

Геномный эпидемиологический надзор и прогнозирование эпидемий

В. Г. Акимкин*

ФГБУН НИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора

Резюме

Актуальность. Современная эпидемиологическая ситуация в мире характеризуется высокой напряженностью, обусловленной сочетанием новых биологических вызовов и сохраняющихся традиционных угроз, что диктует необходимость разработки и имплементации инновационных подходов к реализации эпидемиологического надзора и прогнозированию развития эпидемического процесса инфекций, вызываемых известными и потенциальными возбудителями. **Цель.** Обоснование стратегии проактивной оценки эпидемиологических рисков на основе геномного эпидемиологического надзора для повышения эффективности предупреждения эпидемий и оптимизации противозидемических мер. **Заключение.** Современная парадигма прогностического эпидемиологического анализа опирается на объединение данных о геноме возбудителя с оценкой его эволюционного потенциала и эпигенетическом ответе организма хозяина, являющегося универсальным ранним маркером инфицирования, в том числе неизвестными ранее патогенами. Интеграция этих данных с цифровыми платформами позволяет реализовывать системный, многоуровневый геномный эпидемиологический надзор, который направлен на предупреждение возможных эпидемий и пандемий, а также разработку и оптимизацию противозидемических стратегий в системе общественного здравоохранения.

Ключевые слова: геномный эпидемиологический надзор, платформа VGARus, геномные и эпигенетические технологии, цифровые платформы, биобезопасность, проактивное прогнозирование эпидемий
Конфликт интересов не заявлен.

Для цитирования: Акимкин В. Г. Геномный эпидемиологический надзор и прогнозирование эпидемий. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2025;24(6):4-11. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2026-25-1-4-11>

Современная эпидемиологическая ситуация в мире характеризуется высокой напряженностью, обусловленной сочетанием новых биологических вызовов и сохраняющихся традиционных угроз, о чем свидетельствуют периодически возникающие эпидемии и пандемии. Подобному развитию событий во многом способствует появление новых и возвращающихся инфекций (emerging and reemerging infectious diseases), возбудители которых или еще не изучены, или меняют свои биологические свойства. На фоне глобальных перемен – экологических, климатических, антропогенных – патогены все чаще преодолевают межвидовой барьер, и неудивительно, что значительная часть инфекций имеет зоонозное происхождение. Свой вклад в интенсификацию эпидемического процесса вносят: урбанизация, разрушение естественных биотопов, интенсификация сельского хозяйства, беспрецедентно возросший уровень миграции населения и товарооборота. Эти социально-природные трансформации создают идеальные условия для увеличения биологического разнообразия патогенов и их способности

к адаптации, что становится для здравоохранения фактором критической важности.

В 2024 г. ВОЗ опубликовала актуализированный перечень приоритетных патогенов из почти 30 семейств, что явилось важным упреждающим шагом, отражающим стремление мирового сообщества повысить готовность к будущим пандемиям. Оценка потенциала приоритетного патогена осуществлялась с учетом имеющейся информации о механизмах его передачи, вирулентности и мутационной активности, наличия разработанных противозидемических мероприятий [1]. Следует подчеркнуть, что в предыдущих версиях перечня ВОЗ (2017 и 2018 гг.) конкретные патогены ранжировали в зависимости только от их способности вызывать в человеческой популяции чрезвычайные ситуации, имеющие международное значение [2]. Эти перечни, безусловно, служили ориентиром для фундаментальных и прикладных исследований, однако в них присутствовал серьезный недостаток: они игнорировали саму природу патогена, его изменчивость. Это препятствовало формированию по-настоящему гибкой и адаптивной стратегии

* Для переписки: Акимкин Василий Геннадьевич, академик РАН, д. м. н., профессор, Заслуженный врач Российской Федерации, лауреат Премии Правительства Российской Федерации в области науки и техники, лауреат Премии Правительства в области медицинской науки, директор ФБУН Центральный НИИ эпидемиологии Роспотребнадзора. 111123, Россия, г. Москва, ул. Новогиреевская, дом 3А © Акимкин В. Г.

оценки пандемических угроз. В версии перечня ВОЗ 2024 г. эта проблема, можно считать, решена путем кардинального изменения методологии, в основу которой был положен анализ всех известных семейств патогенов и исходное допущение, что источником будущей пандемии способен стать любой из них, даже классифицируемый сегодня как низкорисковый. В этом подходе отражается осознание факта, что эволюционные процессы, будь то генетические изменения или вариации экологических условий, могут трансформировать патогены с минимальной эпидемиологической значимостью в серьезные угрозы [1]. Кроме того, важнейшим нововведением стала категория так называемых «прототипных патогенов» – модельных объектов, отобранных из семейств с высоким пандемическим потенциалом для углубленного изучения характеристик соответствующих таксономических групп [3]. Критерии их отбора были весьма строгими и включали эпидемиологическую значимость, степень изученности механизмов патогенеза и репликации, а также, что немаловажно, наличие уже валидированных моделей животных для исследования вызываемых ими заболеваний у человека [1]. Подобный проактивный подход контрастирует с используемой стратегией, направленной на разработку профилактических и противоэпидемических контрмер, ориентированных только на строго определенные патогены. Недостаточная эффективность такой позиции стала очевидной в условиях стремительно развивающихся пандемий, например COVID-19 [4].

Помимо перечисленных изменений в перечень приоритетных патогенов 2024 г. был введен «Патоген X» – гипотетический возбудитель инфекции, способный стать источником пандемической угрозы в будущем [5]. Экспертное сообщество склоняется к мнению, что потенциальными этиологическими агентами такой неизвестной, но опасной для человечества инфекции, скорее всего, могут стать РНК-содержащие вирусы, отличающиеся высокой скоростью мутагенеза, значительным эволюционным потенциалом и способностью к быстрому эпидемическому распространению. К таким патогенам, в частности, относятся коронавирусы и ортомиксовирусы [6,7].

Глобальные эпидемиологические процессы характеризуются не только появлением новых угроз. В последние годы трансформации подверглись и давно известные человечеству инфекции, такие как туберкулез, холера и малярия, а также грипп, корь и ортопоксовирусные и арбовирусные инфекции, что во многом связано с устойчивой тенденцией к изменению как биологических свойств их этиологических агентов, так и к выходу за прежние пределы среды обитания. К этому добавляются и другие факторы: повсеместное распространение устойчивости к противомикробным и противовирусным препаратам, эволюция и преобразование экосистем, воздействие стихийных бедствий и др. Все это резко усиливает вероятность

вспышек даже на тех территориях, где ситуация в отношении инфекционных болезней ранее считалась стабильной [8]. Такое сочетание новых вызовов и традиционных угроз формирует сложную и изменчивую эпидемическую обстановку, которая требует непрерывного мониторинга и адаптации стратегий контроля и профилактики.

Именно в этих условиях эффективность классической системы эпидемиологического надзора (эпиднадзора), основанной на фенотипических методах диагностики, регистрационных данных, клинических показателях, традиционных лабораторных тестах и др., оказывается ограниченной. Проблема заключается в том, что система не предоставляет оперативной информации о быстро эволюционирующих патогенах, способных менять свои биологические свойства в предельно сжатые сроки [9]. Пожалуй, наиболее отчетливо это проявилось в период пандемии COVID-19, когда в условиях чрезвычайно высокой мутационной изменчивости вируса SARS-Cov-2 пришло осознание необходимости разработки принципиально новых подходов как к самой системе эпидемиологического надзора, так и к прогнозированию развития эпидемического процесса новой инфекции [7,10,11].

Необходимо отметить, что отечественная система эпидемиологического надзора прошла длительный путь развития – от рутинной регистрации случаев заболеваний до создания многоуровневых структур со сложным функционалом. Большую часть XX века эпидемиологический надзор был ориентирован прежде всего на анализ многолетней и годовой динамики заболеваемости и смертности, а также на результаты микробиологического и серологического мониторингов. Выявлялись пространственно-временные тенденции, накапливалась информация о структуре заболеваемости, ее распределении по территориям, факторам и группам риска и на их основе вырабатывали управленческие решения [12]. Такая система эпиднадзора работала вполне эффективно, поскольку биологические свойства возбудителей менялись медленно, а миграция населения в мире не носила массового характера. Во второй половине столетия произошли существенные изменения в области лабораторной диагностики инфекционных заболеваний: были внедрены в практику различные модификации иммуноферментного анализа (ИФА) и молекулярно-биологические методы – полимеразная цепная реакция (ПЦР), секвенирование, гибридизация и др. Это существенно повысило возможности эпидемиологических исследований, позволило точнее идентифицировать возбудителей и картировать пути их циркуляции [13]. Однако такой подход оставался инерционным, поскольку был направлен на выявление уже известных патогенов и не позволял оперативно и всесторонне оценить изменение биологических свойств возбудителей на популяционном уровне.

Ключевым этапом эволюции эпидемиологического надзора стало появление в XXI веке высокопроизводительного секвенирования, также известного как секвенирование нового поколения – NGS (next-generation sequencing). Его основным преимуществом перед более ранним методом секвенирования по Сенгеру является переход от анализа отдельных локусов к полногеномному. NGS дает возможность идентифицировать патогены напрямую, без предварительных предположений об их природе. В отличие от традиционных методов, NGS позволяет отслеживать эволюцию инфекционных возбудителей, реконструировать филогенетические связи, выявлять мутации и варианты с эпидемиологической значимостью [14]. Кроме того, с помощью NGS появилась возможность определять скрытые кластеры распространения заболевания, проводить мониторинг генов лекарственной устойчивости вплоть до выявления отдельных нуклеотидных замен.

С началом пандемии COVID-19 геномные технологии оказались основным инструментом глобального эпидемиологического надзора. Оперативное широкомасштабное секвенирование вируса SARS-CoV-2 позволило в кратчайшие сроки определить структуру его генома. С помощью полученных нуклеотидных последовательностей удалось проследить динамику его эволюции, выявить варианты с повышенной трансмиссивностью и выраженными механизмами иммунного ускользания, а также реконструировать географические траектории распространения [15,16]. В 2022 г. ВОЗ официально закрепила термин «геномный эпидемиологический надзор» в опубликованной Глобальной стратегии геномного эпидемиологического надзора за возбудителями, обладающими пандемическим и эпидемическим потенциалом. Цель стратегического документа – формирование единой концепции применения геномики как мощного дополнительного инструмента системы общественного здравоохранения. Особую значимость данные молекулярно-биологических исследований приобретают в контексте готовности и реализации мер реагирования на чрезвычайные ситуации, имеющие международное значение [17].

Пандемия COVID-19 дала мощный импульс развитию молекулярно-генетических исследований, что привело к созданию принципиально новых платформенных решений, объединяющих технологии NGS, биоинформатические инструменты анализа и интерпретации данных, а также цифровые системы интеграции и визуализации результатов.

В соответствии с распоряжением Правительства Российской Федерации от 23 марта 2021 г. № 448 «О необходимости создания единого информационного центра для анализа эпидемической ситуации и отслеживания циркулирующих в стране геновариантов коронавируса» на базе ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора была сформирована Российская платформа агрегации информации о геномах вирусов VGARus (Virus Genome

Aggregator of Russia) [18]. VGARus выполняет функции централизованного хранилища геномных данных, интегрируя их с эпидемиологической информацией и предоставляя аналитические инструменты для оценки генетического разнообразия патогенов. К приоритетным направлениям работы платформы относятся сбор и агрегация данных о молекулярно-биологических свойствах вирусных и бактериальных патогенов, анализ генетической variability и изучение временной динамики циркулирующих геновариантов на территории Российской Федерации [19]. Решение этих задач осуществляется с использованием методов нейронных сетей и машинного обучения, что повышает эффективность обработки больших массивов данных и качество получаемых аналитических результатов.

Платформа успешно развивалась и превратилась в значимый инструмент противодействия пандемии, вызванной вирусом SARS-CoV-2, в Российской Федерации. Она позволила проследить пространственно-временную динамику заболеваемости COVID-19, способствовала выявлению новых вариантов вируса и его значимых мутаций, что, в свою очередь, обеспечило научную основу для разработки эффективных тест-систем и принятия обоснованных решений в сфере общественного здравоохранения. Впоследствии платформа VGARus была расширена и адаптирована для работы с геномами широкого спектра патогенов. По состоянию на январь 2026 г. на платформу загружены данные о более чем 450 тыс. нуклеотидных последовательностей, из них более 270 тыс. представляют собой полные геномы, 180 тыс. – фрагменты геномов. В число патогенов входят вирус SARS-CoV-2, вирусы гриппа А и В, вирусы гепатитов А, В, С, D и Е, энтеровирусы А, В, С и D, норовирусы, цитомегаловирусы, папилломавирусы, вирусы кори и ветряной оспы, *Salmonella* spp., и другие возбудители. Метаданные платформы включают в себя более 20 различных показателей, в том числе данные эпидемиологического анамнеза, и имеют обезличенный характер. В систему подключены более 80 организаций различной ведомственной принадлежности, осуществляющих секвенирование, что обеспечивает масштабируемость и устойчивость платформы. Реализована возможность загрузки нуклеотидных последовательностей более чем 100 патогенов, перечень которых продолжает расширяться по мере развития системы эпидемиологического надзора в Российской Федерации [7,16].

Результаты эффективной деятельности платформы VGARus в обеспечении депонирования и классификации геномов возбудителей инфекционных и паразитарных заболеваний свидетельствуют о высокой значимости системы для эпидемиологического надзора, однако еще не исчерпывают ее функциональных возможностей. В современных условиях одним из приоритетных направлений становится применение геномных

технологий не только для мониторинга, но и для прогнозирования развития эпидемического процесса [20]. Речь идет об оценке вероятности появления адаптивных вариантов под давлением естественного отбора, а также о моделировании эволюционных траекторий патогенов и прогнозе их потенциальной эпидемиологической значимости [21]. Использование аналитических возможностей VGARus позволило, например, предсказать рост заболеваемости COVID-19 летом 2022 г. и в начале 2023 г. Оба эпизода эпидемического подъема были связаны с появлением субвариантов Omicron: BA.5 и XBB, соответственно [16,22]. Это дало возможность органам здравоохранения оперативно скорректировать меры реагирования.

Современная парадигма прогностического эпидемиологического анализа основывается на интеграции данных о геноме патогена и об эпигенетическом ответе организма-хозяина [23]. Геномные исследования позволяют выявить новые варианты возбудителей, оценить их селективные преимущества, реконструировать эволюционные траектории. Эпигеномные подходы, в свою очередь, обеспечивают регистрацию специфических изменений регуляции активности генов человека, возникающих на ранних этапах инфицирования. Совокупность этих изменений может рассматриваться как универсальный ранний маркер заражения, в том числе ранее неизвестными патогенами [24].

Наиболее изученным механизмом эпигенетической регуляции генов хозяина при инфицировании является перестройка профиля метилирования CpG-сайтов ДНК, приводящая к активации или подавлению экспрессии генов. Это отражает как попытки вируса модифицировать клеточную среду для собственной репликации, так и активацию защитных путей хозяина. В России подобные исследования опираются на собственные биотехнологические решения, в частности, на фермент GlI1, позволяющий высокоточно картировать метилированные участки ДНК и формировать эпигенетическую характеристику профиля патогенов [25].

Совместное использование геномных и эпигеномных данных создает методологическую основу для построения систем раннего проактивного прогнозирования и предупреждения эпидемий. Такой подход позволяет идентифицировать молекулярные механизмы патогенеза, оценивать потенциальное эпидемическое воздействие патогенов и выделять перспективные терапевтические мишени. В результате геномно-эпигеномная интеграция трансформирует современный эпидемиологический надзор из преимущественно системы наблюдения в систему предиктивного управления биологическими рисками [23].

Геномно-эпигеномное направление органично вписывается в концепцию саморегуляции паразитарных систем, разработанную академиком РАН В. Д. Беляковым. В основе его теории, признанной научным открытием, лежит представление

о межпопуляционных отношениях паразита и хозяина как о системе, функционирование которой определяется внутренними саморегуляционными процессами. Ключевыми принципами такого взаимодействия выступают следующие: генотипическая и фенотипическая гетерогенность популяций паразита и хозяина, динамическая изменчивость их биологических свойств, фазовая самоперестройка популяций паразита, лежащая в основе неравномерного развития эпидемического процесса, а также регулирующее воздействие социальных и природных факторов, способных либо ускорять, либо замедлять фазовые преобразования эпидемического процесса [26]. Развитие инновационных молекулярно-биологических технологий не только на высоком уровне с высокой степенью достоверности подтверждает положения теории саморегуляции, но и углубляет их интерпретацию. Происходит смещение фокуса от констатации уже произошедших событий к выявлению внутренних детерминант, которые определяют вероятностные траектории эволюции эпидемического процесса [27]. Геномные и эпигеномные данные здесь в данном контексте выступают в качестве индикаторов состояния динамической системы «патоген – хозяин». Они фиксируют отклонения от равновесного состояния и дают возможность прогнозировать направление динамики изменений в системе. Используя термины современных технологий, можно заключить, что данные секвенирования и сдвиги в метилировании ДНК и транскрипционной активности генов, возникающие в первые часы после инфицирования, служат молекулярными маркерами фазового изменения гетерогенности биологических свойств взаимодействующих популяций патогена и человека. Такое объединение геномных и эпигеномных данных для выявления молекулярных маркеров ранних стадий инфекционного процесса требует применения инструментов, обеспечивающих сбор, обработку и интерпретацию разнородных данных в режиме реального времени. Именно здесь на авансцену выходят цифровые платформы и методы искусственного интеллекта, которые выступают связующим звеном между сложными биологическими сигналами и практическим управлением эпидемическим процессом, создавая основу для нового поколения систем эпидемиологического надзора. Интеграция результатов молекулярно-биологических исследований с математическим моделированием открывает возможность для построения адаптивных прогнозных систем, способных обновляться по мере поступления новых данных. С помощью такого объединения происходит трансформация геномного эпидемиологического надзора из наблюдательного метода мониторинга в мощный аналитический инструмент управления эпидемическим процессом. Центральное место в этой системе занимают цифровые биоинформатические платформы, которые позволяют осуществлять потоковую передачу генетических данных

и автоматическое обновление эпидемиологических моделей. Их задача – предоставить технологический каркас для интеграции секвенированных данных с анализом динамики распространения патогенов [28,29]. Эти платформы должны не только обеспечивать хранение данных, но и проводить алгоритмическую обработку последовательностей, что дает возможность оперативно находить новые варианты патогенов, оценивать скорость их распространения и корректировать параметры моделей в режиме реального времени.

Анализ геномных и эпигеномных данных позволяет определить такие важные характеристики патогена, как скорость мутаций, изменчивость, способность к уклонению от иммунного ответа, особенности взаимодействия с макроорганизмом, а также эпигенетические регуляторные механизмы и степень иммунологической памяти. Эти параметры затем встраиваются в основу эпидемиологических моделей, включая классические SEIR-структуры, филодинамические модели, модели, анализирующие взаимодействие множества штаммов, и агентные симуляторы [24,30].

Таким образом, модели могут показывать как динамику заболеваемости, так и микроэволюционные процессы, которые определяют вероятность возникновения новых эпидемических вспышек. Такой подход обеспечивает принципиально иной уровень чувствительности системы эпидемиологического надзора. Он позволяет обнаружить изменения в динамике мутаций и эпигенетических паттернах на ранних стадиях, предшествующих появлению клинических признаков. В результате геномный эпидемиологический надзор за возбудителями инфекционных заболеваний трансформируется в систему раннего предупреждения эпидемических угроз. Значительное ускорение аналитических возможностей происходит благодаря внедрению методов искусственного интеллекта и машинного обучения. Глубокие нейронные сети используются для выявления скрытых закономерностей в больших выборках последовательностей, прогнозирования влияния мутаций на структуру белков и оценки вероятности возникновения вариантов с повышенной трансмиссивностью или устойчивостью к иммунному ответу [31,32]. Машинное обучение облегчает классификацию генетических линий, автоматизирует выявление рекомбинантов и позволяет строить прогнозы по ранним сигнатурам* адаптивной эволюции. Более того, высокопроизводительные модели ИИ выполняют функции «цифровых двойников» эпидемий – постоянно обновляющихся вычислительных моделей, синхронизируемых с реальными потоками данных секвенирования и корректирующих прогнозы распространения инфекции в режиме реального времени [33,34]. Особенно наглядно это проявилось в ходе

пандемии COVID-19, когда платформы анализа больших данных и инструменты секвенирования, интегрированные с моделями искусственного интеллекта, позволили предсказать доминирование варианта Omicron еще до того, как эпидемические кривые начали демонстрировать его экспоненциальный рост [28,35].

Новая парадигма прогнозирования эпидемий формируется за счет использования цифровых платформ, искусственного интеллекта, математического моделирования и геномной и эпигенетической информации. Она связывает эволюционные механизмы патогенов с динамикой заболеваемости и создает адаптивные системы управления рисками, что позволяет разрабатывать более точные стратегии противодействия на глобальном и локальном уровнях.

Прогнозирование эпидемий с помощью геномики является темой, которая активно обсуждается и зарубежными исследователями. Wilson C.N. с соавт. (2023) предложили концепцию мобильной геномики («genomics on the move»), заключающуюся в трансформации эпидемиологического надзора под влиянием высокопроизводительных методов NGS. По мнению авторов, мобильные технологии секвенирования в сочетании с интеграцией данных в глобальные платформы, такие как Nextstrain и GISAID, создают замкнутый цикл: «секвенирование-анализ-моделирование-решение». Это обеспечивает получение информации о мутациях и эволюции патогенов в режиме реального времени, что превращает геномный эпидемиологический надзор в основу системы раннего предупреждения о появлении опасных штаммов патогенов [28]. Особенно значимым применением этой концепции стало во время пандемии COVID-19, когда глобальные сети секвенирования позволили оперативно обнаруживать новые варианты вируса SARS-CoV-2, включая Alpha, Delta и Omicron, оценивать их эпидемический потенциал и объяснять различия в динамике заболеваемости в разных регионах. Аналогичные подходы используются и для вирусов гриппа: ежегодный мониторинг генетического разнообразия штаммов вирусов гриппа А и В обеспечивает прогнозирование доминирующих вариантов и подбор обоснованного состава сезонных вакцин [28].

Новый этап развития прогнозных методик связан с появлением моделей, которые объединяют эволюционные и эпидемические процессы, что наглядно показано в работе Cárdenas и соавт. (2022). Предложенная ими симуляционная система Orqua дает возможность анализировать возникновение и закрепление новых адаптивных генетических линий патогена, а также оценивать вероятность появления штаммов с повышенной трансмиссивностью. Система Orqua открывает путь к прогностическому использованию секвенирования патогенов, то есть не просто к отслеживанию распространения мутантных форм

* Сигнатуры – это уникальные идентификаторы или признаки, используемые для распознавания объектов, данных или функций.

инфекционных возбудителей, а к возможности создания вероятностных сценариев развития эпидемического процесса с учетом меняющихся свойств патогена [36]. Такой подход показал свою эффективность при COVID-19, поскольку появление мутаций в белке S вируса SARS-CoV-2 тесно связано с изменением патогенности вируса и его способностью уклоняться от иммунного ответа. Подобные Orqua модели помогают оценивать вероятность появления пандемических вариантов и возникновения подъема заболеваемости.

Результаты исследований Espinoza B. с соавт. (2023), опубликованные в авторитетном научном журнале США «Proceedings of the National Academy of Sciences», имеют особое значение. Данные исследования наглядно демонстрируют, что геномный эпидемиологический надзор играет решающую роль в выявлении новых вариантов патогенов, причем не только с точки зрения их молекулярной характеристики, но и в определении момента их появления и распространения в популяции.

Таким образом обеспечивается раннее предупреждение об эпидемическом подъеме заболеваемости еще до того, как он перерастет в эпидемию. Авторы пришли к выводу, что интеграция геномного эпидемиологического надзора, анализа эволюции возбудителей и моделирования эффективности вмешательств становится осуществимым прогнозирование динамики конкуренции штаммов с различным эффективным репродуктивным числом и перекрестным иммунитетом. Кроме того, такие подходы позволяют определять оптимальные временные периоды для профилактических мероприятий, способных предотвратить развитие эпидемических подъемов заболеваемости [7,16,22,30].

Сходный прогностический потенциал продемонстрирован в недавно опубликованной работе Zarebski A. и соавт. (2025). С помощью разработанной авторами модели BEAST2 Tmtam установлено, что объединение данных секвенирования с временными рядами заболеваемости позволяет оценивать динамику репродуктивного числа и превалентности инфекции, реконструировать траектории эпидемического процесса и строить краткосрочные прогнозы распространения патогенов с высокой степенью точности [35]. Авторы успешно использовали этот подход для оценки скорости распространения и смены вариантов вирусов SARS-CoV-2. Получаемые с использованием модели BEAST2 Tmtam данные позволили восстановить временную структуру эпидемических вспышек и спрогнозировать вероятность последующих эпидемических подъемов заболеваемости, вызванных возбудителями с высокой антигенной изменчивостью, в частности, вирусами гриппа A(H3N2) или A(H1N1) [35].

Важность комплексного анализа различных источников данных обсуждается в обзоре Vashisht V. и соавт. (2023). Показано, что применение методов машинного обучения и искусственного интеллекта

к геномной, клинической, географической и социальной информации позволяет прогнозировать межвидовую передачу генетической информации и появление новых патогенов и вероятные пути их распространения, формируя основу многоуровневых систем предсказания инфекций [32]. Особенно это касается гриппа, обладающего высоким зоонозным потенциалом. Модели, построенные на геномных данных, дают возможность оценить, насколько вероятно передача вирусов от птиц и свиней человеку. Однако внедрение подобных моделей требует инфраструктурных решений, что отражено в работе Pronyk P. и соавт. (2023), которые предлагают развивать региональные центры секвенирования, готовить специалистов и стандартизировать данные. Именно это, по их мнению, является ключевыми условиями для работы прогностических моделей [37].

Методологическую базу прогнозирования расширили Duval A. с соавт. (2023), предложив оценивать динамические пороги генетической дистанции между изолятами патогенов. Это позволяет не только определять новые эпидемиологические кластеры, но и прогнозировать вероятность их дальнейшего развития, а также оценивать масштаб и продолжительность вспышек через нейросетевые модели мутационных процессов патогенов [38].

Таким образом, высокопроизводительное секвенирование открыло доступ к огромным объемам геномных данных и стало ключевым ресурсом для прогнозирования развития эпидемического процесса. Отслеживание генетических изменений патогенов во времени дает возможность выявлять эволюционные тренды, оценивать селективные преимущества отдельных мутаций и предсказывать дальнейшее распространение вариантов инфекционных возбудителей с высокой степенью точности и специфичности. Модели приспособленности (Fitness models) вместе с филогенетическими методами, например, позволяют строить прогнозы частот циркулирующих линий вируса SARS-CoV-2, опираясь на временные ряды геномных последовательностей [39,40]. NGS, таким образом, перестало быть лишь инструментом для взгляда в прошлое – оно превратилось в источник информации о будущих траекториях эволюции патогена.

Мощность прогностических моделей существенно возрастает при учете эпигеномных данных человека, определяющих восприимчивость и иммунную реактивность. Эпигеномика регистрирует динамические характеристики: структуру хроматина, паттерны метилирования РНК и ДНК, модификации гистонов, активность регуляторных участков, т.е. те, что формирует индивидуальный профиль иммунного ответа. Показано, что даже кратковременное воздействие вирусных патогенов может вызывать долговременную перестройку эпигенетического ландшафта, приводя к измененной реактивности клеток врожденного иммунитета [24].

Этот дополнительный слой биологической информации важен для оценки реакции конкретной популяции людей на появление нового генетического варианта возбудителя.

Заключение

Интеграция геномики и эпигеномики открывает возможности для более точного и заблаговременного управления эпидемиологическими рисками, формируя основу для проактивных решений в системе общественного здравоохранения. Национальные системы геномного эпидемиологического надзора уже показали, что данные о вариантах вирусов можно использовать для корректировки вакцинных стратегий и оценки эффективности мер контроля распространения инфекционных заболеваний [7,16,23,39–41]. Если к этой информации добавить эпигеномные профили, то появляется возможность перейти от универсальных профилактических моделей к более дифференцированным и гибким решениям. Например, это может включать таргетированную ревакцинацию отдельных групп населения, а также адаптивное изменение противоэпидемических мероприятий в периоды высокой вероятности появления неблагоприятных эволюционно обусловленных эпигенетических изменений, увеличивающих риск развития эпидемий.

В настоящее время, благодаря усилиям отечественных ученых, национальная методологическая

основа развития эпидемиологии и научно-технологическая база обеспечивают России возможность укрепления позиций как одного из мировых лидеров в области геномного эпидемиологического надзора. Развитие ПЦР-методик, изотермической амплификации (LAMP), CRISPR/Cas-редактирования, высокопроизводительного секвенирования (NGS), метагеномного, таргетного и иммуносеквенирования формируют научно-технологическую основу современного эпидемиологического надзора в Российской Федерации. Национальная платформа VGARus обеспечивает реализацию системного, многоуровневого геномного эпидемиологического надзора, а интеграция этих решений с цифровыми платформами, технологиями Big Data, машинным обучением и искусственным интеллектом расширяет возможности прогнозирования эпидемиологических рисков и укрепляет позицию России в формировании глобальной архитектуры эпидемиологической безопасности.

Следовательно, использование массивов геномных данных секвенирования возбудителей инфекционных болезней в сочетании с эпигеномными данными позволяют перейти к прогнозированию развития не только уже наблюдаемых тенденций, но и еще не реализованных траекторий совместной эволюции патогена и иммунной системы человека. Формируется основа для проактивных сценариев предотвращения будущих эпидемий и выхода профилактического направления медицины на новый уровень.

Литература

1. WHO. Pathogens prioritization: a scientific framework for epidemic and pandemic research preparedness. Jul, 2024. [Accessed: Nov. 27, 2025]. Доступно на: <https://www.who.int/publications/m/item/pathogens-prioritization-a-scientific-framework-for-epidemic-and-pandemic-research-preparednes>
2. WHO. Prioritization of pathogens to guide discovery, research and development of new antibiotics for drug-resistant bacterial infections, including tuberculosis. Sep, 2017. [Accessed: Nov. 27, 2025]. Доступно на: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-EMP-IAU-2017.12>
3. Morabito KM, Cassetti MC, DeRocco AJ, et al. Viral Prototypes for Pandemic Preparedness: The Road Ahead. *J Infect Dis.* 2023 Oct 18;228(Suppl 6):S460-S464. doi: 10.1093/infdis/jiad267.
4. WHO to identify pathogens that could cause future outbreaks and pandemics. Nov, 2022. [Accessed: Nov. 27, 2025]. Available at: <https://www.who.int/news/item/21-11-2022-who-to-identify-pathogens-that-could-cause-future-outbreaks-and-pandemics>
5. Research response to pathogen X during a pandemic. Jan, 2024. [Accessed: Aug. 27, 2024]. Available at: <https://www.who.int/news-room/events/detail/2024/01/19/default-calendar/Research-response-to-pathogen-X-during-a-pandemic>
6. What Is Disease X? The Pandemic Threat Discussed At Davos 2024. [Accessed: Nov. 27, 2025]. Available: <https://www.forbes.com/sites/brucelee/2024/01/27/what-is-disease-x-the-pandemictreat-discussed-at-davos-2024/>
7. Акимкин В. Г., Семенов Т. А., Хафизов К. Ф. и др. Биобезопасность и геномный эпидемиологический надзор. *Эпидемиология и Вакцинопрофилактика.* 2024; 23(5):4-12. <https://doi:10.31631/2073-3046-2024-23-5-4-12>
8. Watson JT, Gayer M, Connolly MA. Epidemics after natural disasters. *Emerg Infect Dis.* 2007;13(1):1-5. doi: 10.3201/eid1301.060779.
9. Vashisht V, Vashisht A, Mondal A.K., et al. Genomics for Emerging Pathogen Identification and Monitoring: Prospects and Obstacles. *BioMedInformatics* 2023, 3, 1145–1177. <https://doi.org/10.3390/biomedinformatics3040069>
10. Попова А. Ю., Кузьмин С. В., Зайцева Н. В., Май И. В. Приоритеты научной поддержки деятельности санитарно-эпидемиологической службы в области гигиены: поиск ответов на известные угрозы и новые вызовы. *Анализ риска здоровью.* 2021; 1: 4-14. DOI 10.21668/health.risk/2021.1.01
11. Акимкин В. Г., Черкашина А. С., Тюменцев А. И. и др. Биотехнологии в геномном эпиднадзоре. Состояние и перспективы развития. *Эпидемиология и Вакцинопрофилактика.* 2025;24(3):4-13. <https://doi:10.31631/2073-3046-2025-24-3-4-13>
12. Эпидемиологический надзор за инфекционными болезнями: Сборник научных трудов. Под ред. В. И. Покровского, И.Л. Шаханиной и др. М.: Центральный НИИ эпидемиологии Минздрава СССР, 1987. 190 с.
13. Rothman KJ. Interaction and evolution in epidemiology. *Soz Praventivmed.* 2004;49(2):105-6. doi: 10.1007/s00038-004-0044-7.
14. Voelkerding KV, Dames SA, Durtschi JD. Next-generation sequencing: from basic research to diagnostics. *Clin Chem.* 2009;55(4):641-58. doi: 10.1373/clinchem.2008.112789.
15. John G, Sahajpal NS, Mondal AK, et al. Next-Generation Sequencing (NGS) in COVID-19: A Tool for SARS-CoV-2 Diagnosis, Monitoring New Strains and Phylogenetic Modeling in Molecular Epidemiology. *Curr Issues Mol Biol.* 2021;43(2):845-867. doi: 10.3390/cimb43020061.
16. Акимкин В. Г., Семенов Т. А., Хафизов К. Ф. и др. Стратегия геномного эпидемиологического надзора. Проблемы и перспективы. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии.* 2024;101(2):163–172. DOI: 10.36233/0372-9311-507
17. 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):239A. doi:10.2471/blt.22.288220
18. Акимкин В. Г., Семенов Т. А., Узлева С. В. и др. COVID-19 в России: эпидемиология и молекулярно-генетический мониторинг. *Вестник Российской академии медицинских наук.* 2022; 77(4): 254-260. doi: 10.15690/vgramn2121
19. Котов И. А., Аглетдинов М. Р., Роев Г. В. и др. Геномный надзор за SARS-CoV-2 в Российской Федерации: возможности платформы VGARus. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии.* 2024;101(4):435–447. DOI: <https://doi.org/10.36233/0372-9311-554>
20. Wilson CN, Musicha P, Beale MA. Genomic epidemiology on the move. *Nat Rev Microbiol.* 2023;21(2):69. doi: 10.1038/s41579-022-00836-4.

21. Cárdenas P, Corredor V, Santos-Vega M. Genomic epidemiological models describe pathogen evolution across fitness valleys. *Sci Adv.* 2022 Jul 15;8(28):eabo0173. doi: 10.1126/sciadv.abo0173.
22. Akimkin V.G., 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(1): 213–224. 10.3390/microbiolres15010015. DOI: 10.3390/microbiolres15010015
23. Акимкин В. Г., Зверев В. В., Курпичников М. П. и др. Эпидемиологические, клеточные, генетические и эпигенетические аспекты биобезопасности. *Вестник Российской академии наук.* 2024; 94 (3):287–298 DOI: 10.31857/S0869587324030127
24. Kaneko S., Takasawa K., Asada K., et al. Epigenetic Mechanisms Underlying COVID-19 Pathogenesis. *Biomedicines.* 2021; 9(9):1142. doi: 10.3390/biomedicines9091142.
25. Кузнецов В. В., Абдурашатов М. А., Акишев А. Г., Дегтярев С. Х. Способ определения нуклеотидной последовательности Pu(5mC)GPu в заданном положении протяженной ДНК. Патент на изобретение RU 2525710 С1. 2014.
26. Беляков В. Д. Общие закономерности функционирования паразитарных систем (механизмы саморегуляции). *Паразитология.* 1986; 20 (4): 249–255.
27. 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: <https://doi.org/10.15690/vramn11607>
28. Wilson CN, Musicha P, Beale MA. Genomic epidemiology on the move. *Nat Rev Microbiol.* 2023;21(2):69. doi: 10.1038/s41579-022-00836-4.
29. Hadfield J, Megill C, Bell SM, et al. Nextstrain: real-time tracking of pathogen evolution. *Bioinformatics.* 2018; 34(23):4121–4123. doi: 10.1093/bioinformatics/bty407
30. Espinoza B, Adiga A, Venkatramanan S, Warren AS, Chen J, Lewis BL, et al. Coupled models of genomic surveillance and evolving pandemics with applications for timely public health interventions. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2023; 120(48): e2305227120. doi: 10.1073/pnas.2305227120.
31. Jiao Z, Ji H, Yan J, Qi X. Application of big data and artificial intelligence in epidemic surveillance and containment. *Intell Med.* 2023;3(1):36–43. doi: 10.1016/j.imes.2022.10.003
32. Vashisht V, Vashisht A, Mondal, et al. Genomics for Emerging Pathogen Identification and Monitoring: Prospects and Obstacles. *BioMedInformatics* 2023; 3: 1145–1177. <https://doi.org/10.3390/biomedinformatics3040069>
33. Geanta M, Tanwar AS, Lehrach H, et al. Horizon Scanning: Rise of Planetary Health Genomics and Digital Twins for Pandemic Preparedness. *OMICS.* 2022;26(2):93–100. doi: 10.1089/omi.2021.0062.
34. Maljkovic Berry I, Melendrez MC, Bishop-Lilly KA, et al. RG. Next Generation Sequencing and Bioinformatics Methodologies for Infectious Disease Research and Public Health: Approaches, Applications, and Considerations for Development of Laboratory Capacity. *J Infect Dis.* 2020;221(Suppl 3):S292–S307. doi: 10.1093/infdis/jiz286.
35. Zarebski AE, Zwaans A, Gutierrez B, et al. Estimating epidemic dynamics with genomic and time series data. *JRSoc Interface.* 2025; 22(227):20240632. doi: 10.1098/rsif.2024.0632.
36. Cárdenas P, Corredor V, Santos-Vega M. Genomic epidemiological models describe pathogen evolution across fitness valleys. *Sci Adv.* 2022 Jul 15;8(28):eabo0173. doi: 10.1126/sciadv.abo0173.
37. Pronyk PM, de Alwis R, Rockett R, et al. Advancing pathogen genomics in resource-limited settings. *Cell Genom.* 2023; 3(12):100443. doi: 10.1016/j.xgen.2023.100443.
38. Duval A, Opatowski L, Brisse S. Defining genomic epidemiology thresholds for common-source bacterial outbreaks: a modelling study. *Lancet Microbe.* 2023; 4(5): e349–e357. doi: 10.1016/S2666-5247(22)00380-9.
39. Abousamra E, Figgins M, Bedford T. Fitness models provide accurate short-term forecasts of SARS-CoV-2 variant frequency. *PLoS Comput Biol.* 2024;20(9):e1012443. doi: 10.1371/journal.pcbi.1012443.
40. Chowell G, Skums P. Investigating and forecasting infectious disease dynamics using epidemiological and molecular surveillance data. *Phys Life Rev.* 2024 Dec;51:294–327. doi: 10.1016/j.plrev.2024.10.011.
41. Акимкин В. Г. Эволюция эпидемиологии. *Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы.* 2025; 15 (2): 6–15. DOI 10.18565/epidem.2025.15.2.6–15.

Об авторе

- **Акимкин Василий Геннадьевич**, академик РАН, д. м. н., профессор, Заслуженный врач Российской Федерации, лауреат Премии Правительства Российской Федерации в области науки и техники, лауреат Премии Правительства в области медицинской науки, директор ФБУН Центральный НИИ эпидемиологии Роспотребнадзора. 111123, Россия, г. Москва, ул. Новогиреевская, дом 3А

Поступила: 11.01.2026. Принята к печати: 11.02.2026.

Контент доступен под лицензией CC BY 4.0.