

# Заболееваемость гриппом в январе-марте 2016 г. в Российской Федерации: эпидемический и пандемический потенциал вируса гриппа A(H1N1)pdm09

*Е.И.Бурцева, И.Т.Федякина, Е.С.Кириллова, С.В.Трушакова, Е.Л.Феодоритова, А.Л.Беляев, К.Г.Краснослободцев, Е.А.Мукашева, Е.О.Гарина, Т.А.Оскерко, В.А.Аристова, Д.К.Львов*

Институт вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф.Гамалеи» Минздрава России: 123098, Москва, ул. Гамалеи, 16

## Резюме

**Актуальность.** С 1947 г. в связи с эпидемической актуальностью и высоким пандемическим потенциалом вируса гриппа типа А по инициативе Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ) организована Глобальная система по надзору за гриппом и ответу (Global Influenza Surveillance and Response System – GISRS), которая в настоящее время представлена 6 сотрудничающими центрами по гриппу, 143 национальными центрами по гриппу в 113 странах, а также производителями гриппозных вакцин. Российская Федерация представлена в этой системе двумя национальными центрами – Федеральным центром по гриппу (ФЦГ) ФГБУ «Научно-исследовательский институт гриппа» Минздрава России (Санкт-Петербург) и Центром экологии и эпидемиологии гриппа (ЦЭЭГ) Института вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф.Гамалеи» Минздрава России (Москва). Оба центра осуществляют еженедельный надзор за циркуляцией вирусов гриппа в 59 городах Российской Федерации, который предполагает анализ заболеваемости, госпитализации, летальных случаев от гриппа и острой респираторной вирусной инфекции (ОРВИ) в разных возрастных группах, а также проведение диагностики с помощью широкого спектра лабораторных методов. **Материалы и методы.** В странах Северного полушария в эпидемическом сезоне 2015–2016 гг. в этиологии подъема заболеваемости доминировал вирус гриппа A(H1N1)pdm09. Подъем заболеваемости гриппом в России зарегистрирован с конца января до начала марта 2016 г. Показатель заболеваемости на пике эпидемии (5-я неделя 2016 г.), значительно превысив эпидемический порог (132 случая на 10 тыс. населения) и значение сезона 2014–2015 гг., отмечен на уровне эпидемического сезона 2009–2010 гг. **Результаты и обсуждение.** Этиологическую структуру эпидемического подъема заболеваемости в РФ определили 3 вируса гриппа – A(H1N1)pdm09, B и A(H3N2) при разном долевом участии. Грипп A(H1N1)pdm09 в структуре ОРВИ составил 18,0 %, в структуре циркулирующих вирусов гриппа – 84,0 %. Заболеваемость зарегистрирована во всех возрастных группах. Большая вовлеченность в эпидемический процесс зафиксирована у детей 3–6 лет. Максимальное число госпитализаций отмечено на 5-й и 6-й неделях 2016 г. – 3 538 и 4 109 случаев соответственно, что превысило показатели сезона 2009–2010 гг. Наибольшее число случаев госпитализации, в т. ч. с тяжелой острой респираторной инфекцией, отмечено в возрастной группе 15–64 лет. По данным ФЦГ и ЦЭЭГ, на 05.04.16 зарегистрировано 239 летальных исходов. В 97,9 % случаев лабораторными исследованиями подтвержден грипп A(H1N1)pdm09. **Заключение.** По результатам молекулярно-генетического анализа выделенных штаммов вируса гриппа A(H1N1)pdm09 показано наличие аминокислотных замен в гемагглютинине (рецептор-связывающем и Sa сайтах) и в генах, кодирующих внутренние белки (PA, NP, M1, NS1). Доля резистентных штаммов к препаратам с антинейраминидазной активностью в странах Северного полушария не превысила 1 %, а к производным адамантана оказались нечувствительными все изученные циркулирующие штаммы.

**Ключевые слова:** мониторинг гриппа, эпидемический сезон 2015–2016 гг., заболеваемость, вирус гриппа A(H1N1)pdm09, молекулярно-генетическая характеристика.

DOI: 10.18093/0869-0189-2016-26-4-436-443

# Flu morbidity in January-March, 2016, in Russian Federation. Epidemic and pandemic potential of A(H1N1)pdm09 influenza virus

*E.I.Burtseva, I.T.Fedyakina, E.S.Kirillova, S.V.Trushakova, E.L.Feodoritova, A.L.Belyaev, K.G.Krasnoslobodtsev, E.A.Mukasheva, E.O.Garina, T.A.Oskerko, V.A.Aristova, D.K.L'vov*

D.I.Ivanovskiy Virology Institute, Honorary Academician N.F.Gamaleya Federal Research Center of Epidemiology and Microbiology, Federal Research Center for Epidemiology and Microbiology, Healthcare Ministry of Russia: 16, Gamalei str., Moscow, 123098, Russia

## Summary

The World Health Organization (WHO) searches influenza virus circulation in community and in natural biocenosis, studies virus strains and their properties, develops diagnostic methods and preventive measures since 1940<sup>th</sup> worldwide because of epidemic actuality and high pandemic potential of the influenza virus. The Federal Influenza Center (including Federal Research Institute of Influenza, Saint-Petersburg, and the Center of Virus Ecology, D.I.Ivanovskiy Virology Institute, Honorary Academician N.F.Gamaleya Federal Research Center of Epidemiology and Microbiology, Federal Research Center for Epidemiology and Microbiology, Moscow) performs similar work in Russia in close cooperation with WHO within the framework of the International Programme of Influenza Monitoring. A(H1N1)pdm09 influenza virus dominated in the Northern Hemisphere in the 2015 – 2016 epidemic season. Morbidity growth was noted from the end of January, 2016, to the beginning of March, 2016. The peak morbidity at the 5<sup>th</sup> week of the year exceeded the epidemic threshold (132 cases per 10,000 of population) and morbidity in the 2014 – 2015 season significantly and approached to the peak morbidity of the 2009 – 2010 epidemic season. The epidemic growth in Russian Federation was provided by three influenza viruses: A(H1N1)pdm09, B and A(H3N2). A(H1N1)pdm09 virus caused 18% of all acute respiratory diseases and accounted for 84% of circulating influenza viruses. Flu was diagnosed in patients of different age with maximal frequency in 3- to 6-year old children. Peak admission number was registered at 5 and 6 weeks (3,538 and 4,109 cases, respectively); this number exceeded the similar parameter of the 2009 – 2010 season. Patients of 15 to 64 years old were admitted more often including those with acute respiratory infection. Two hundred and thirty nine deaths

were registered to the 5<sup>th</sup> of April, 2016, according to data from the Federal Influenza Center and the Center of Virus Ecology. The diagnosis of A(H1N1)pdm09 flu was confirmed in 97.9% of deaths. Molecular analysis of isolated strains of A(H1N1)pdm09 influenza virus revealed amino acid substitutions in receptor binding site and SA site of hemagglutinin and in genes coding intrinsic proteins PA, NP, M1, and NS1. Influenza virus strains resistive to anti-neuraminidase drugs were encountered in  $\leq 1\%$  in the Northern Hemisphere countries. No strains studied were sensitive to adamantane derivatives.

**Key words:** influenza monitoring, 2015 – 2016 epidemic season, morbidity, A(H1N1)pdm09 influenza virus, molecular characterization.

*«Среди новых вирусов и возвращающихся, способных вызывать чрезвычайные эпидемические ситуации, борьба с которыми на этапе их возникновения трудна или невозможна, особенно опасны вирусы гриппа А...»  
Академик РАН Д.К.Львов*

На протяжении тысячелетий человечество сталкивалось с вирусными инфекциями. Являясь внеклеточными формами жизни с определенным кругом «хозяев», вирусы способны проникать в живые клетки и размножаться только внутри них. Они обладают сложными программами, позволяющими манипулировать поведением клеток, в которых осуществляется их жизненный цикл, мгновенно перестраивать поведение вирусных популяций для преодоления неблагоприятных внешних воздействий, в т. ч. возникающих при воздействии человека. Эволюция вирусов происходит чрезвычайно быстро, их белки очень вариабельны. В случае появления реассортантов у вирусов с сегментированным геномом, к которым относится вирус гриппа А, существенные изменения могут привести к значительным изменениям свойств вируса [1]. Преодолевая межвидовые барьеры, вирус может проникать в популяции других хо-

зяев за пределами своего природного резервуара, адаптироваться к новым хозяевам и вызывать среди них массовые заболевания вследствие отсутствия коллективного иммунитета против соответствующих вирусных вариантов. В связи с этим у вирусов гриппа отмечена не только эпидемическая актуальность, в них заложен большой пандемический потенциал (рис. 1).

### Материалы и методы

Международное сотрудничество направлено на мониторинг циркуляции вирусов гриппа среди людей и в природных биоценозах, изоляцию штаммов, изучение их свойств, включая дрейфовые и шифтовые изменения антигенной структуры в процессе эволюции, разработку методов диагностики и профилактики. Изучается большая группа вирусов гриппа

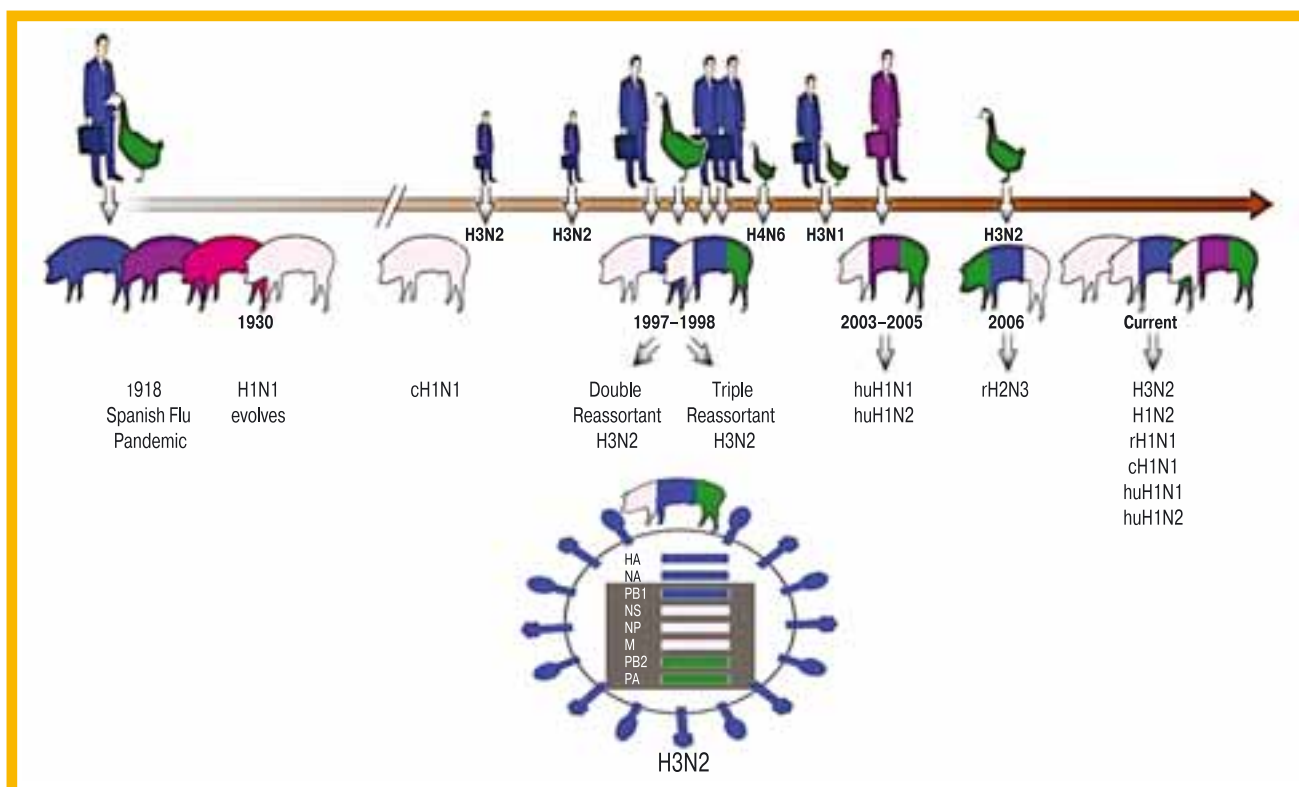


Рис. 1. Пример реассортации (обмен генами между вирусами гриппа А разных подтипов). Изменчивость вирусов гриппа свиней A(H1N1) и A(H3N2), циркулирующих в США (слайд предоставлен д. м. н. А.И.Климовым, Атланта, США)  
Figure 1. An example of reassortment (exchange between different subtypes influenza A viruses). Variability of A(H1N1) and A(H3N2) swine flu viruses circulating in USA (with the permission of A.I.Klimov, Atlanta, USA)

человека, в первую очередь, вирусы гриппа человека – А(Н1N1)pdm09, А(Н3N2) и В.

А(Н1N1)pdm09 появился в человеческой популяции в 2009 г., вызвав пандемию Калифорнийского гриппа, получившего свое название по месту выделения и активно участвовавшего в последующих эпидемических сезонах. Вирус гриппа А(Н3N2) известен с 1968 г., когда стал причиной пандемии Гонконгского гриппа и на протяжении многих десятилетий остается актуальным этиологическим агентом эпидемических вспышек гриппа, включая эпидемию 2014–15 гг. [2]. В настоящее время актуальны 2 эволюционные линии вируса гриппа В – В/Ямагата и В/Виктория, не имеющие перекреста по защитным свойствам.

Вторая группа изучаемых вирусов представлена вирусами гриппа птиц, которые при определенных условиях могут инфицировать человека, вызывая тяжелое заболевание с высоким процентом летальности, и таким образом представлять пандемическую угрозу [3]. Это вирусы гриппа птиц подтипов А(Н5N1), А(Н5N6), А(Н7N9), случаи инфицирования которыми регистрируют в основном при тесном контакте с больной птицей, при этом передача от человека к человеку описана в редких случаях. Риск формирования нового пандемического варианта связан с изменениями свойств самих вирусов гриппа птиц или с обменом генетическим материалом с циркулирующими вирусами гриппа человека, что позволит новому варианту легко передаваться от человека к человеку.

Еженедельный мониторинг циркуляции вирусов гриппа, диагностики и заболеваемости острыми респираторными вирусными инфекциями (ОРВИ) осуществляют Федеральный центр по гриппу (ФЦГ) ФГБУ «Научно-исследовательский институт гриппа» Минздрава России (Санкт-Петербург) и Центр экологии и эпидемиологии гриппа (ЦЭЭГ) Института вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпиде-

миологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф.Гамалеи» Минздрава России (Москва) в 59 городах Российской Федерации. Данные организации в статусе Национальных центров по гриппу сотрудничают с Всемирной организацией здравоохранения (ВОЗ) в рамках Глобальной системы по надзору за гриппом и ответу ВОЗ (GISRS).

В начале февраля, когда доля положительных проб на грипп составила > 30 %, Россия и практически все страны Европы были вовлечены в эпидемический процесс, в странах Северной Америки этого еще не произошло. В странах Северного полушария в сезоне 2015–2016 гг. в этиологии подъема заболеваемости доминировал вирус гриппа А(Н1N1)pdm09 (рис. 2).

Распространенность и интенсивность процесса изменились к началу апреля 2016 г., когда эпидемия охватила страны Африки и Америки, где ее интенсивность по сравнению с предыдущими сезонами была намного ниже [4]. Изменилось и соотношение циркулирующих вирусов. Активность вируса А(Н1N1)pdm09, который доминировал в начале эпидемии, снизилась, но возросла активность вирусов гриппа А(Н3N2) и В.

## Результаты и обсуждение

В этиологической структуре эпидемического подъема заболеваемости в Российской Федерации в сезоне 2015–2016 гг. диагностированы 3 вируса гриппа – А(Н1N1)pdm09, В и А(Н3N2), при этом их активность была неравнозначной. Доля гриппа А(Н1N1)pdm09 в структуре ОРВИ составила 18,0 %, в структуре циркулирующих вирусов гриппа – 84,0 %. Активность вирусов гриппа А(Н3N2) и В была значительно ниже (7,0 и 8,0 % соответственно). На Дальнем Востоке с большей частотой детектированы штаммы вируса гриппа А(Н3N2) (26,0 %), а в Москве – вирусы гриппа В (25 %). Подъем заболеваемости гриппом в России зарегистрирован

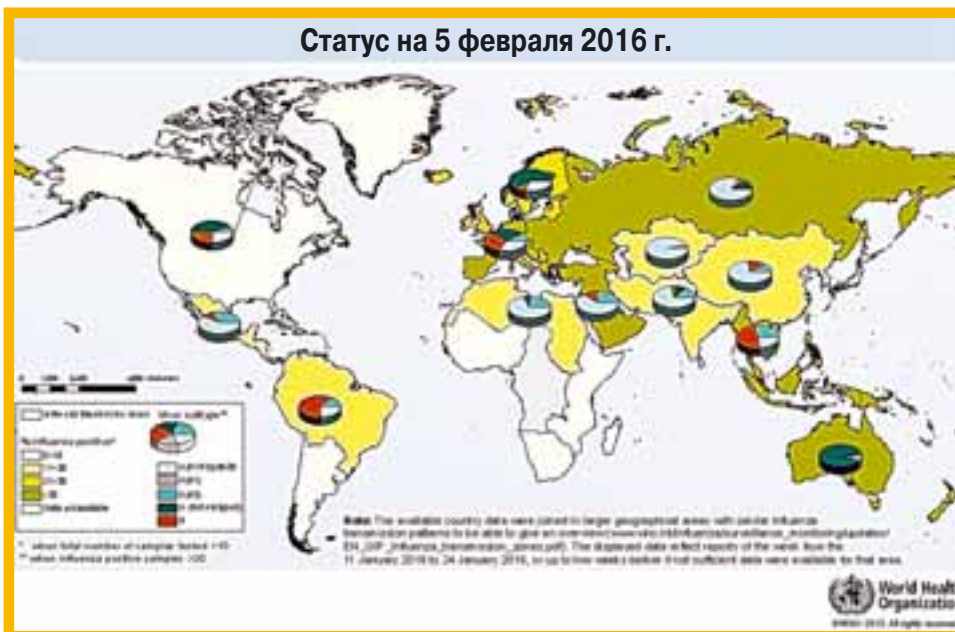


Рис. 2. Доминирование вируса гриппа А(Н1N1)pdm09 в этиологии подъемов заболеваемости в странах Северного полушария в феврале 2016 г.  
Figure 2. Dominance of А(Н1N1)pdm09 influenza virus in etiology of increased morbidity in countries of the Northern Hemisphere in February, 2016



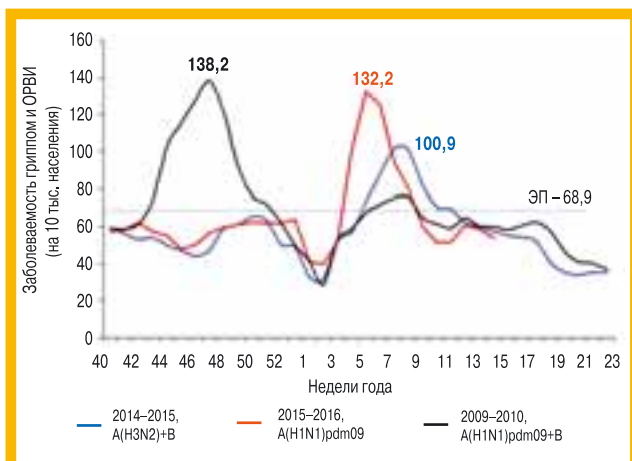


Рис. 3. Заболеваемость (на 10 тыс. населения) гриппом и ОРВИ в России в эпидемических сезонах 2009–2010, 2014–2015 и 2015–2016 гг.

Figure 3. Morbidity of flu and other acute respiratory viral infections in 2009–2010, 2014–2015 and 2015–2016 epidemic seasons in Russia (per 10,000 of population)

с конца января до начала марта 2016 г. Показатель заболеваемости на пике эпидемии значительно превысил эпидемический порог (132 случая на 10 тыс. населения), значение в сезоне 2014–2015 гг. и был на уровне эпидемического сезона 2009–2010 гг. [5, 6] (рис. 3).

Заболеваемость зарегистрирована во всех возрастных группах населения России, но большая вовлеченность в эпидемический процесс зафиксирована у детей 3–6 лет. Максимальное число случаев заболевания гриппом/ОРВИ в этой возрастной категории пришлось на 3–5-ю недели 2016 г. В конце февраля – начале марта, когда пик эпидемии был пройден, возросла заболеваемость детей от 0 до 2 лет (рис. 4).

Одним из показателей тяжести эпидемической вспышки является госпитализация. По числу лиц, госпитализированных с диагнозом «грипп», во время эпидемии 2015–2016 гг. превышены показатели сезона 2009–2010 гг. Максимальное число госпита-

лизаций зафиксировано на 5–6-й неделях 2016 г. – 3 538 и 4 109 случаев соответственно [5] (рис. 5).

При регистрации пиковых значений заболеваемости (на 5-й неделе 2016 г.) рост госпитализации больных с диагнозом грипп/ОРВИ составил 7 259 случаев (2,5 % от числа заболевших взрослых) и 11 461 (2,9 %) – детей, в т. ч. с лабораторно подтвержденным диагнозом «грипп» – 2 225 (30 %) – 1 из 3 взрослых и 1 313 (12 %) – 1 из 8 детей. Наибольшее число случаев госпитализации, в т. ч. с тяжелой острой респираторной инфекцией, отмечено в возрастной группе 15–64 лет.

По данным ФЦГ и ЦЭЭГ, на 05.04.16 зарегистрировано как минимум 239 летальных исходов. В 234 (97,9 %) случаях лабораторными исследованиями подтвержден грипп А(Н1N1)pdm09.

Среди эпидемиологических особенностей гриппозной инфекции, вызванной вирусом гриппа А(Н1N1)pdm09 в периоды его высокой активности, следует отметить изменение возрастной структуры погибших пациентов в эпидемическом сезоне 2015–2016 гг.

По данным ВОЗ, в 18 странах европейского региона, участвующих в Программе МОМО, превышение пороговых значений по числу смертельных исходов в сезоне 2015–2016 гг. зафиксировано в возрастной категории 15–64 лет [7]. По данным ЦЭЭГ, в России в 2009–2010 гг. средний возраст умерших составил 37,7 года, в 2010–2011 гг. – 44,5 года, в 2012–2013 гг. – 44,2 года. В период подъема заболеваемости в 2016 г. этот показатель увеличился до 55 лет (см. таблицу).

По результатам изучения антигенных свойств эпидемических штаммов вирусов гриппа, выделенных в декабре 2015 – марте 2016 гг., и их соответствия с вакцинными штаммами, значительных различий не выявлено: 95 % штаммов А(Н1N1)pdm09 были родственны эталону А/Калифорния/7/2009 (Н1N1)pdm09 (вакцинный). Штаммы вирусов А(Н3N2) и В полностью не совпадали с вакцинны-

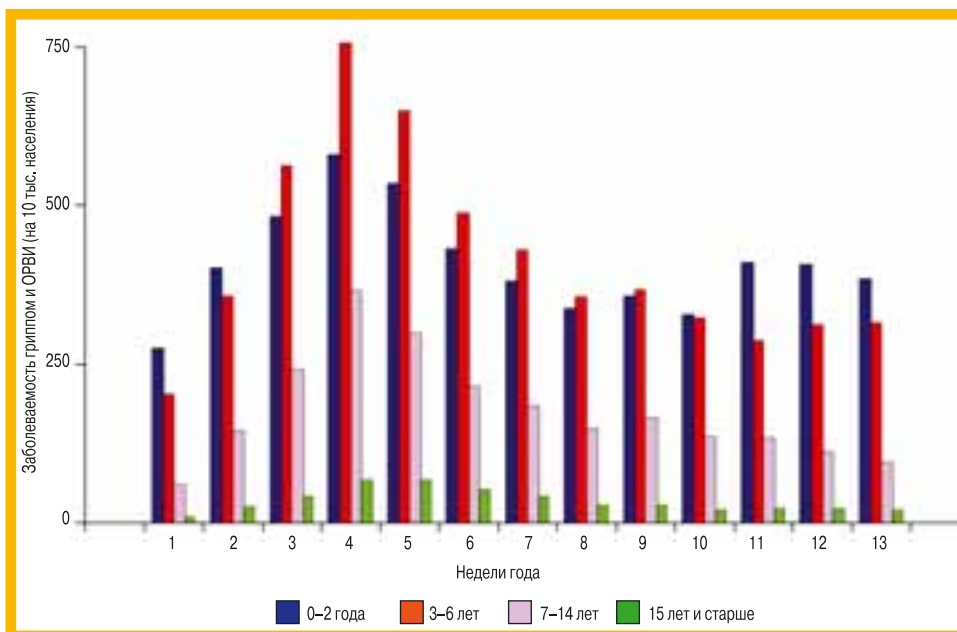


Рис. 4. Заболеваемость гриппом и ОРВИ в России (2016) по возрастным группам

Figure 4. Morbidity of flu and other acute respiratory viral infections at different ages in 2016 in Russia

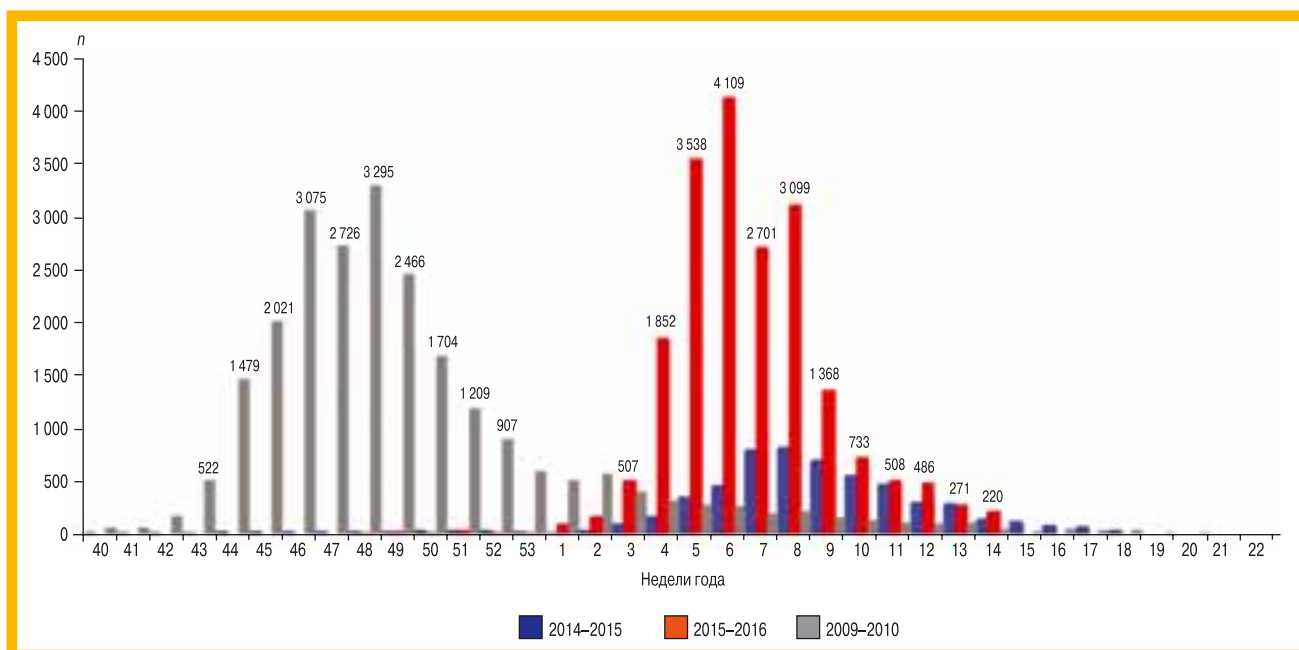


Рис. 5. Госпитализация с диагнозом грипп в России в эпидемических сезонах 2009–2010, 2014–2015 и 2015–2016 гг.; абс.  
Figure 5. Hospitalization (absolute number) due to influenza in 2009–2010, 2014–2015 and 2015–2016 epidemic seasons in Russia

ми, но их доля была незначительной: штаммы вируса гриппа А(Н3N2) были типированы как А/Гонконг/5738/2014 (дрейф вакцинного) и взаимодействовали с сывороткой к этому вирусу до полного гомологичного титра; в то же время с сывороткой к А/Швейцария/9715293/2013 (вакцинный) штаммы реагировали до  $1/4$ – $1/16$  гомологичного титра; штаммы вируса гриппа типа В были родственны В/Брис-

бен/60/2008 (не входил в состав вакцин) и реагировали с эталонной сывороткой до  $1/2$  и  $1/8$  гомологичного титра соответственно.

По результатам молекулярно-генетического анализа получена наиболее полная характеристика эпидемических штаммов вируса гриппа А(Н1N1)pdm09, проанализированы степень родства с другими вирусами и отличия от практически идентичных вариан-

*Таблица*

**Эпидемиологические особенности случаев гриппозной инфекции, вызванной вирусом гриппа А(Н1N1)pdm09 в периоды его высокой активности (по материалам, поступившим в ЦЭЭГ Института вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф.Гамалея» Минздрава России, Москва)**

*Table*

**Epidemiological features of A(H1N1)pdm influenza virus infection during its high activity (data of the Center of Influenza Ecology and Epidemiology, D.I.Ivanovskiy Virology Institute, Honorary Academician N.F.Gamaleya Federal Research Center of Epidemiology and Microbiology, Federal Research Center for Epidemiology and Microbiology, Healthcare Ministry of Russia)**

Показатель	Эпидемический сезон, годы			
	2009–2010	2010–2011	2012–2013	2015–2016
Максимальная активность вирусов гриппа в России, нед.	42–52-я	2–12-я	3–15-я	3–9-я
	4–8-я (грипп В)			
Долевое участие вирусов гриппа в сезоне, %	А(Н1N1)pdm09 – 75,0	А(Н1N1)pdm09 – 75,0	А(Н1N1)pdm09 – 42,0	А(Н1N1)pdm09 – 94,0
	В – 25,0	А(Н3) – 5,0	А(Н3) – 36,0	А(Н3) – 5,0
		В – 20,0	В – 22,0	В – 1,0
Число летальных случаев (ПЦР + / все)*	75 / 81 (93 %)	79 / 91 (87 %)	35 / 56 (62,5 %)	65 / 87 (75 %)
Беременные	9	4	1	0
Средний возраст, годы	37,7 (2,8–72,0)	44,5 (7,0–77,0)	44,2 (0,4–79,0)	55,1 (29,0–86,0)**
Пол, %:				
женщины	56,0	46,0	39,0	36,0
мужчины	44,0	54,0	61,0	64,0
Количество дней болезни до:				
госпитализации	–	8,3 (1–22)	4,8 (1–15)	–
летального исхода	8,1 (2–19)	9,3 (2–25)	8,6 (2–20)	9,9 (3–20)

Примечание: \* – положительные на грипп из всех обследованных; \*\* – плюс 1 ребенок 4 лет.

тов того же вируса. Одним из возможных объяснений интенсивности эпидемического сезона 2015–2016 гг. и высокой частоты госпитализаций, в т. ч. с тяжелой острой респираторной инфекцией с летальными исходами, могут быть результаты генетического анализа гемагглютинина (HA) (совпадают с данными зарубежных коллег) эпидемических штаммов вируса гриппа A(H1N1)pdm09, выделенных в Москве и Санкт-Петербурге в декабре 2015 – январе 2016 гг., которые показали, что в популяции этого вируса появились 2 новых субклада в клайде 6В (6В1 и 6В2) [8]. В большинстве стран долевое участие штаммов субклайда 6В1 достаточно быстро нарастало с октября 2015 г. и стало доминирующим в декабре 2015 – январе 2016 гг. Для этого субклайда отмечены характерные замены в антигенном сайте HA Sa, расположенном на глобуле белка, рядом с рецептор-связывающим сайтом (S84N, S162N, K163Q и I216N). С заменой S162N связано возникновение нового потенциального сайта гликозилирования, который позволяет вирусу «ускользнуть» от специфических антител после вакцинации или ранее перенесенной инфекции [9, 10] (рис. 6). Также выявлена мутация в гене *NSI*, одном из внутренних белков вируса гриппа, который отвечает за противодействие антивирусному эффекту интерферона и других интерлейкинов, индуцирует апоптоз.

Клинически доказано, что при ранней противовирусной терапии (ПВТ) с помощью эффективных препаратов снижается риск развития осложнений,

сокращается период лихорадки и основных симптомов болезни [11, 12]. При позднем назначении ПВТ клинический эффект менее выражен, но обосновано у пациентов с тяжелыми формами или осложненным течением гриппа [13]. При изучении свойств штаммов вируса гриппа A(H1N1)pdm09, выделенных у таких больных и из аутопсийного материала погибших от гриппа, в Институте вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф.Гамалеи» Минздрава России (Москва), начиная с 2009 г., выявляются жизнеспособные штаммы. В связи с этим изучается чувствительность штаммов вирусов гриппа к противовирусным препаратам. По данным ВОЗ, в сезон 2015–2016 гг. (по состоянию на 04.04.16) в странах Европейского региона исследовано 2 292 штамма, в США – 2 233. Доля резистентных штаммов к препаратам с антинейраминидазной активностью не превысила 1 %, а к производным адамантана все изученные циркулирующие штаммы оказались нечувствительны.

### Заключение

Таким образом, несмотря на то, что вирус гриппа A(H1N1)pdm09 циркулирует с 2009 г., его доминирующую роль в этиологии 4 из 7 последних сезонов, отсутствие значительных изменений в антигенных свойствах, а также его содержание в составе грип-

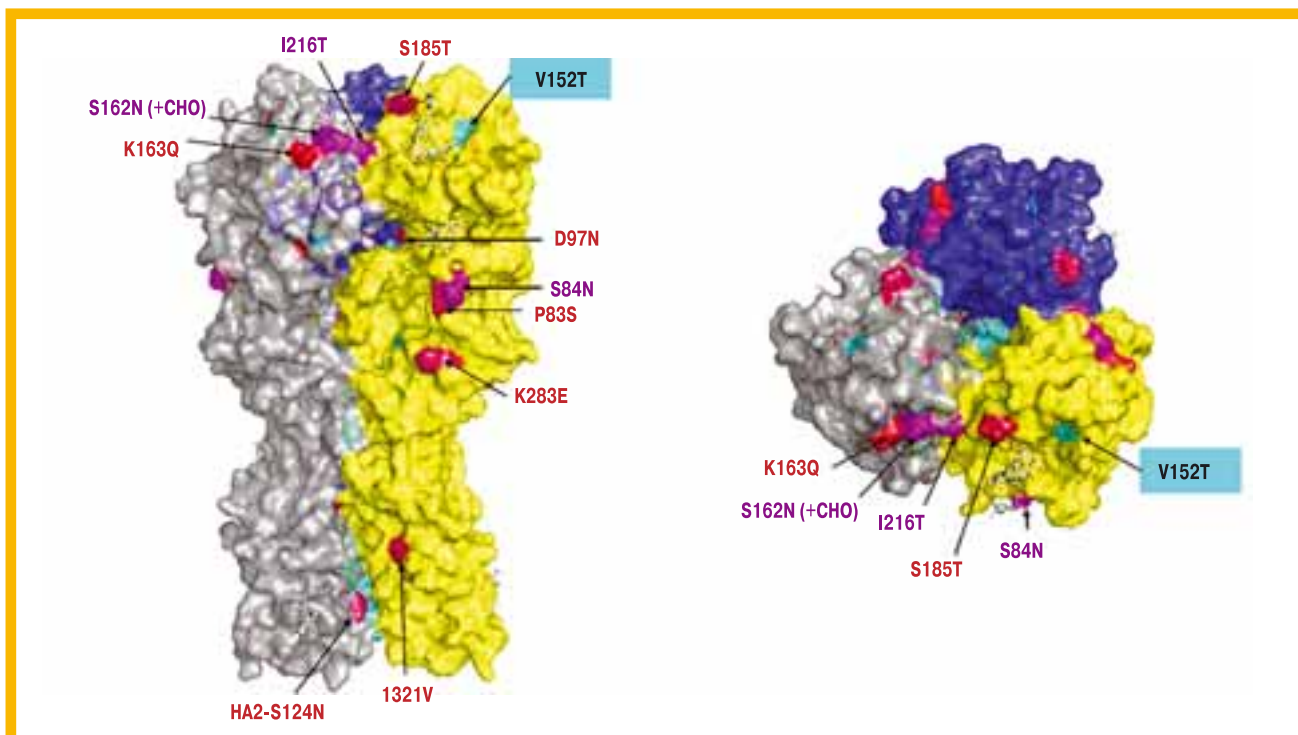


Рис. 6. Аминокислотные замены в HA вируса гриппа A(H1N1)pdm09 2015–2016 гг. в генетических подгруппах 6В1 и 6В2 (в сравнении с эталонным вирусом A/Калифорния/7/2009: определяющие генетическую группу 6В выделены красным (S203T, A256T, E47K, E127K в GA2 не видно на этой структуре)), подгруппу 6В1 – сиреневым, подгруппу 6В2 – голубым цветом (V173I, E164G, D174E в GA2 не видны на этой структуре)); у ряда вирусов в подгруппе 6В2 могут быть дополнительные замены (R113K, D127E, R47Q в GA2) Figure 6. Amino acid substitution in 6B1 and 6B2 genetic subgroups of 2015 – 2016 A(H1N1)pdm09 influenza virus hemagglutinin (compared to the etalon A/California/7/2009 virus); B6 determinants are red (S203T, A256T, E47K, and E127K in GA2 are not seen); 6B1 determinants are violet; 6B2 determinants are blue (V173I, E164G, and D174E in GA2 are not seen). Some viruses could have additional substitutions (R113K, D127E, R47Q in GA2)

позных вакцин, более тяжелые формы гриппозной инфекции и высокую летальность среди взрослого работающего населения продолжают связывать именно с этим вирусом. Учитывая его происхождение от 2 вирусов гриппа свиней, нельзя исключить и его участие при формировании новых антигенных вариантов, возможно, с пандемическим потенциалом.

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.  
The authors declare no conflict of interest.

## Литература

1. Жданов В.М., Львов Д.К., Забережный А.Д. Место вирусов в биосфере. В кн.: Львов Д.К., ред. Руководство по вирусологии: Вирусы и вирусные инфекции человека и животных. М.: ООО «Издательство “Медицинское информационное агентство”»; 2013: 46–66.
2. Львов Д.К., Бурцева Е.И., Колобухина Л.В. и др. Особенности эпидемического сезона 2014 / 2015 гг. по гриппу в разных регионах России. *Инфекционные болезни*. 2015; 4: 59–67.
3. Каверин Н.В., Львов Д.К., Щелканов М.Ю. Ортомиксовирусы. Место вирусов в биосфере. В кн.: Львов Д.К., ред. Руководство по вирусологии: Вирусы и вирусные инфекции человека и животных. М.: ООО «Издательство “Медицинское информационное агентство”»; 2013: 307–314.
4. <http://Pan American Health Organization>
5. Карпова Л.С., Соминина А.А., Бурцева Е.И. и др. Сравнение эпидемий гриппа в России, вызванных пандемическим вирусом гриппа А (H1N1) pdm09 в период с 2009 по 2013 г. *Вопросы вирусологии*. 2015; 60 (3): 19–25.
6. Львов Д.К., Бурцева Е.И., Колобухина Л.В. и др. Особенности эпидемического сезона 2014 / 2015 гг. по гриппу в разных регионах России. *Инфекционные болезни*. 2015; 4: 59–67.
7. [http://EuroMOMO.eu/bulletin\\_pdf/2016/2016\\_26\\_bulletin.pdf](http://EuroMOMO.eu/bulletin_pdf/2016/2016_26_bulletin.pdf)
8. Komissarov A., Fadeev A., Petrov S. et al. Rapid spread of influenza A(H1N1)pdm09 viruses with a new set of specific mutations in the internal genes in the beginning of 2015/2016 epidemic season in Moscow and Saint-Petersburg (Russian Federation). “Influenza & Other Respiratory Viruses” (<http://dx.doi.org/10.1111/irv.12389>). Accepted manuscript on-line, 19 March 2016, 04:50 AM.
9. Raymond F.L., Caton A.J., Cox N.J. et al. The antigenicity and evolution of influenza H1 Hemagglutinin from 1950 – 1957 and 1977 – 1983: two pathways from one gene. *Virology*. 1986; 148: 257–287.
10. Report prepared for the WHO annual consultation on the composition of influenza vaccine for the Northern Hemisphere 2016 – 2017. Worldwide Influenza Centre the Francis Crick Institute Mill Hill Laboratory London. 22<sup>nd</sup> – 24<sup>th</sup> February 2016.
11. Jefferson T., Jones M.A., Doshi P. et al. Neuraminidase inhibitors for preventing and treating influenza in healthy adults and children. *Cochrane Database Syst. Rev.* 2012; 1: CD008965.
12. Колобухина Л.В., Щелканов М.Ю., Прошина Е.С. и др. Клинико-патогенетические особенности и оптимизация противовирусной терапии пандемического гриппа А(H1N1)pdm09. *Вопросы вирусологии*. 2012; прил. 1: 189–198.

13. Lee N., Chan P.K., Hui D.S. et al. Viral loads and duration of viral shedding in adult patients hospitalized with influenza. *J. Infect. Dis.* 2009; 200: 492–500.

Поступила 31.08.16

УДК [616.98:578.832.1]-036.22(470)«2016»

## References

1. Zhdanov V.M., L'vov D.K., Zaberezhnyy A.D. A role of viruses in biosphere. In: L'vov D.K., ed. *Viruses and Viral Infection of Humans and Animals*. Moscow: ООО «Izdatel'stvo “Meditsinskoe informatsionnoe agentstvo”»; 2013: 46–66 (in Russian).
2. L'vov D.K., Burtseva E.I., Kolobukhina L.V. et al. Characterization of influenza epidemic season 2014/2015 in different regions of Russia. *Infektsionnye bolezni*. 2015; 4: 59–67 (in Russian).
3. Kaverin N.V., L'vov D.K., Shchelkanov M.Yu. Orthomyxoviruses. A role of viruses in biosphere. In: L'vov D.K., ed. *Viruses and Viral Infection of Humans and Animals*. Moscow: ООО «Izdatel'stvo “Meditsinskoe informatsionnoe agentstvo”»; 2013: 307–314 (in Russian).
4. <http://Pan American Health Organization>
5. Karpova L.S., Somnina A.A., Burtseva E.I. et al. A comparison between influenza epidemics caused by pandemic influenza A (H1N1) virus in 2009 – 2013 in Russia. *Voprosy virusologii*. 2015; 60 (3): 19–25 (in Russian).
6. L'vov D.K., Burtseva E.I., Kolobukhina L.V., et al. Characterization of influenza epidemic season 2014 / 2015 in different regions of Russia. *Infektsionnye bolezni*. 2015; 4: 59–67 (in Russian).
7. [http://EuroMOMO.eu/bulletin\\_pdf/2016/2016\\_26\\_bulletin.pdf](http://EuroMOMO.eu/bulletin_pdf/2016/2016_26_bulletin.pdf)
8. Komissarov A., Fadeev A., Petrov S. et al. Rapid spread of influenza A(H1N1)pdm09 viruses with a new set of specific mutations in the internal genes in the beginning of 2015/2016 epidemic season in Moscow and Saint-Petersburg (Russian Federation). “Influenza & Other Respiratory Viruses” (<http://dx.doi.org/10.1111/irv.12389>). Accepted manuscript on-line, 19 March 2016, 04:50 AM.
9. Raymond F.L., Caton A.J., Cox N.J. et al. The antigenicity and evolution of influenza H1 Hemagglutinin from 1950 – 1957 and 1977 – 1983: two pathways from one gene. *Virology*. 1986; 148: 257–287.
10. Report prepared for the WHO annual consultation on the composition of influenza vaccine for the Northern Hemisphere 2016 – 2017. Worldwide Influenza Centre the Francis Crick Institute Mill Hill Laboratory London. 22<sup>nd</sup> – 24<sup>th</sup> February 2016.
11. Jefferson T., Jones M.A., Doshi P. et al. Neuraminidase inhibitors for preventing and treating influenza in healthy adults and children. *Cochrane Database Syst. Rev.* 2012; 1: CD008965.
12. Kolobukhina L.V., Shchelkanov M.Yu., Proshina E.S., et al. Clinical and pathogenic features and improvement in antiviral treatment of pandemic A(H1N1)pdm09 influenza virus. *Voprosy virusologii*. 2012; Suppl. 1: 189–198 (in Russian).
13. Lee N., Chan P.K., Hui D.S. et al. Viral loads and duration of viral shedding in adult patients hospitalized with influenza. *J. Infect. Dis.* 2009; 200: 492–500.

Received August 31, 2016

УДК [616.98:578.832.1]-036.22(470)«2016»

## Информация об авторах

Бурцева Елена Ивановна – д. м. н., заведующая лабораторией этиологии и эпидемиологии гриппа Института вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф.Гамалеи» Минздрава России; тел.: (499) 190-30-46; e-mail: elena-burtseva@yandex.ru



*Федякина Ирина Тимофеевна* – к. б. н., руководитель лаборатории экологии вирусов Института вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф.Гамалеи» Минздрава России; тел.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Кириллова Елена Сергеевна* – к. м. н., ведущий научный сотрудник лаборатории этиологии и эпидемиологии гриппа Института вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф.Гамалеи» Минздрава России; тел.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Трушакова Светлана Викторовна* – к. б. н., научный сотрудник лаборатории этиологии и эпидемиологии гриппа Института вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф.Гамалеи» Минздрава России; тел.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Феодоритова Елена Леонидовна* – старший научный сотрудник лаборатории этиологии и эпидемиологии гриппа Института вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф.Гамалеи» Минздрава России; тел.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Беляев Алексей Львович* – к. м. н., ведущий научный сотрудник лаборатории этиологии и эпидемиологии гриппа Института вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф.Гамалеи» Минздрава России; тел.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Краснослободцев Кирилл Геннадьевич* – научный сотрудник лаборатории этиологии и эпидемиологии гриппа Института вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф.Гамалеи» Минздрава России; тел.: (499) 190-30-46; e-mail: kkg\_87@mail.ru

*Мукашева Евгения Андреевна* – научный сотрудник лаборатории этиологии и эпидемиологии гриппа Института вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф.Гамалеи» Минздрава России; тел.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Гарина Екатерина Олеговна* – научный сотрудник лаборатории этиологии и эпидемиологии гриппа Института вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф.Гамалеи» Минздрава России; тел.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Оскерко Татьяна Александровна* – старший научный сотрудник лаборатории этиологии и эпидемиологии гриппа Института вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф.Гамалеи» Минздрава России; тел.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Аристова Валерия Анатольевна* – к. б. н., старший научный сотрудник лаборатории экологии вирусов Института вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф.Гамалеи» Минздрава России; тел.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Львов Дмитрий Константинович* – д. м. н., академик РАН, профессор, заведующий отделом экологии вирусов с научно-практическим центром по экологии и эпидемиологии гриппа Института вирусологии им. Д.И.Ивановского ФГБУ «Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России; тел.: (499) 190-28-74; e-mail: lvov@virology.ru

#### Author information

*Burtseva Elena Ivanovna*, MD, Head of Laboratory of Influenza Etiology and Epidemiology, D.I.Ivanovskiy Virology Institute, Honorary Academician N.F.Gamaleya Federal Research Center of Epidemiology and Microbio-

logy, Federal Research Center for Epidemiology and Microbiology, Healthcare Ministry of Russia; tel.: (499) 190-30-46; e-mail: elena-burtseva@yandex.ru

*Fedyakina Irina Timofeevna*, PhD in Biology, Head of Laboratory of Virus Ecology, D.I.Ivanovskiy Virology Institute, Honorary Academician N.F.Gamaleya Federal Research Center of Epidemiology and Microbiology, Federal Research Center for Epidemiology and Microbiology, Healthcare Ministry of Russia; tel.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Kirillova Elena Sergeevna*, PhD, Chief Scientist at Laboratory of Influenza Etiology and Epidemiology, D.I.Ivanovskiy Virology Institute, Honorary Academician N.F.Gamaleya Federal Research Center of Epidemiology and Microbiology, Federal Research Center for Epidemiology and Microbiology, Healthcare Ministry of Russia; tel.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Trushakova Svetlana Viktorovna*, PhD in Biology, Researcher at Laboratory of Influenza Etiology and Epidemiology, D.I.Ivanovskiy Virology Institute, Honorary Academician N.F.Gamaleya Federal Research Center of Epidemiology and Microbiology, Federal Research Center for Epidemiology and Microbiology, Healthcare Ministry of Russia; tel.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Fedoritova Elena Leonidovna*, Senior Researcher at Laboratory of Influenza Etiology and Epidemiology, D.I.Ivanovskiy Virology Institute, Honorary Academician N.F.Gamaleya Federal Research Center of Epidemiology and Microbiology, Federal Research Center for Epidemiology and Microbiology, Healthcare Ministry of Russia; tel.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Belyaev Aleksey Lvovich*, PhD, Chief Scientist at Laboratory of Influenza Etiology and Epidemiology, D.I.Ivanovskiy Virology Institute, Honorary Academician N.F.Gamaleya Federal Research Center of Epidemiology and Microbiology, Federal Research Center for Epidemiology and Microbiology, Healthcare Ministry of Russia; tel.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Krasnoslobodtsev Kirill Gennad'evich*, Researcher at Laboratory of Influenza Etiology and Epidemiology, D.I.Ivanovskiy Virology Institute, Honorary Academician N.F.Gamaleya Federal Research Center of Epidemiology and Microbiology, Federal Research Center for Epidemiology and Microbiology, Healthcare Ministry of Russia; tel.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Mukasheva Evgeniya Andreevna*, Researcher at Laboratory of Influenza Etiology and Epidemiology, D.I.Ivanovskiy Virology Institute, Honorary Academician N.F.Gamaleya Federal Research Center of Epidemiology and Microbiology, Federal Research Center for Epidemiology and Microbiology, Healthcare Ministry of Russia; tel.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Garina Ekaterina Olegovna*, Researcher at Laboratory of Influenza Etiology and Epidemiology, D.I.Ivanovskiy Virology Institute, Honorary Academician N.F.Gamaleya Federal Research Center of Epidemiology and Microbiology, Federal Research Center for Epidemiology and Microbiology, Healthcare Ministry of Russia; tel.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Oskerko Tat'yana Aleksandrovna*, Senior Researcher at Laboratory of Influenza Etiology and Epidemiology, D.I.Ivanovskiy Virology Institute, Honorary Academician N.F.Gamaleya Federal Research Center of Epidemiology and Microbiology, Federal Research Center for Epidemiology and Microbiology, Healthcare Ministry of Russia; tel.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*Aristova Valeriya Anatol'evna*, PhD in Biology, Senior Researcher at Laboratory of Virus Ecology, D.I.Ivanovskiy Virology Institute, Honorary Academician N.F.Gamaleya Federal Research Center of Epidemiology and Microbiology, Federal Research Center for Epidemiology and Microbiology, Healthcare Ministry of Russia; tel.: (499) 190-30-46; e-mail: info@virology.ru

*L'vov Dmitriy Konstantinovich*, MD, Academician of Russian Science Academy; Professor, Head of Division of Virus Ecology and Academic and Practical Center for Influenza Ecology and Epidemiology, D.I.Ivanovskiy Virology Institute, Honorary Academician N.F.Gamaleya Federal Research Center of Epidemiology and Microbiology, Federal Research Center for Epidemiology and Microbiology, Healthcare Ministry of Russia; tel.: (499) 190-28-74; e-mail: lvov@virology.ru