

Андреева А.А., Кислюк Д.С.
ШТАММЫ НОВОЙ КОРОНАВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИИ SARS-COV-2
Научный руководитель: канд. биол. наук, доц. Усачева Л.Н.
Кафедра микробиологии, вирусологии, иммунологии
Белорусский государственный медицинский университет, г. Минск

Новый коронавирус SARS-CoV-2, обозначенный Всемирной организацией здравоохранения 11 февраля 2020 года как COVID-19, является одним из высокопатогенных коронавирусов, поражающих человека. Он стал причиной более 179 миллионов случаев заболевания и 3,8 миллиона смертей во всем мире.

COVID-19 принадлежит к роду Betacoronavirus. В настоящее время известно три беттакоронавируса, которые способны поражать человека: SARS-CoV-2, SARS-CoV и MERS-CoV. Беттакоронавирусы человека имеют много общего, но также имеют различия в геномной и фенотипической структуре. Также существуют различные варианты (штаммы) SARS-CoV-2: Альфа, Бета, Гамма, Дельта и Омикрон, Эта, Лямбда и Мю.

Известно, что сильно мутировавший вариант Омикрон, достаточно быстро распространился по всему миру, демонстрируя более высокую контагиозность и более высокий риск повторного заражения. Однако он реже вызывает тяжелые случаи заболевания и летальный исход. В настоящий момент активно изучается геномика и контагиозность различных вариантов SARS-CoV-2, а также эффективность против них имеющихся вакцин и подходов к лечению.

С момента начала пандемии были разработаны и использованы различные виды вакцин. Однако, появление новых мутантных штаммов SARS-CoV-2, демонстрирующих уклонение от иммунного ответа, приводит к потенциальной неэффективности вакцин против этих вариантов.

Решающее значение для понимания адаптации SARS-CoV-2 имеют наблюдение и мониторинг новых мутаций в геноме вируса. Более того, в настоящий момент недостаточно изучено, как на динамику этих мутаций влияют противоэпидемические мероприятия и иммунопрофилактика.

Понимание генетической и фенотипической структуры SARS-CoV-2 важно для производства вакцин, а также обоснования их эффективности.