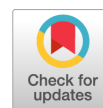


# РАСПРЕДЕЛЕНИЕ ГЕНОТИПОВ ЦИТОМЕГАЛОВИРУСА, ЦИРКУЛИРУЮЩИХ СРЕДИ НОВОРОЖДЕННЫХ ДЕТЕЙ САНКТ-ПЕТЕРБУРГА



А.А. Иголкина<sup>1</sup>, А.В. Кусакин<sup>1</sup>, И.В. Маркин<sup>1</sup>, О.В. Голева<sup>1</sup>, А.Б. Чухловин<sup>2</sup>, Е.В. Базиян<sup>1</sup>,  
Ю.А. Эйсмонт<sup>1</sup>, Н.В. Рогозина<sup>1,3</sup>, В.В. Васильев<sup>1,4</sup>, О.С. Глотов<sup>1,5</sup>

<sup>1</sup> ФГБУ Федеральный научно-клинический центр инфекционных болезней ФМБА России, Санкт-Петербург, Россия

<sup>2</sup> ФГБОУ ВО Первый Санкт-Петербургский государственный медицинский университет имени академика И.П. Павлова Министерства здравоохранения РФ, Санкт-Петербург, Россия

<sup>3</sup> ФГБОУ ВО Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет, Санкт-Петербург, Россия

<sup>4</sup> ФГБОУ ВО Северо-Западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия

<sup>5</sup> ФГБНУ НИИ акушерства, гинекологии и репродуктологии имени Д.О. Отта, Санкт-Петербург, Россия

**Резюме.** Целью данного исследования было провести генотипирование трех наиболее полиморфных участков генома цитомегаловируса (ЦМВ): UL55 (gB), UL73 (gN), UL75 (gH) у новорожденных детей с врожденной цитомегаловирусной инфекцией (ЦМВИ) для определения распределения генотипов, циркулирующих в настоящей когорте пациентов на территории Санкт-Петербурга, и сравнения этих генотипов с генотипами ЦМВ, циркулирующего в мире и в Российской Федерации. Исследование было выполнено на базе Федерального научно-клинического центра инфекционных болезней ФМБА России. В исследование был включен 61 образец ДНК, выделенной из крови, слюны, мочи 26 младенцев с клиническими проявлениями врожденной ЦМВИ. Применялись молекулярно-генетические методы: выделение ДНК вируса из образцов, затем качественное выявление ДНК ЦМВ в исследуемых образцах путем амплификации специфического фрагмента ДНК вируса методом ПЦР с детекцией продуктов амплификации в реальном времени, подготовка библиотек для секвенирования с обогащением за счет гибридизации с мечеными олигонуклеотидами. Полученные данные секвенирования были обработаны биоинформатическими методами. Отмечено, что полученные результаты секвенирования ДНК ЦМВ из различных образцов биоматериала неоднородны. Так, в образцах мочи и слюны генотипы с удовлетворительным покрытием (по данным секвенирования) всех трех исследуемых регионов были получены чаще, по сравнению с периферической кровью. При анализе распределения генотипов региона UL55 преобладал генотип gB7, который был определен у 50% новорожденных пациентов. Анализ данных секвенирования региона UL73 позволил выявить доминантный генотип gN4c (37,5%). По результатам секвенирования региона UL75 ЦМВ, кодирующего гликопротеин Н, генотипы gH1 и gH2 распределились одинаково — по 50%. При сравнении полученных генотипов в настоящем исследовании с похожими исследованиями

## Адрес для переписки:

Иголкина Александра Александровна  
197022, Россия, Санкт-Петербург, ул. Профессора Попова, 9,  
ФГБУ ФНК ЦИБ ФМБА.  
Тел.: 8 (981) 151-60-10.  
E-mail: gribanovaalal@bk.ru

## Contacts:

Aleksandra A. Igolkina  
197022, Russian Federation, St. Petersburg, Professor Popov str., 9,  
FSCCID FMBA of Russia.  
Phone: +7 (981) 151-60-10.  
E-mail: gribanovaalal@bk.ru

## Для цитирования:

Иголкина А.А., Кусакин А.В., Маркин И.В., Голева О.В., Чухловин А.Б.,  
Базиян Е.В., Эйсмонт Ю.А., Рогозина Н.В., Васильев В.В., Глотов О.С.  
Распределение генотипов цитомегаловируса, циркулирующих среди  
новорожденных детей Санкт-Петербурга // Инфекция и иммунитет.  
2026. Т. 16, № 1. С. 105–116. doi: 10.15789/2220-7619-DOC-17814

## Citation:

Igolkina A.A., Kusakin A.V., Markin I.V., Goleva O.V., Chukhlovin A.B.,  
Bazian E.V., Eismont Yu.A., Rogozina N.V., Vasilev V.V., Glotov O.S.  
Distribution of cytomegalovirus genotypes circulating among newborn  
children of St. Petersburg // Russian Journal of Infection and Immunity =  
Infektsiya i immunitet, 2026, vol. 16, no. 1, pp. 105–116. doi: 10.15789/2220-  
7619-DOC-17814

в мире и в России выявлены различия в нуклеотидной последовательности определяемых регионов цитомегаловируса. Филогенетический анализ ЦМВ позволил проиллюстрировать неоднородность распределения генных вариантов ЦМВ среди новорожденных детей Санкт-Петербурга.

**Ключевые слова:** цитомегаловирус, врожденная инфекция, секвенирование ДНК, UL55, UL73, UL75, распределение генотипов.

## DISTRIBUTION OF CYTOMEGALOVIRUS GENOTYPES CIRCULATING AMONG NEWBORN CHILDREN OF ST. PETERSBURG

Igolkina A.A.<sup>a</sup>, Kusakin A.V.<sup>a</sup>, Markin I.V.<sup>a</sup>, Goleva O.V.<sup>a</sup>, Chukhlov A.B.<sup>b</sup>, Bazian E.V.<sup>a</sup>, Eismont Yu.A.<sup>a</sup>, Rogozina N.V.<sup>a,c</sup>, Vasilev V.V.<sup>a,d</sup>, Glotov O.S.<sup>a,e</sup>

<sup>a</sup> Federal Scientific and Clinical Center for Infectious Diseases of the FMBA of Russia, St. Petersburg, Russian Federation

<sup>b</sup> Pavlov First St. Petersburg State Medical University, St. Petersburg, Russian Federation

<sup>c</sup> St. Petersburg State Pediatric Medical University, St. Petersburg, Russian Federation

<sup>d</sup> North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov, St. Petersburg, Russian Federation

<sup>e</sup> The Research Institute of Obstetrics, Gynecology and Reproductology named after D.O. Ott, St. Petersburg, Russian Federation

**Abstract.** The aim of the present study was to perform genotyping of the three most polymorphic regions in the cytomegalovirus (CMV) genome, i.e., UL55 (gB), UL73 (gN), UL75 (gH) in newborns with congenital cytomegalovirus infection (CMVI), to determine distribution of genotypes circulating in the current cohort of patients in St. Petersburg and to compare them with those of CMV circulating in the Russian Federation and worldwide. The study was performed at the Pediatric Research and Clinical Center for Infectious Diseases at the Federal Medical Biological Agency. The study included 61 blood, saliva, urine DNA samples isolated from 26 infants with clinical manifestations of congenital CMV. Molecular genetic methods were used as follows: DNA isolation from biological samples; qualitative detection of CMV DNA by amplification of specific viral DNA fragment using real-time PCR detection of amplicons, preparation of sequencing libraries enriched by hybridization with labeled oligonucleotides. The obtained results of DNA sequencing were processed using bioinformatics methods. According to the results of our study, it was shown that the sequencing of viral DNA segments from various biological samples has yielded different results on CMV genetic polymorphisms. For instance, the genotypes of all three studied regions with satisfactory coverage (according to sequencing data) were obtained more often in urine and saliva than in peripheral blood samples. When analyzing the distribution of genotypes in the UL55 region, the genotype gB7 prevailed being determined in 50% of newborn patients. Analysis of the obtained UL73 region sequencing data allowed to identify the dominant gN4c genotype (37.5%). According to the sequencing results for UL75 region of CMV encoding glycoprotein H, the genotypes gH1 and gH2 showed equal distribution (by 50%). When comparing the genotypes observed in this study with those obtained in Russia and worldwide, some differences in the nucleotide sequence were revealed for the specified regions of CMV genome. Phylogenetic analysis of CMV made it possible to illustrate heterogeneity of gene variant distribution among newborn children in St. Petersburg.

**Keywords:** cytomegalovirus, congenital infection, DNA sequencing, UL55, UL73, UL75, genotype distribution.

## Введение

Цитомегаловирус человека (ЦМВ) является основной причиной врожденных инфекций во всем мире [13]. Глобальная распространенность цитомегаловирусной инфекции (ЦМВИ) среди всего населения мира составляет 78–88%, среди беременных женщин данный показатель колеблется от 83–89% [31]. Среди специалистов здравоохранения распространено заблуждение, что наличие у матери IgG к ЦМВ практически исключает риск последствий, связанных с этой инфекцией [5, 7]. Однако показатель обнаружения ДНК ЦМВ у беременных женщин хотя бы один раз в любом биоматериале и на любом сроке беременности по данным метанализа составляет до 21,5% [27]. Несмотря на то что клиническое и прогностическое значение наличия

ДНК ЦМВ в различных биологических жидкостях неодинаково, вероятность вертикальной передачи вируса от матери плоду сохраняется ввиду повторного заражения беременной женщины новым штаммом или реактивацией вируса [9]. Существующий ранее у матери иммунитет к ЦМВ не обеспечивает полной защиты от внутриутробного заражения младенцев ЦМВИ [26].

Приблизительно 10% новорожденных, инфицированных ЦМВ внутриутробно, имеют при рождении симптомы, связанные с поражением ЦНС (энцефалит, гидроцефалия, микроцефалия), поражением глаз (хориоретинит, атрофия зрительного нерва), слуха (нейросенсорная тугоухость). У 15% новорожденных, инфицированных внутриутробно, в отсутствие явных симптомов при рождении, в последую-

шие годы могут развиваться отсроченные проявления заболевания, связанного с ЦМВ [17,21]. Не исключено, что развитие врожденной ЦМВИ и тяжелых пороков, сопряженных с инфекцией, наблюдаемых при рождении, связано с особенностями генотипов ЦМВ. В настоящее время в мире проводятся исследования, направленные на поиск корреляционных связей между генотипами ЦМВ и клиническим течением инфекции. Тем не менее данные связи пока выявлены только в отношении фармакорезистентности вируса к лечебным препаратам [6].

ЦМВ по таксономии вирусов международного комитета (ICTV) относится к виду *Human herpesvirus 5*, отряд *Herpesvirales*, семейство *Herpesviridae*, подсемейство *Betaherpesvirinae*, род *Cytomegalovirus* [8]. Геном представлен двуцепочечной молекулой ДНК, длина которой составляет 220–240 т.п.о. [10,24]. ЦМВ обладает самым высоким уровнем генетической изменчивости среди герпесвирусов человека, что в свою очередь приводит к рекомбинациям вируса, в результате чего у иммунокомпрометированных лиц может наблюдаться суперинфекция. Наиболее полиморфными являются гены, кодирующие гликопротеины оболочки вируса: UL55 (gB), UL73 (gN) и UL75 (gH) [14].

В настоящее время в мире не разработана эффективная вакцина против ЦМВИ, а несовершенство стратегии профилактики врожденной ЦМВИ в нормативных документах Российской Федерации способствуют снижению настороженности медицинского персонала в отношении этой инфекции. Необходимо более полное изучение ЦМВ, в том числе генотипирование вируса в клинических образцах от пациентов с ЦМВИ.

Интерес к определению генотипов ЦМВ возник из-за широкого спектра проявлений заболевания в группах иммунокомпрометированных пациентов, в том числе новорожденных детей, а также недостаточных данных о том, какие генотипы ЦМВ циркулируют на территории России. В данном исследовании авторы проводили генотипирование трех наиболее полиморфных участков генома ЦМВ: UL55 (gB), UL73 (gN), UL75 (gH) у новорожденных детей с врожденной ЦМВИ с целью определения распределения генотипов,

циркулирующих в настоящей когорте пациентов на территории Санкт-Петербурга и сравнения с генотипами ЦМВ, циркулирующего в мире и в Российской Федерации.

## Материалы и методы

Исследование было выполнено на базе Федерального научно-клинического центра инфекционных болезней ФМБА России, объектом исследования являлись дети с врожденной ЦМВИ. Критерием включения пациентов в исследование было наличие антенатального заражения ЦМВ, а именно: обнаружение ДНК ЦМВ в любом биологическом материале (мазок со слизистой оболочки ротоглотки, слюна, кровь, моча, и/или спинномозговая жидкость), взятом в первые 3 недели жизни ребенка. Критериями невключения в исследование были возраст старше 28 дней и наличие ВИЧ-инфекции у матерей новорожденных. Для выполнения настоящего исследования проведен отбор 17 проб крови, 29 проб слюны, 15 проб мочи, переданных на хранение в биобанк Федерального научно-клинического центра инфекционных болезней ФМБА России, от 26 младенцев с клиническими проявлениями врожденной ЦМВИ. Все дети родились на территории Санкт-Петербурга, а их матери не выезжали за пределы Северо-Запада в течение 9 месяцев до родов. Выделение ДНК вируса из отобранных образцов проводился набором реагентов «SileksMagNA» (Россия) согласно инструкции. Качественное выявление ДНК ЦМВ в исследуемых образцах выполнялось путем амплификации специфического фрагмента ДНК вируса методом ПЦР с детекцией продуктов амплификации в реальном времени с помощью набора «АмплиСенс CMV-FL» (Россия) согласно инструкции. Подготовка библиотек для секвенирования проводилась набором SeqCap EZ HyperCap Workflow (Roche, США) по инструкции производителя. Обогащение библиотек осуществлялось за счет гибридизации с мечеными олигонуклеотидами, таргетной NGS панелью зондов, включающих необходимые регионы вируса. Координаты целевых участков генома ЦМВ приведены в табл. 1.

**Таблица 1. Координаты участков ЦМВ, комплементарных зондам для обогащения библиотеки**

Table 1. Coordinates of CMV regions complementary to probes for library enrichment

| Вирус<br>Virus                        | Штамм<br>Strain      | Целевой<br>фрагмент<br>Target gene | GenBank  | Начало<br>участка<br>Start | Конец<br>участка<br>End | Длина<br>Length |
|---------------------------------------|----------------------|------------------------------------|----------|----------------------------|-------------------------|-----------------|
| ЦМВ (ДНК)<br>Cytomegalovirus<br>(DNA) | AD169, Toledo, Towne | UL55 (gB) Nterm                    | GU937742 | 84115                      | 84485                   | 370             |
|                                       | AD169, Toledo, Towne | UL55 (gB) CLZ                      | GU937742 | 82972                      | 83179                   | 207             |
|                                       | AD169                | UL73 (gN)                          | GU937742 | 106612                     | 107104                  | 492             |
|                                       | Toledo               | UL75 (gH)                          | AN013698 | 78334                      | 78628                   | 294             |

**Таблица 2. Генотипы генов UL55, UL73 и UL75 ЦМВ и их эталонные последовательности**

Table 2. CMV UL55, UL73 and UL75 gene genotypes and their reference sequences

| Ген<br>Gene | Генотип<br>Genotype | NCBI ID                   |
|-------------|---------------------|---------------------------|
| <b>UL55</b> | gB1                 | FJ616285.1                |
|             | gB2                 | X17403.1                  |
|             | gB3                 | M85228.2                  |
|             | gB4                 | M60926.2                  |
|             | gB5                 | MK157465.1                |
|             | gB6                 | KY490076.1                |
|             | gB7                 | KF021605.1                |
| <b>UL73</b> | gN1                 | AF309974.1                |
|             | gN2                 | AF309975.1                |
|             | gN3a                | AF309980.1                |
|             | gN3b                | EU686430.1                |
|             | gN4a                | AF309988.1                |
|             | gN4b                | AF224677.1                |
|             | gN4c                | AF310006.1                |
| <b>UL75</b> | gH1                 | GU937742.2:108831-111062  |
|             | gH2                 | NC_006273.2:109224-111452 |

Секвенирование осуществлялось на платформе DNBSeg G50 (MGI Tech, Китай) путем парно-концевых чтений (2 × 100 bp) согласно инструкции производителя, с последующей биоинформатической обработкой полученных данных секвенирования.

Контроль качества прочтений был выполнен с помощью программы FastQC (v0.11.9). Удаление адаптеров и фильтрация были сделаны с применением программы Trimmomatic (v0.39) с последующим повторным контролем качества. Для сборки генов UL55, UL73 и UL75 авторы картировали риды на эталонный геном ЦМВ, полученный из базы данных NCBI RefSeq (NCBI accession ID: NC\_006273.2). Картирование проводилось с помощью программы Bowtie2 (v1.3.1), а последующая обработка полученных файлов осуществлялась с использованием пакета программ SAMtools (v1.7). Образцы с покрытием в изучаемых генах ниже 20 в последующей работе не использовались. Далее авторы извлекли консенсусные последовательности полученных сборок для каждого из изучаемых образцов. Информация о последовательностях генов разных генотипов была взята из работ авторов, ранее изучавших целевые регионы ЦМВ [3, 29] (табл. 2).

Для определения генотипов в изучаемых образцах проводились попарные выравнивания консенсусных последовательностей на эталонные последовательности генотипов с помощью инструмента BLASTN (v2.13.0+) с параметром «-outfmt 6». Генотип определялся наибольшим совпадением последовательностей.

Неукорененное филогенетическое дерево было построено с помощью программы IQ-TREE v.2.2.0.3. Для визуализации дерева использовали веб-сервис iTOL. Список NCBI ID последовательностей с генами UL55 (gB) и UL73 (gN) представлен в Приложении (доступно по ссылке: <http://dx.doi.org/10.15789/10.15789/2220-7619-DOC-17814>).

## Результаты и обсуждение

В данном исследовании было проведено секвенирование регионов UL55, UL73, UL75 гликопротеинов В, N, Н ЦМВ, выделенного у 26 новорожденных детей с симптомами ЦМВИ, диагностированными в первые 3 недели жизни.

При генотипировании ЦМВ, выделенного из 61 образца от 26 новорожденных детей, генотипы вируса удалось идентифицировать в 29 образцах от 16 пациентов (табл. 3). У 4 новорожденных пациентов было проведено генотипирование нескольких образцов биоматериала (кровь, слюна, моча) в течение периода выделения вируса. Различий в генотипах ЦМВ в разных видах биоматериала и разных временных точках от одних и тех же пациентов выявлено не было.

При сравнении полученных результатов секвенирования выбранных участков генома ЦМВ: UL55 (gB), UL 73 (gN), UL75 (gH) в различном биоматериале было обнаружено, что генотипы всех трех целевых сегментов ДНК в образцах мочи были получены в 4,3 раза чаще в крови (табл. 4). Данное наблюдение поможет в дальнейшем в расширении выборки и выборе биоматериала с целью получения полных результатов секвенирования.

Результаты исследования Ми Н. и соавт. также подтверждает, что исследование образцов мочи более эффективно для определения ДНК ЦМВ, чем проб крови [20]. Вероятно, это связано с тем, что концентрация вируса в крови в период исследования была меньше, чем в образцах слюны и мочи.

При анализе результатов секвенирования региона UL55 в данном исследовании выявлены генотипы gB7, gB4, gB3, gB2 с преобладанием генотипа gB7, который был определен у 50% новорожденных пациентов. Дальнейший анализ секвенирования региона UL73 определил следующие генотипы у новорожденных детей с подтвержденной инфекцией ЦМВ в Санкт-Петербурге: gN4c (37,5%), gN2 и gN3a (по 18,75%), gN3b и gN4b (по 6%). Отличительной особенностью данной работы было определение генотипов UL75, которое в России у новорожденных детей проводилось впервые. По результатам секвенирования участка ЦМВ, кодирующего гликопротеин Н, генотипы gH1 и gH2 распределились одинаково (по 50%).

**Таблица 3. Количество образцов, в которых были определены генотипы ЦМВ**

Table 3. Number of samples in which CMV genotypes were determined

|   | Количество пациентов<br>Number of patients | Количество образцов<br>Number of samples |
|---|--|--|
| <b>Всего включены в исследование</b><br>Total included in the study                                       | 26   | 61                                       |
| <b>Получены генотипы</b><br>Obtained genotypes  | 16   | 28                                       |
| <b>Получены генотипы по всем трем исследуемым регионам</b><br>Genotypes obtained on three regions studied | 12   | 21                                       |

Выбранные участки генома ЦМВ изучались другими исследователями в группах детей с врожденной и постнатальной ЦМВИ и в группе взрослых реципиентов трансплантатов солидных органов.

Наиболее изученным полиморфным геном ЦМВ в мире был UL55, который кодирует оболочечный гликопротеин В (gB), участвующий в слиянии с клетками хозяина при взаимодействии с их мембранами. Клеточными рецепторами gB ЦМВ являются рецепторы эпидермального фактора роста (EGFR), тромбоцитарного фактора роста альфа (PDGFRa) и интегрины [22]. При изучении распространенности генотипов ЦМВ в мире (по данным позже 2017 г.) было выявлено, что в Китае, США, Индии, Иране, Финляндии преобладающим генотипом был gB1 [11, 12, 15, 16, 18, 19, 25, 28, 30] (табл. 5). Однако по другим работам распределение генотипов ЦМВ в США и Китае сформировалось следующим образом: gB2, gB3, gB4 [16, 18, 30]. В другом исследовании китайской популяции присутствовали все ожидаемые генотипы, кроме gB2 [11]. Изучение gB среди младенцев из Китая демонстрирует отличия в его распределении. Анализ последовательности gB выявил 2 генетических подтипа: наиболее распространенный gB3 (51,65%), за которым следует gB1 (48,35%) [20]. В Иране распределение генотипов региона UL55 ЦМВ сходно таковым в США и Китае [19]. Среди новорожденных детей в Хельсинки (Финляндия) распределение генотипов ЦМВ отличалось от популяций Востока и было следующим: gB1 (51%), за ним следовали gB3 (24%), gB2 (19%) и gB4 (5%) [25].

В Российской Федерации генотипирование региона UL55 ЦМВ проводилось ранее только в Нижнем Новгороде среди детей с постнатальной ЦМВИ, а также среди пациентов после

**Таблица 4. Сравнение биоматериала от пациентов с удовлетворительным покрытием всех трех исследуемых участков генома ЦМВ**

Table 4. Comparison of biomaterial from patients with satisfactory coverage of all three studied regions of the CMV genome

| Материал<br>(кол-во проб)<br>Samples | % образцов с удовлетворительным покрытием всех трех исследуемых участков<br>% of samples with satisfactory coverage of all three test areas |
|--------------------------------------|---|
| <b>Кровь (17)</b><br>Blood           | 20  |
| <b>Слюна (29)</b><br>Saliva          | 86,6  |
| <b>Моча (15)</b><br>Urine            | 87  |

трансплантации органов (табл. 6). При генотипировании ДНК вируса, выделенного от реципиентов после трансплантации печени и почек в 2022–2023 гг., генотипы гликопротеина В распределились следующим образом: gB2, gB1, gB3, gB4, при этом доминировал генотип gB2 (57%) [3, 4]. Среди детей Нижнего Новгорода с ЦМВИ с поражением ЦНС, органов дыхания, кроветворения, пищеварения при секвенировании гена gB в 2017 г. были выявлены только 2 генотипа: gB1 и gB3, тогда как в 2021 г. их количество увеличилось до 5: gB1, gB2, gB3, gB4, gB5; преобладали генотипы gB1 (43,7%) и gB2 (37,5%) [1, 2].

Ранее проведенные отечественные исследования показывают различия в соотношении генотипов ЦМВ между группами пациентов с ЦМВИ: детьми и реципиентами после трансплантации солидных органов. Это указывает на то, что инфицирование различных когорт пациентов возможно различными генотипами ЦМВ.

При анализе наших результатов секвенирования региона UL55 выявлены генотипы gB7, gB4, gB3, gB2. Генотип gB7 определен в 50% случаев. Эти результаты отличаются от ранее опубликованных данных о секвенировании линий ЦМВ, циркулирующих в центральной России (табл. 6).

Кодирующая последовательность гликопротеина N (gN) заметно варьирует в разных штаммах ЦМВ и имеет несколько функций в комплексе с гликопротеином M (gM) при инфицировании клеток-мишеней. Во-первых, взаимодействуя с протеогликанами гепарансульфата на поверхности клетки, он опосредует прикрепление вируса к клеткам-хозяевам. Во-вторых, gN участвует в репликации вируса внутри клеток [22].

Глобальное распределение генотипов участка UL73 генома ЦМВ в мире сложно оценить из-за недостатка данных. Тем не менее в Шанхае при

исследовании ЦМВ, выделенного у новорожденных детей, gN1 (42,9%) был наиболее распространенным генотипом, за ним следовали gN3a (21,4%), gN3b (10,7%), gN4a (10,7%), gN4b (7,1%), gN4c (3,6%) и gN2 (3,6%) [12]. Наиболее доминантный генотип в европейском исследовании был идентичен китайскому — gN1 (29%), однако при дальнейшем распределении регистрировались следующие генотипы: gN4c (25%), gN3b (21%), gN4a (13%) [25].

В Российской Федерации при секвенировании гена UL73 ЦМВ в группе реципиентов после пересадки солидных органов и в группе детей генотипы гликопротеина N отличались. Кроме того, с течением времени регистрировались разные генотипы в группах пациентов, перенесших трансплантацию почек и печени. Так, в 2017 г. доминирующими генотипами UL73 были gN4a, gN4b и gN3a, в 2022 г. — gN4c (38,4%), gN4a (23%) и gN1 (23%), а в 2023 при секвенировании участка было обнаружено уже 5 вариантов: gN4c, gN4a, gN4b, gN1, gN3b [1, 3, 4] (табл. 7).

В группе детей из Нижнего Новгорода соотношение генотипов ЦМВ региона UL73 отличается от генотипов ЦМВ в группе реципиентов трансплантатов: gN4a, gN3b, gN1, gN4c, с доминированием генотипа gN4a (46,6%). Дополнительно была выявлена микст-инфекция, с определением двух и трех gN генотипов: gN3b и gN4a; gN1 и gN4a; gN1, gN4a и gN3b [2].

При секвенировании фрагмента региона UL73 у новорожденных детей с подтвержденной врожденной ЦМВИ в Санкт-Петербурге были выявлены следующие генотипы: gN4c (37,5%), gN2 и gN3a (18,75%), отличающиеся от выявленных генотипов в Нижнем Новгороде у детей с приобретенной ЦМВИ.

Гликопротеин Н (gH) ЦМВ кодируется регионом UL75 и входит в комплекс, образуя тример «gH/gL/gO». Доказано, что клеточным рецептором этого комплекса является рецептор тромбоцитарного фактора роста альфа (PDGFR $\alpha$ ) [22]. В европейском исследовании при изучении генотипов ЦМВ в группах детей с врожденной

**Таблица 5. Распределение генотипов гликопротеина В ЦМВ в мире**

Table 5. Distribution of CMV glycoprotein B genotypes in the world

| Страна<br>Country                         | Год<br>исследования<br>Year of study | Исследуемая группа<br>Study group  | Распределение<br>генотипов gB в порядке<br>распространенности<br>Distribution of gB genotypes<br>in order of prevalence | Литература<br>Reference |
|---|--------------------------------------|--|---|-------------------------|
| Китай<br>China                            | 2022, 2020                           | <b>Младенцы<br/>с врожденной ЦМВИ<br/>и диагностированной<br/>тромбоцитопенией;<br/>женское молоко</b><br>Infants with congenital<br>CMV infection and<br>thrombocytopenia;<br>female milk | gB1, gB2, gB3, gB4  | [16, 18]                |
| Китай, Шанхай<br>China, Shanghai          | 2020, 2023                           | <b>Младенцы;<br/>дети с симптомами ЦМВИ</b><br>Infants;<br>children with CMV infection<br>symptoms   | gB1, gB3, gB4   | [11, 12]                |
| Китай, Шанхай<br>China, Shanghai          | 2023                                 | <b>Младенцы</b><br>Infants   | gB3, gB1  | [20]                    |
| США<br>USA                                | 2019                                 | <b>ЦМВ-серопозитивные<br/>дети и подростки</b><br>CMV-seropositive children and<br>adolescents   | gB1, gB2, gB3, gB4  | [30]                    |
| Иран<br>Iran                              | 2024                                 | <b>Новорожденные</b><br>Newborns   | gB1, gB2, gB3   | [19]                    |
| Финляндия, Хельсинки<br>Helsinki, Finland | 2020                                 | <b>Дети с ЦМВИ</b><br>Children with CMV infection  | gB1, gB3, gB2, gB4  | [25]                    |
| Индия<br>India                            | 2019                                 | <b>Новорожденные<br/>с симптомами<br/>врожденной ЦМВИ</b><br>Newborns with congenital<br>CMV infection   | gB1   | [28]                    |

и приобретенной ЦМВИ распределение генотипов гликопротеина Н было сходным в обеих группах пациентов. У новорожденных детей с ЦМВИ генотип gN1 выявлен в 65,9% случаев, а gN2 — в 56,1%. Среди детей с постнатальной ЦМВИ генотип gN1 выявлен в 55,8%, а генотип

gN2 — в 65,5% случаев. [23]. При генотипировании gN исследовательской группой Puhakka у детей в 2020 г. генотипы gN1, и gN2 были распределены поровну [25].

В Российской Федерации генотипирование региона UL75 у новорожденных детей с клини-

**Таблица 6. Распределение генотипов гликопротеина В ЦМВ в России**

Table 6. Distribution of CMV glycoprotein B genotypes in Russia

| Город<br>City                       | Год<br>Year | Исследуемая группа<br>Study group   | Распределение генотипов gB в порядке распространенности<br>Distribution of gB genotypes in order of prevalence | Литература<br>References        |
|-------------------------------------|-------------|---|--|---------------------------------|
| Нижний Новгород<br>Nizhny Novgorod  | 2022, 2023  | Реципиенты после трансплантации печени и почек<br>Recipients after liver and kidney transplantation | gB2, gB1, gB3, gB4   | [3, 4]                          |
| Нижний Новгород<br>Nizhny Novgorod  | 2017        | Дети<br>Children  | gB1, gB3   | [1]                             |
| Нижний Новгород<br>Nizhny Novgorod  | 2021        | Дети<br>Children  | gB1, gB2, gB3, gB4, gB5  | [2]                             |
| Санкт-Петербург<br>Saint-Petersburg | 2023        | Новорожденные с симптомами врожденной ЦМВИ<br>Newborns with symptoms of congenital CMV infection    | gB7, gB4, gB3, gB2   | Данные авторов<br>Current study |

**Таблица 7. Распределение генотипов гликопротеина N ЦМВ в России**

Table 7. Distribution of CMV N glycoprotein genotypes in Russia

| Город<br>City                       | Год<br>Year | Исследуемая группа<br>Study group   | Распределение генотипов gN в порядке распространенности<br>Distribution of gN genotypes in order of prevalence | Литература<br>References        |
|-------------------------------------|-------------|---|--|---------------------------------|
| Нижний Новгород<br>Nizhny Novgorod  | 2017        | Реципиенты после трансплантации печени и почек<br>Recipients after liver and kidney transplantation | gN4a, gN4b, gN3  | [1]                             |
| Нижний Новгород<br>Nizhny Novgorod  | 2022        | Реципиенты после трансплантации печени и почек<br>Recipients after liver and kidney transplantation | gN4c, gN4a, gN1  | [3]                             |
| Нижний Новгород<br>Nizhny Novgorod  | 2023        | Реципиенты после трансплантации печени и почек<br>Recipients after liver and kidney transplantation | gN4c, gN4a, gN4b, gN1, gN3b  | [4]                             |
| Нижний Новгород<br>Nizhny Novgorod  | 2021        | Дети<br>Children  | gN4a, gN3b, gN1, gN4c  | [2]                             |
| Санкт-Петербург<br>Saint Petersburg | 2023        | Новорожденные с симптомами врожденной ЦМВИ<br>Newborns with symptoms of congenital CMV infection    | gN4c, gN2, gN3a  | Данные авторов<br>Current study |



**Рисунок. Филогенетический анализ генов UL55/UL75 ЦМВ (фрагмент 1)**

Figure. Phylogenetic analysis of genes CMV UL55/UL75 (fragment 1)

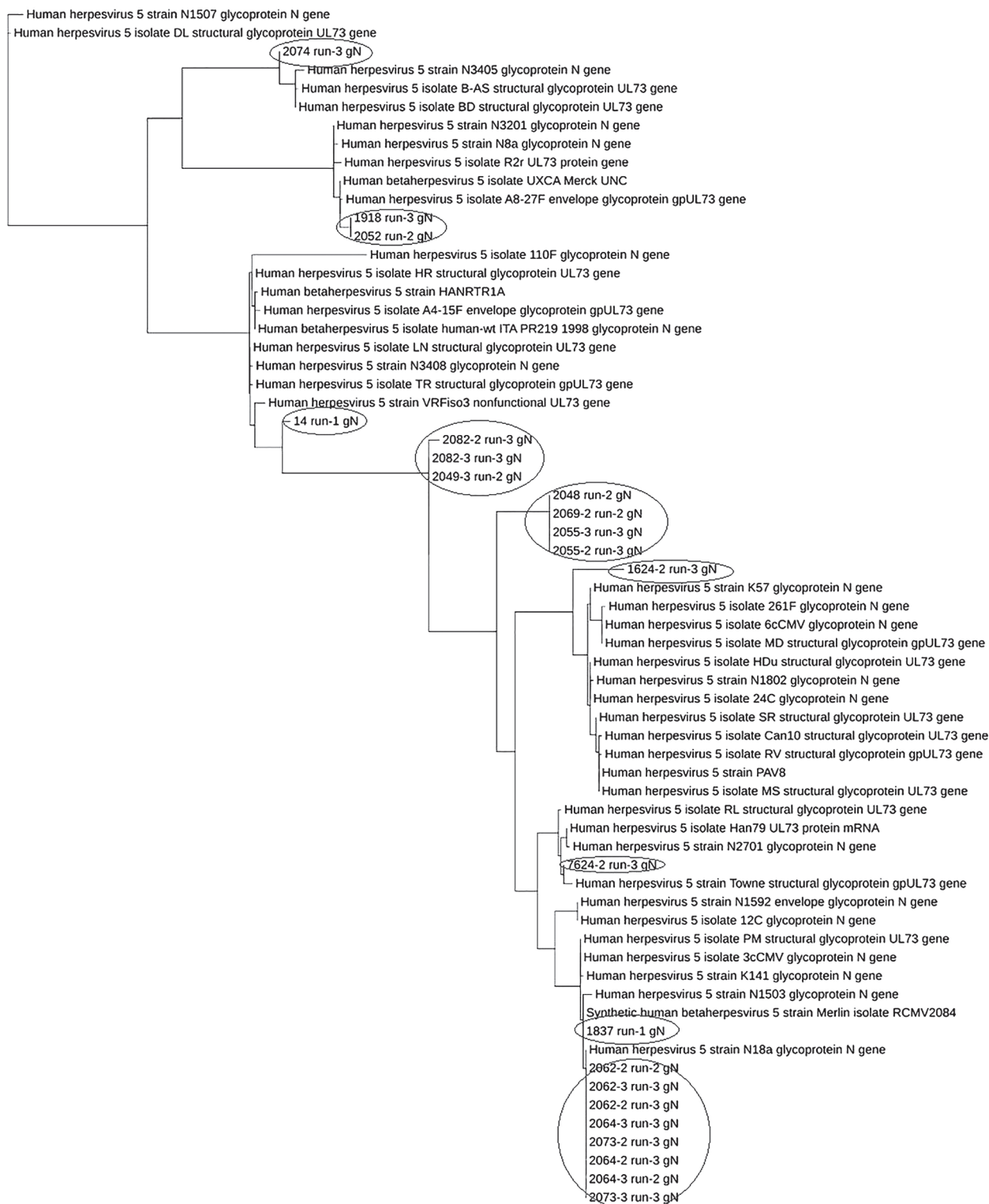


Рисунок. Филогенетический анализ генов UL55/UL75 ЦМВ (фрагмент 2)

Figure. Phylogenetic analysis of genes CMV UL55/UL75 (fragment 2)

ческими проявлениями ЦМВИ проводилось впервые. В настоящем исследовании по результатам секвенирования участка ЦМВ, кодирующего гликопротеин Н, генотипы gN1 и gN2 распределились одинаково — по 50%.

Для выявления внутривидового эволюционного взаимоотношения вируса был проведен филогенетический анализ с последующим построением неукорененного филогенетического дерева по регионам UL55 и UL73. ЦМВ, выделенный у новорожденных детей Санкт-Петербурга, который иллюстрирует генетическую неоднородность вируса (рис.).

## Заключение

Генотипирование трех участков генома ЦМВ: UL55 (gB), UL73 (gN), UL75 (gH) у новорожденных детей с врожденной ЦМВИ в Санкт-Петербурге проводилось впервые. Авторами отмечены особенности полученных результатов секвенирования ДНК ЦМВ из различных образцов биоматериала. Так, в образцах мочи и слюны генотипы с удовлетворительным покрытием (по данным секвенирования) всех трех исследуемых регионов были получены чаще, чем в периферической крови. При сравнении распределения генотипов ЦМВ в разных регионах России (по данным литературы и нашим результатам) вы-

явлены существенные различия. В Нижнем Новгороде преобладающими генотипами gB ЦМВ в группе взрослых и детей реципиентов солидных органов были gB2 и gB1. У детей с врожденной инфекцией в Санкт-Петербурге с наибольшей частотой регистрировался генотип gB7. Различалось и распределение генотипов gN на двух географических территориях — в Нижнем Новгороде и в Санкт-Петербурге. В Северо-Западном регионе преобладал генотип gN4с, тогда как в Центральной России среди детей чаще определялся генотип gN4а, а в когорте реципиентов, согласно недавним публикациям, — генотип gN4с. При сравнении генотипов gH у новорожденных детей Санкт-Петербурга с результатами генотипирования данного региона ЦМВ в мире выявлено, что оба генотипа вируса встречаются с одинаковой частотой. Филогенетический анализ ЦМВ позволил проиллюстрировать генетическую неоднородность распределения его генотипов среди новорожденных детей Санкт-Петербурга.

Полученные результаты могут свидетельствовать о различных генетических детерминантах ЦМВ, которые способствуют поражению различных групп пациентов. Для подтверждения данной гипотезы необходимо расширение выборки детей с врожденной ЦМВИ, а также включение в исследование новых когорт пациентов из других регионов.

## Список литературы/References

1. Ванькова О.Е., Бруснигина Н.Ф. Генетическое разнообразие цитомегаловирусов // Журнал инфектологии. 2017. Т. 9, № 2. С. 5–12. [Vankova O.E., Brusnigina N.F. Cytomegalovirus genetic diversity. *Zhurnal infektologii = Journal Infectology*, 2017, vol. 9, no. 2, pp. 5–12. (In Russ.)] doi: 10.22625/2072-6732-2017-9-2-5-12
2. Ванькова О.Е., Бруснигина Н.Ф. Молекулярная и филогенетическая характеристика изолятов цитомегаловируса, выделенных у детей Нижнего Новгорода // Здоровье населения и среда обитания – ЗНиСО. 2021. № 4. С. 25–30. [Vankova O.E., Brusnigina N.F. Molecular and phylogenetic characteristics of cytomegalovirus isolates from children in Nizhny Novgorod. *Zdorov'e naseleniya i sreda obitaniya – ZNiSO = Public Health and Life Environment – PH&LE*, 2021, no. 4, pp. 25–30. (In Russ.)] doi: 10.35627/2219-5238/2021-337-4-25-30
3. Ванькова О.Е., Бруснигина Н.Ф. Генотипирование клинических изолятов цитомегаловируса, выделенных у реципиентов солидных органов // Инфекция и иммунитет. 2022. Т. 12, № 1. С. 59–68. [Vankova O.E., Brusnigina N.F. Genotyping of clinical cytomegalovirus isolates from solid organ transplant recipients. *Infektsiya i immunitet = Russian Journal of Infection and Immunity*, 2022, vol. 12, no. 1, pp. 59–68. (In Russ.)] doi: 10.15789/2220-7619-GCC-1653
4. Ванькова О.Е., Бруснигина Н.Ф., Новикова Н.А. NGS-технология в мониторинге генетического разнообразия штаммов цитомегаловируса // Современные технологии в медицине. 2023. Т. 15, № 2. С. 41–46. [Vankova O.E., Brusnigina N.F., Novikova N.A. NGS technology in monitoring the genetic diversity of cytomegalovirus strains. *Sovremennye tekhnologii v meditsine = Modern Technologies in Medicine*, 2023, vol. 15, no. 2, pp. 41–46. (In Russ.)] doi: 10.17691/stm2023.15.2.04
5. Васильев В.В., Rogozina N.V., Маркин И.В. Современные представления о механизмах развития врожденной цитомегаловирусной инфекции // Журнал инфектологии. 2023. Т. 15, № 2. С. 35–46. [Vasil'ev V.V., Rogozina N.V., Markin I.V. Modern concepts of the mechanisms of congenital cytomegalovirus infection development. *Zhurnal infektologii = Journal Infectology*, 2023, vol. 15, no. 2, pp. 35–46. (In Russ.)] doi: 10.22625/2072-6732-2023-15-2-35-46
6. Демин М.В., Тихомиров Д.С., Бидерман Б.В., Глинщикова О.А., Дроков М.Ю., Судариков А.Б., Туполева Т.А., Филатов Ф.П. Мутации в гене UL97 цитомегаловируса, ассоциированные с устойчивостью к ганцикловиру, у реципиентов аллогенных гемопоэтических стволовых клеток // Клиническая микробиология и антимикробная химиотерапия. 2019. Т. 21, № 4. С. 352–357. [Demin M.V., Tikhomirov D.S., Biderman B.V., Glinshchikova O.A., Drovkov M.Yu., Sudarikov A.B., Tupoleva T.A., Filatov F.P. Mutations in the cytomegalovirus UL97 gene associated with ganciclovir resistance in recipients of allogeneic hematopoietic stem cell transplants. *Klinicheskaya mikrobiologiya i antimikrobnaya khimioterapiya = Clinical Microbiology and Antimicrobial Chemotherapy*, 2019, vol. 21, no. 4, pp. 352–357. (In Russ.)] doi: 10.36488/ctac.2019.4.352-357

7. Рогозина Н.В., Васильев В.В., Иванова Р.А., Ушакова Г.М., Безверхая Н.С. Поражения органов и систем у детей, родившихся от матерей с острой цитомегаловирусной инфекцией // *Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение*. 2023. Т. 12, № 2. С. 57–64. [Rogozina N.V., Vasil'ev V.V., Ivanova R.A., Ushakova G.M., Bezverkhaya N.S. Lesions of organs and systems in children born to mothers with acute cytomegalovirus infection. *Infektsionnye bolezni: novosti, mneniya, obuchenie = Infectious Diseases: News, Opinions, Training*, 2023, vol. 12, no. 2, pp. 57–64. (In Russ.)] doi: 10.33029/2305-3496-2023-12-2-57-64
8. Руководство по инфекционным болезням. В 2 кн. Кн. 2. 4-е изд., доп. и перераб. / Под ред. Ю.В. Лобзина, К.В. Жданова. СПб.: Фолиант, 2011. 744 с. [Guide to infectious diseases. In 2 vols. Vol. 2. 4th ed., rev. and enl. Eds. Yu.V. Lobzin, K.V. Zhdanov. St. Petersburg: Foliant, 2011. 744 p. (In Russ.)]
9. Шахгильдян В.И., Александрова Е.П., Козырина Н.В., Шипулина О.Ю., Додонова Э.А., Шахгильдян Н.В. Цитомегаловирусная инфекция у беременных и новорожденных: эпидемиологический анализ, новые подходы к диагностике и лечению // *Акушерство и гинекология: новости, мнения, обучение*. 2020. Т. 8, № 2. С. 80–94. [Shakhgil'dyan V.I., Aleksandrova E.P., Kozyrina N.V., Shipulina O.Yu., Dodonova E.A., Shakhgil'dyan N.V. Cytomegalovirus infection in pregnant women and newborns: epidemiological analysis, new approaches to diagnosis and treatment. *Akusherstvo i ginekologiya: novosti, mneniya, obuchenie = Obstetrics and Gynecology: News, Opinions, Training*, 2020, vol. 8, no. 2, pp. 80–94. (In Russ.)] doi: 10.24411/2303-9698-2020-12008
10. Ahmad J., Sayedy N., Sanivarapu R., Akella J., Iqbal J. CMV Pancreatitis in an Immunocompromised Patient. *Case Rep. Crit. Care*, 2021, vol. 2021: 8811396. doi: 10.1155/2021/8811396
11. Dong N., Cao L., Su L., Lu L., Dong Z., Xu M., Xu J. Human cytomegalovirus envelope glycoprotein B, H, and N polymorphisms among infants of Shanghai area in China. *J. Med. Virol.*, 2020, vol. 92, no. 12, pp. 3674–3681. doi: 10.1002/jmv.26210
12. Dong N., Cao L., Zheng D., Su L., Lu L., Dong Z., Xu M., Xu J. Distribution of CMV envelope glycoprotein B, H and N genotypes in infants with congenital cytomegalovirus symptomatic infection. *Front. Pediatr.*, 2023, vol. 11: 1112645. doi: 10.3389/fped.2023.1112645
13. Fernandez C., Chasqueira M.J., Marques A., Rodrigues L., Marçal M., Tuna M., Braz M.C., Neto A.S., Mendes C., Lito D., Rocha P., Vasconcellos G., Menezes M.F., Sousa M.J., Nunes C., Paixão P. Lower prevalence of congenital cytomegalovirus infection in Portugal: possible impact of COVID-19 lockdown? *Eur. J. Pediatr.*, 2022, vol. 181, pp. 1259–1262. doi: 10.1007/s00431-021-04271-0
14. Grgic I., Gorenc L. Human Cytomegalovirus (HCMV) Genetic Diversity, Drug Resistance Testing and Prevalence of the Resistance Mutations: A Literature Review. *Trop. Med. Infect. Dis.*, 2024, vol. 9, no. 2: 49. doi: 10.3390/tropicalmed9020049
15. Hu H., Cheng Y., Peng Q., Chen K. Clinical Features, Treatment Courses, and Distribution of Cytomegalovirus Genotypes among Thrombocytopenia Patients Aged Younger than 12 Months. *Am. J. Perinatol.*, 2021, vol. 38, no. 13, pp. 1403–1411. doi: 10.1055/s-0040-1713001
16. Hu H., Peng W., Peng Q., Cheng Y. Cytomegalovirus Genotype Distribution among Congenital and Perinatal Infected Patients with CMV-Associated Thrombocytopenia. *Fetal Pediatr. Pathol.*, 2022, vol. 41, no. 1, pp. 77–86. doi: 10.1080/15513815.2020.1765916
17. Kenneson A., Cannon M.J. Review and meta-analysis of the epidemiology of congenital cytomegalovirus (CMV) infection. *Rev. Med. Virol.*, 2007, vol. 17, no. 4, pp. 253–276. doi: 10.1002/rmv.535
18. Min X., Wang L., Cui A., Zhang C., Wang D., Liu Y., Li Z., Xu W. The nucleic acid positive rate and genotype distribution of human cytomegalovirus in human milk banks in China. *Arch. Virol.*, 2020, vol. 165, no. 5, pp. 1099–1107. doi: 10.1007/s00705-020-04573-y
19. Mirsalehi N., Yavarian J., Ghavami N., Naseri M., Khodakhah F., Shatizadeh Malekshahi S., Zadheidar S., Mokhtari-Azad T., Shafiei-Jandaghi N.Z. Congenital cytomegalovirus infection in newborns suspected of congenital rubella syndrome in Iran: a cross-sectional study. *BMC Pediatr.*, 2024, vol. 24, no. 1: 31. doi: 10.1186/s12887-023-04502-3
20. Mu H., Qiao W., Zou J., Zhang H. Human cytomegalovirus glycoprotein B genotypic distributions and viral load in symptomatic infants. *J. Infect. Dev. Ctries.*, 2023, vol. 17, no. 12, pp. 1806–1813. doi: 10.3855/jidc.18291
21. Mujtaba G., Khurshid A., Sharif S., Alam M.M., Aamir U.B., Shaikat S., Angez M., Rana M.S., Umair M., Shah A.A., Zaidi S.S. Distribution of Cytomegalovirus Genotypes among Neonates Born to Infected Mothers in Islamabad, Pakistan. *PLoS One*, 2016, vol. 11, no. 7: e0156049. doi: 10.1371/journal.pone.0156049
22. Nguyen C.C., Kamil J.P. Pathogen at the Gates: Human Cytomegalovirus Entry and Cell Tropism. *Viruses*, 2018, vol. 10, no. 12: 704. doi: 10.3390/v10120704
23. Paradowska E., Jabłońska A., Studzińska M., Kasztelewicz B., Wi niewska-Ligier M., Dzierżanowska-Fangrat K., Woźniakowska-Gęśicka T., Czech-Kowalska J. Distribution of the CMV glycoprotein gH/gL/gO and gH/gL/pUL128/pUL130/pUL131A complex variants and associated clinical manifestations in infants infected congenitally or postnatally. *Sci. Rep.*, 2019, vol. 9, no. 1: 16352. doi: 10.1038/s41598-019-52906-y
24. Pignatelli S., Dal Monte P., Rossini G., Landini M.P. Genetic polymorphisms among human cytomegalovirus (HCMV) wild-type strains. *Rev. Med. Virol.*, 2004, vol. 14, no. 6, pp. 383–410. doi: 10.1002/rmv.438
25. Puhakka L., Pati S., Lappalainen M., Lönnqvist T., Niemensivu R., Lindahl P., Nieminen T., Seuri R., Nupponen I., Boppana S., Saxen H. Viral shedding, and distribution of cytomegalovirus glycoprotein H (UL75), glycoprotein B (UL55), and glycoprotein N (UL73) genotypes in congenital cytomegalovirus infection. *J. Clin. Virol.*, 2020, vol. 125: 104287. doi: 10.1016/j.jcv.2020.104287
26. Ross S.A., Fowler K.B., Ashrith G., Stagno S., Britt W.J., Pass R.F., Boppana S.B. Hearing loss in children with congenital cytomegalovirus infection born to mothers with preexisting immunity. *J. Pediatr.*, 2006, vol. 148, no. 3, pp. 332–336. doi: 10.1016/j.jpeds.2005.09.003
27. Sapuan S., Theodosiou A.A., Strang B.L., Heath P.T., Jones C.E. A systematic review and meta-analysis of the prevalence of human cytomegalovirus shedding in seropositive pregnant women. *Rev. Med. Virol.*, 2022, vol. 32, no. 6: e2399. doi: 10.1002/rmv.2399
28. Sarkar A., Das D., Ansari S., Chatterjee R.P., Mishra L., Basu B., Ghosh S.K., Bhattacharyay M., Chakraborty N. Genotypes of glycoprotein B gene among the Indian symptomatic neonates with congenital CMV infection. *BMC Pediatr.*, 2019, vol. 19, no. 1: 291. doi: 10.1186/s12887-019-1666-5

29. Wang H.Y., Valencia S.M., Pfeifer S.P., Jensen J.D., Kowalik T.F., Permar S.R. Common Polymorphisms in the Glycoproteins of Human Cytomegalovirus and Associated Strain-Specific Immunity. *Viruses*, 2021, vol. 13, no. 6: 1106. doi: 10.3390/v13061106
30. White J.L., Patel E.U., Abraham A.G., Grabowski M.K., Arav-Boger R., Avery R.K., Quinn T.C., Tobian A.A.R. Prevalence, Magnitude, and Genotype Distribution of Urinary Cytomegalovirus (CMV) Shedding Among CMV-Seropositive Children and Adolescents in the United States. *Open Forum Infect. Dis.*, 2019, vol. 6, no. 7: ofz272. doi: 10.1093/ofid/ofz272
31. Zuhair M., Smit G.S.A., Wallis G., Jabbar F., Smith C., Devleeschauwer B., Griffiths P. Estimation of the worldwide seroprevalence of cytomegalovirus: A systematic review and meta-analysis. *Rev. Med. Virol.*, 2019, vol. 29: e2034. doi: 10.1002/rmv.2034

**Авторы:**

**Иголкина А.А.**, аспирант НИО экспериментальной медицинской вирусологии, молекулярной генетики и биобанкинга ФГБУ Федеральный научно-клинический центр инфекционных болезней ФМБА России, Санкт-Петербург, Россия;

**Кусакин А.В.**, лаборант-исследователь НИО экспериментальной медицинской вирусологии, молекулярной генетики и биобанкинга ФГБУ Федеральный научно-клинический центр инфекционных болезней ФМБА России, Санкт-Петербург, Россия;

**Маркин И.В.**, аспирант НИО врожденных инфекционных заболеваний ФГБУ Федеральный научно-клинический центр инфекционных болезней ФМБА России, Санкт-Петербург, Россия;

**Голева О.В.**, к.б.н., старший научный сотрудник НИО экспериментальной медицинской вирусологии, молекулярной генетики и биобанкинга ФГБУ Федеральный научно-клинический центр инфекционных болезней ФМБА России, Санкт-Петербург, Россия;

**Чухловин А.Б.**, д.м.н., зав. лабораторией трансплантологии НИИ детской онкологии, гематологии и трансплантологии им. Р.М. Горбачевой ФГБОУ ВО Первый Санкт-Петербургский государственный медицинский университет имени академика И.П. Павлова Министерства здравоохранения РФ, Санкт-Петербург, Россия;

**Базиян Е.В.**, младший научный сотрудник НИО экспериментальной медицинской вирусологии, молекулярной генетики и биобанкинга ФГБУ Федеральный научно-клинический центр инфекционных болезней ФМБА России, Санкт-Петербург, Россия;

**Эйсмонт Ю.А.**, к.б.н., старший научный сотрудник НИО экспериментальной медицинской вирусологии, молекулярной генетики и биобанкинга ФГБУ Федеральный научно-клинический центр инфекционных болезней ФМБА России, Санкт-Петербург, Россия;

**Рогозина Н.В.**, к.м.н., старший научный НИО врожденных инфекционных заболеваний ФГБУ Федеральный научно-клинический центр инфекционных болезней ФМБА России, Санкт-Петербург, Россия; доцент кафедры инфекционных заболеваний у детей факультета послевузовского дополнительного профессионального образования ФГБОУ ВО Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет, Санкт-Петербург, Россия;

**Васильев В.В.**, д.м.н., руководитель НИО врожденных инфекционных заболеваний ФГБУ Федеральный научно-клинический центр инфекционных болезней ФМБА России, Санкт-Петербург, Россия; профессор кафедры инфекционных болезней ФГБОУ ВО Северо-Западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия;

**Глотов О.С.**, д.б.н., зав. НИО экспериментальной медицинской вирусологии, молекулярной генетики и биобанкинга ФГБУ Федеральный научно-клинический центр инфекционных болезней ФМБА России, Санкт-Петербург, Россия; ведущий научный сотрудник лаборатории пренатальной диагностики наследственных и врожденных заболеваний человека ФГБНУ НИИ акушерства, гинекологии и репродуктологии имени Д.О. Отта, Санкт-Петербург, Россия.

**Authors:**

**Igolkina A.A.**, PhD Student, Department of Experimental Medical Virology, Molecular Genetics and Biobanking, Federal Scientific and Clinical Center for Infectious Diseases of the FMBA of Russia, St. Petersburg, Russian Federation;

**Kusakin A.V.**, Research Laboratory Assistant, Department of Experimental Medical Virology, Molecular Genetics and Biobanking, Federal Scientific and Clinical Center for Infectious Diseases of the FMBA of Russia, St. Petersburg, Russian Federation;

**Markin I.V.**, PhD Student, Department of Congenital Infectious Diseases, Federal Scientific and Clinical Center for Infectious Diseases of the FMBA of Russia, St. Petersburg, Russian Federation;

**Goleva O.V.**, PhD (Biology), Senior Researcher, Department of Experimental Medical Virology, Molecular Genetics and Biobanking, Federal Scientific and Clinical Center for Infectious Diseases of the FMBA of Russia, St. Petersburg, Russian Federation;

**Chukhlovina A.B.**, DSc (Medicine), Head of the Laboratory of Transplantology, R.M. Gorbacheva Research Institute of Pediatric Oncology, Hematology and Transplantation, Pavlov First St. Petersburg State Medical University, St. Petersburg, Russian Federation;

**Bazian E.V.**, Junior Researcher, Department of Experimental Medical Virology, Molecular Genetics and Biobanking, Federal Scientific and Clinical Center for Infectious Diseases of the FMBA of Russia, St. Petersburg, Russian Federation;

**Eismont Yu.A.**, PhD (Biology), Senior Researcher, Department of Experimental Medical Virology, Molecular Genetics and Biobanking, Federal Scientific and Clinical Center for Infectious Diseases of the FMBA of Russia, St. Petersburg, Russian Federation;

**Rogozina N.V.**, PhD (Medicine), Senior Researcher, Department of Congenital Infectious Diseases, Federal Scientific and Clinical Center for Infectious Diseases of the FMBA of Russia, St. Petersburg, Russian Federation; Associate Professor, Department of Infectious Diseases in Children, Faculty of Postgraduate Continuing Professional Education, St. Petersburg State Pediatric Medical University, St. Petersburg, Russian Federation;

**Vasilev V.V.**, DSc (Medicine), Head of the Department of Congenital Infectious Diseases, Federal Scientific and Clinical Center for Infectious Diseases of the FMBA of Russia, St. Petersburg, Russian Federation; Professor of the Department of Infectious Diseases, North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov, St. Petersburg, Russian Federation;

**Glotov O.S.**, DSc (Biology), Head of the Department of Experimental Medical Virology, Molecular Genetics and Biobanking, Federal Scientific and Clinical Center for Infectious Diseases of the FMBA of Russia, St. Petersburg, Russian Federation; Leading Researcher, Laboratory of Prenatal Diagnostics of Hereditary and Congenital Human Diseases, The Research Institute of Obstetrics, Gynecology and Reproductology named after D.O. Ott, St. Petersburg, Russian Federation.