

У 2025 році ДУ «Київський міський центр контролю та профілактики хвороб Міністерства охорони здоров'я України» був залучений як партнер до виконання наукового проєкту за рахунок грантової підтримки Національного фонду досліджень України 2021.01/0006 «Вивчення циркуляції зоонотичних вірусів грипу А в природному резервуарі, оцінка їх епідемічних ризиків та небезпеки для здоров'я людини в Україні» (конкурс «Наука для безпеки і сталого розвитку України»). Головний виконавець проєкту - Національний науковий центр «Інститут експериментальної і клінічної ветеринарної медицини» (ННЦ «ІЕКВМ»), робота реалізується протягом 2023-2025 рр. Дослідження за темою «Аналіз нуклеотидних послідовностей генів зоонотичних вірусів грипу, 3D моделювання та оцінка епідеміологічного ризику» було виконано ДУ «Київський міський центр контролю та профілактики хвороб Міністерства охорони здоров'я України» у поточному році, у робота присвячена біоінформатичній обробці даних секвенування геномів вірусів грипу тваринного походження, які були виділені співробітниками ННЦ «ІЕКВМ».

Мета роботи - провести генетичний аналіз нуклеотидних послідовностей генів зоонотичних вірусів грипу, проаналізувати структуру рецепторних сайтів з мутаціями та провести філогенетичний аналіз вірусів грипу, що циркулюють в Україні.

Філогенетичний аналіз показав, що український вірус А(Н1N1) (A/Fieldfare/Bogatyr-Ukraine/M218914/86-90/24-02/2021), виділений від нетипового хазяїна – чикотня (птаха ряду Горобцеподібні), генетично пов'язаний з низькопатогенними євразійськими вірусами грипу А різних підтипів. Єдиним винятком був ген полімеразного комплексу вірусу (РА), який демонстрував близьку схожість з високопатогенними вірусами А(Н5N1), що циркулюють у Західному Сибіру та Китаї. Аналіз мутацій у всіх геномних сегментах пташиного вірусу показав, що найбільша кількість мутацій відбулася в поверхневих глікопротеїнах — 37 у гемаглютиніні та 6 - у нейрамінідазі.

Обидва виділені від свиней віруси грипу A/Swine/Ukraine/M2316862-3/2023 A(Н1N1) та A/swine/Ukraine/M2316863-3/2023 A(Н1N2) показали високу генетичну близькість за всіма генами до вірусів грипу людини відповідних субтипів.

Отже, потрібні постійні спостереження за цими вірусами, їх генетичною мінливістю. Основною метою цих спостережень є підвищення готовності спеціалістів як гуманної, так і ветеринарної медицини до швидкого реагування у разі виникнення загрози пандемії.