

DOI: 10.25205/978-5-4437-1843-9-202

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ВИРУСОВ ГРИППА В ВИКТОРИАНСКОЙ ЛИНИИ, ЦИРКУЛИРОВАВШИХ В РОССИИ В ЭПИДЕМИЧЕСКИЙ СЕЗОН 2024–2025 ГОДОВ

GENETIC ANALYSIS OF INFLUENZA B VIRUSES VICTORIA LINEAGE CIRCULATED IN RUSSIA IN 2024–2025 EPIDEMIC SEASON

А. И. Желтухина, А. В. Фадеев, М. М. Писарева, В. А. Едер,
М. Коржанова, А. Б. Комиссаров, Д. М. Даниленко

НИИ гриппа им. А. А. Смородинцева Минздрава России, Санкт-Петербург

А. I. Zheltukhina, A. V. Fadeev, M. M. Pisareva, V.A. Eder,
M. Korzhanova, A. B. Komissarov, D. M. Danilenko

Smorodintsev Research Institute of Influenza, Saint Petersburg

✉ alena.zheltuhina@influenza.spb.ru

Аннотация

Все вирусы гриппа В, циркулировавшие в России в эпидемический сезон 2024–2025 гг., относились к Викторианской линии и принадлежали к генетическому клайду V1A.3a.2, к которой относится и вирус В/Австрия/1359417/2021, рекомендованный ВОЗ для включения в состав трехвалентных и четырехвалентных гриппозных вакцин на сезоны 2024–2025 и 2025–2026 гг. для Северного полушария. В России наблюдалась коциркуляция вирусов гриппа В подклайдов C.5.1, C.5.6, C.5.7, входящих в состав клайда V1A.3a.2 (C.5) и несущих характерную для этой группы замену в молекуле гемагглютинина D197E.

Abstract

All influenza B viruses from Russia circulated during the 2024–2025 epidemic season belonged to the V1A.3a.2 genetic clade (Victoria lineage), which includes the B/Austria/1359417/2021 virus recommended by WHO for trivalent and quadrivalent influenza vaccines for the 2024–2025 and 2025–2026 seasons in Northern Hemisphere. In Russia, co-circulation of influenza viruses of subclades C.5.1, C.5.6, C.5.7 was observed as part of clade V1A.3a.2 (C.5) and carrying D197E substitution in the hemagglutinin molecule characteristic of this group.

Последние 5 лет для всех циркулирующих вирусов гриппа В Викторианской линии наблюдается высокое генетическое разнообразие внутри клайда V1A.3a.2 — ежегодно выявляются новые генетические группы с различными наборами аминокислотных замен, часть из которых располагается в антигенных сайтах и приводит к утрате или возникновению потенциальных сайтов гликозилирования. Своевременное выявление новых аминокислотных замен необходимо для понимания эволюции вирусов гриппа В, что, свою очередь играет ключевую роль в выборе штаммов-кандидатов в состав противогриппозных вакцин [1].

Для исследования всего было генетически охарактеризовано 578 вирусов гриппа В, включая как изоляты, так и ПЦР-положительные на грипп В назофарингеальные мазки. NGS- секвенирование исследованных вирусов проводилось с использованием платформ MGI и Illumina.

Все вирусы гриппа В, циркулировавшие в России в эпидемический сезон 2024–2025 гг., относились к Викторианской линии и принадлежали к генетическому клайду V1A.3a.2, к которой относится и вирус В/Австрия/1359417/2021, рекомендованный ВОЗ для включения в состав трехвалентных и четырехвалентных гриппозных вакцин на сезоны 2024–2025 и 2025–2026 гг. для Северного полушария, и несли характерные для этой группы замены в молекуле гемагглютинина — A127T, P144L и K203R (см. рисунок).

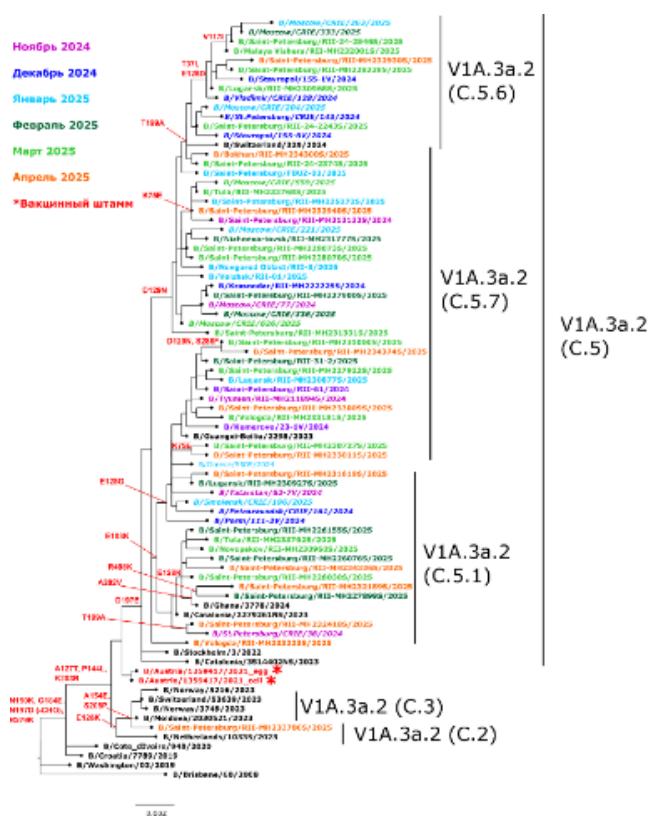
Большинство исследованных вирусов гриппа В принадлежали к генетической группе C.5 с характерной заменой D197E (антигенный сайт спираль-190) — в настоящее время представители этой группы доминируют в популяции вирусов гриппа В Викторианской линии. Исключение составил вирус В/Санкт-Петербург/MH233786S/2025, который принадлежал к генетической группе C.3 (референс-вирус В/Молдова/2030521/2023), с заменами E128K, A154E, S208P. Стоит отметить, что две замены этой группы относятся к антигенным сайтам — петля-120 (E128K) и петля-150 (A154E), однако при этом данная группа оказалась минорной в вирусной популяции, в отличие от группы C.5, несущей одну замену в антигенном сайте спираль-190. Преобладание вирусов, относящихся к группе C.5, может свидетельствовать о том, что замены в данном эпитопе являются более значимыми для успешного уклонения вируса от иммунитета хозяина (даже если замены не приводят к потере потенциального сайта гликозилирования, располагающегося в данном антигенном сайте). Внутри группы C.5

вирусы, циркулировавшие в указанный период, формировали несколько подгрупп: подгруппа с заменой E180K; подгруппа с заменой E128G; подгруппа с заменой D129N (субклайд C.5.6). Для подгруппы C.5.1, В/Каталония/2279261NS/2023-подобной, были характерны аминокислотные замены в молекуле гемагглютинина E183K, E128K, A202V, R498K и E128G; для подгруппы C.5.7, В/Гуанси-Бэйлю/2298/2023-подобной, — замены D129N, K75E, S286F и для подгруппы C.5.6, подобной референс-штамму В/Швейцария/329/2024, — замены T199A, T37I, E128D, V117I. На рисунке представлено филогенетическое дерево, где отмечены вышеперечисленные замены в молекуле гемагглютинина.

Большинство выявленных замен располагалось в антигенном сайте петли-120 — это замены K75E, V117I, A127T, E128D, E128G, E128K и D129N. Часть замен была выявлена в антигенном сайте спираль-190 — к ним относились замены D197E, T199A, A202V и K203R. Также выявлены замены в антигенном сайте петля-150 — P144L, A154E и A154T. Хотя петля-120 подвержена сильной позитивной селекции и несинонимичные замены происходят в ней чаще, чем в остальных антигенных сайтах [2], тот факт, что наибольшее распространение получила группа C.5, отличающаяся наличием замены в спирали-190, которая тоже подвержена позитивной селекции [3], может свидетельствовать о том, что замены в данном эпипотопе являются более значимыми для успешного уклонения от иммунного ответа. Так же внутри группы C.5 сформировалось несколько подгрупп, несущих новые замены в спирали-190, в связи с чем можно предположить, что данные группы могут получить более широкое распространение в следующих эпидемических сезонах.

Литература

1. Influenza Virus Genome Sequencing and Genetic Characterization. URL: <https://www.cdc.gov/flu/php/viruses/genetic-characterization.html> (accessed: 04.08.2025).
2. Suptawiwat O., Ninpan K., Boonarkart C. et al. Evolutionary dynamic of antigenic residues on influenza B hemagglutinin // Virology. 2017. Vol. 502. P. 84–96.
3. Shen J., Kirk B. D., Ma J., Wang Q. Diversifying selective pressure on influenza B virus hemagglutinin // J. Med. Virol. 2009. Vol. 81 (1). P. 114–124.



Филогенетическое сравнение генов НА гриппа В Викторианской линии (метод ML, GTR + GAMMA, создано с помощью RaxML)