

Генетическое разнообразие вируса эпидемического паротита в Российской Федерации

Т. С. Рубальская^{*1}, Д. В. Ерохов¹, О. В. Цвиркун^{1,2}, И. Э. Мизаева¹,
Н. В. Тураева¹, Н. Т. Тихонова¹

¹ФБУН «Московский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им Г. Н. Габричевского» Роспотребнадзора, Москва

²ФГАУ ВО «Российский университет дружбы народов им. П. Лумумбы», Москва

Резюме

Актуальность. Одним из компонентов эпидемиологического надзора за корью, краснухой и эпидемическим паротитом является вирусологический мониторинг циркуляции возбудителей этих инфекций. Если в рамках реализации Программы элиминации кори и краснухи единые методы мониторинга циркуляции вирусов кори и краснухи и интерпретации полученных данных рекомендованы ВОЗ и применяются во всем мире, то в отношении вируса эпидемического паротита такой практики нет. Настоящая работа посвящена изучению генетического разнообразия вируса эпидемического паротита в России с применением ранее апробированных авторами методов молекулярно-эпидемиологических исследований. **Цель.** Изучить генетическое разнообразие вируса эпидемического паротита в России в 2022–2023 гг. **Материалы и методы.** Образцы биологического материала от 25 больных с диагнозом «Эпидемический паротит» были получены с территорий страны с высокой и низкой заболеваемостью паротитом в 2022–2023 гг. Проведена экстракция вирусной РНК, ОТ-ПЦР, секвенирование по Сэнгеру, биоинформатический анализ данных. Выделенные нуклеотидные последовательности депонированы в базы данных GenBank. **Результаты.** По результатам исследования установлено, что в России в 2022–2023 гг. циркулировали вирусы эпидемического паротита генотипа G. Выявлена трансмиссия двух генетических групп – G1 и G2. Геногруппа G1 относится к генетической линии MuVi/Sheffield.GBR/1.05, геногруппа G2 – MuVi/Gloucester.GBR/32.96. Для каждой генетической группы определен ареал циркуляции. **Заключение.** Несмотря на то, что обе геногруппы были представлены преимущественно вирусами, выделенными в России, отсутствие значимой корреляции между матрицами расстояний не позволяет сделать заключение об эндемичной трансмиссии геногрупп G1 и G2 в стране на основании имеющихся молекулярных данных. В рамках реализации Национальной программы «Элиминация кори и краснухи, достижение устойчивой спорадической заболеваемости эпидемическим паротитом» изучение циркулирующих генотипов вируса ЭП является актуальным и будет продолжено.

Ключевые слова: эпидемический паротит, вирус эпидемического паротита, генотип, генетическое разнообразие
Конфликт интересов не заявлен.

Для цитирования: Рубальская Т. С., Ерохов Д. В., Цвиркун О. В. и др. Генетическое разнообразие вируса эпидемического паротита в Российской Федерации. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2025;24(1):10-17. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2025-24-1-10-17>

Благодарность

Авторы выражают признательность Р. А. Арбухановой (Управление Роспотребнадзора по Республике Дагестан) и А. В. Милихиной и А. А. Гаджиевой (ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Республике Дагестан») за предоставление результатов эпидемиологических исследований.

Genetic Diversity of Mumps Virus in Russian Federation

TS Rubalskaia^{**1}, DV Erokhov¹, OV Tsvirkun^{1,2}, IE Mizaeva¹, NV Turaeva¹, NT Tikhonova¹

¹G.N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology, Moscow, Russia

²Peoples' Friendship University of Russia, Moscow, Russia

Abstract

Relevance. In the establishment of a unified epidemiological surveillance system for measles, rubella, and mumps, virological monitoring of the circulation of these pathogens is essential. While standardized methods for monitoring the circulation of measles and rubella viruses and interpreting the obtained data are recommended by the WHO and applied globally, no such practice exists for

^{*} Для переписки: Рубальская Татьяна Сергеевна, руководитель лаборатории прикладной иммунохимии, ФБУН «Московский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. Г. Н. Габричевского» Роспотребнадзора, 414018, Россия, Москва, ул. Адмирала Макарова, д. 10. +7 (495) 452-28-26, rubalskaia@gabrich.ru. ©Рубальская Т. С. и др.

^{**} For correspondence: Rubalskaia Tatiana S., head of laboratory of applied biochemistry, G.N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology, 10, admiral Makarov str., Moscow, 414018, Russia. +7 (495) 452-28-26, rubalskaia@gabrich.ru. ©Rubalskaia TS, et al.

the mumps virus. This study focuses on examining the genetic diversity of the mumps virus in Russia using molecular epidemiological methods previously validated by the authors. **Aim.** To investigate the genetic diversity of the mumps virus in Russia in 2022–2023. **Materials and methods.** Biological material samples from 25 patients diagnosed with "Mumps" were obtained from regions with high and low mumps incidence in 2022–2023. Viral RNA extraction, RT-PCR, Sanger sequencing, and bioinformatic data analysis were conducted. The identified nucleotide sequences were deposited in the GenBank database. **Results.** The study found that mumps viruses of genotype G circulated in Russia in 2022–2023. Transmission of two genetic groups, G1 and G2, was identified. Genogroup G1 belongs to the genetic lineage MuVi/Sheffield.GBR/1.05, and genogroup G2 to MuVi/Gloucester.GBR/32.96. The circulation area for each genetic group was determined. **Conclusions.** Despite both genogroups being predominantly represented by viruses isolated in Russia, the lack of significant correlation between distance matrices does not allow for a conclusion about the endemic transmission of genogroups G1 and G2 in the country based on the available molecular data. Within the framework of the National Program "Elimination of Measles and Rubella, Achieving Sustainable Sporadic Incidence of Mumps," the study of circulating mumps virus genotypes is relevant and will be continued. No conflict of interest to declare.

For citation: Rubalskaia TS, Erokhov DV, Tsvirkun OV et al. Genetic diversity of mumps virus in Russian Federation. *Epidemiology and Vaccinal Prevention*. 2025;24(1):10-17 (In Russ.). <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2025-24-1-10-17>

Acknowledgment

The authors express their gratitude to R. A. Arbukhanova (Rospotrebnadzor Office for the Republic of Dagestan) and A. V. Milikhina and A. A. Gadzhieva (Center for Hygiene and Epidemiology in the Republic of Dagestan) for providing the results of epidemiological investigations.

Введение

Реализация Национальной программы «Элиминация кори и краснухи, достижение устойчивой спорадической заболеваемости эпидемическим паротитом (2021–2025 гг.)» (далее Национальная программа) обуславливает необходимость интеграции эпидемиологического надзора за эпидемическим паротитом (ЭП) в существующую систему надзора за корью и краснухой [1]. Для создания единой системы надзора за корью, краснухой и ЭП поэтапно совершенствуется информационное обеспечение мониторинга заболеваемости ЭП. Одним из важных компонентом эпидемиологического надзора является мониторинг циркуляции возбудителя ЭП с соблюдением единых подходов к мониторингу циркуляции вирусов кори, краснухи и ЭП.

Известно, что в настоящее время важную роль приобрели геномные исследования, дополняющие информационное обеспечение эпидемиологического надзора за инфекционными заболеваниями. В рамках Программы элиминации кори и краснухи методы, применяемые для изучения циркуляции возбудителей этих инфекций, разработаны и рекомендованы ВОЗ и Глобальной лабораторной сетью ВОЗ по кори и краснухе (Global Measles and Rubella Laboratory Network, GMRLN) [2]. Унифицированные молекулярно-эпидемиологические методы используются практически во всем мире и являются стандартом эпиднадзора в рамках глобальной инициативы ВОЗ по элиминации кори и краснухи. Однако несмотря на то, что в программы вакцинации во многих странах включены комплексные вакцины против кори, краснухи и ЭП, а также осуществляется надзор за ЭП, не существует общепризнанных методов молекулярно-генетического мониторинга циркуляции вируса эпидемического

паротита (ВЭП). Стандартизованный подход ограничивается только номенклатурой ВЭП, предложенной в 2012 г. и применяемой в настоящее время большинством исследователей [3]. Разработка, внедрение и последующая трактовка результатов геномных исследований ВЭП являются существенной составляющей систем эпидемиологического надзора страны.

Согласно Национальной программе, одним из ожидаемых конечных результатов ее реализации является достижение к 2025 г. устойчивой спорадической заболеваемости ЭП на территории Российской Федерации. Ожидается, что внедрение молекулярно-эпидемиологических методов в систему эпидемиологического надзора станет одним из инструментов для более полной оценки проявлений эпидемического процесса. Кроме того, проведение масштабных исследований генетического разнообразия ВЭП позволит накопить массив данных не только для использования в рамках надзорных мероприятий, но и для изучения патогена.

Первые данные, характеризующие генетическое разнообразие ВЭП на территории России, были получены в 2022 г., установлено, что заболеваемость была связана с циркуляцией генотипа G, что согласовывается с данными о доминирующем характере этого генотипа в мире [4]. Однако исследование было проведено только в одном регионе страны – Республике Дагестан. Несмотря на то, что на протяжении длительного времени наибольшее количество случаев ЭП зарегистрировано именно в этом субъекте, характеристика генетического пейзажа патогена в стране не может претендовать на полноту без учета получения и анализа данных о вирусной популяции в других регионах, в том числе с низкой заболеваемостью.

Цель работы – изучение генетического разнообразия ВЭП в России в 2022–2023 гг.

Материалы и методы

Исследование было проведено согласно принципам Хельсинкской декларации [5].

Образцы клинического материала для исследования были отобраны от 25 больных с диагнозом «Эпидемический паротит» в 2022–2023 гг., получены из территорий с максимальной (Республика Дагестан – 19 образцов и г. Новосибирск – 3 образца) и минимальной (Москва – 2 образца и г. Ставрополь – 1 образец). В 19 случаях ЭП классифицирован как «местный», в 6 случаях происхождение неизвестно.

Экстракция РНК из клинических образцов, ОТ-ПЦР для амплификации участка 316 нт гена *SH*, секвенирование и анализ данных секвенирования были проведены по описанной ранее методике [4]. Реконструкцию филогенетических событий проводили в программе MEGA X на основании нуклеотидной последовательности 316 нт гена *SH* с использованием двухпараметрической модели Кимуры по методу максимального правдоподобия. Оптимальная модель замен для построения дерева была выбрана по минимальной величине критерия BIC для проанализированного набора данных. В качестве показателя устойчивости дерева использовался индекс бутстреп-поддержки при 500 репликациях. Показатель статистической надежности узлов считался достоверным при значении выше 70. Эволюционная дистанция между штаммами для построения матрицы генетических расстояний определена по методу максимального правдоподобия [6]. Для построения матрицы географических расстояний была использована библиотека geodist для языка программирования R. Матрицы были протестированы посредством непараметрического теста Мантеля в GenAlEx [7]. Статистическая значимость ($p < 0,05$) корреляций между матрицами оценивалась по 999 перестановкам (пермутационный тест). Референсные последовательности генотипов ВЭП приведены в соответствии с номенклатурой ВОЗ [3]. Последовательности родственных штаммов (сходство, определенное по алгоритму BLAST, $\geq 98,5\%$), использованные в настоящей работе, обозначены номерами GenBank. Последовательности, полученные авторами, депонированы в GenBank под номерами OQ102499-OQ102509, PP058433-PP058440, PP464866-PP464871.

Результаты

По результатам генотипирования определено, что все выделенные штаммы принадлежали генотипу G. При филогенетическом анализе выявлена принадлежность всех ВЭП, циркулировавших в России, к двум генетическим группам: G1 и G2. В геногруппу G1 вошли девять штаммов, выделенных от больных ЭП из Республики Дагестан ($n = 8$) и Ставропольского края ($n = 1$). Геногруппа

G2 представлена 16 штаммами, изолированными в Республике Дагестан ($n = 11$), г. Новосибирске ($n = 3$) и Москве ($n = 2$). Подробная характеристика выделенных штаммов представлена в таблице 1.

Проведенный филогенетический анализ показал, что две геногруппы ВЭП, циркулировавшие на территории РФ в 2022–2023 гг., принадлежат к разным кластерам (рис. 1). Геногруппа G1 принадлежит кластеру вирусов, относящихся к линии MuVi/Sheffield.GBR/1.05, дистанция Джукса-Кантора ($JK_{\text{дист.}}$) между референс-штаммом и G1 составила 0,03. Также установлено, что $JK_{\text{дист.}}$ внутри G1 составила 0,03. Принадлежащая линии MuVi/Gloucester.GBR/32.96 более многочисленная геногруппа G2 имеет эволюционную дистанцию с референс-штаммом кластера 0,03, а $JK_{\text{дист.}}$ внутри группы составила 0,04.

Для проведения филогенетического анализа использованы в том числе близкородственные последовательности. В геногруппу G1 были включены последовательности, выделенные в 2017–2018 гг.: идентичный на участке 316 нт гена *SH* вирус, выделенный в Беларуси, и отличающиеся на 1 нт замену штаммы, изолированные в Швеции (G159A) и Нидерландах (T201G). Ближайший родственник геногруппе G2 вирус был выделен в Канаде в 2019 г., однако при реконструкции филогении не наблюдается его кластеризация с российскими последовательностями.

Для проверки предположения, что генетическое разнообразие ВЭП, выделенных в России, может быть географически детерминировано (т.н. гипотеза isolation-by-distance; IBD), были построены матрицы географических и генетических расстояний для каждой генетической группы, определен коэффициент Мантеля (r) и построен график линейной регрессии с использованием перестановочных методов Монте-Карло (рис. 2.1, 2.2).

Определено значение коэффициента Мантеля для геногруппы G1 $r = -0,234$ ($p < 0,05$), для геногруппы G2 $r = 0,221$ ($p < 0,05$). Таким образом, выявлена очень слабая корреляция между матрицами генетического и географического расстояния в обеих генетических группах.

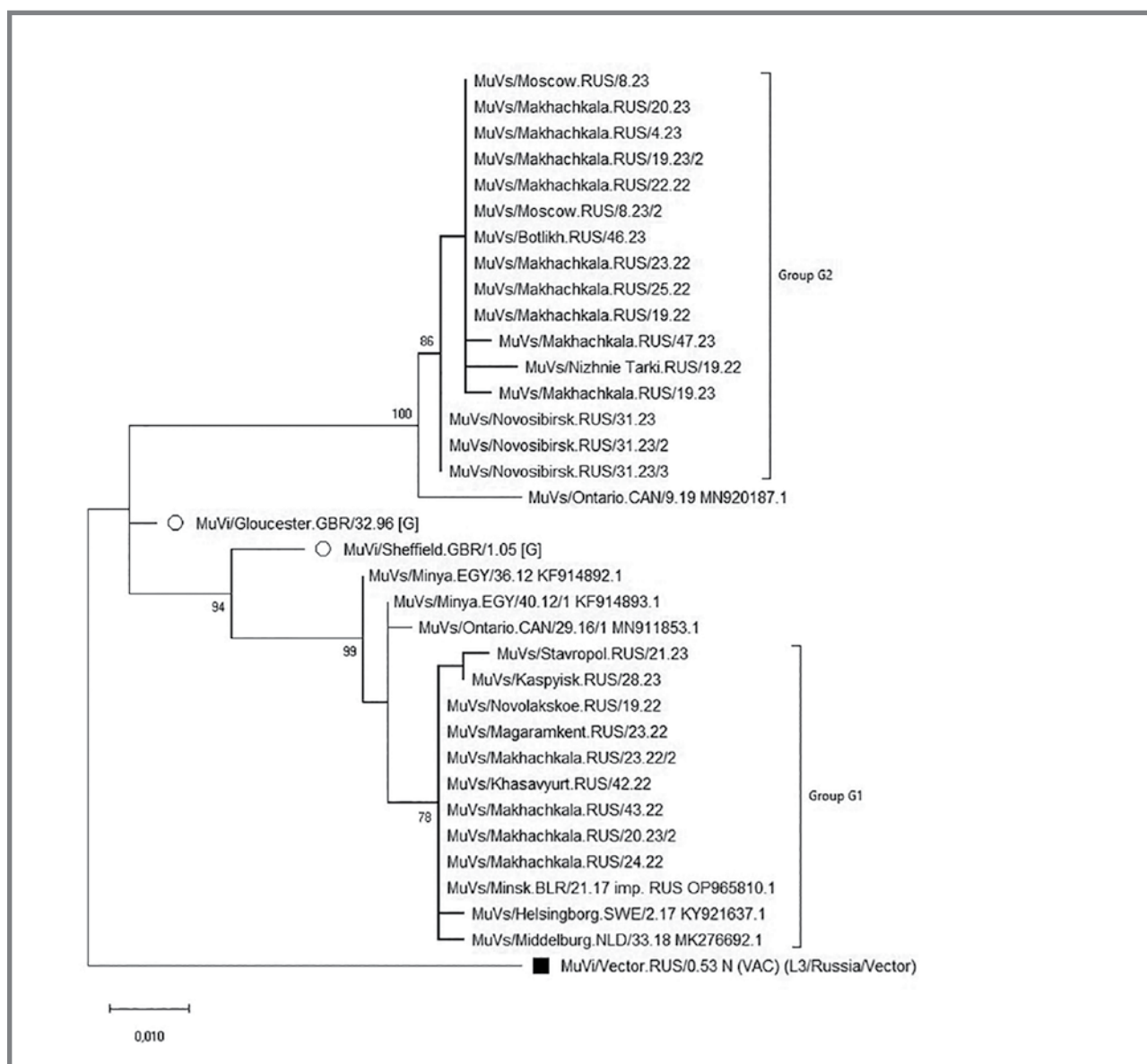
Обсуждение

Специфическая профилактика в рамках Национального календаря профилактических прививок позволила добиться снижения и поддержания на низком уровне заболеваемости ЭП в стране, среднемноголетний показатель заболеваемости составлял 0,64 на 100 тыс. населения за последние 14 лет. Последний циклический подъем заболеваемости наблюдался в 2017 г. с максимальным показателем 3,03 на 100 тыс. населения. В 2022 г. начал формироваться новый циклический подъем, когда заболеваемость увеличилась в 2 раза по сравнению с 2021 г. и составила 0,28 на 100 тыс. населения [8]; в 2023 г. рост продолжился (0,9 на 100 тыс. населения). Также

Таблица 1. Штаммы ВЭП, выделенные в России в 2022–2023 гг.
Table 1. MuV strains isolated in Russia in 2022–2023

№	Территория Area	Дата заболевания Case date	Эпид. классификация Epi. classifica- tion	Наименование штамма Strain's name	Геногруппа Genogroup
1	Республика Дагестан, с. Новолакское Republic of Dagestan, v. Novolakskoe	15.05.2022 г.	Местный Local	MuVs/Novolakskoe.RUS/19.22	G1
2	г. Махачкала Makhachkala	07.06.2022 г.	Местный Local	MuVs/Makhachkala. RUS/23.22/2	G1
3	г. Магарамкент Magaramkent	06.06.2022 г.	Местный Local	MuVs/Magaramkent. RUS/23.22	G1
4	г. Махачкала Makhachkala	07.06.2022 г.	Местный Local	MuVs/Makhachkala.RUS/23.22	G1
5	г. Махачкала Makhachkala	19.06.2022 г.	Местный Local	MuVs/Makhachkala.RUS/24.22	G1
6	г. Хасавюрт Khasavyurt	17.10.2022 г.	Местный Local	MuVs/Khasavyurt.RUS/42.22	G1
7	г. Махачкала Makhachkala	10.05.2023 г.	Местный Local	MuVs/Makhachkala. RUS/20.23/2	G1
8	г. Ставрополь Stavropol	24.05.2023 г.	Не известно Unknown	MuVs/Stavropol.RUS/21.23	G1
9	г. Каспийск Kaspyisk	13.07.2023 г.	Местный Local	MuVs/Kaspyisk.RUS/28.23	G1
10	г. Махачкала Makhachkala	22.01.2023 г.	Местный Local	MuVs/Makhachkala.RUS/4.23	G2
11	г. Махачкала Makhachkala	11.05.2022 г.	Местный Local	MuVs/Makhachkala.RUS/19.22	G2
12	Республика Дагестан, с. Нижние Тарки Republic of Dagestan, v. Nizhnie Tarki	17.05.2022 г.	Местный Local	MuVs/Nizhnie Tarki.RUS/19.22	G2
13	г. Махачкала Makhachkala	30.05.2022 г.	Местный Local	MuVs/Makhachkala.RUS/22.22	G2
14	г. Махачкала Makhachkala	20.06.2022 г.	Местный Local	MuVs/Makhachkala.RUS/25.22	G2
15	Москва Moscow	22.02.2023 г.	Не известно Unknown	MuVs/Moscow.RUS/8.23	G2
16	Москва Moscow	22.02.2023 г.	Не известно Unknown	MuVs/Moscow.RUS/8.23/2	G2
17	г. Махачкала Makhachkala	12.05.2023 г.	Местный Local	MuVs/Makhachkala. RUS/19.23/2	G2
18	г. Махачкала Makhachkala	08.05.2023 г.	Местный Local	MuVs/Makhachkala.RUS/19.23	G2
19	г. Махачкала Makhachkala	15.05.2023 г.	Местный Local	MuVs/Makhachkala.RUS/20.23	G2
20	г. Новосибирск Novosibirsk	01.08.2023 г.	Не известно Unknown	MuVs/Novosibirsk. RUS/31.23/2	G2
21	г. Новосибирск Novosibirsk	31.07.2023 г.	Не известно Unknown	MuVs/Novosibirsk. RUS/31.23/3	G2
22	г. Новосибирск Novosibirsk	01.08.2023 г.	Не известно Unknown	MuVs/Novosibirsk.RUS/31.23	G2
23	Республика Дагестан, с. Ботлих Republic of Dagestan, v. Botlikh	17.11.2023 г.	Местный Local	MuVs/Botlikh.RUS/46.23	G2
24	г. Махачкала Makhachkala	20.11.2023 г.	Местный Local	MuVs/Makhachkala.RUS/47.23	G2
25	г. Махачкала Makhachkala	07.06.2022 г.	Местный Local	MuVs/Makhachkala.RUS/23.22	G2

Рисунок 1. Филогенетическое дерево ВЭП, выделенных в России в 2022–2023 гг.
Figure 1. Phylogenetic tree of MuV isolated in Russia in 2022–2023



Примечание: ■ – внешняя группа, ○ – референс-штаммы генотипа G.
 Note: ■ – out group, ○ – reference strains of genotype G.

отмечалось крайне неравномерное распределение заболеваемости ЭП по стране. Случаи ЭП не регистрировались, либо регистрировались единичные случаи в 2017 г. в 76 субъектах страны и в течение 2020–2022 гг. – в 84 [8]. При этом стабильно высокий уровень заболеваемости ЭП, который не прерывался в течение года, наблюдался в Республике Дагестан, где в 2023 г. было зарегистрировано 77,2% от всех случаев ЭП в стране, показатель заболеваемости – 35,4 на 100 тыс. населения, что в 39,3 раза выше среднероссийского.

В настоящем исследовании проанализировано генетическое разнообразие ВЭП на территориях с высокой – Республика Дагестан, Ставропольский край и низкой заболеваемостью – Москва, г. Новосибирск. По результатам анализа генетического пейзажа ВЭП уставлено, что в 2022–

2023 гг. на всех проанализированных территориях циркулировали две геногруппы ВЭП генотипа G: G1 и G2.

Генетическая группа G1 в филогенетическом отношении относится к линии референс-штамма MuVi/Sheffield.GBR/1.05. Вирусы, родственные MuVi/Sheffield.GBR/1.05, эндемичны для США и Канады с начала 2000-х гг. [9,10]. Также, по данным GenBank, вирусы линии MuVi/Sheffield.GBR/1.05, имеющие высокое сходство с российскими штаммами, циркулировали в Египте в 2012 г. Проведенный филогенетический анализ показывает, что кластер, включающий в себя штаммы, выделенные в России в 2022–2023 гг., имеет существенную дистанцию с вирусами, широко распространенными в других странах. При поиске родственных последовательностей в GenBank установлено, что наиболее близкими к российским штаммам

Рисунок 2.1. График линейной регрессии для проверки гипотезы IBD в отношении генетической группы G1
Figure 2.1. Regression line graphs for testing the IBD hypothesis regarding genetic groups G1

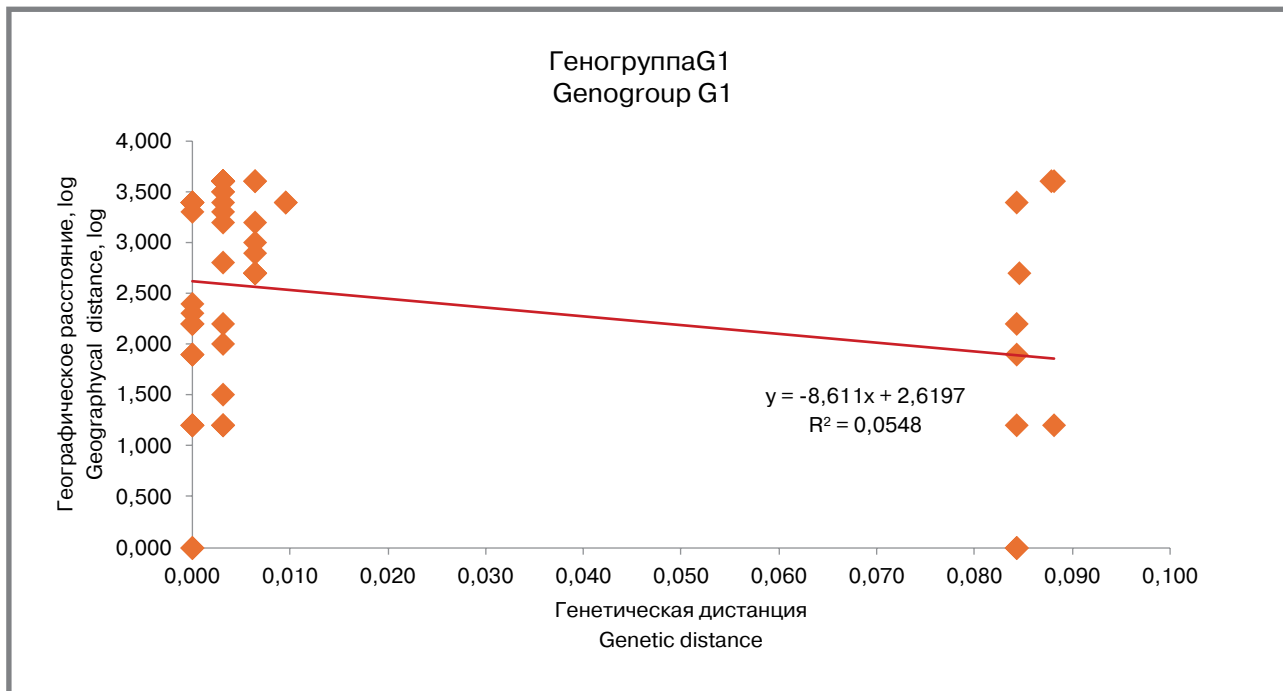
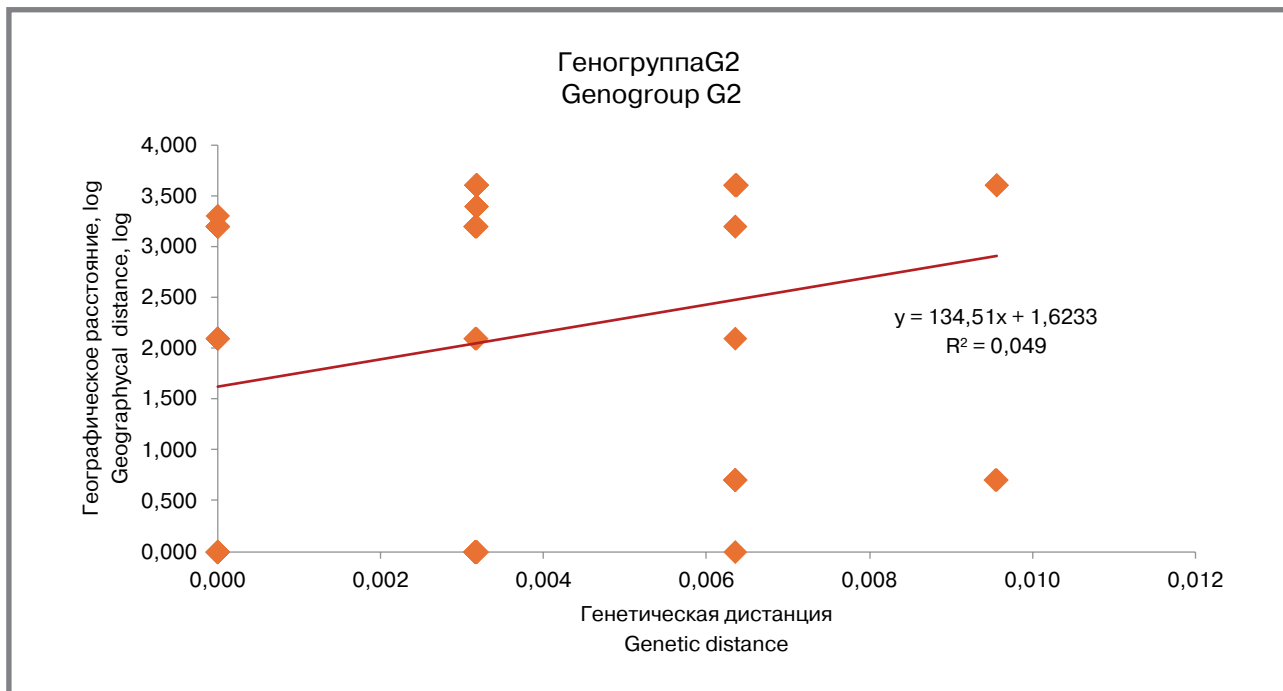


Рисунок 2.2. График линейной регрессии для проверки гипотезы IBD в отношении генетической группы G2
Figure 2.2. Regression line graphs for testing the IBD hypothesis regarding genetic groups G2



являются вирусы, выделенные в странах Западной Европы в 2017–2018 гг. Также обращает на себя внимание тот факт, что в Беларуси в 2017 г. выделен идентичный штамм ВЭП, по данным авторов, импортированный из Чеченской Республики [11]. По всей вероятности, вирусы, принадлежащие геногруппе G1, циркулируют в России уже достаточно продолжительное время. Согласно полученным данным, в 2022–2023 гг. ареал циркуляции G1

был ограничен Ставропольским краем и Республикой Дагестан, в которой ВЭП указанной группы были распространены достаточно широко. Однако, несмотря на отсутствие сведений об изоляции в последние годы идентичных штаммов в других регионах страны или мира, статистический анализ не позволяет сделать выводов в пользу того, что трансмиссия G1 эндемична для вышеперечисленных субъектов РФ. Для оценки степени распро-

странения геногруппы G1 необходимы дальнейшие исследования.

Большинство случаев ЭП в России за период исследования было связано с геногруппой G2, относящейся к линии MuVi/Gloucester.GBR/32.96. Генетическая группа G2 не только более многочисленная, но и более гетерогенная, по сравнению с G1. Вирусы G2, изолированные в Москве и Республике Дагестан, отличаются не более чем на 2 нт замены, тогда как вирусы, связанные со случаями в г. Новосибирске, формируют отдельную ветвь. Стоит принять во внимание то, что все штаммы в г. Новосибирске были получены при обследовании семейного очага. Вероятно, для ВЭП, как и для другого парамиксовируса – вируса кори, может быть справедливо утверждение, что один очаг инфекции связан с одним генетическим вариантом. Отмечается, что на территории с высокой заболеваемостью – Республике Дагестан – выделены штаммы, содержащие нт замены, тогда как на территориях с низкой заболеваемостью все штаммы идентичны на участке 316 нт. Поиск гомологичных последовательностей показал, что ближайший родственник был изолирован в Канаде в 2019 г., куда был импортирован с о. Шри-Ланка [9]. Очевидно, что не только выделенная нами геногруппа G2, но и линия ВЭП MuVi/Gloucester.GBR/32.96 в целом имеет весьма широкую географию распространенности.

Заключение

Заболеваемость ЭП в Российской Федерации в 2022–2023 гг. была связана с доминирующим в глобальной структуре вирусного разнообразия генотипом G. Выявлены вирусы, принадлежащие к обеим линиям генотипа. Геногруппа G1 (линия MuVi/Sheffield.GBR/1.05) была распространена только на территориях СКФО, однако включала в себя не только выделенную в России, но и в других странах. Геногруппа G2 (линия MuVi/Gloucester.GBR/32.96) характеризовалась более высоким генетическим разнообразием и географическим распространением на территории страны. Показано, что в регионе с высокой заболеваемостью происходит одновременная циркуляция вирусов двух генетических групп, а также накопление мутаций в геногруппе G2. Установлено, что, несмотря на то, что обе выявленные геногруппы ВЭП были представлены преимущественно российскими штаммами, выделенными от «местных» больных, в настоящее время нет оснований для оценки их в качестве эндемичных. Более точная характеристика циркуляции ВЭП в России будет возможна при продолжении вирусологического мониторинга в течение всего периода реализации Национальной программы и накоплении достаточного массива данных о филогенетических взаимоотношениях вирусных популяций как в отдельных регионах, так и в целом в стране.

Литература

1. Национальная программа «Элиминация кори и краснухи, достижение устойчивой спорадической заболеваемости эпидемическим паротитом в Российской Федерации (2021–2025 гг.)»
2. Manual for the Laboratory-based Surveillance of Measles, Rubella, and Congenital Rubella Syndrome. Third edition, June 2018. TechNet-21. Доступно на: <https://www.technet-21.org/en/manual-introduction> (18.04.2024)
3. Mumps virus nomenclature update: 2012. Wkly Epidemiol. Rec. Institutional Repository for Information Sharing. Доступно на: https://iris.who.int/bitstream/handle/10665/241922/WER8722_217-224.PDF?sequence=1&isAllowed=y (18.04.2024)
4. Рубальская Т. С., Ерохов Д. В., Жердева П. Е. и др. Генотипирование вируса эпидемического паротита (Paramyxoviridae: Orthorubulavirus: Mumps orthorubulavirus) как элемент лабораторного подтверждения инфекции. Вопросы вирусологии. 2023. Т. 68, No 1. С. 59–65. doi: 10.36233/0507-4088-157
5. WMA Declaration of Helsinki – Ethical Principles for Medical Research Involving Human Subjects. World Medical Association. Доступно на: <https://www.wma.net/policies-post/wma-declaration-of-helsinki-ethical-principles-for-medical-research-involving-human-subjects/> (18.04.2024)
6. Tamura K, Nei M, Kumar S. Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method. Proc Natl Acad Sci USA. 2004;101(30):11030–11035. doi:10.1073/pnas.0404206101
7. Peakall R, Smouse PE. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. Bioinformatics. 2012;28(19):2537–9. doi: 10.1093/bioinformatics/bts460
8. Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения Российской Федерации в 2022 году»
9. Hiebert J, Saboui M, Frost JR, et al. Mumps resurgence in a highly vaccinated population: Insights gained from surveillance in Canada, 2002–2020. Vaccine. 2023;41(25):3728–3739. doi:10.1016/j.vaccine.2023.04.078
10. Moncla LH, Black A, DeBolt C, et al. Repeated introductions and intensive community transmission fueled a mumps virus outbreak in Washington State. Elife. 2021;10:e66448. Published 2021 Apr 19. doi:10.7554/eLife.66448
11. Semeiko GV, Samoilovich EO, Yermolovich MA. Genotypes of mumps viruses imported from Russia to Belarus. Доступно на: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP965810.1> (18.04.2024)

References

1. Natsional'naya programma «Eliminatsiya kori i krasnukhi, dostizheniye ustoychivoy sporadicheskoy zaboilevayemosti epidemicheskim parotitom v Rossiyskoy Federatsii (2021–2025 gg.)»
2. Manual for the Laboratory-based Surveillance of Measles, Rubella, and Congenital Rubella Syndrome. Third edition, June 2018. TechNet-21. Available at: <https://www.technet-21.org/en/manual-introduction> (18.04.2024)
3. Mumps virus nomenclature update: 2012. Wkly Epidemiol. Rec. Institutional Repository for Information Sharing. Available at: https://iris.who.int/bitstream/handle/10665/241922/WER8722_217-224.PDF?sequence=1&isAllowed=y (18.04.2024)
4. Rubalskaia TS, Erokhov DV, Zherdeva PE, et al. Mumps virus (Paramyxoviridae: Orthorubulavirus: Mumps orthorubulavirus) genotyping as a component of laboratory confirmation of infection. Problems of Virology. 2023;68(1):59–65. doi:10.36233/0507-4088-157
5. WMA Declaration of Helsinki – Ethical Principles for Medical Research Involving Human Subjects. World Medical Association. Available at: <https://www.wma.net/policies-post/wma-declaration-of-helsinki-ethical-principles-for-medical-research-involving-human-subjects/> (18.04.2024)
6. Tamura K, Nei M, Kumar S. Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method. Proc Natl Acad Sci USA. 2004;101(30):11030–11035. doi:10.1073/pnas.0404206101
7. Peakall R, Smouse PE. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. Bioinformatics. 2012;28(19):2537–9. doi: 10.1093/bioinformatics/bts460
8. Gosudarstvennyy doklad «O sostoyanii sanitarno-epidemiologicheskogo blagopoluchiya naseleniya Rossiyskoy Federatsii v 2022 godu»

9. Hiebert J, Saboui M, Frost JR, et al. Mumps resurgence in a highly vaccinated population: Insights gained from surveillance in Canada, 2002–2020. *Vaccine*. 2023;41(25):3728–3739. doi:10.1016/j.vaccine.2023.04.078
10. Moncla LH, Black A, DeBolt C, et al. Repeated introductions and intensive community transmission fueled a mumps virus outbreak in Washington State. *Elife*. 2021;10:e66448. Published 2021 Apr 19. doi:10.7554/eLife.66448
11. Semeiko GV, Samoiloich EO, Yermolovich MA. Genotypes of mumps viruses imported from Russia to Belarus. Available at: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP965810.1> (18.04.2024)

Об авторах

- **Татьяна Сергеевна Рубальская** – руководитель лаборатории прикладной иммунохимии, ФБУН МНИИЭМ им. Г.Н. Габричевского Роспотребнадзора. +7 (495) 452-28-26, rubalskaia@gabrich.ru. <https://orcid.org/0000-0003-0838-7353>.
- **Денис Вадимович Ерохов** – научный сотрудник лаборатории прикладной иммунохимии, ФБУН МНИИЭМ им. Г.Н. Габричевского Роспотребнадзора. +7 (495) 452-28-26, erokhov@gabrich.ru. <https://orcid.org/0000-0001-7163-7840>.
- **Ольга Валентиновна Цвиркун** – руководитель эпидемиологического отдела, ФБУН МНИИЭМ им. Г.Н. Габричевского Роспотребнадзора; доцент кафедры инфекционных болезней, ФГАОУ ВО «Российский университет дружбы народов им. П. Лумумбы». +7 (495) 452-28-26, o.tsvirkun@gabrich.ru. <https://orcid.org/0000-0002-3810-4804>.
- **Иман Эдалбековна Мизаева** – младший научный сотрудник лаборатории прикладной иммунохимии, ФБУН МНИИЭМ им. Г.Н. Габричевского Роспотребнадзора. +7 (495) 452-28-26, imaanii@mail.ru. <https://orcid.org/0000-0002-3338-9679>.
- **Наталья Викторовна Тураева** – руководитель лаборатории профилактики вирусных инфекций, ФБУН МНИИЭМ им. Г.Н. Габричевского Роспотребнадзора. +7 (495) 452-28-26, turaeva@gabrich.ru. <https://orcid.org/0000-0001-7657-4631>.
- **Нина Тимофеевна Тихонова** – главный научный сотрудник лаборатории цитокинов, ФБУН МНИИЭМ им. Г.Н. Габричевского Роспотребнадзора. +7 (495) 452-28-26, tikhmail@mail.ru. <https://orcid.org/0000-0002-8762-4355>.

Поступила: 11.05.2024. Принята к печати: 07.12.2024.

Контент доступен под лицензией CC BY 4.0.

About the Authors

- **Tatiana S. Rubalskaia** – head of laboratory of applied biochemistry, G.N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology. +7 (495) 452-28-26, rubalskaia@gabrich.ru. <https://orcid.org/0000-0003-0838-7353>.
- **Denis V. Erokhov** – researcher of laboratory of applied biochemistry, G.N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology. +7 (495) 452-28-26, erokhov@gabrich.ru. <https://orcid.org/0000-0001-7163-7840>.
- **Olga V. Tsvirkun** – head of epidemiology department, G.N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology; associate professor, Peoples' Friendship University of Russia. +7 (495) 452-28-26, o.tsvirkun@gabrich.ru. <https://orcid.org/0000-0002-3810-4804>.
- **Iman E. Mizaeva** – junior researcher of laboratory of applied biochemistry, G.N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology. +7 (495) 452-28-26, imaanii@mail.ru. <https://orcid.org/0000-0002-3338-9679>.
- **Natalia V. Turaeva** – head of laboratory for the prevention of viral infections, G.N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology. +7 (495) 452-28-26, turaeva@gabrich.ru. <https://orcid.org/0000-0001-7657-4631>.
- **Nina T. Tikhonova** – senior scientist of laboratory of cytokines, G.N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology. +7 (495) 452-28-26, tikhmail@mail.ru. <https://orcid.org/0000-0002-8762-4355>.

Received: 11.05.2024. Accepted: 07.12.2024.

Creative Commons Attribution CC BY 4.0.