-assembly-27-may-2024>. Ссылка активна на 4 августа 2024.
27. Pandemic prevention, preparedness and response accord. Доступно на: <https://www.who.int/ru/news-room/questions-and-answers/item/pandemic-prevention-preparedness-and-response-accord>. Ссылка активна на 4 августа 2024.
28. World Health Assembly agreement reached on wide-ranging, decisive package of amendments to improve the International Health Regulations. Доступно на: <https://www.who.int/news/item/01-06-2024-world-health-assembly-agreement-reached-on-wide-ranging-decisive-package-of-amendments-to-improve-the-international-health-regulations-and-sets-date-for-finalizing-negotiations-on-a-proposed-pandemic-agreement>. Ссылка активна на 4 августа 2024.

References

1. Akimkin V.G., Zverev V.V., Kirpichnikov M.P., et al. Epidemiological, cellular, genetic and epigenetic aspects of biosafety. *Vestnik Rossijskoj akademii nauk*. - 2024. - Vol. 94. - N. 3. - P. 287–298. (In Russ). doi:10.31857/S0869587324030127.
2. Lyapin M.N., Kutyrev V.V. Actual problems of biosafety. *Journal of microbiology, epidemiology and immunobiology*. 2013; 90 (1): 97–102. (In Russ).
3. Akimkin V.G., Semenenko T.A., Dubodelov D.V., et al. The Theory of Self-Regulation of Parasitary Systems and COVID-19. *Annals of the Russian Academy of Medical Sciences*. 2024;79(1):33–41. (In Russ). doi:10.15690/vramn11607
4. Belashchenko D.A., Shodzhonov I.F. Revisiting the Guarantees of the Bio-Political Sovereignty of the Russian Federation. *Via in tempore*. History and political science 2023; 50(4): 1084–1094. (In Russ). doi:10.52575/2687-0967-2023-50-4-1084-1094
5. Semenenko T.A. The role of the blood serum bank in the biological safety system of the country. *Bulletin of Roszdravnadzor*. 2010;(3):55–8. (In Russ.)
6. Orekhov S.N., Mokhov A.A., Yavorsky A.N. Antimicrobial resistance: a risk factor for the biosafety system. *Safety and Risk of Pharmacotherapy*. 2023;11(3):336–347. (In Russ). doi:10.30895/2312-7821-2023-11-3-336-347
7. COVID-19: U.S. Impact on Antimicrobial Resistance, Special Report 2022. Centers for Disease Control and Prevention, National Center for Emerging and Zoonotic Infectious Diseases, Division of Healthcare Quality Promotion; 2022. doi:10.15620/cdc:117915
8. Bracing for Superbugs. Strengthening environmental action in the One Health response to antimicrobial resistance. 2023 United Nations Environment Programme. Available at: <https://www.unep.org/resources/superbugs/environmental-action>. Accessed: 4 August 2024.
9. WHO. 2021 AWaRe classification. Available at: <https://www.who.int/publications/i/item/2021-aware-classification>. Accessed: 4 August 2024.
10. WHO Updates Blueprint List of Priority Diseases. Available at: <https://globalbiodefense.com/2018/02/12/who-updates-blueprint-list-of-priority-diseases/>. Accessed: 4 August 2024.
11. What Is Disease X? The Pandemic Threat Discussed At Davos 2024. Available at: <https://www.forbes.com/sites/brucelee/2024/01/27/what-is-disease-x-the-pandemic-threat-discussed-at-davos-2024/>. Accessed: 4 August 2024.
12. Rospotrebnadzor commented on the statements about «disease X». Available at: <https://ria.ru/20240114/bolezni-1921282909.html>. Accessed: 4 August 2024.
13. Suzuki, R., Yamasoba, D., Kimura, I. et al. Attenuated fusogenicity and pathogenicity of SARS-CoV-2 Omicron variant. *Nature* 603, 700–705 (2022). doi:10.1038/s41586-022-04462-1
14. Willett, B.J., Grove, J., MacLean, O.A. et al. SARS-CoV-2 Omicron is an immune escape variant with an altered cell entry pathway. *Nat Microbiol* 7, 1161–1179 (2022). doi:10.1038/s41564-022-01143-7
15. Willett, B.J., Grove, J., MacLean, O.A. et al. SARS-CoV-2 Omicron is an immune escape variant with an altered cell entry pathway. *Nat Microbiol* 7, 1161–1179 (2022). doi:10.1038/s41564-022-01143-7
16. Dejnirattisai W, Huo J, Zhou D, et al. SARS-CoV-2 Omicron-B.1.1.529 leads to widespread escape from neutralizing antibody responses. *Cell*. 2022;185(3):467–484.e15. doi:10.1016/j.cell.2021.12.046
17. Tegally, H., Moir, M., Everatt, J. et al. Emergence of SARS-CoV-2 Omicron lineages BA.4 and BA.5 in South Africa. *Nat Med* 28, 1785–1790 (2022). doi:10.1038/s41591-022-01911-2
18. The future of Biosafety at the Forum of Future Technologies on 02/13/2024 Available at: https://rospotrebnadzor.ru/about/info/news/news_details.php?ELEMENT_ID=26987. Accessed: 4 August 2024.
19. Global genomic surveillance strategy for pathogens with pandemic and epidemic potential 2022–2032. Available at: <https://www.who.int/initiatives/genomic-surveillance-strategy>. Accessed: 4 August 2024.
20. Carter L.L., Yu M.A., Sacks J.A., et al. Global genomic surveillance strategy for pathogens with pandemic and epidemic potential, 2022–2032. *Bull. World Health Organ*. 2022;100(4):239–A. doi:10.2471/blt.22.288220

21. Akimkin V.G., Semenenko T.A., Ugleva S.V., et al. COVID-19 in Russia: epidemiology and molecular genetic monitoring. *Annals of the Russian Academy of Medical Sciences*. 2022;77(4):254–60. (in Russ). doi:10.15690/vramn2121
22. Akimkin V., Semenenko T.A., Ugleva S.V., et al. COVID-19 Epidemic Process and Evolution of SARS-CoV-2 Genetic Variants in the Russian Federation. *Microbiol. Res.* 2024, 15, 213–224. doi:10.3390/microbiolres15010015
23. Kotov I.A., Agletdinov M.R., Roev G.V., et al. Genomic Surveillance of SARS-CoV-2 in Russia: Insights from the VGARus Platform. *Journal of microbiology, epidemiology and immunobiology*. - 2024. - Vol. 101. - N. 4. - P. 435–447. doi:10.36233/0372-9311-554
24. Berman A.M. Impact of biological challenges on social and political relations: issues and prospects, *The Territory of New Opportunities. The Herald of Vladivostok State University of Economics and Service*, 2020, Vol. 12, № 4, pp. 79–87. doi:10.24866/VVSU/2073-3984/2020-4/079-087
25. Akimkin V.G., Semenenko T.A., Khafizov K.F., et al. Genomic surveillance strategy. Problems and perspectives. *Journal of microbiology, epidemiology and immunobiology*. 2024;101(2):163–172. (in Russ). doi:10.36233/0372-9311-507
26. WHO Director-General's High-Level Welcome at the Seventy-seventh World Health Assembly – 27 May 2024. Available at: <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-high-level-welcome-at-the-seventy-seventh-world-health-assembly-27-may-2024>. Accessed: 4 August 2024.
27. Pandemic prevention, preparedness and response accord. Available at: <https://www.who.int/news-room/questions-and-answers/item/pandemic-prevention--preparedness-and-response-accord>. Accessed: 4 August 2024.
28. World Health Assembly agreement reached on wide-ranging, decisive package of amendments to improve the International Health Regulations. Available at: <https://www.who.int/news/item/01-06-2024-world-health-assembly-agreement-reached-on-wide-ranging--decisive-package-of-amendments-to-improve-the-international-health-regulations--and-sets-date-for-finalizing-negotiations-on-a-proposed-pandemic-agreement>. Accessed: 4 August 2024.

Об авторах

- **Василий Геннадьевич Акимкин** – д. м. н., профессор, академик РАН, директор ФБУН «ЦНИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия. vgakimkin@yandex.ru. <https://orcid.org/0000-0003-4228-9044>.
- **Татьяна Анатольевна Семененко** – д. м. н., профессор, главный научный сотрудник отдела эпидемиологии ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава РФ, Москва, Россия. semenenko@gamaleya.org meddy@inbox.ru. <https://orcid.org/0000-0002-6686-9011>.
- **Камиль Фаридович Хафизов** – к. б. н., заведующий лабораторией геномных исследований ФБУН «ЦНИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия. khafizov@cmd.su. <https://orcid.org/0000-0001-5524-0296>.
- **Светлана Викторовна Углева** – д. м. н., доцент, руководитель научно-аналитического отдела ФБУН «ЦНИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия. ugleva@bk.ru. <https://orcid.org/0000-0002-1322-0155>.
- **Дмитрий Васильевич Дубоделов** – к. м. н., с. н. с. лаборатории вирусных гепатитов отдела молекулярной диагностики и эпидемиологии ФБУН «ЦНИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия. dubodelov@cmd.su. <https://orcid.org/0000-0003-3093-5731>.
- **Евгений Давидович Свердлов** – д. х. н., профессор, академик РАН, руководитель Центра геномных исследований мирового уровня НИЦ «Курчатовский институт», Москва, Россия. edsverd@gmail.com. <https://orcid.org/0000-0002-0684-2503>.
- **Анна Сергеевна Черкашина** – к. х. н., руководитель научной группы геномной инженерии и биотехнологии, отдел молекулярной диагностики и эпидемиологии ФБУН «ЦНИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия. cherkashina@pcr.ms. <https://orcid.org/0000-0001-7970-7495>.
- **Гасан Алиевич Гасанов** – специалист научно-аналитического отдела ФБУН «ЦНИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия. gasanov@cmd.su. <http://orcid.org/0000-0002-0121-521X>.
- **Максим Игоревич Надтока** – младший научный сотрудник лаборатории геномных исследований ФБУН «ЦНИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия. maximnadтока@gmail.com. <https://orcid.org/0009-0002-3217-0963>.
- **Надежда Петровна Румянцева** – лаборант научной группы геномной инженерии и биотехнологии, отдел молекулярной диагностики и эпидемиологии ФБУН «ЦНИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия. nadejda.rumiantceva@yandex.ru. <https://orcid.org/0000-0003-3612-9095>.
- **Юлия Владимировна Михайлова** – заведующая лабораторией молекулярных механизмов антибиотикорезистентности ФБУН «ЦНИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия. mihailova@cmd.su. <https://orcid.org/0000-0002-5646-538X>.
- **Андрей Александрович Шеленков** – старший научный сотрудник лаборатории молекулярных механизмов антибиотикорезистентности ФБУН «ЦНИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия. shelenkov@cmd.su. <https://orcid.org/0000-0002-7409-077X>.
- **Анна Сергеевна Есман** – научный сотрудник лаборатории молекулярных методов изучения генетических полиморфизмов ФБУН «ЦНИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия. esman@cmd.su. <http://orcid.org/0000-0002-5456-7649>.
- **Ирина Васильевна Алексеенко** – к. б. н., старший научный сотрудник, НИЦ «Курчатовский институт», Москва, Россия. irina.alekseenko@mail.ru. <https://orcid.org/0000-0002-5357-7685>.
- **Лия Германовна Кондратьева** – к. б. н., младший научный сотрудник, НИЦ Курчатовский институт, Москва, Россия. liakondratyeva@yandex.ru. <https://orcid.org/0000-0003-3990-8262>.
- **Роман Михайлович Береговых** – специалист по анализу и обработке данных ФБУН «ЦНИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия. beregovykh@cmd.su. <https://orcid.org/0009-0000-3956-2148>.

Поступила: 08.08.2024. Принята к печати: 27.09.2024.

Контент доступен под лицензией CC BY 4.0.

About the Authors

- **Vasily G. Akimkin** – Dr. Sci. (Med.), Professor, Full Member of RAS, Director, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia. vgakimkin@yandex.ru. <https://orcid.org/0000-0003-4228-9044>.
- **Tatyana A. Semenenko** – Dr. Sci. (Med.), Professor, Chief researcher, Department of epidemiology, N.F. Gamaleya National Research Centre of Epidemiology and Microbiology, Moscow, Russia. semenenko@gamaleya.org. <https://orcid.org/0000-0002-6686-9011>.
- **Kamil F. Khafizov** – Cand. Sci. (Biol.), Head, Genomic research laboratory, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia. khafizov@cmd.su. <https://orcid.org/0000-0001-5524-0296>.
- **Svetlana V. Ugleva** – Dr. Sci. (Med.), Assoc. Prof., Head, Scientific and analytical department. Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia. ugleva@bk.ru. <https://orcid.org/0000-0002-1322-0155>.
- **Dmitry V. Dubodelov** – Cand. Sci. (Med.), senior researcher, Laboratory of viral hepatitis, Department of molecular diagnostics and epidemiology, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia. dubodelov@cmd.su. <https://orcid.org/0000-0003-3093-5731>.
- **Evgeny D. Sverdlov** – Dr. Sci. (Chem.), Professor, Full Member of RAS, Head, World-Class Genomic Research Center, NRC «Kurchatov Institute», Moscow, Russia. edsverd@gmail.com. <https://orcid.org/0000-0002-0684-2503>.
- **Anna S. Cherkashina** – Cand. Sci. (Chem.), Head, Research group of genetic engineering and biotechnology, Central Research Institute of Epidemiology, Moscow, Russia. cherkashina@pcr.ms. <https://orcid.org/0000-0001-7970-7495>.
- **Gasan A. Gasanov** – specialist, Scientific and Analytical Department, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia. gasanov@cmd.su. <http://orcid.org/0000-0002-0121-521X>.
- **Maksim I. Nadтока** – junior researcher, Genomics research laboratory, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia. maximnadтока@gmail.com. <https://orcid.org/0009-0002-3217-0963>.
- **Nadezhda P. Rumyantseva** – laboratory assistant, Research group of genetic engineering and biotechnology, Central Research Institute of Epidemiology, Moscow, Russia. nadejda.rumiantceva@yandex.ru. <https://orcid.org/0000-0003-3612-9095>.
- **Yulia V. Mikhailova** – Head of the Laboratory of Molecular Mechanisms of Antibiotic Resistance, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia. mihailova@cmd.su. <https://orcid.org/0000-0002-5646-538X>.
- **Andrey A. Shelenkov** – senior research officer at the Laboratory of Molecular Mechanisms of Antibiotic Resistance, Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia. shelenkov@cmd.su. <https://orcid.org/0000-0002-7409-077X>.
- **Anna S. Esman** – Researcher, Laboratory of Molecular Methods for Genetic Polymorphisms Research, Central Research Institute of Epidemiology, Moscow, Russia. esman@cmd.su. <https://orcid.org/0000-0002-5456-7649>.
- **Irina V. Alekseenko** – Cand. Sci. (Biol.), senior researcher, NRC «Kurchatov Institute», Moscow, Russia. irina.alekseenko@mail.ru. <https://orcid.org/0000-0002-5357-7685>.
- **Liya G. Kondratyeva** – Cand. Sci. (Biol.), junior researcher, NRC «Kurchatov Institute», Moscow, Russia. liakondratyeva@yandex.ru. <https://orcid.org/0000-0003-3990-8262>.
- **Roman M. Beregovykh** – data scientist Central Research Institute for Epidemiology, Moscow, Russia. beregovykh@cmd.su. <https://orcid.org/0009-0000-3956-2148>.

Received: 08.08.2024. Accepted: 27.09.2024.

Creative Commons Attribution CC BY 4.0.