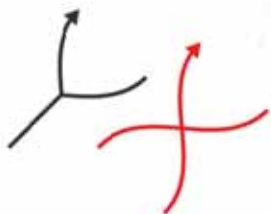
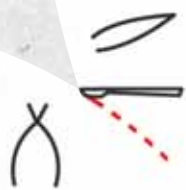


ИННОВАЦИИ И ТЕХНОЛОГИИ В **БИОМЕДИЦИНЕ**

Научно-практическая
конференция



СБОРНИК
МАТЕРИАЛОВ



Дальневосточный федеральный университет

ИННОВАЦИИ И ТЕХНОЛОГИИ В БИОМЕДИЦИНЕ

Научно-практическая конференция

*Владивосток
19–20 мая 2021 г.*

Сборник материалов

Научное электронное издание



© ФГАОУ ВО ДВФУ, 2021
ISBN 978-5-7444-5047-2

М.Н. Дунаева

Научный руководитель: заведующий лабораторией
экологии микроорганизмов с Международным
научно-образовательным Центром биологической безопасности
Школы биомедицины Дальневосточного
федерального университета, д.б.н. Щелканов М.Ю.

Разработка методологии комплексного мониторинга патогенных микроорганизмов, связанных с мигрирующими птицами

Значение эколого-вирусологического мониторинга природно-очаговых заболеваний [1, 2], было отчётливо продемонстрировано в 2020 г., когда мир охватила пандемия COVID-19 [3-5], этиологически связанного с SARS-CoV-2 (Nidovirales: Coronaviridae, *Betacoronavirus*, подрод *Sarbecovirus*), природным резервуаром которого являются летучие мыши (Chiroptera, Microchiroptera) [6, 7]. Таким образом, сбылись неблагоприятные прогнозы отечественных экспертов о возрастающем уровне эпидемической опасности со стороны коронавирусов [8-10]. Однако и другие природно-очаговые инфекции представляют серьёзную опасность для санитарно-эпидемиологического благополучия как отдельных регионов Российской Федерации, так и всей страны [11]. Особое внимание специалистов привлекает грипп А птиц (Articulavirales: Orthomyxoviridae, *Influenzavirus A*) – особенно его высоковирулентные варианты (HPAI – highly pathogenic avian influenza) – который способен преодолевать межвидовой барьер и вызвать заболевания человека [12, 13].

Современные технологии, включая молекулярно-генетические, био- и геоинформационные, позволяют существенно интенсифицировать и масштабировать мониторинговые исследования мигрирующих диких птиц, включая совмещение эколого-вирусологических и паразитологических исследований. Птицы водно-околоводного экологического комплекса обитания являются активными распространителями возбудителей вирусных и бактериальных инфекций и паразитов [14, 15]. Поэтому регулярная изоляция и идентификация патогенов, связанных с птицами, позволяет своевременно делать научно-обоснованные прогнозы возникновения новых эпизоотических и эпидемических угроз. Секвенирование генома и последующий молекулярно-генетический анализ даёт возможность определить эффективность существующих диагностических тест-систем, химиопрепаратов и необходимость разработки новых подходов к выявлению, лечению и профилактике соответствующих заболеваний. Депонирование штаммов в коллекции патогенных микроорганизмов имеет целью воссоздавать историческую динамику их циркуляции на определённой территории, что рассматривается как одно из ключевых мероприятий по профилактике возможных актов биотерроризма [16].

Список литературы:

- 1) Львов Д.К., Дерябин П.Г., Аристова В.А. и др. Атлас распространения возбудителей природноочаговых вирусных инфекций на территории Российской Федерации. – М.: Изд-во НППЦ МЗ РФ, 2001. – 192 с.
- 2) Щелканов М.Ю., Громашевский В.Л., Львов Д.К. Роль эколого-вирусологического районирования в прогнозировании влияния климатических изменений на ареалы арбовирусов // Вестник РАМН. – 2006. – № 2. – С. 22–25.
- 3) Щелканов М.Ю., Попова А.Ю., Дедков В.Г. и др. История изучения и современная классификация коронавирусов (Nidovirales: Coronaviridae) // Инфекция и иммунитет. – 2020. – Т. 10. – № 2. – С. 221–246.
- 4) Никифоров В.В., Колобухина Л.В., Сметанина С.В. и др. Новая коронавирусная инфекция (COVID-19): этиология, эпидемиология, клиника, диагностика, лечение и профилактика. Учебно-методическое пособие. – М.: Департамент здравоохранения города Москвы, 2020. – 71 с.
- 5) Щелканов М.Ю., Колобухина Л.В., Бургасова О.А. и др. COVID-19: этиология, клиника, лечение // Инфекция и иммунитет. – 2020. – Т. 10. – № 3. – С. 421–445.
- 6) Шестопалов А.М., Кононова Ю.В., Гаджиев А.А. и др. Биоразнообразие и эпидемический потенциал коронавирусов (Nidovirales: Coronaviridae) рукокрылых // Юг России: экология, развитие. – 2020. – Т. 15. – № 2. – С. 17–34.
- 7) Щелканов М.Ю., Дунаева М.Н., Москвина Т.В. и др. Каталог вирусов рукокрылых (2020) // Юг России: экология, развитие. – 2020. – Т. 15. – № 3. – С. 6–30.
- 8) Щелканов М.Ю., Колобухина Л.В., Львов Д.К. Коронавирусы человека (Nidovirales, Coronaviridae): возросший уровень эпидемической опасности // Лечащий врач. – 2013. – № 10. – С. 49–54.
- 9) Щелканов М.Ю., Ананьев В.Ю., Кузнецов В.В., Шуматов В.Б. Ближневосточный респираторный синдром: когда вспыхнет тлеющий очаг? // Тихоокеанский медицинский журнал. – 2015. – № 2. – С. 94–98.
- 10) Щелканов М.Ю., Ананьев В.Ю., Кузнецов В.В., Шуматов В.Б. Эпидемическая вспышка Ближневосточного респираторного синдрома в Республике Корея (май-июль 2015 г.): причины, динамика, выводы // Тихоокеанский медицинский журнал. – 2015. – № 3. – С. 25–29.
- 11) Львов Д.К., Альховский С.В., Щелканов М.Ю. и др. Применение современных молекулярно-генетических технологий для обеспечения биологической безопасности // Вестник Российской военно-медицинской академии. – 2014. – № 3. – С. 115–127.
- 12) Щелканов М.Ю., Прилипов А.Г., Львов Д.К. и др. Динамика вирулентности штаммов высоковирулентного вируса гриппа А / H5N1 генотипа 2.2, изолированных на территории России в 2005–2007 гг. // Вопросы вирусологии. – 2009. – Т. 54. – № 2. – С. 8–17.
- 13) Щелканов М.Ю. Эволюция высоковирулентного вируса гриппа А (H5N1) в экосистемах Северной Евразии (2005–2009 гг.). – Дис. ... д.б.н. (03.02.02 – Вирусология). – М.: НИИ вирусологии им. Д.И. Ивановского РАМН, 2010. – 488 с.

- 14) Щелканов М.Ю., Ананьев В.Ю., Львов Д.Н. и др. Комплексный эколого-вирусологический мониторинг на территории Приморского края (2003-2006) // Вопросы вирусологии. – 2007. – Т. 52. – № 5. – С. 37–48.
- 15) Мандро Н.М., Землянская Н.И. Экология видового состава бактерий, изолированных от диких млекопитающих и птиц // Вестник КрасГАУ. – 2013. – № 1. – С. 91-94.
- 16) Dunaeva M.N., Sharshov K.A., Sobolev I.A., Ledneva V.A., Pankratov D.V., Suroviy A.L., Irina V. Galkina I.V., Fomenko P.V., Zhuravlev Y.N., Shestopalov A.M., Shchelkanov M.Yu. North-Eastern Asia as a modern genetic subgroup generation center for highly pathogenic Avian Influenza A/H5 viruses (Orthomyxoviridae, Influenza virus A) The 1st International Conference on t International Conference on North East Asia Biodiversity, September 17–21, 2018, Vladivostok, Russia