

у 37 детей (7,8%). Из них с 1 до 2-х лет – 20; с 2-х до 3 лет – 10 и с 3-х до 5 лет – 7 (54, 27 и 19% соответственно). Выявлены значительные отличия между общим количеством выполненных прививок и своевременным охватом вакцинацией против: первая прививка (V1) выполнена до возраста 6 месяцев в 76,1%; завершён вакцинальный комплекс (V3) до 12 месяцев в 67,4%; вакцинированы трехкратно в возрасте с 1 до 2-х лет 86 детей (19,5%), после 2-х лет 58 человек (13,1%) и при этом 4 человека после 5 лет; первую ревакцинацию (R1) дети получили до 2-х летнего возраста только в 43,7%. У остальных 205 детей показатели распределились следующим образом: к 3 годам 133 человека (36,5%), после 3 лет – 42 ребенка (11,5%), 22 детям ревакцинация выполнена после 4-х (6%) и 6-ти только после 5-ти летнего возраста (1,6%). В возрастной структуре заболеваемости в 2024 году, как и в 2023 году, доминируют дети 7-14 лет. В структуре заболевших в эти два года дети до 1 года составляли – 4,2%, дети 1-2 лет – 4,5%, дети 3-6 лет – 13,9%, 7-14 лет – 66,8%, подростки – 10,97%. Непривитых в структуре заболевших коклюшной инфекцией: в 2023 году 63 человека (26,35%), из них не были привиты по возрасту 5 детей (7,9%); в 2024 году 23 человека (32,9%), из них не были привиты по возрасту 2 ребенка (8,7%). Регистрировались случаи заболевания коклюшной инфекцией в основном в образовательных организациях среди детей 7-17 лет (школьники – 75,5%). Заболевание чаще других возникало в сроки 5-8 лет от первой ревакцинации против коклюша. Стационарное лечение потребовалось 10-ти детям, при этом восемь детей не были привиты от коклюша. Из них: 5 детей не были привиты по возрасту (2-3мес.); один ребенок (11-ти месяцев) из семейного очага был привит своевременно 3-кратно; двое детей 16-ти (привит в раннем возрасте) и 10-ти лет (без прививок) имели хронические заболевания. Обратились в первые сутки от начала заболевания 99 детей (31,9% от заболевших), позже 10-го дня – 84 ребенка (27,1%). Обращение позже 30 дня зарегистрировано в 2-х случаях (на 39 и 43 дни: подростки 13-ти и 15-ти лет соответственно).

Выводы. На протяжении двух лет в возрастной структуре заболеваемости доминируют дети 7-14 лет, несмотря на то что большая часть из них была привита в полном объеме в декретированные сроки. Регистрируются очаги коклюшной инфекции в основном в образовательных организациях среди детей и подростков 7-17 лет. Нарушение графика вакцинации и отсутствие прививок остается проблемой иммунизации. Необходимо внедрение догоняющей иммунизации и возрастных ревакцинаций против коклюша детей и подростков. Имеет место и низкая настороженность врачей и родителей в отношении коклюша у привитых детей, в связи с этим обращаемость в первые сутки составляет немногим более 32%, а диагностика проводится достаточно поздно. Исключения составляют контактные лица из очагов.

Давыдов В.В., Жаворонок С.В.

ПРЕДВЗЯТОСТЬ В ИСПОЛЬЗОВАНИИ ПАР КОДОНОВ В ГЕНОМЕ ВИРУСА ГЕПАТИТА E

*Учреждение образования «Белорусский государственный медицинский университет»
г. Минск, Республика Беларусь*

Контекст пар кодонов – это предпочтение двух следующих друг за другом кодонов в кодирующей последовательности. Для определения смещения пар кодонов в коди-

рующих последовательностях были рассчитаны показатели CPS (от англ. «Codon Pair Score») и CPB (от англ. «Codon Pair Bias») для всех открытых рамок считывания (ОРС 1, ОРС 2 и ОРС 3) ВГЕ 1-го генотипа (ВГЕ-1) и ВГЕ 3-го генотипа (ВГЕ-3). CPS определяется как натуральный логарифм отношения, наблюдаемого к ожидаемому количеству конкретной пары кодонов. Анализ относительного содержания пар кодонов выполняли при помощи специализированного on-line сервиса «EMBOSS Explorer» доступного в сети Интернет. Значения CPS были рассчитаны для каждой из 4096 возможных комбинаций пар кодонов (64 × 64 кодон). CPB представляет собой среднее арифметическое CPS всех пар, составляющих ОРС.

Разные ОРС ВГЕ существенно отличаются по своему размеру, поэтому это неизбежно влияет на количество используемых пар кодонов в них. Количество используемых пар пропорционально уменьшается в ряду ОРС1→ОРС2→ОРС3. Рекордно низкое количество используемых пар кодонов характерно для ОРС3 ВГЕ-1, составляющее 0,5% (112/4096). Значения CPS для этих последовательностей имели слабую положительную корреляцию со всеми изученными последовательностями, за исключением ОРС2 ВГЕ-1 и ОРС3 ВГЕ-3. Значения CPS последовательностей ОРС1 ВГЕ-3, выделенных из организма человека, характеризовались очень сильной корреляцией ($r=0,86$; $p<0,0001$) с показателями аналогичных последовательностей, выделенных из организма животных. Показатель смещения использования пар кодонов в последовательностях, кодирующих капсид вируса (ОРС2 ВГЕ-1) не имел сходной картины ни с одной из изученных последовательностей. Более того, слабая достоверная отрицательная корреляционная связь установлена между CPS пар кодонов этой последовательности и показателем смещения в ОРС2 ВГЕ-1, выделенных из организма человека ($r=-0,37$; $p=0,016$). Также, как и в случае анализа ОРС1, между CPS последовательностей ОРС2 ВГЕ-3, имеющих разное происхождение установлена сильная корреляция ($r=0,86$; $p<0,0001$). Паттерн соответствия показателя смещения в последовательностях ОРС2 в целом соответствует картине, характерной для ОРС1. Анализ смещения использования пар кодонов в последовательностях ОРС3 ВГЕ выявил две особенности. Во-первых, значения CPS, характерные для пар кодонов этих последовательностей не коррелируют с показателями ОРС1 и ОРС2. Вторая особенность заключается в том, что в этих последовательностях существенно больше перепредставленных пар кодонов, чем недопредставленных. Количество пар кодонов, имеющих положительное значение CPS в ОРС3 более 60%.

Значение CPB в ОРС3 разных генотипов (хозяев) составляло для ВГЕ-1 – 3,03; ВГЕ-3_HS – 1,50; ВГЕ-3_Zoo – 1,94, что значительно выше показателя в других ОРС. В ОРС1 значения CPB имели отрицательные значения, что свидетельствует о преобладании недопредставленных пар кодонов, и составляло соответственно -0,22; -0,54; -0,41, а в ОРС2 – 0,00; 0,05; 0,27. Значения CPS ряда перепредставленных пар достигло рекордных значений 4-6 баллов, что свидетельствует об очень значительном смещении контекста пар кодонов в этой ОРС. Обнаруженные перепредставленные и недопредставленные пары кодонов в геноме ВГЕ могут обеспечивать тонкую настройку элонгации трансляции, однако это предстоит установить в будущих исследованиях.

МИНИСТЕРСТВО ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
УЧРЕЖДЕНИЕ ОБРАЗОВАНИЯ «ГОМЕЛЬСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ МЕДИЦИНСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ»
НАУЧНОЕ ОБЩЕСТВО ИНФЕКЦИОНИСТОВ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
МЕЖДУНАРОДНАЯ ОБЩЕСТВЕННАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ «ЕВРО-АЗИАТСКОЕ ОБЩЕСТВО
ПО ИНФЕКЦИОННЫМ БОЛЕЗНЯМ»
ООО «МАЙМЕДИАМЕД»
ООО «МАЙС ПАРТНЕР»

**ТРЕТИЙ ГОМЕЛЬСКИЙ
МЕЖДУНАРОДНЫЙ
КОНГРЕСС
ИНФЕКЦИОННЫЕ БОЛЕЗНИ,
МИКРОБИОЛОГИЯ
И ИММУНОЛОГИЯ**

11–12 сентября 2025 года

**Гомель
Беларусь**