

Н.А. Соболев <sup>1</sup>, О.Г. Курская <sup>1</sup>, Е.В. Иванова <sup>2</sup>, А.Г. Дурыманов <sup>1</sup>, Т.Н. Ильичева <sup>1</sup>,  
В.Н. Михеев <sup>1</sup>, А.М. Шестопапов <sup>1</sup>

## ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКАЯ СИТУАЦИЯ ПО ГРИППУ НА ЮГЕ ЗАПАДНОЙ СИБИРИ В 2011–2012 гг.

<sup>1</sup> Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» (Кольцово, Новосибирская область)

<sup>2</sup> Центр гигиены и эпидемиологии в Новосибирской области (Новосибирск)

В ходе мониторинга гриппа на территории Новосибирской области в течение сезона 2011–2012 гг. на культуре клеток МДСК было выделено 85 штаммов вируса гриппа: 79 штаммов А (H3N2) и 6 штаммов вируса гриппа В (5 штаммов относились к линии Ямагата и 1 штамм принадлежал линии Виктория). За весь эпидемический сезон 2011–2012 гг. на территории Новосибирской области не было выделено ни одного штамма вируса гриппа А (H1N1) pdm09. Для молекулярно-генетического анализа были выбраны 3 штамма вируса гриппа А (H3N2). Была определена полная нуклеотидная последовательность генов NA и HA, кодирующих соответствующие поверхностные гликопротеины вируса гриппа, а также проведен сравнительный анализ аминокислотных последовательностей этих белков для исследованных штаммов вируса гриппа А (H3N2), вакцинного штамма А/Victoria/361/2011 и штаммов более ранних сезонов, к которым были получены диагностические сыворотки.

**Ключевые слова:** вирус гриппа, гемагглютинин, нейраминидаза, молекулярно-генетический анализ

## INFLUENZA VIRUS EPIDEMIOLOGICAL SITUATION IN THE SOUTH OF WESTERN SIBERIA IN 2011–2012

I.A. Sobolev <sup>1</sup>, O.G. Kurskaya <sup>1</sup>, E.V. Ivanova <sup>2</sup>, A.G. Durymanov <sup>1</sup>, T.N. Ilyicheva <sup>1</sup>,  
V.N. Mickheyev <sup>1</sup>, A.M. Shestopalov <sup>1</sup>

<sup>1</sup> State Research Center of Virology and Biotechnology “Vector”, Koltzovo, Novosibirsk region

<sup>2</sup> Federal Center of Hygiene and Epidemiology in Novosibirsk region, Novosibirsk

In the result of the monitoring for influenza in the Novosibirsk region during the season 2011–2012 85 strains of influenza virus on the culture of MDCCK cells were isolated: 79 strains A (H3N2) and 6 strains of influenza virus B (five strains belonged to the Yamagata line and 1 strain belonged to the Victoria line). During the entire epidemic season 2011–2012 on the territory of the Novosibirsk region no strains of influenza A (H1N1) pdm09 were allocated. For molecular genetic analysis 3 strains of influenza A (H3N2) were selected. We determined full nucleotide sequence of NA and HA genes encoding respective surface glycoproteins of influenza virus, as well as the comparative analysis of amino acid sequences of these proteins to the strains of influenza A (H3N2), vaccine strain and the strain A/Victoria/361/2011 earlier seasons, for which diagnostic serum were obtained.

**Key words:** influenza virus, hemagglutinin, neuraminidase, molecular genetic analysis

### ВВЕДЕНИЕ

Грипп – это острое инфекционное заболевание дыхательных путей из группы острых респираторных вирусных инфекций (ОРВИ) с высоким уровнем заболеваемости и значительным числом осложнений и летальных исходов среди лиц из «группы риска». Ежегодно в мире гриппом болеют от 3 до 5 млн. человек, нанося большой ущерб здоровью населения и приводя к огромным финансовым затратам на лечение и реабилитацию больных [1]. Грипп вызывает ежегодные подъемы заболеваемости, частые эпидемии и периодические пандемии. Основная причина этого связана со способностью вируса гриппа преодолевать иммунитет, вызванный предшествующей гриппозной инфекцией или вакцинацией, благодаря высокой антигенной изменчивости поверхностных гликопротеинов вируса гриппа. Постоянный антигенный дрейф нейраминидазы и гемагглютинина является причиной частой замены штаммов, используемых для производства вакцины [2]. Пандемические вирусы обычно возникают из рекомбинации между человеческими

штаммами и вирусами животных, в результате которой появляются штаммы с поверхностными белками животного происхождения и внутренними, в основном или полностью, от человеческих штаммов. По мнению экспертов ВОЗ до апреля 2009 г., наиболее выраженным пандемическим потенциалом обладал вирус гриппа птиц А (H5N1). Несмотря на активную подготовку к пандемии, ни один из экспертов не предсказывал появление вируса А (H1N1) pdm09 как возбудителя первой пандемии гриппа двадцать первого столетия [3]. Таким образом, постоянный надзор за гриппом является обязательным мероприятием, необходимым как для расшифровки причин текущих и прогнозирования грядущих эпидемий, так и для проведения профилактических и противоэпидемических мероприятий, в том числе для обоснованных рекомендаций по ежегодному обновлению состава гриппозных вакцин и при разработке диагностических препаратов.

Целью данной работы явился анализ эпидемиологической ситуации по гриппу в Новосибирской области в 2011 – 2012 гг.

**МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ**

Работа была выполнена в ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» и в ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Новосибирской области».

*Мазки из носа и зева.* Клинический материал (мазки из носа и зева) от пациентов с диагнозом «острая респираторная вирусная инфекция» получены из лечебно-профилактических учреждений г. Новосибирска, Новосибирской районной больницы № 1 (р.п. Кольцово) и центральной районной больницы Доволенского района Новосибирской области. Образцы поступали в пробирках с транспортной средой, помещенные в термоконтейнер с хладоэлементами или в сосуд Дьюара с жидким азотом.

*Выделение вируса гриппа.* Выделение изолятов производили в культуре клеток MDCK линии Лондон путем заражения монослоя клеток. Для этого пробирку с транспортной средой, содержащей образец, центрифугировали при 5000 об/мин в течение 5 мин, после чего 200 мкл образца вносили во флакон с суточным монослоем клеток MDCK. Инфицированные культуры инкубировали при температуре 37 °С. Репродукцию вируса контролировали визуально по цитопатическому действию и в реакции гемагглютинации (РГА) с эритроцитами петуха, гуся, морской свинки и человека группы 0(I)Rh.

*Типирование/субтипирование выделенных штаммов и изучение антигенных свойств.* Типирование/субтипирование выделенных изолятов вируса гриппа и изучение их антигенных свойств проводили в реакции торможения гемагглютинации (РТГА) по рекомендованной ВОЗ методике [4], используя постинфекционные хорьковые референс-сыворотки, любезно предоставленные Сотрудничающим Центром ВОЗ по гриппу (Атланта, США), а также сыворотку, полученную в результате иммунизации кролика штаммом вируса гриппа А(Н3N2), выделенным на территории Новосибирской области во время эпидемического сезона 2010 – 2011 гг. Данные РТГА подтверждали методом ПЦР с детекцией результатов в режиме реального времени. Для этого использовали набор реагентов для выявления РНК вирусов гриппа А (InfluenzavirusA) и вируса гриппа В (InfluenzavirusB) в клиническом материале методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с гибридационно-флуоресцентной детекцией «АмплиСенInfluenzavirusA/B-FL» и набор для типирования (идентификации субтипов Н1N1 и Н3N2) вирусов гриппа А (InfluenzavirusA) «АмплиСенInfluenzavirusA-тип-FL» производства ФГУН ЦНИИЭ Роспотребнадзора (Москва, Россия).

*Обратная транскрипция, амплификация и экстракция отдельных фрагментов генов.* Обратная транскрипция для получения кДНК по матрице РНК вируса гриппа осуществлялась с помощью набора Fermentas RevertAid (Fermentas International Inc., Vilnius, Lithuania).

Для амплификации отдельных фрагментов генов, кодирующих поверхностные гликопроте-

ины вируса гриппа использовалась полимеразная цепная реакция (ПЦР) с ген-специфическими праймерами.

Для экстракции наработанных методом ПЦР фрагментов генов, кодирующих нейраминидазу и гемагглютинин исследованных штаммов вируса гриппа А (Н3N2) использовался набор реагентов QIAquick Gel Extraction Kit (Qiagen GmbH, Hilden).

*Определение и анализ нуклеотидной последовательности.* Реакцию секвенирования проводили с использованием набора «BigDye terminator cycle sequencing ready reaction kit» (Applied Biosystems, USA). Амплификация проходила в соответствии с рекомендацией производителя. Очистка продукта происходила набором «BigDye XTerminator Purification Kit» (Applied Biosystems, USA). Анализ продуктов проводился на автоматическом секвенаторе 310 Genetic analyzer (Applied Biosystems, USA).

Анализ нуклеотидных последовательностей проводили с использованием специализированного программного обеспечения: Vector NTI Advance 10 (Invitrogen), SeqMan (Lasergene) и специализированных ресурсов Influenza Virus Resource [10] и BLAST (National Center for Biotechnology Information, U.S. National Library of Medicine). Анализ аминокислотных последовательностей осуществляли с помощью программы BioEdit.

**РЕЗУЛЬТАТЫ**

Клинический материал, представляющий собой мазки из носа и зева, собирался медицинским персоналом лечебно-профилактических учреждений у лиц с симптомами ОРВИ в первые трое суток от начала клинических проявлений. Сбор проб производился в период с декабря 2011 г. по июнь 2012 г. Всего в течение сезона было проанализировано 619 образцов от жителей г. Новосибирска и Новосибирской области. Половозрастная структура выборки представлена в таблице 1.

Всего из полученных образцов при заражении культуры клеток MDCK было выделено 85 штаммов вируса гриппа, из них 6 штаммов (7,1 %) относились к вирусу гриппа типа В, 79 штаммов (92,9 %) относились к вирусу гриппа А(Н3N2). Первый штамм вируса гриппа был выделен у ребенка в январе 2012 г. и относился к вирусу гриппа типа В. Наибольший процент выделения вируса гриппа пришелся на период с 8-й по 12-ю недели, что, по данным ВОЗ, было характерно и для европейского региона в целом. Несмотря на то, что больше половины образцов было собрано от детей (61 % от общего количества пациентов), наибольший процент выделения вируса гриппа отмечался в возрастной группе 18 – 35 лет (27,5 %).

Индикацию наличия вируса в культуральной жидкости производили с помощью реакции гемагглютинации с разными видами эритроцитов: петуха, гуся, морской свинки и человека. Наибольшие титры в РГА у большинства выделенных штаммов наблюдались при использовании эритроцитов человека и морской свинки. Типирование и субтипирование проводили в реакции торможения

Таблица 1

Половозрастная структура выборки

	Всего	Мужчины	Женщины	Младше 18 лет	18–35 лет	36–59 лет	60 лет и старше
<b>г. Новосибирск</b>							
Собранные образцы	511	218	293	350	97	55	9
Выделенные штаммы	75	25	50	36	33	5	1
<b>Новосибирская область</b>							
Собранные образцы	108	37	71	29	34	41	4
Выделенные штаммы	10	4	6	2	3	3	2
<b>Всего</b>							
Собранные образцы	619	255	364	379	131	96	13
Выделенные штаммы	85	29	56	38	36	8	3

гемагглютинации с подтверждением результатов с помощью ПЦР в режиме реального времени.

Из 6 штаммов вируса гриппа В, выделенных в 2011 – 2012 гг. на территории Новосибирской области, 5 штаммов принадлежат к линии Ямагата и по антигенным свойствам подобны *B/Wisconsin/01/2010*, и только 1 штамм относится к линии Виктория и в антигенном отношении близок к *B/Brisbane/60/2008*, в то время как в течение трех предыдущих эпидемических сезонов на территории Новосибирской области выделялись только штаммы Викторианской линии. Следует отметить, что линии вируса гриппа В (*B/Victoria/2/87* и *B/Yamagata/16/88*), различаются генетически и по антигенным свойствам, и антигена к вирусам одной линии не являются протективными в отношении вирусов другой линии [5].

За весь эпидемический сезон 2011 – 2012 гг. на территории Новосибирской области не было выделено ни одного штамма вируса гриппа А(Н1N1) pdm09.

Доминирующим во время сезона 2011 – 2012 гг. на территории Новосибирской области являлся вирус гриппа А(Н3N2). Он составил 92,9 % от всех выделенных штаммов. Серологический анализ антигенных свойств штаммов вируса гриппа А(Н3N2), выделенных на территории Новосибирской области в течение сезона 2011 – 2012 гг., и сравнение их со штаммами, выделенными за сезон 2010 – 2011 гг., проводили в реакции торможения гемагглютинации с использованием сывороток к *A/Brisbane/10/2007* (Н3N2), *A/Perth/16/2009* (Н3N2), *A/Novosibirsk/76k/2011* (Н3N2).

Большинство штаммов вируса гриппа А(Н3N2) сезона 2011 – 2012 гг. проявляют наибольшее сродство с кроличьей сывороткой, полученной на штамм *A/Novosibirsk/76k/2011*. Из 21 проанализированного штамма сезона 2011 – 2012 гг. у 6 штаммов наблюдалось 4-кратное, а у 4 штаммов – 8-кратное снижение титра в РТГА с сывороткой, полученной на вакцинный штамм *A/Perth/16/2009*. Для сыворотки к *A/Brisbane/10/2007* мы наблюдали отсутствие кроссреактивности со штаммами сезона 2010 – 2011 гг. и повышение уровня

антигенного сродства к некоторым штаммам сезона 2011 – 2012 гг. Такие различия в антигенных свойствах выделенных штаммов свидетельствуют об антигеном дрейфе вируса гриппа А(Н3N2) и неполном соответствии штамму, включенному в состав сезонной гриппозной вакцины.

В ходе молекулярно-генетического исследования определена полная нуклеотидная последовательность генов NA и HA, кодирующих соответствующие поверхностные гликопротеины вируса гриппа, а также проведен сравнительный анализ аминокислотных последовательностей штаммов вируса гриппа А(Н3N2) *A/Novosibirsk/2D/2012*, *A/Novosibirsk/59D/2012*, *A/Novosibirsk/155/2012*, выделенных на территории Новосибирской области в эпидемический сезон 2011 – 2012 гг., вакцинного штамма *A/Victoria/361/2011* (Н3N2) и штаммов более ранних сезонов, к которым были получены диагностические сыворотки.

По аминокислотному составу белка нейраминидазы исследуемые штаммы эпидемического сезона 2011 – 2012 гг. отличаются как от более ранних вакцинных штаммов *A/Brisbane/10/2007*, *A/Perth/16/2009* так и от штамма *A/Novosibirsk/76k/2011*, выделенного на территории Новосибирска в эпидемический сезон 2010 – 2011 гг. и сходны с вакцинным штаммом *A/Victoria/361/2011*. В аминокислотной последовательности нейраминидазы штаммов *A/Novosibirsk/2D/2012*, *A/Novosibirsk/59D/2012* и *A/Novosibirsk/155/2012* обнаружены как уникальные для каждого штамма замены, так и общие, отличающие их от штамма *A/Victoria/361/2011*. Штамм *A/Novosibirsk/155/2012* представляет собой гетерогенную популяцию, т.к. содержит два варианта аминокислоты (S/F) в положении 407 белка нейраминидазы. В целом же, в рамках эпидемического сезона 2011 – 2012 гг. для первичной структуры нейраминидазы исследованных штаммов характерна высокая степень консервативности.

Одной из задач систематического мониторинга вируса гриппа, циркулирующего в человеческой популяции, является оценка эффективности и целесообразности использования этиотропных хими-

определенных препаратов, применяемых в терапии инфекции, вызываемой вирусом гриппа. В настоящее время в медицинской практике широко применяются ингибиторы нейраминидазы гриппа: озельтамивир, занамивир и перамивир [6, 7]. К сожалению, обнаруживается все больше штаммов вируса гриппа человека, обладающих сниженной чувствительностью к действию этих препаратов. На данный момент известен ряд мутаций в белке NA вируса гриппа А (H3N2), характерных для штаммов, резистентных к озельтамивиру (наиболее широко используемый ингибитор нейраминидазы вируса гриппа): R292K, E119V, E119V + I222V, N294S, del244-247, Q136K [8]. Согласно проведенному исследованию, в аминокислотной последовательности белка нейраминидазы штаммов эпидемического сезона 2011 – 2012 не обнаружено мутаций, обуславливающих устойчивость к озельтамивиру.

Согласно анализу аминокислотных последовательностей гемагглютинина (табл.), исследованные штаммы вируса гриппа А (H3N2) *A/Novosibirsk/2D/2012*, *A/Novosibirsk/59D/2012* и *A/Novosibirsk/155/2012* схожи между собой и со штаммом *A/Victoria/361/2011* (вакцинный), что характерно для штаммов в пределах одного эпидемического сезона, выделенных на одной территории. При этом первичная структура гемагглютинина штаммов *A/Novosibirsk/59D/2012* и *A/Novosibirsk/155/2012* полностью идентична, при наличии синонимичных замен в нуклеотидной последовательности генов, кодирующих данный белок.

Подавляющее большинство (22 из 24) замен, обнаруженных в аминокислотных последовательностях гемагглютининов всей рассмотренной выборки штаммов локализовано в антигенных детерминантах [9]. Это указывает на наличие антигенного дрейфа, который направлен на уход сезонных штаммов от иммунного прессинга со стороны организма-хозяина и закрепление соответствующих аминокислотных замен в антигенных детерминантах гемагглютинина вируса гриппа А (H3N2).

Прошедший сезон гриппа и ОРВИ в большинстве стран мира начался значительно позже, чем в предыдущие годы [10].

По данным ВОЗ, в течение сезона 2011 – 2012 гг. в разных странах Северного полушария доминировали разные типы/субтипы вируса гриппа. Так, в Канаде отмечалось незначительное преобладание вируса гриппа В по отношению к вирусу А (H3N2), в то время как в США преимущественно выделялся вирус гриппа А (H3N2). В Мексике в течение всего сезона циркулировал преимущественно вирус гриппа А (H1N1)pdm09. В Европе заболеваемость гриппом была преимущественно связана с вирусом А (H3N2) и в небольшом проценте случаев с вирусами гриппа В и А (H1N1)pdm09. В Северном Китае и Монголии в начале сезона доминировал вирус гриппа В с последующей циркуляцией совместно с вирусом А (H3N2), в то время как в Республике Корея и в Японии наблюдалась обратная ситуация: первоначально доминировал вирус гриппа А (H3N2) с последующим добавле-

нием в циркуляцию вируса гриппа В. В начале эпидемического сезона большинство изученных вирусов антигенно были близки вакцинным штаммам, однако с середины сезона, как в Европе, так и в Америке значительно возросло количество вирусов А (H3N2) со сниженной кроссреактивностью с вакцинным штаммом. Что касается вируса гриппа В, то в данном сезоне циркулировали обе линии (Ямагата и Виктория) с тем или иным преимуществом в разных странах [11].

В Российской Федерации эпидемический рост заболеваемости гриппом и ОРВИ был зарегистрирован только с начала марта 2012 года. Пик подъема заболеваемости отмечался на 15 – 16 неделе 2012 года (с 09.04.2012 по 22.04.2012), когда превышение эпидемических порогов заболеваемости на 10 – 54 % было зарегистрировано в 12 субъектах Российской Федерации [10]. В Сибири в целом в течение сезона отмечался локальный уровень распространения гриппа, в Новосибирской области заболеваемость гриппом и ОРВИ превышала порог менее чем на 20 % в течение всего сезона. В отличие от предыдущего сезона, когда преимущественно выделялся вирус гриппа А (H1N1)pdm09, доминирующим в течение всего сезона 2011 – 2012 гг. являлся вирус гриппа А (H3N2) [12, 13].

#### ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Таким образом, эпидемический сезон по гриппу 2011 – 2012 гг. в Новосибирской области носил полиэтиологический характер с преимущественной циркуляцией вируса гриппа А (H3N2). Всего в течение эпидемического сезона 2011 – 2012 гг. было выделено 85 штаммов вируса гриппа, из них 79 штамма А (H3N2) и 6 штаммов вируса гриппа В, причем наблюдалась совместная циркуляция штаммов вируса гриппа В обеих генетических линий.

В течение всего сезона на территории НСО не было выделено ни одного штамма вируса гриппа А (H1N1)pdm09.

Изучение антигенных свойств 21 штамма вируса гриппа А (H3N2) показало, что у 10 штаммов отмечается уменьшение родства к вакцинному штамму *A/Perth/16/2009*, что отражает процесс антигенного дрейфа вируса гриппа и согласуется с данными об эпидемиологической ситуации по гриппу в других странах.

Несмотря на ряд уникальных аминокислотных замен, по структуре НА и NA штаммы вируса гриппа А (H3N2) *A/Novosibirsk/2D/2012*, *A/Novosibirsk/59D/2012* и *A/Novosibirsk/155/2012*, выделенные в эпидемический сезон 2011 – 2012 гг. на Юге Западной Сибири, схожи с вакцинным штаммом *A/Victoria/361/2011*. Это указывает на целесообразность дальнейшего использования штамма *A/Victoria/361/2011* в качестве вакцинного.

Штаммы, рассмотренные в молекулярно-генетическом анализе, не содержат специфических аминокислотных замен в белке NA, обуславливающих снижение чувствительности к действию применяемых в медицинской практике ингибиторов нейраминидазы.

Работа выполнена при поддержке гранта ФЦП № 14.740.11.0247. и ГК № 12.741.12.0153.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. Актуальные аспекты противодействия пандемиям гриппа (курс лекций) / под ред. д.м.н., профессора Дроздова И.Г. — Новосибирск: Информ-экспресс, 2009. — 136 с.

2. Muñoz E.T., Deem M.W. Epitope analysis for influenza vaccine design // Vaccine. — 2005. — Vol. 23 (9). — P. 1144–1148.

3. Taubenberger J.K., Morens D.M. Pandemic influenza — including a risk assessment of H5N1 // Rev Sci Technol. — 2009. — Vol. 28. — P. 187–202.

4. WHO. Manual for the laboratory diagnosis and virological surveillance of influenza, 2011 [Электронный ресурс]. — Режим доступа [http://www.who.int/csr/disease/influenza/manual\\_diagnosis\\_surveillance\\_influenza/en/](http://www.who.int/csr/disease/influenza/manual_diagnosis_surveillance_influenza/en/) (дата обращения 15.06.12)

5. Increasing Appearance of Reassortant Influenza B Virus in Taiwan from 2002 to 2005 / Huey-Pin Tsai [et al.] // Journal of Clinical Microbiology. — 2006. — Vol. 44 (8). — P. 2705–2713.

6. Tullu M.S. DRUG REVIEW: Oseltamivir // Journal of Postgraduate Medicine. — 2009. — Vol. 55 (3). — P. 225–230.

7. Beigel J., Bray M. Current and future antiviral therapy of severe seasonal and avian influenza // Antiviral Res. — 2008. — Vol. 78 (1). — P. 91–102.

8. WHO Global Influenza Surveillance Network. Manual for the laboratory diagnosis and virological surveillance of influenza. — 2011.

9. A computational analysis of the antigenic properties of haemagglutinin in influenza A H3N2 / W.D. Lees [et al.] // Bioinformatics. — 2010. — Vol. 26, N 11. — P. 1403–1408.

10. Об итогах распространения гриппа и ОРВИ в мире и Российской Федерации в эпидсезон 2011–2012 гг. // Письмо от 18.06.2012 № 01-6770-12-32 [Электронный ресурс]. — Режим доступа [http://rospotrebнадзор.ru/bytag2/-/asset\\_publisher/01Cv/content/](http://rospotrebнадзор.ru/bytag2/-/asset_publisher/01Cv/content/) (дата обращения 22.06.12).

11. Influenza update // 2012 — [Электронный ресурс] Режим доступа: [http://www.who.int/influenza/surveillance\\_monitoring/updates/latest\\_update\\_GIP\\_surveillance/en/](http://www.who.int/influenza/surveillance_monitoring/updates/latest_update_GIP_surveillance/en/) (дата обращения 22.06.12).

12. Об итогах эпидемического подъема заболеваемости гриппом и ОРВИ в сезон 2010–2011 гг. // Письмо № 01/5190-1-32 от 03.05.2011 [Электронный ресурс] — Режим доступа: <http://22.rospotrebнадзор.ru/documents/ros/60096/> (дата обращения 22.06.12).

13. Научно-исследовательский институт гриппа. Ситуация по гриппу в России и мире // [Электронный ресурс] — Режим доступа: [http://www.influenza.spb.ru/system/epidemiological\\_situation/](http://www.influenza.spb.ru/system/epidemiological_situation/) (дата обращения 22.06.12).

#### Сведения об авторах

**Соболев Иван Андреевич** — аспирант, младший научный сотрудник ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» (630559, Новосибирская область, р.п. Кольцово, ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор»; e-mail: [sobolev\\_i@hotmail.com](mailto:sobolev_i@hotmail.com))

**Курская Ольга Григорьевна** — научный сотрудник ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» (630559, Новосибирская область, р.п. Кольцово, ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор»)

**Дурьманов Александр Гаврилович** — старший научный сотрудник ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» (630559, Новосибирская область, р.п. Кольцово, ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор»)

**Ильичева Татьяна Николаевна** — к.б.н., заведующая лабораторией (630559, Новосибирская область, р.п. Кольцово, ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор»)

**Шестопапов Александр Михайлович** — д.б.н., профессор, заведующий отделом ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» (630559, Новосибирская область, р.п. Кольцово, ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор»)

**Михеев Валерий Николаевич** — к.м.н., заместитель генерального директора по научной и эпидемиологической работе ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» (630559, Новосибирская область, р.п. Кольцово, ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор»)

**Иванова Евгения Викторовна** — заведующая лабораторией Центра гигиены и эпидемиологии в Новосибирской области (630099, Новосибирская область, г. Новосибирск, ул. Фрунзе 84)