

DOI: <https://doi.org/10.51922/1818-426X.2021.4.44>

Г. Н. Чистенко, И. Н. Вальчук, М. И. Бандацкая, И. В. Федорова

ПАНДЕМИИ И НОВЫЕ ИНФЕКЦИИ: ИСТОКИ И ВЕРОЯТНОСТЬ ВОЗНИКНОВЕНИЯ

УО «Белорусский государственный медицинский университет»

В статье представлен обзор современных гипотез происхождения возбудителей инфекционных болезней, этапов эволюции и механизмов адаптации возбудителей зоонозных инфекций в популяции людей. Процессы межвидового взаимодействия возбудителей зоонозной природы с популяцией людей приводят к появлению новых инфекций и составляют потенциальную угрозу возникновения пандемий. Одним из основных механизмов возникновения новых патогенов в популяции людей является перенос ранее существовавшего возбудителя от хозяев из животного мира к человеку, сопровождающийся тяжелым бременем заболевания. Особую настороженность вызывают РНК-вирусы с высокими темпами эволюции. Повышенная частота мутаций позволяет вирусам быстро адаптироваться к новой популяции с формированием эпидемического варианта возбудителя.

Ключевые слова: пандемия, вирусы, происхождение возбудителей, адаптация зоонозных вирусов, резервуар инфекции, эволюция.

G. N. Chistenko, I. N. Valchuk, M. I. Bandatskaya, I. V. Fedorova

PANDEMIS AND NEW INFECTIONS: ORIGINS AND PROBABILITY OF OCCURRENCE

The article presents an overview of modern hypotheses of the origin of infectious diseases pathogens, the stages of evolution and the mechanisms of adaptation of zoonotic pathogens in the human population. The processes of interspecific interaction of pathogens of a zoonotic nature with the human population lead to the emergence of new infections and constitute a potential threat of pandemics. One of the main mechanisms for the emergence of new pathogens in the human population is the transfer of an existing pathogen from hosts from the animal world to humans, accompanied by a heavy burden of disease. RNA viruses with a high evolutionary rate cause particular alertness. The increased frequency of mutations allows viruses to quickly adapt to a new population with the formation of an epidemic variant of the pathogen.

Key words: pandemic, viruses, origin of pathogens, adaptation of zoonotic viruses, reservoir of infection, evolution.

Пандемия коронавирусной инфекции отчетливо высветлила множество проблем, две из которых взаимосвязаны и представляются наиболее яркими. Во-первых, организация жизни как отдельных людей, так и всех структур современного общества начала строиться с учетом правил обеспечения биологической безопасности. Вторая проблема связана с возникновением новых возбудителей инфекционных болезней человека.

Одним из первых, кто в начале XX века попытался понять происхождение инфекционных болезней и возможные пути их эволюции, был французский бактериолог, лауреат Нобелевской премии Шарль Николь. В последующие десятилетия данную проблему плодотворно разрабатывали советские академики В. М. Жданов и О. В. Бароян. Благодаря работам этих и других ученых, к концу прошлого столетия достаточно аргументированно были обоснованы четыре источника происхождения возбудителей инфекционных болезней.

Источники происхождения возбудителей инфекционных болезней

Ряд возбудителей явился результатом сопряженной эволюции паразитов, полученных человеком от своих предков. Подобным образом появились малярия, энтеробиоз, стрептококковые инфекции, педикулез.

Большая группа инфекционных болезней получена человеком от животных. Некоторые из этих инфекций превратились в облигатные антропонозы (сыпной тиф, возвратный тиф, натуральная оспа). Другие остались зоонозами, сохранив способность вызывать как эпизоотический, так и эпидемический процесс (бруцеллез, лептоспирозы).

Значительная группа болезней человека сложилась вследствие адаптации диких, свободноживущих форм к организму человека. Таким путем произошли холера, легочные микозы, дерматомикозы.

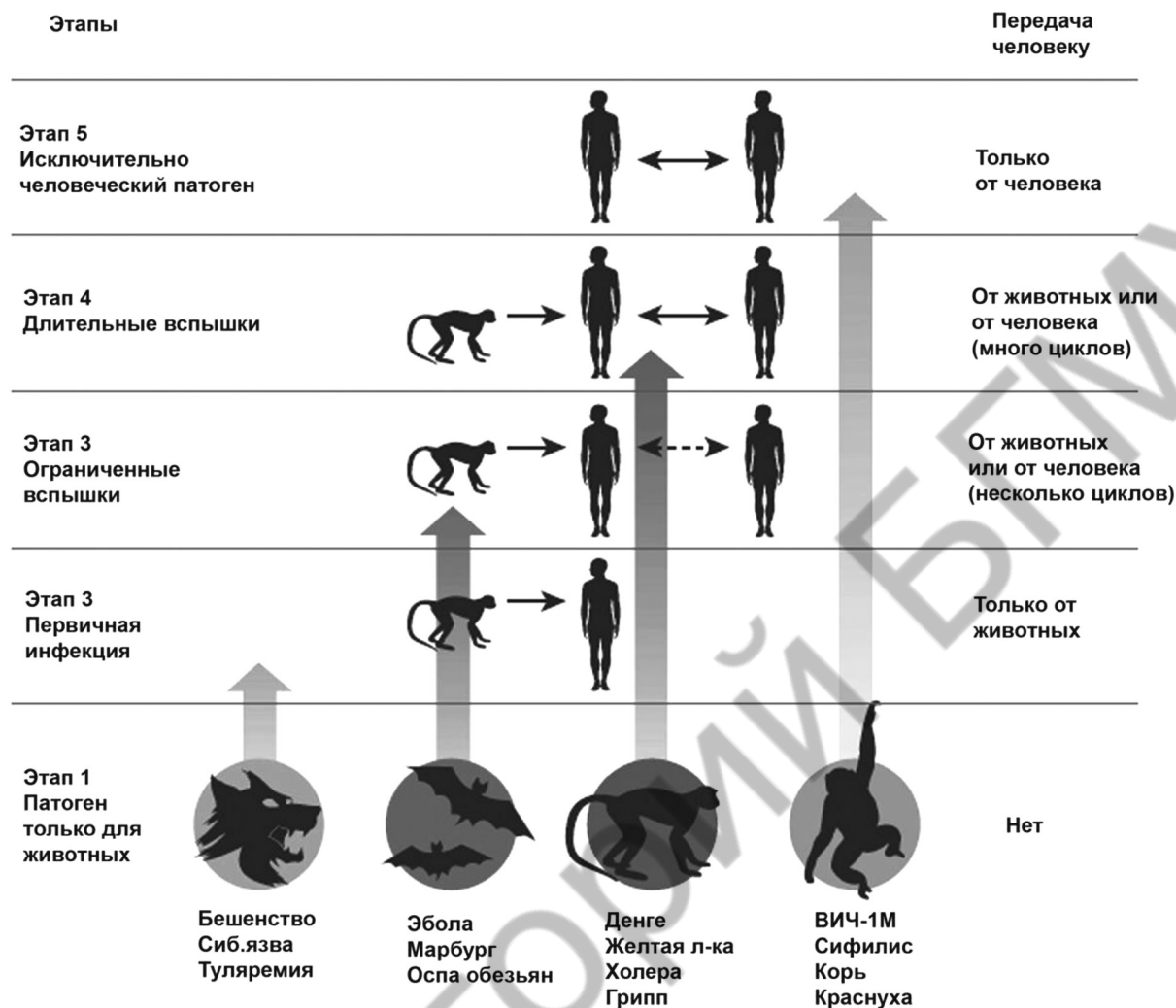


Рисунок 1. Этапы эволюции инфекционных болезней человека

Определенная группа болезней сформировалась в результате приобретения патогенных свойств непатогенными паразитами, населяющими организм человека. В данную группу включены дизентерия, амебиаз, эшерихиозы, стафилококковая инфекция (вероятно), менингококковая инфекция (вероятно).

Наиболее обильный резервуар для выделения новых инфекционных болезней представляет животный мир. Один из ведущих эпидемиологов Л. В. Громашевский более полувека тому назад указывал: «Появившись на Земле позже всей массы обитающих на ней животных и заняв здесь особое положение как по расселению на всей ее поверхности, так и по разносторонности своей деятельности, человек стал вступать в различные формы общения (охота, употребление в пищу, одомашнивание, хозяйственное использование, пребывание на одной территории и т. п.) со всеми видами животного мира. Это послужило причиной того, что он испробовал на себе все болезни животных, к которым он сам оказался восприимчивым».

Это утверждение авторитетного ученого в нынешних условиях антропогенного наступления на природу приобрело особую актуальность.

Развивая положение о происхождении возбудителей инфекционных болезней человека из животного мира, Ю. В. Лобзин выделяет этапы становления человеческих патогенов (рисунок 1). На каждом из указанных этапов происходили межвидовые «скачки» возбудителей в направлении от зоонозов к антропонозам [5]. Чем более «завершенным» оказывался скачок, тем большим становился отрыв возбудителя от животного резервуара и тем в большей мере он приобретал черты антропонозного возбудителя.

Таким образом, одним из основных механизмов возникновения новых патогенов является перенос ранее существовавшего патогена от хозяев из животного мира к человеку, сопровождающийся тяжелым течением заболевания вследствие неадаптированности организма человека как нового хозяина к новому патогену. Подтверждением этому является развитие цитокинового шторма при коронавирусной инфекции [9].

Новые инфекции, которые были выявлены в последние три десятилетия, характеризуются двумя важнейшими чертами: во-первых, большинство новых возбудителей являются вирусами; во-вторых, в подавляющем большинстве случаев возбудители новых инфекций

пришли к нам, как и прежде, из животного мира. Таким образом, рассматривая риски, связанные с возникновением новых инфекционных болезней, следует полагать, что с наиболее высокой долей вероятности в будущем нас ожидают именно новые вирусные инфекции и именно зоонозного происхождения.

Вирусы – этиологические агенты большинства известных пандемий

Обусловленность большинства известных пандемий и крупных эпидемий вирусами связана с высоким эпидемическим потенциалом вирусов. Поэтому болезни вирусного происхождения – это инфекционные болезни, характеризующиеся **пандемическим** потенциалом.

Вирусная этиология вновь выявленных инфекционных болезней связана с исключительным разнообразием и поистине неисчислимыми количествами вирусов в природе. В свободной акватории Мирового океана их популяция достигает астрономического размера – 10^{31} , а область распространения вирусов охватывает все типы экологических ниш – аэробные и анаэробные, олиготрофные и эвтрофные, комфортные и вызывающие физиологический стресс, в том числе ниши, характеризующиеся экстремальными значениями температуры, pH, солёности и гидростатического давления. В настоящее время доказано, что у представителей всех основных групп живых организмов (бактерий, архей, протистов, грибов, водорослей, высших растений и животных) имеются свои собственные вирусы [13].

Среди вирусных инфекций особого внимания заслуживают заболевания, которые вызываются вирусами, содержащими рибонуклеиновую кислоту (РНК-содержащие вирусы). Все последние наиболее значимые эпидемии и пандемии таких болезней как ВИЧ-инфекция, грипп H1N1 («свиной» грипп), высокопатогенный грипп птиц H5N1, H10N8, H5N6 и H7N9, болезни Нипах и Хендра, тяжёлый острый респираторный синдром, ближневосточный респираторный синдром, геморрагическая лихорадка Эбола, Чикунгунья, Зика и новая коронавирусная инфекция 2019 г. вызваны РНК-содержащими вирусами.

Высокая вероятность инфицирования новых восприимчивых видов РНК-содержащими вирусами связана с очень коротким временем их генерации и более высокими темпами их эволюции. Быстрые темпы эволюции РНК-вирусов обусловлены частыми циклами репликации, в результате чего возникают различные мутации. Повышенная частота мутаций позволяет вирусам быстро адаптироваться к изменениям в окружающей среде. Быстрое мутирование вирусов также вызывает проблемы с разработкой действенных вакцин и противовирусных препаратов, так как мутации устойчивости к новым лекарственным препаратам возникают очень быстро [1, 2].

Одним из примеров «миграции» вирусов из популяции животных в популяцию человека является коронавирус Ближневосточного респираторного синдрома (БВРС-КоV, MERS-CoV), который впервые был диагностирован в Саудовской Аравии в 2012 году.

MERS-CoV является зоонозным вирусом, то есть вирусом, передаваемым между животными и людьми. Происхождение этого вируса до конца неизвестно, однако согласно результатам филогенетического анализа полагают, что он сформировался в популяции летучих мышей – нетопырей и в последствие был передан одногорбым верблюдам. Так, MERS-CoV был диагностирован у верблюдов в ряде стран Ближнего Востока, Африки и Южной Азии. В популяцию человека этот вирус проник примерно в середине 2011 года [3, 21].

В настоящее время наиболее убедительная гипотеза гласит, что одногорбые верблюды являются основным резервуарным хозяином для MERS-CoV и источником заражения людей. Механизм заражения MERS-CoV окончательно не установлен, при этом результаты последних исследований свидетельствуют, что вирус передается через слюну, а также посредством молока и мяса верблюдов. Штаммы MERS-CoV, идентичные штаммам человека, были выявлены у верблюдов в нескольких странах, в том числе Египте, Иране, Иордании, Омане, Катаре, Саудовской Аравии, Пакистане, Кувейте, Мали, Марокко и др. Эпидемиологические наблюдения показывают, что не все люди, находившиеся в контакте с больными верблюдами, заболели MERS-CoV. Таким образом, для эффективного заражения необходимо достаточное большое количество вируса, что предполагает тесный контакт с инфицированными животными [3, 21].

Заражение людей происходит при прямых и косвенных контактах как с инфицированными верблюдами, так и с инфицированными людьми. В настоящее время не вызывает сомнения трансмиссия вируса MERS-CoV от человека к человеку. Но в отличие от SARS-CoV-2 для этого возбудителя не характерна активная передача среди людей, если только не имеет места тесный контакт между ними, например, при оказании инфицированному пациенту медицинской помощи без средств защиты. В настоящее время передача вируса в популяциях человека носит ограниченный характер и реализуется между членами семьи, пациентами и работниками системы здравоохранения. Вспышки, связанные с оказанием медицинской помощи, описаны в ряде стран, наиболее крупные из них – в Саудовской Аравии, Объединенных Арабских Эмиратах и Республике Корея [3].

С 2012 г. случаи MERS-CoV были зарегистрированы в 27 странах, в том числе в Алжире, Австрии, Бахрейне, Германии, Греции, Египте, Иордании, Исламской Республике Иран, Италии, Йемене, Катаре, Китае, Королевстве Саудовская Аравия, Кувейте, Ливане, Нидерландах, Объединенных Арабских Эмиратах, Омане, Республике Корея, Таиланде, Тунисе и др. Однако около 80 % случаев заболевания людей зарегистрировано в Саудовской Аравии.

Отсутствие устойчивой передачи инфекции от человека к человеку, локальный характер вспышек, связанных как правило с тесным контактом между людьми, спорадический характер заболеваемости за пределами стран эндемичного региона, свидетельствует о том,

что MERS-CoV в отличие от SARS-CoV-2 прошел только три первых этапа эволюции, имеет ограниченное распространение в странах Ближневосточного региона и не приобрел в полной мере характерные черты антропонозирования возбудителя [3].

Кроме того, в последние годы особое внимание привлекли инфекции, вызываемые альфавирусами и флавивирусами: венесуэльский энцефалит лошадей, Чикунгунья, Денге, лихорадка Западного Нила и другие. Альфавирусы и флавивирусы относятся к арбовирусам и распространяются среди восприимчивых хозяев с участием членистоногих (как правило, комаров). В природных условиях арбовирусы бессимптомно циркулируют в популяциях основных хозяев, которыми чаще всего являются птицы и грызуны или приматы. Учитывая широкое распространение комаров (и других векторов-переносчиков) и изменения климата, сопровождающиеся расширением ареала обитания членистоногих, следует ожидать расширения географии и увеличения доли тех вспышек вирусных инфекций, в эпидемической цепи которых присутствуют насекомые [1].

Новые вирусы приходят из природного животного резервуара

Важнейшим природным резервуаром вирусов являются птицы. Для одних видов вирусов они являются основным хозяином, для других видов служат амплификатором, усиливая циркуляцию возбудителя. Роль птиц в циркуляции вирусов определяется следующими ключевыми факторами:

- гнездовые колонии диких птиц имеют высокую численность и плотность, вирусы легко передаются от одной особи к другой;
- перелетные птицы переносят вирусы на значительные расстояния, тем самым увеличивая их ареал;
- во время остановок на пути миграции и на зимовке колонии птиц имеют особенно большую плотность; здесь встречаются птицы из разных ареалов; вирусы получают новых хозяев, а также новые возможности для гибридизации;
- птицы переносят вирусы в реки и озера, где возбудители могут сохраняться до месяца летом и полугода зимой [8].

При оценке роли птиц в современной эпидемиологической и эпизоотической обстановке чаще всего рассматриваются такие инфекции, как лихорадка Западного Нила и различные варианты вирусов птичьего гриппа – A(H5N1), A(H7N9), A(H9N2), A(H7N7) и ряд других вирусов.

Основным источником и резервуаром лихорадки Западного Нила в природных биоценозах являются дикие птицы водного и околоводного комплексов, в антропогенных биоценозах – синантропные птицы. Инфицированность вирусом Западного Нила особенно часто выявляется у ворон и грачей, а также у галок, горлиц, дроздов, бакланов, крачек, лысух, куликов.

Инфицирование человека вирусами птичьего гриппа, как правило, происходит при прямом или косвенном

контакте с зараженной живой или мертвой домашней птицей или контаминированными вирусами объектами окружающей среды, часто на рынках живой птицы. К факторам риска относят забой, ощипывание и обработку тушек зараженной домашней птицы, а также приготовление домашней птицы к потреблению, особенно в домашних условиях. Фактические данные, которые позволяли бы предположить, что вирусы птичьего гриппа могут передаваться людям через надлежащим образом приготовленное мясо или яйца домашней птицы, отсутствуют. Небольшое количество случаев заболевания людей гриппом A(H5N1) увязывалось с потреблением блуд, изготовленных из сырой зараженной крови домашней птицы [14].

Отмечающаяся в настоящее время циркуляция некоторых подтипов вирусов птичьего гриппа у домашней птицы, безусловно, представляет угрозу для здоровья населения, так как эти вирусы обычно вызывают у людей тяжелую болезнь, а также потенциально способны к мутации, облегчающей их передачу от человека к человеку. На сегодняшний день имеются лишь единичные сообщения о случаях передачи этих вирусов от человека к человеку при очень тесном и продолжительном контакте между тяжело больным пациентом и людьми, осуществлявшими уход за ним. Убедительных данных об устойчивой передаче от человека к человеку не наблюдалось.

Неизвестно, приведут ли циркулирующие в настоящее время вирусы птичьего и другого зоонозного гриппа к серьезным эпидемиологическим осложнениям в будущем. Однако следует учитывать, что в условиях роста глобальной торговли и путешествий локализованные эпидемии могут быстро перейти в пандемию, оставляя мало времени на подготовку ответных мер в области общественного здравоохранения. В связи с этим необходимо осуществлять непрерывный эпидемиологический надзор за популяциями как животных, так и людей, тщательно расследовать каждый случай инфицирования людей и заранее планировать действия в условиях пандемии с учетом рисков [14].

Животное происхождение новых вирусов имеет вполне логическое обоснование. Дело в том, что сформировавшийся в процессе эволюции человеческий резервуар антропонозных возбудителей ограничен известными инфекционными заболеваниями и резервов для его расширения, очевидно, существует мало. Что же касается животного мира, то с учетом его видового разнообразия и еще большего разнообразия циркулирующих среди животных вирусов, именно из этого мира возможно выделение новых патогенов для поражения человека. Увеличению риска возникновения вспышек зоонозных заболеваний (в том числе и вызванных новыми возбудителями) в значительной мере способствуют вырубка лесов (обезлесение), изменение климата, миграции и развитие животноводства. Под влиянием этих и ряда других факторов происходит сужение естественных барьеров, разделяющих животный мир и человеческое общество.

По данным Jones K. E. et al., в мире ежегодно регистрируется до 2 млрд случаев зоонозов, из которых 2 млн заканчиваются летально [16]. Возникновение и нарастающая заболеваемость зоонозами, первоначально начинающаяся в развивающихся странах с последующим потенциалом глобального распространения, объясняется возрастающей плотностью населения, вынужденным размещением животных в жилых помещениях, кустарной обработкой животноводческой продукции, употреблением ее в пищу в сыром и недостаточно термически обработанном виде, приготовлением лекарств на основе продуктов животного происхождения [11]. Все эти обстоятельства, несомненно, способствуют возникновению «новых» зоонозов, наиболее часто регистрируемых в странах Юго-Восточной Азии и Африки.

В развитых странах зоонозы распространяются вследствие других причин. На фоне демографического кризиса, роста числа одиноких людей преимущественно пожилого возраста, дефицита человеческого общения оно все чаще подменяется заботой о приобретаемых домашних животных, нередко импортируемых из стран, неблагополучных по зоонозным инфекциям. По оценочным данным, только в США общее количество домашних животных составляет около 360 млн, а в Евросоюзе численность только кошек и собак превышает 127 млн. В последние годы отмечается рост числа людей, содержащих экзотических животных, которых, как правило, отлавливают в дикой природе, что несет в себе серьезные риски завоза из эндемичных регионов редких и опасных заболеваний. Рынок торговли домашними животными фактически никак не регулируется и не контролируется. По некоторым расчетам, в глобальном масштабе ежегодно продается около 40 тыс. приматов, 4 млн птиц, 640 тыс. рептилий и 350 млн тропических рыб. Годовой оборот рынка домашних животных только в США составляет около \$40,8 млрд [12].

Несмотря на то что содержание домашних животных, как правило, ассоциируется с положительным их влиянием на физическое и психологическое состояние человека, тем не менее сам факт содержания животных в жилых помещениях может таить в себе потенциальные риски, связанные с развитием у хозяев разнообразных зоонозных инфекций вирусной, бактериальной, протозойной, грибковой и паразитарной этиологии. Данная проблема пока не получила должного внимания со стороны санитарно-эпидемиологических и ветеринарных служб в плане разработки эффективных мер профилактики [10].

Исследования показывают, что в распространении вирусов основополагающее значение имеет видовое разнообразие животных. Чем больше существует видов одного животного, тем больше разных вирусов паразитирует у этих животных и, следовательно, тем больше вирусов передается от них людям. Высокая частота заражения людей вирусами животного происхождения создает реальную угрозу того, что какой-то из вирусов совершит «скачок», перекинется на людей, приобретет черты антропонозного возбудителя и вызовет эпидемию или пандемию.

Больше всего разнообразных видов среди грызунов (до 2000 видов), и они же – самые многочисленные источники вирусов для людей. Видов летучих мышей примерно в два раза меньше, поэтому и вирусов они переносят пропорционально меньше, и человеку от них передается меньше болезней.

Вместе с тем летучие мыши с физиологической и экологической точек зрения необыкновенно предрасположены к резервации вирусов. Эти животные обладают уникальной иммунной системой, генами врожденного (naïve), противовирусного и интерферонового иммунитета, распознают чужеродные микробные паттерны с участием Toll-like рецепторов. В результате иммунная система, не препятствуя проникновению в их организм вируса, предотвращает его репликацию. Таким образом, вирус не может вызвать заболевание у летучих мышей, но длительно сохраняется в их организме [18].

Кроме того, летучие мыши во время дневного сна находятся в пещерах, где иногда собираются тысячи особей разных видов, и если появляются особи, больные инфекционным заболеванием, то заразиться могут очень много мышей. Тем более, что в пещерах мыши живут очень плотно, нависая друг над другом и, соответственно, орошая друг друга контаминированными биологическими жидкостями. В такой опасной среде каждый отдельный контакт с вирусом редко приводит к заражению, однако, когда очень многие особи распространяют вирус, шанс заразиться возрастает многократно [19].

Летучие мыши играют особую роль в экологии зооантропонозных коронавирусов SARS-CoV, MERS-CoV, SARS-CoV-2, что подтверждается обнаружением множества филогенетически близких штаммов бетакоронавирусов в популяции рукокрылых. Несмотря на высокое подобие геномов SARS-подобных вирусов летучих мышей (75–95 %) с вирусами SARS-CoV, MERS-CoV, SARS-CoV-2, их рецептор-связывающий домен S-протеина в подавляющем большинстве случаев не способен связывать ангиотензинпревращающий фермент-2 клеток человека [6, 17]. Необходимо отметить, что S-белок имеет вариабельные участки, в которых регулярно происходят парные замены, инсерции, делеции. Предполагается, что изменение в ключевых рецепторных молекулах S-протеина могло произойти в организме промежуточного хозяина. Популяция промежуточных животных (верблюды, виверры, панголины), вероятно, являлась экологической нишей, в которой вирусы преодолели межвидовой барьер, за счет мутаций в рецептор-связывающем домене S-протеина [6, 7, 15]. Попадая в человеческую популяцию, рекомбинантные вирусы приобретают новые свойства пандемического штамма, позволяющие ему быстро распространяться и вовлекать в эпидемический процесс восприимчивое население.

Будущие пандемии

Какие пандемии возникнут в будущем? Когда это произойдет? Где начнется новая пандемия? С учетом современного уровня знаний сегодня более-менее определенно можно ответить лишь на третий вопрос.

Вероятность возникновения нового пандемического агента наиболее высока в регионах с высоким биоразнообразием и высокой плотностью населения. С этих позиций, очевидно, что новая пандемия может начаться в Юго-Восточной Азии. В этом регионе темпы вырубки лесов самые высокие в мире, а пригородные территории являются привлекательными для летучих мышей и грызунов. Здесь рождается больше всего людей, а санитарные условия остаются неудовлетворительными. Объемы туристической миграции очень велики, что может привести к быстрому распространению инфекционного агента по всему миру.

Другие исследователи говорят не только об Азии. Например, R. R. L. Simons et al. полагают, что Марбург-вирус может выйти за пределы Африки. Такие же выводы можно сделать и для известных вирусов Эбола в Африке и Хендра в Австралии [20].

Следует также подчеркнуть, что известные нам вирусы – не единственные потенциально опасные для человечества. По разным оценкам, насчитывается от 10 до 500 тысяч еще не изученных инфекций, которые распространяются среди млекопитающих в дикой природе и при определенных условиях могут перекинуться на людей.

Но даже если точное время и характер новой пандемии предсказать нельзя, следует оценивать ее возрастающую вероятность. В этой связи все больше публикаций призывают следить не за отдельным видом вирусов, летучих мышей или других животных, а за формированием таких условий, где в непосредственной близости к человеку оказываются разнообразные виды диких животных. И это не только рынок в Ухане и его аналоги в Азии и Африке, но и колоссальные территории вырубленных лесов, выкупленные корпорациями под плантации или отданные под городскую периферию со слабо развитой инфраструктурой.

Что можно противопоставить будущим пандемиям?

Профилактические мероприятия, направленные на предупреждение развития очередной пандемии, будут эффективными настолько, насколько они окажутся адекватными для нейтрализации причин и условий, обеспечивающих развитие пандемии.

По данным Plowright et al. [19], эпидемия (пандемия) возникает и развивается через последовательную смену цепи событий (в данной схеме каждый следующий этап чувствителен к «успеху» предыдущего):

1. Имеются потенциальные носители вируса (например, сами рукокрылые).
2. Потенциальные носители заражены.
3. Носители распространяют вирус.
4. Вирус выживает вне организма носителя.
5. Другие животные и люди сталкиваются с вирусом в достаточном количестве.
6. Другие животные и люди уязвимы к вирусу.

Из данной схемы следует несколько важнейших выводов: 1) все позиции, приведенные в схеме, нахо-

дятся за пределами сферы влияния систем здравоохранения и медицинских служб; 2) этапы 1–4 следует воспринимать как данность: в природе реально существует биологическая основа будущих пандемий (биоценозы, включающие носителей и вирусов); 3) профилактические меры, направленные на предупреждение возникновения пандемии, должны обеспечить сохранение природных биоценозов, ограничить внедрение в них человека и других животных и тем самым исключить встречу человека и других животных с природными носителями вирусов (пункт 5).

«Если для предотвращения новой пандемии мы готовы сделать всё, что в наших силах, то мы обязаны прекратить вырубать леса». Следует всеми доступными способами исключать контакт людей и скота с грызунами, летучими мышами и их биологическими жидкостями. В ряде случаев это предполагает инфраструктурные изменения на фермах, плантациях и пастбищах. Требуется работа с населением и обучение новым практикам гигиены, которые порой противоречат культурным традициям [4].

Каждый человек должен помнить, что глобализация социальных аспектов нашей жизни, повышение плотности населения и сети социальных контактов ведет к возрастанию потенциальной угрозы распространения пандемических инфекций, повышению вирулентности возбудителей болезней и, как закономерное эволюционное следствие, к успеху микроорганизмов в борьбе за существование [1].

Литература

1. Блохин, А. А. Новые и возвращающиеся трансграничные инфекции в жизни человека // Пути к миру и безопасности. – 2020. – № 2. – С. 9–26.
2. Вирусы. Простейшие существа и серьезные задачи для ученых [Электронный ресурс]. – 2021. – Режим доступа: <http://www.sf.kras.ru/2020/04/28/d0-92-d0-b8-d1-80-d1-83>. – Дата доступа: 12.04.2021.
3. Коронавирус Ближневосточного респираторного синдрома (БВРС-КоВ) [Электронный ресурс]. – 2021. – Режим доступа: [https://www.who.int/ru/news-room/fact-sheets/detail/middle-east-respiratory-syndrome-coronavirus-\(mers-cov\)](https://www.who.int/ru/news-room/fact-sheets/detail/middle-east-respiratory-syndrome-coronavirus-(mers-cov)). – Дата доступа: 30.04.2021.
4. Летучие мыши, вторжение в природу и новые пандемии. Часть 2 [Электронный ресурс]. – 2021. – Режим доступа: <https://polit.ru/article/2020/05/16/habitat2/>. – Дата доступа: 12.04.2021.
5. Лобзин, Ю. В. Проблема инфекции в медицине // Казанский медицинский журнал. – 2011. – № 5. – С. 707–717.
6. Львов, Д. К., Альховский С. В. Истоки пандемии COVID-19: экология и генетика коронавирусов (Betacoronavirus: Coronaviridae) SARS-CoV, SARS-CoV-2 (подрод Sarbecovirus), MERS-CoV (подрод Merbecovirus) // Вопросы вирусологии. – 2020. – № 65(2). – С. 62–70.
7. Львов, Д. К., Альховский С. В., Колобухина Л. В., Бурцева Е. И. Этиология эпидемической вспышки COVID-19 в г. Ухань (провинция Хубэй, Китайская Народная Республика), ассоциированной с вирусом 2019-nCoV (Nidovirales, Coronaviridae, Coronavirinae, Betacoronavirus, подрод Sarbecovirus): уроки эпидемии SARS-CoV // Вопросы вирусологии. – 2020. – № 65(1). – С. 6–16.
8. Львов, Д. К. Роль птиц в распространении вирусов по планете // Аграрная наука. – 2018. – № 7–8. – С. 35–36.

9. Макаров, В. В., Хромов А. В., Гушин В. А., Ткачук А. П. Возникновение новых инфекций в XXI веке и способы их идентификации с использованием высокопроизводительного секвенирования (NGS) // Вестник РГМУ. – 2017. – № 1. – С. 5–25.

10. Малеев, В. В. Некоторые аспекты эволюции инфекционной патологии на современном этапе // Кубанский научный медицинский вестник. – 2020. – № 4. – С. 18–26.

11. Малеев, В. В. Проблемы инфекционной патологии на современном этапе // Эпидемиология и инфекционные болезни. – 2006. – № 4. – С. 11–14.

12. Малов, В. А., Малеев В. В. Домашние животные в современном обществе: скрытые угрозы // Терапевтический архив. – 2018. – № 11. – С. 105–111.

13. Пиневиц, А. В., Сироткин А. К., Гаврилова О. В., Потехин А. А. Вирусология: учебник. – СПб.: Изд-во С.-Петерб. ун-та, 2012. – 432 с.

14. Птичий грипп и другие виды зоонозного гриппа [Электронный ресурс]. – 2021. – Режим доступа: [https://www.who.int/ru/news-room/fact-sheets/detail/influenza-\(avian-and-other-zoonotic\)](https://www.who.int/ru/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(avian-and-other-zoonotic)). – Дата доступа: 12.04.2021.

15. Groot, R. J., Baker S. C., Baric R. et al. Virus Taxonomy: Classification and Nomenclature of Viruses. Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses. – London: Elsevier, 2012. – P. 806–828.

16. Jones, K. E., Patel N. G, Levy M. A. et al. Global trends in emerging infectious diseases // Nature. – 2008. – Vol. 451. – P. 990–993.

17. Li, W., Moore M. J., Vaslieva N., Sui J. et al. Angiotensin-converting enzyme 2 is a functional receptor for the SARS coronavirus // Nature. – 2003. – P. 450–454.

18. O'Shea, T. J., Cryan P. M., Cunningham A. A. et al. Bat Flight and Zoonotic Viruses // Emerging Infectious Diseases. – 2014. – № 5. – P. 741–745.

19. Plowright, R. K., Eby P., Hudson P. J. et al. Ecological dynamics of emerging bat virus spillover // Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences. – 2015. – № 1. – P. 1–9.

20. Simons, R. R. L., Gale P., Horigan V. et al. Potential for Introduction of Bat-Borne Zoonotic Viruses into the EU: A Review [Электронный ресурс]. – 2021. – Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4036546/>. – Дата доступа – 12.04.2021.

21. Zumla, A. Middle East respiratory syndrome / A. Zumla, D. S. Hui, S. Perlman // The Lancet. – 2015. – № 13. – [cited 2018 April 15] Available from: [http://dx.doi.org/10.1016/S0140-6736\(15\)60454-8](http://dx.doi.org/10.1016/S0140-6736(15)60454-8).

References

1. Blohin, A. A. Novye i vozvrashchayushchiesya transgranichnye infekcii v zhizni cheloveka // Puti k miru i bezopasnosti. – 2020. – № 2. – С. 9–26.

2. Virusy. Prostejshie sushchestva i ser'eznye zadachi dlya uchenyh [Electronic resource]. – 2021. – Mode of access: <http://www.sf-kras.ru/2020/04/28/d0-92-d0-b8-d1-80-d1-83>. – Date of access: 12.04.2021.

3. Koronavirus Blizhnevostochnogo respiratornogo sindroma (BVRs-KoV) [Electronic resource]. – 2021. – Mode of access: [https://www.who.int/ru/news-room/fact-sheets/detail/middle-east-respiratory-syndrome-coronavirus-\(mers-cov\)](https://www.who.int/ru/news-room/fact-sheets/detail/middle-east-respiratory-syndrome-coronavirus-(mers-cov)). – Date of access: 30.04.2021.

4. Letuchie myshi, vtorzhenie v prirodu i novye pandemii. CHast' 2 [Electronic resource]. – 2021. – Mode of access: <https://polit.ru/article/2020/05/16/habitat2/>. – Date of access: 12.04.2021.

5. Lobzin, Yu. V. Problema infekcii v medicine // Kazanskiy medicinskiy zhurnal. – 2011. № 5. – С. 707–717.

6. L'vov, D. K., Al'hovskij S. V. Istoki pandemii COVID-19: ekologiya i genetika koronavirusov (Betacoronavirus: Coronaviridae) SARS-CoV, SARS-CoV-2 (podrod Sarbecovirus), MERS-CoV (podrod Merbecovirus) // Voprosy virusologii. – 2020. – Vol. 65(2). – С. 62–70.

7. L'vov, D. K., Al'hovskij S. V., Kolobuhina L. V., Burceva E. I. Etiologiya epidemicheskoy vspyshki COVID-19 v g. Uhan' (provinciya Hubej, Kitajskaya Narodnaya Respublika), associirovannoj s virusom 2019-nCoV (Nidovirales, Coronaviridae, Coronavirinae, Betacoronavirus, podrod Sarbecovirus): uroki epidemii SARS-CoV // Voprosy virusologii. – 2020. – Vol. 65(1). – С. 6–16.

8. L'vov, D. K. Rol' ptic v rasprostranении virusov po planete // Agrarnaya nauka. – 2018. – № 7–8. – С. 35–36.

9. Makarov, V. V., Hromov A. V., Gushchin V. A., Tkachuk A. P. Возникновение новых инфекций в XXI веке и способы их идентификации с использованием высокопроизводительного секвенирования (NGS) // Вестник РГМУ. – 2017. – № 1. – С. 5–25.

10. Малеев, В. В. Некоторые аспекты эволюции инфекционной патологии на современном этапе // Кубанский научный медицинский вестник. – 2020. – № 4. – С. 18–26.

11. Малеев, В. В. Проблемы инфекционной патологии на современном этапе // Эпидемиология и инфекционные болезни. – 2006. – № 4. – С. 11–14.

12. Малов, В. А., Малеев В. В. Домашние животные в современном обществе: скрытые угрозы // Терапевтический архив. – 2018. – № 11. – С. 105–111.

13. Пиневиц, А. В., Сироткин А. К., Гаврилова О. В., Потехин А. А. Вирусология: учебник. – СПб.: Изд-во С.-Петерб. ун-та, 2012. – 432 с.

14. Птичий грипп и другие виды зоонозного гриппа [Electronic resource]. – 2021. – Mode of access: [https://www.who.int/ru/news-room/fact-sheets/detail/influenza-\(avian-and-other-zoonotic\)](https://www.who.int/ru/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(avian-and-other-zoonotic)). – Date of access: 12.04.2021.

15. Groot, R. J., Baker S. C., Baric R. et al. Virus Taxonomy: Classification and Nomenclature of Viruses. Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses. – London: Elsevier, 2012. – P. 806–828.

16. Jones, K. E., Patel N. G, Levy M. A. et al. Global trends in emerging infectious diseases. Nature. – 2008. – Vol. 451. – P. 990–993.

17. Li, W., Moore M. J., Vaslieva N., Sui J. et al. Angiotensin-converting enzyme 2 is a functional receptor for the SARS coronavirus // Nature. – 2003. – P. 450–454.

18. O'Shea, T. J., Cryan P. M., Cunningham A. A., et al. Bat Flight and Zoonotic Viruses // Emerging Infectious Diseases. – 2014. – № 5. – P. 741–745.

19. Plowright, R. K., Eby P., Hudson P. J. et al. Ecological dynamics of emerging bat virus spillover // Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences. – 2015. – № 1. – P. 1–9.

20. Simons, R. R. L., Gale P., Horigan V. et al. Potential for Introduction of Bat-Borne Zoonotic Viruses into the EU: A Review [Electronic resource]. – 2021. – Mode of access: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4036546/>. – Date of access: 12.04.2021.

21. Zumla, A. Middle East respiratory syndrome / A. Zumla, D. S. Hui, S. Perlman // The Lancet. – 2015. – № 13. – [cited 2018 April 15] Available from: [http://dx.doi.org/10.1016/S0140-6736\(15\)60454-8](http://dx.doi.org/10.1016/S0140-6736(15)60454-8).

Поступила 07.05.2021 г.