

ВИРУСОЛОГИЯ



<https://elibrary.ru/igzcgq>

© КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2025

Ермоляева Д.Е., Зуева М.М., Урбан Ю.Н., Мизаева И.Э., Тураева Н.В.,
Цвиркун О.В., Гаврич С.М., Разгулова Е.Е.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ ВИРУСА КОРИ НА ТЕРРИТОРИИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ В 2024-2025 ГГ.

ФБУН «Московский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. Г.Н. Габричевского»
Роспотребнадзора, 125212, Москва, Россия

Мониторинг циркуляции диких штаммов вируса кори является важным компонентом эпидемиологического надзора. Нами были получены данные о генетическом разнообразии вирусов, циркулировавших на территории РФ в 2024-2025 гг. Было исследовано 1128 клинических образцов за период 2024-2025 гг. Лабораторные исследования проводились на базе Национального научно-методического центра по надзору за корью и краснухой (ФБУН МНИИЭМ им. Г.Н. Габричевского Роспотребнадзора). Молекулярно-генетический мониторинг диких штаммов вируса кори в РФ в 2024-2025 гг. позволил выявить смену доминирующего генотипа. В 2024 г. доминировал генотип D8 (71,9 % случаев), в 2025 г. доля генотипа B3, составлявшая в 2024 г. 28,1 %, возросла до 97,4 %.

Ключевые слова: корь; РВ-ПЦР; секвенирование по Сэнгеру; генотипирование

Для цитирования: Ермоляева Д.Е., Зуева М.М., Урбан Ю.Н., Мизаева И.Э., Тураева Н.В., Цвиркун О.В., Гаврич С.М., Разгулова Е.Е. Молекулярно-генетический мониторинг вируса кори на территории Российской Федерации в 2024-2025 гг. Эпидемиология и инфекционные болезни. 2025; 30; 4: 364-367

DOI: <https://doi.org/10.51620/3034-1981-2025-30-4-364-367>

EDN: IGZCGQ

Для корреспонденции: Ермоляева Дарья Евгеньевна, младший научный сотрудник геномного центра, ФБУН «Московский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. Г.Н. Габричевского» Роспотребнадзора, 125212, Москва, Россия, e-mail: dariatsatsura@yandex.ru

Финансирование. Финансирование данной работы не проводилось.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Поступила 06.11.2025

Принята к печати 07.12.2025

Ermolaeva D.E., Zueva M.M., Urban Yu.N., Mizaeva I.E., Turaeva N.V., Tsvirkun O.V., Gavrich S.M., Razgulova E.E.

MOLECULAR AND GENETIC MONITORING OF THE MEASLES VIRUS IN THE RUSSIAN FEDERATION IN 2024–2025

G. N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology Rospotrebnadzor, 125212, Moscow, Russia

Monitoring of the circulation of wild-type measles virus strains is an important component of epidemiological surveillance. We obtained data on the genetic diversity of measles virus strains circulating in the Russian Federation during 2024–2025. A total of 1,128 clinical samples collected over this period were analyzed. Laboratory studies were conducted at the National Scientific and Methodological Center for Measles and Rubella Surveillance (G.N. Gabrichevsky Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Rospotrebnadzor). Molecular and genetic monitoring of wild-type measles virus strains in the Russian Federation in 2024–2025 revealed a shift in the dominant genotype. In 2024, genotype D8 predominated (71.9% of cases), whereas in 2025 the proportion of genotype B3 increased from 28.1 % to 97.4 %.

Key words: measles; RT-PCR; Sanger sequencing; genotyping

For citation: Ermolaeva D.E., Zueva M.M., Urban Yu.N., Mizaeva I.E., Turaeva N.V., Tsvirkun O.V., Gavrich S.M., Razgulova E.E. Molecular and Genetic Monitoring of the Measles Virus in the Russian Federation in 2024–2025. Epidemiologiya I Infektsionnye bolezni (Epidemiology and infectious diseases). 2025; 30; 4: 364-367 (in Rus.).

DOI: <https://doi.org/10.51620/3034-1981-2025-30-4-364-367>

EDN: IGZCGQ

For correspondence: Daria E. Ermolaeva, junior researcher at the genomic center, Moscow Research Institute of Epidemiology and Microbiology named after G.N. Gabrichevsky" Rospotrebnadzor, 125212, Moscow, Russia, e-mail: dariatsatsura@yandex.ru

Information about authors:

Ermolaeva D.E.,	https://orcid.org/0009-0008-8920-3133 ;
Zueva M.M.,	https://orcid.org/0000-0003-0339-7069 ;
Urban Y.N.,	https://orcid.org/0000-0003-0189-3608 ;
Mizaeva I.E.,	https://orcid.org/0000-0002-3338-9679 ;
Turaeva N.V.,	https://orcid.org/0000-0001-7657-4631 ;

Tsvirkun O.V., <https://orcid.org/0000-0002-3810-4804>;
Gavrich S.M., <https://orcid.org/0009-0001-9587-9753>;
Razgulova E.E., <https://orcid.org/0009-0008-5009-0872>.

Funding. There was no funding for this work.

Conflict of interests. The authors declare the absence of conflict of interests.

Received 06.11.2025

Accepted 07.12.2025

ВВЕДЕНИЕ

Корь продолжает оставаться одной из наиболее серьезных глобальных проблем общественного здравоохранения из-за высокой контагиозности, а также способности вызывать тяжелые осложнения и летальные исходы [1]. Благодаря широкому внедрению вакцинации глобальная смертность, связанная с корью, снизилась с 535 000 случаев в 2000 г. до 140 000 случаев в 2010 г. [2]. Молекулярно-генетический мониторинг циркуляции диких штаммов вируса занимает важное место в структуре глобального эпидемиологического надзора за инфекциями, подлежащими элиминации [3]. Сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей фрагментов гена нуклеопротеина (N-гена) дает возможность отнести вирус к определенному генотипу и проследить его филогенетические связи [3]. Результаты генотипирования позволяют доказать прерывание циркуляции эндемичного штамма вируса кори, таким образом подтвердив элиминацию [4–8]. Всемирной организацией здравоохранения признано 24 генотипа вируса кори, для которых определены референс-штаммы [9]. При этом количество генотипов кори, регистрируемых Глобальной сетью лабораторий по кори и краснухе, сократилось [1]. Начиная с 2021 года, глобальное распространение получили только два генотипа – B3 и D8, которые сейчас являются доминирующими [1,3]. Такое снижение генетического разнообразия усложняет интерпретацию данных о завозах, поскольку определение принадлежности к широко распространенным генотипам уже не позволяет однозначно установить происхождение вируса [3]. В связи с этим особое значение приобретает углубленный молекулярный анализ на субгенотипическом уровне, включающий исследование внутригрупповых вариаций и определение генетических линий [3].

В Российской Федерации многолетняя реализация программы «Элиминация кори и краснухи; достижение спорадической заболеваемости эпидемическим паротитом в РФ (2021–2025 гг.)» позволила добиться существенного снижения заболеваемости корью и прерывания циркуляции эндемичных штаммов. Однако сохраняется риск завоза инфекции из стран, где корь продолжает активно распространяться. В этих условиях молекулярно-генетическое типирование всех выявленных случаев кори является необходимым компонентом эпидемиологического надзора за данной инфекцией [3].

ЦЕЛЬ РАБОТЫ – выявить особенности циркуляции диких штаммов вируса кори на территории Российской Федерации в 2024–2025 гг. с помощью молекулярно-генетического мониторинга.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В качестве исследуемого материала были использованы клинические образцы, полученные от больных с лабораторно подтвержденным диагнозом «корь» из различных субъектов Российской Федерации. Биологический материал включал назофарингеальные соскобы и образцы мочи, поступившие в Национальный научно-методический центр по надзору за корью и краснухой (ФБУН МНИИЭМ им. Г.Н. Габричевского Роспотребнадзора) от Региональных референс-центров лабораторной сети Российской Федерации. Всего за период исследования (2024–2025 гг.) было проанализировано 1128 клинических образцов, из которых 445 образцов получены в 2024 г. и 683 образца – в 2025 г.

Все лабораторные исследования проводились в условиях, соответствующих требованиям биологической безопасности уровня BSL-2, с соблюдением стандартных операционных процедур и контроля качества.

Выделение РНК и амплификация геномных участков. Вирусную РНК экстрагировали из клинических образцов с использованием коммерческого набора «МАГНО-сорб» (AmpliSens, Россия) в соответствии с инструкцией производителя. Для детекции вирусной РНК кори применяли метод обратной транскрипции с последующей полимеразной цепной реакцией в реальном времени (Real-time RT-ПЦР). Реакцию проводили одноэтапно с использованием набора для научных исследований БиоМастер RT-ПЦР-Стандарт (Россия) и двух наборов праймеров – MeV214 и MeV216 [7].

Секвенирование и биоинформационный анализ. Для генотипирования вируса проводили определение нуклеотидной последовательности участка длиной 450 нт гена нуклеопротеина (N-гена), соответствующего стандартному генотипирующему региону [10, 11]. Амплифицированные фрагменты подвергались секвенированию методом Сэнгера на платформе Applied Biosystems Sanger Sequencing 3500 Series Genetic Analyzers (Thermo Fisher Scientific, США). Полученные хроматограммы проверялись вручную на наличие ошибок чтения и собраны в консенсусные последовательности с использованием программного обеспечения SeqScape (Applied Biosystems) и MEGA X.

Выравнивание последовательностей проводилось относительно референсных штаммов, определенных ВОЗ для каждого генотипа вируса кори. Филогенетический анализ выполнялся методом максимального правдоподобия (Maximum Likelihood). Для аннотирования и верификации полученных последовательностей использовались базы данных BLAST (NCBI) и MeaNS (Measles Nucleotide Surveillance Database).

Статистическая обработка данных. Статистическая обработка результатов проводилась с использованием программ GraphPad Prism 10.0 и IBM SPSS

Statistics 29.0. Для анализа частоты распределения генотипов и динамики их циркуляции применялись описательная статистика и непараметрические методы. Различия между долями оценивались с использованием критерия χ^2 (хи-квадрат) с поправкой Йейтса при необходимости. Для оценки статистической значимости различий частот выявления генетических линий в разные годы применялся точный критерий Фишера. Нормальность распределения проверялась по критерию Шапиро–Уилка. Уровень статистической значимости принимался равным $p < 0,05$.

Этические аспекты.

Исследование проводилось в рамках реализации программы «Элиминация кори и краснухи; достижение спорадической заболеваемости эпидемическим паротитом в РФ (2021–2025 гг.)» и не требовало получения индивидуального информированного согласия пациентов.

РЕЗУЛЬТАТЫ

С целью оценки молекулярно-генетического разнообразия вируса кори в Российской Федерации в 2024–2025 гг. проведен анализ нуклеотидных последовательностей участка 450 нт гена нуклеопротеина (N-гена), полученных из 1128 клинических образцов. Были получены данные о генетическом разнообразии вирусов, циркулировавших на территории РФ. В 2024 г. установлена циркуляция двух генотипов – D8 и B3, при этом генотип D8 и его геноварианты являлись доминирующими, обуславлив 71,9 % от всех генотипированных случаев (рис. 1).

Преобладающими являлись вирусы генотипа D8, представленные генетическими линиями D8 MVs/Rudaki.TJK/49.21, D8 MVs/Almaty.KAZ/10.23 и D8 MVs/Patan.IND/16.19. На протяжении всего года наблюдалась их непрерывная циркуляция. Генотип B3, представленный линией MVs/Quetta.PAK/44.20, регистрировался преимущественно во втором полугодии 2024 г.

В течение 2025 г. прослеживается смена доминирующего генотипа: доля вирусов, принадлежащих генотипу B3, возросла, достигнув 97,4 % всех генотипированных случаев, в то время как доля D8 сократилась до 2,6 % (рис. 2).

Вирусы линии B3 MVs/Quetta.PAK/44.20 формировали единственную устойчиво циркулирующую популяцию, что свидетельствует о вытеснении ранее преоб-

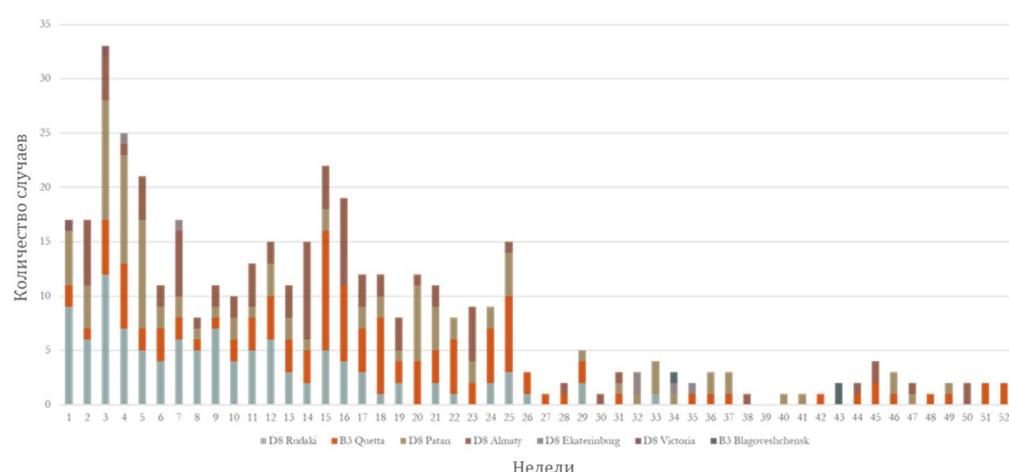


Рис. 1. Понедельное распределение генетических линий и вариантов вируса кори, Россия, 2024 г.

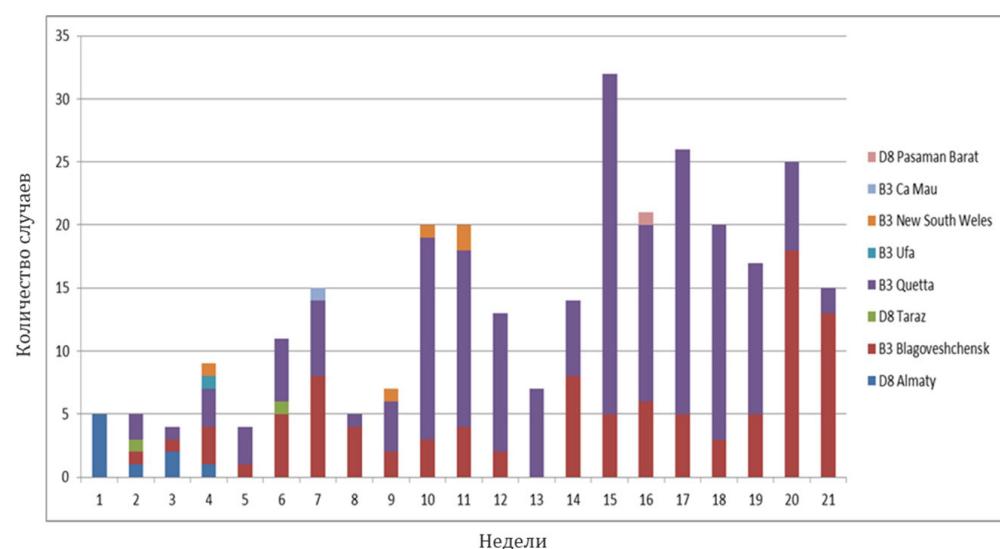


Рис. 2. Понедельное распределение генетических линий и вариантов вируса кори, Россия, 6 месяцев, 2025 г.

ладавшего генотипа D8.

Обсуждение. Проведенный молекулярно-генетический мониторинг выявил изменения в структуре вирусной популяции вируса кори на территории Российской Федерации в 2024–2025 гг. В 2024 году доминировали вирусы генотипа D8. Данный генотип был определяющим в странах Европейского региона ВОЗ, включая Россию [6]. Внутри генотипа D8 отмечалось перераспределение циркулирующих линий: если в 2023 г. преобладала линия D8 MVs/Rudaki.TJK/49.21 (72,6 %), то в 2024 г. наблюдалось более равномерное распределение между тремя основными линиями:

- D8 MVs/Rudaki.TJK/49.21 – 32,1 %,
- D8 MVs/Patan.IND/16.19 – 29,2 %,
- D8 MVs/Almaty.KAZ/10.23 – 25,6 %.

Параллельно происходило увеличение доли генотипа B3, преимущественно генетической линии MVs/Quetta.PAK/44.20 (34,5 %).

В 2025 г. наблюдается процесс смены доминирующего генотипа: генотип B3 стал преобладающим (97,4 %), вытеснив D8 (2,6 %).

Преимущественно в структуре вирусной популяции в 2025 г. преобладали вирусы генотипа B3, относящиеся к генетической линии MVs/Quetta.PAK/44.20. Вирусы этой линии были впервые идентифицированы в Пакистане в ноябре 2020 г. [12, 13]. В течение 2021 г. случаи заболевания, ассоциированные с данной линией, регистрировались преимущественно в странах регионов Ближнего Востока и Южной Азии, в частности на территории Пакистана и Ирана [3, 12]. В 2024 году вспышки кори, вызванные этой генетической линией, были зафиксированы в нескольких странах Европейского региона ВОЗ, включая Великобританию, Германию и Румынию [12].

Одновременно с этим циркулировал субвариант данной линии – MVs/ Blagoveshchensk/44.20. Впервые он был выделен в Амурской области на 51 неделе 2023 г. [12, 13]. В 2024 г. единичные случаи зарегистрированы в Чехии, Франции, Испании, Австрии и Республике Корея [12].

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Результаты проведённого молекулярно-генетического мониторинга диких штаммов вируса кори в Российской Федерации в 2024–2025 гг. свидетельствуют об изменениях в структуре вирусной популяции, в частности о выраженной тенденции к увеличению доли генотипа B3: если в 2023–2024 гг. преобладал генотип D8, то уже к середине 2025 г. почти полностью доминировал генотип B3 (97,4 %). Такая динамика может указывать на процесс смены доминирующего генотипа.

Таким образом, учитывая изменчивость генетических линий, целесообразно продолжить мониторинг генетического разнообразия циркулирующих диких штаммов для своевременного выявления эпидемиологически значимых изменений.

ЛИТЕРАТУРА (ПП. 1-2, 4-6, 9-11, 13 СМ. REFERENCES)

- Рубальская Т.С., Ерохов Д.В., Жердева П.Е., Мамаева Т.А., Тихонова Н.Т. Глобальное генетическое разнообразие вируса кори (Paramyxoviridae: Morbillivirus: Morbillivirus hominis): исторические аспекты и современное состояние. *Вопросы вирусологии*. 2023; 68(5): 361–371. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-187> EDN: <https://elibrary.ru/bfzbei>
- Костина Ю.А., Лапштаева А.В., Чумаков М.Э., Козлова И.Н., Кузнецова В.А., Пузакова Д.В. Обзор эпидемиологической ситуации по коревой инфекции в Республике Мордовия и прогноз на ближайшие годы. *Эпидемиология и инфекционные болезни*. 2025; 30 (3): 183-190 DOI: <https://doi.org/10.51620/3034-1981-2025-30-3-183-190> EDN: AISSRG
- Мамаева Т.А., Жердева П.Е., Рубальская Т.С., Мизаева И.Э., Ерохов Д.В., Тихонова Н.Т. Глобальное генетическое разнообразие вируса кори (Paramyxoviridae: Morbillivirus: Morbillivirus hominis): исторические аспекты и современное состояние. *Вопросы вирусологии*. 2023; 68(5): 361–371. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-187> EDN: <https://elibrary.ru/bfzbei>

малаева Д.Е., Тураева Н.В., Баркинхова Л.А. Оценка деятельности лабораторной сети по кори и краснухе в Российской Федерации. *Эпидемиология и инфекционные болезни*. 2025; 30; 2: 67 –74. DOI:<https://doi.org/10.51620/3034-1981-2025-30-2-67-74> EDN: LFJLZZ

12. Заболеваемость корью, краснухой и эпидемическим паротитом в России за 2024 год. Информационный бюллетень № 42. (2024) Available at: <https://gabrich.ru/assets/files/ib2024-12.pdf>

REFERENCES

1. Minta A.A., Ferrari M., Antoni S., Lambert B., Sayi T.S., Hsu C.H., et al. Progress Toward Measles Elimination - Worldwide, 2000–2023. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2024; 73(45): 1036-1042. doi:10.15585/mmwr.mm7345a4. PMID: 39541251; PMCID: PMC11576049.
2. Verguet S., Johri M., Morris S.K., Gauvreau C.L., Jha P., Jit M. Controlling measles using supplemental immunization activities: a mathematical model to inform optimal policy. *Vaccine*. 2015; 33(10): 1291-1296. doi: 10.1016/j.vaccine.2014.11.050. PMID: 25541214; PMCID: PMC4336184.
3. Rubalskaia T.S., Erokhov D.V., Zherdeva P.E., Mamaeva T.A., Tikhonova N.T. Global genetic diversity of measles virus (Paramyxoviridae: Morbillivirus: Morbillivirus hominis): historical aspects and current state. *Voprosy Virusologii*. 2023; 68(5): 361–371. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-187> EDN: <https://elibrary.ru/bfzbei> (in Russian)
4. Rota P.A., Evans R., Ben Mamou M.C., Rey-Benito G., Sangal L., Dosseh A., et al. The Global Measles and Rubella Laboratory Network Supports High-Quality Surveillance. *Vaccines (Basel)*. 2024; 12(8): 946. doi: 10.3390/vaccines12080946. PMID: 39204069; PMCID: PMC11359298
5. Roy F., Mendoza L., Hiebert J., McNall R.J., Bankamp B., Connolly S., et al. Rapid Identification of Measles Virus Vaccine Genotype by Real-Time PCR. *J Clin Microbiol.* 2017; 55(3): 735-743. doi: 10.1128/JCM.01879-16. PMID: 27852670; PMCID: PMC5328441.
6. Measles virus nomenclature update: 2012 Weekly Epidemiological Record. 2012; 87(09): 73–80. Available at <https://www.who.int/publications/item/WER8709>
7. Kostina Yu.A., Lapshtaeva A.V., Chumakov M.E., Kozlova I.N., Kuznetsova V.A., Puzakova D.V. Overview of the epidemiological situation of measles infection in the republic of Mordovia and forecast for the coming years. *Epidemiologiya I Infektsionnye bolezni (Epidemiology and infectious diseases)*. 2025; 30; 3: 183-190 DOI: <https://doi.org/10.51620/3034-1981-2025-30-3-183-190> EDN: AISSRG
8. Mamaeva T.A., Zherdeva P.E., Rubal'skaya T.S., Mizaeva I.E., Ermolaeva D.E., Turaeva N.V., Barkinkhova L.A. Evaluation of the performance of the measles and rubella laboratory network in the Russian Federation. *Epidemiologiya I Infektsionnye bolezni (Epidemiology and infectious diseases)*. 2025; 30; 2: 67 –74. DOI:<https://doi.org/10.51620/3034-1981-2025-30-2-67-74> EDN: LFJLZZ
9. 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>.
10. Nakayama T., Mori T., Yamaguchi S., Sonoda S., Asamura S., Yamashita R., et al. Detection of measles virus genome directly from clinical samples by reverse transcriptase-polymerase chain reaction and genetic variability. *Virus Res.* 1995; 35(1):1-16. doi: 10.1016/0168-1702(94)00074-m. PMID: 7754670.
11. Matsuzono Y., Narita M., Ishiguro N., Togashi T. Detection of measles virus from clinical samples using the polymerase chain reaction. *Arch Pediatr Adolesc Med.* 1994; 148(3):289-93. doi: 10.1001/archpedi.1994.02170030059014. PMID: 8130864.
12. Incidence of measles, rubella and epidemic parotitis in Russia for 2024. Information bulletin. 2025; 42. Available at: <https://gabrich.ru/assets/files/ib2024-12.pdf> (in Russian)
13. Bankamp B., Kim G., Hart D., Beck A., Ben Mamou M., Penedos A., et al. Global Update on Measles Molecular Epidemiology. *Vaccines (Basel)*. 2024; 12(7):810. doi: 10.3390/vaccines12070810. PMID: 39066448; PMCID: PMC11281501.

