

Медико-биологические проблемы жизнедеятельности

Научно-практический рецензируемый журнал

№ 1(37)

2026 г.

Учредитель

Государственное учреждение
«Республиканский научно-
практический центр
радиационной медицины
и экологии человека»

Журнал включен в

Перечень научных изданий
Республики Беларусь
для опубликования
диссертационных исследований
по медицинской
и биологической
отраслям науки
(31.12.2009, протокол 25/1)

Журнал зарегистрирован

Министерством информации
Республики Беларусь,
Свид. № 762 от 6.11.2009

Подписано в печать 19.03.26
Формат 60×90/8. Бумага мелованная.
Гарнитура «Times New Roman».
Печать цифровая. Тираж 100 экз.
Усл. печ. л. 14,5. Уч.-изд. л. 9,34.
Зак. 158.

Издатель ГУ «Республиканский
научно-практический центр
радиационной медицины
и экологии человека»
Свидетельство N 1/410 от 14.08.2014

Отпечатано в
КУП «Редакция газеты
«Гомельская праўда»
г. Гомель, ул. Полесская, 17а

ISSN 2074-2088

Главный редактор, председатель редакционной коллегии

А.В. Рожко (д.м.н., профессор)

Редакционная коллегия

В.В. Аничкин (д.м.н., профессор), В.Н. Беляковский (д.м.н., профессор), К.Н. Буздалкин (к.т.н., доцент), Н.Г. Власова (д.б.н., профессор, научный редактор), А.В. Величко (к.м.н., доцент), И.В. Веялкин (к.б.н., доцент), Н.Н. Веялкина (к.б.н., отв. секретарь), А.В. Воропаева (к.б.н., доцент), Д.И. Гавриленко (к.м.н.), М.О. Досина (к.б.н., доцент), А.В. Жарикова (к.м.н.), С.В. Зыблева (д.м.н., доцент), С.А. Игумнов (д.м.н., профессор), А.В. Коротаяев (к.м.н., доцент), А.Н. Лызикив (д.м.н., профессор), А.В. Макавич (к.м.н., доцент), С.Б. Мельнов (д.б.н., профессор), В.М. Мицура (д.м.н., профессор, зам. гл. редактора), Я.Л. Навменова (к.м.н., доцент), И.В. Назаренко (к.м.н., доцент), И.А. Новикова (д.м.н., профессор), Э.Н. Платошкин (к.м.н., доцент), Э.А. Повелица (к.м.н.), А.С. Подгорная (к.м.н.), Ю.И. Рожко (к.м.н., доцент), И.П. Ромашевская (к.м.н., доцент), А.П. Саливончик (к.б.н.), А.Е. Силин (к.б.н., доцент), А.Н. Стожаров (д.б.н., профессор), Р.М. Тахауов (д.м.н., профессор), Н.И. Шевченко (к.б.н., доцент), Ю.И. Ярец (д.м.н., доцент)

Редакционный совет

А.В. Аклеев (д.м.н., профессор, Челябинск), О.В. Алейникова (д.м.н., чл.-кор. НАН РБ, Минск), С.С. Алексанин (д.м.н., профессор, Санкт-Петербург), Е.Л. Богдан (Минск), Л.А. Бокерия (д.м.н., академик РАН и РАМН, Москва), А.Ю. Бушманов (д.м.н., профессор, Москва), И.И. Дедов (д.м.н., академик РАМН, Москва), В.И. Жарко (Минск), К.В. Котенко (д.м.н., профессор, Москва), В.Ю. Кравцов (д.б.н., профессор, Санкт-Петербург), Н.Г. Кручинский (д.м.н., профессор, Пинск), Т.В. Мохорт (д.м.н., профессор, Минск), В.Ю. Рыбников (д.м.н., профессор, Санкт-Петербург), А.Л. Усс (д.м.н., профессор, Минск), В.А. Филонюк (д.м.н., профессор, Минск), Р.А. Часнойть (к.э.н., Минск), В.Д. Шило (Минск)

Технический редактор

С.Н. Никонович

Корректор

Н.Н. Юрченко

Адрес редакции 246040 г. Гомель, ул. Ильича, д. 290,
ГУ «РНПЦ РМ и ЭЧ», редакция журнала
тел (0232) 38-95-00, факс (0232) 37-80-97
<http://www.mbp.rcrm.by> e-mail: mbp@rcrm.by

© Государственное учреждение
«Республиканский научно-практический центр
радиационной медицины и экологии человека», 2026

№ 1(37)

2026

Medical and Biological Problems of Life Activity

Scientific and Practical Journal

Founder

Republican Research Centre
for Radiation Medicine
and Human Ecology

Journal registration
by the Ministry of information
of Republic of Belarus

Certificate № 762 of 6.11.2009

© Republican Research Centre
for Radiation Medicine
and Human Ecology

ISSN 2074-2088

40 лет после аварии на Чернобыльской атомной электростанции

А.В. Рожко, В.М. Мицура, А.В. Жарикова, С.В. Зыблева, Н.Н. Багинская, И.В. Назаренко
40 лет после аварии на ЧАЭС: роль ГУ «Республиканский научно-практический центр радиационной медицины и экологии человека» в совершенствовании качества оказания медицинской помощи пострадавшему населению 5

К.Н. Буздалькин, Н.Г. Власова
Закономерности формирования доз внутреннего облучения населения, подвергшегося радиационному воздействию в результате аварии на Чернобыльской АЭС 16

С.А. Подберезко, С.Б. Мельнов
Цитогенетические эффекты ионизирующего излучения на гемоциты моллюсков из зоны отчуждения ЧАЭС 23

Ю.В. Чайкова, И.В. Веялкин
Анализ риска развития злокачественных новообразований у персонала Полесского государственного радиационно-экологического заповедника 30

Обзоры и проблемные статьи

О.П. Логинова
Микроэкология влагалища при цервикальной дисплазии: характеристика основных показателей (обзор литературы) 35

М.М. Сулейко, Е.Г. Жук
Ультразвуковое исследование периферических нервов нижних конечностей, дополненное сдвиговой эластографией при диабетической полинейропатии (обзор литературы) 46

Медико-биологические проблемы

К.Ю. Булда, Е.Л. Гасич, А.Д. Коско
Генотипический портрет SARS-COV-2 в Республике Беларусь в период 2020–2021 гг. 54

40 years after Chernobyl nuclear power plant accident

A.V. Rozhko, V.M. Mitsura, A.V. Zharikova, S.V. Zybleva, N.N. Baginskaya, I.V. Nazaranka
40 years after the Chernobyl accident: the role of the State Institution «Republican Research Center for Radiation Medicine and Human Ecology» in improving the quality of medical care for the affected population 5

C.N. Bouzdalkin, N.G. Vlasova
formation of internal irradiation doses to the population exposed to radiation as a result of the accident at the Chernobyl nuclear power plant 16

S.A. Podberezko, S.B. Melnov
Cytogenetic effects of ionizing radiation on hematocytes of mollusks from the Chernobyl exclusion zone 23

Yu.V. Chaikova, I.V. Veyalkin
The risk of malignant neoplasms in the personnel of the Polesie State Radiation and Ecological Reserve 30

Reviews and problem articles

V.P. Lohinava
Vaginal microecology in cervical dysplasia: characteristics of the main parameters (literature review) 35

M.M. Suleiko, E.G. Zhuk
Ultrasound examination of the peripheral nerves of the lower extremities supplemented by shear wave elastography in diabetic polyneuropathy 46

Medical-biological problems

K.Y. Bulda, E.L. Gasich, A.D. Kosko
Genotypic portrait of SARS-COV-2 in the Republic of Belarus in 2020–2021 54

Клиническая медицина

- С.М. Гридюшко, В.Л. Красильникова, О.Н. Дудич, А.М. Прудник**
Дистанция «диск зрительного нерва — макула» как независимый предиктор рефракционных исходов после факоемульсификации с имплантацией иол 61
- А.О. Жарикова, Я.В. Мордовкина, Т.В. Бобр**
Клинический случай обнаружения нап­ряжён­ной кисты хиазмально-селлярной области при обследовании пациента с глаукомой 69
- С.Н. Коваль, Е.В. Писпанен, О.А. Худякова, О.С. Ивашкевич**
Анестезиологические аспекты оперативной коррекции ретинопатии недоношенных 76
- К.С. Комиссаров, О.В. Красько, В.С. Пилотович**
Иммуноглобулин А-нефропатия: эпидемиология и клинические фенотипы в Республике Беларусь 85
- Ян Сунь, Вэнь Чэнь, Ли Чжан, Цзин Су, И.В. Назаренко, Д.И. Гавриленко, Лиган Цуй**
Ультразвуковые характеристики лимфомы скелетных мышц (ретроспективное исследование) 92

Обмен опытом

- А.В. Доманцевич, Е.В. Давыдова, В.А. Доманцевич**
Верификация диагноза при транзиторном остеопорозе и асептическом некрозе: сравнительный анализ возможностей современных методов лучевой диагностики 104
- Е.Ф. Мицура, Е.С. Тихонова, И.П. Ромашевская, С.А. Ходулева, А.Н. Демиденко, Е.В. Борисова**
Синдром Фишера — Эванса в практике детского гематолога 112

Clinical medicine

- S.M. Gridjushko, V.L. Krasilnikova, O.N. Dudich, A.M. Prudnik**
The «optic disc — macula» distance as an independent predictor of refractive outcomes after phacoemulsification with IOL implantation
- A.O. Zharikova, Ya.V. Mordovkina, T.V. Bobr**
A clinical case of a tension cyst in the chiasmatal-sellar region during examination of a patient with glaucoma
- S.N. Koval, E.V. Pyspanen, V.A. Hudiakova, V.S. Ivashkevich**
Anesthesiological aspects of surgical correction of retinopathy of prematurity
- K.S. Komissarov, O.V. Krasko, V.S. Pilotovich**
Immunoglobulin A nephropathy: epidemiology and clinical phenotypes in the Republic of Belarus
- Yang Sun, Wen Chen, Li Zhang, Jing Su, I.V. Nazaranka, D.I. Haurylenka, Ligang Cui**
Ultrasound Features in Skeletal Muscle Lymphoma: A Retrospective Observational Study

Experience exchange

- A.V. Domantsevich, E.V. Davydova, V.A. Domantsevich**
Verification of the diagnosis of transient osteoporosis and aseptic necrosis: a comparative analysis of the possibilities of modern methods of radiation diagnosis
- E.F. Mitsura, E.S. Tihonova, I.P. Romashevskaya, S.A. Khoduleva, A.N. Demidenko, E.V. Borisova**
Evans syndrome in the practice of a pediatric hematologist

ГЕНОТИПИЧЕСКИЙ ПОРТРЕТ SARS-COV-2 В РЕСПУБЛИКЕ БЕЛАРУСЬ В ПЕРИОД 2020–2021 гг.

ГУ «РЦ гигиены, эпидемиологии и общественного здоровья», г. Минск, Беларусь

На основе данных частичного секвенирования S-гена 2066 клинических образцов определён спектр вариантов SARS-CoV-2 и установлены особенности их распространения в Республике Беларусь в 2020–2021 гг. В начале 2020 г. идентифицировались преимущественно ранние «уханьские» варианты А.1 в Минске и В.1 в Витебской области. Во 2–3 кварталах все анализируемые последовательности относились к варианту В.1, который в 4 квартале сохранил лидерство (90,6%). Редкие сублинии В.1 суммарно встречались в 9,4%, среди которых преобладал вариант В.1.1.374. Региональные различия в генетическом разнообразии SARS-CoV-2 были незначимы ($p > 0,05$). В 1 квартале 2021 года вариант Альфа вытеснил ранние варианты (включая В.1.1.374), став доминирующим. Вариант Дельта, представленный преимущественно вариантом АУ.4, начал активно распространяться с мая 2021 года и к лету полностью заместил Альфа. Региональные различия в генетическом разнообразии SARS-CoV-2 были незначимы ($p > 0,05$).

Ключевые слова: SARS-CoV-2, варианты, вызывающие беспокойство, Альфа, Дельта, секвенирование, генотипирование

Введение

Пандемия COVID-19 была объявлена Всемирной организацией здравоохранения (ВОЗ) 11 марта 2020 года из-за быстрого распространения вируса SARS-CoV-2, впервые обнаруженного в конце 2019 года в г. Ухань Китайской Народной Республики [1]. Многочисленные независимые заносы в сочетании со строгими санитарно-эпидемиологическими ограничениями по перемещению граждан на первом этапе эпидемии, изменчивостью SARS-CoV-2 и восприимчивым населением привели к появлению локальных вариантов. Масштабное применение полимеразной цепной реакции, полногеномного секвенирования и биоинформатических ресурсов позволили реконструировать пути заноса, оценить эволюцию вируса, а также заложить основу для последующего молекулярно-генетического слежения за распространением и появлением новых вариантов SARS-CoV-2. Для характеристики вариантов, кладов и линий SARS-CoV-2 использовались следующие системы номенклатуры — PANGO,

GISAID, Nextstrain и система, предложенная ВОЗ. ВОЗ предложила категоризацию вариантов по степени беспокойности и интенсивности распространения (варианты, вызывающие беспокойство — ВВО; интерес — ВВИ; варианты под наблюдением — ВПН). В дальнейшем руководствовались преимущественно классификациями Pango и ВОЗ. Согласно ВОЗ, к группе ВВО были отнесены варианты Альфа (В.1.1.7, впервые выявлен в Великобритании), Бета (В.1.351, Южная Африка), Гамма (Р.1, Бразилия) и Дельта (В.1.617.2, Индия), а в конце 2021 г. был включён вариант Омикрон (В.1.1.529) и его сублинии [2].

Ключевая роль в изменчивости вируса принадлежит мутациям в S-белке, обеспечивающим проникновение в клетки хозяина. Одной из первых и наиболее значимых стала аминокислотная замена D614G, идентифицированная в начале 2020 года и связанная с повышением стабильности вириона и увеличением трансмиссивности. Варианты с мутацией D614G, имеющие европейское происхождение, стали преоб-

ладающими по всему миру уже к середине 2020 г. [1, 3]. К концу 2020 г. независимо в нескольких регионах мира зарегистрированы варианты с мутацией в рецептор-связывающем домене (RBD), усиливающие сродство с ACE2 (ангиотензинпревращающий фермент 2); прежде всего это N501Y — характерная для Альфа, Бета и Гамма. Мутация E484K, отмеченная в вариантах ВВО Бета и Гамма, привела к изменению формы S-белка. Благодаря этому снижалась эффективность иммунитета и увеличивался риск повторного заражения. Для варианта Дельта критической считалась замена P681R, повышающая протектолитическую активацию S-белка, а также сочетание L452R и T478K, усиливающее связывание с ACE2 [4]. В совокупности эти и другие изменения формировали эволюционные преимущества SARS-CoV-2 — увеличение трансмиссивности, уклонение из-под иммунного ответа, изменение тропизма и патогенности [1].

Ранняя фаза пандемии в мире (2020 г.) характеризовалась вытеснением исходного «уханьского» варианта «европейским» вариантом линии В.1 [1]. В начале 2021 года в Европе быстро распространился и стал доминировать вариант Альфа (В.1.1.7), в S-белке которого идентифицированы дополнительные замены Δ69–70, N501Y, P681H. В конце 2020 года был зарегистрирован и вариант Бета (В.1.351), имеющий комбинацию замен K417N, E484K, N501Y, снижающих активность вируснейтрализующих антител. Несмотря на это, вариант Бета в большинстве европейских стран не достиг широкого распространения из-за недостаточной конкурентоспособности по сравнению с вариантом Альфа и последовавшим за ним вариантом Дельта. Вариант Гамма (P.1) имел сочетание замен K417T, N501Y, E484K, а также ряд дополнительных (например, L18F, Δ144), вызвал масштабную волну новых случаев в г. Манаус (штат Амазонас на северо-западе Бразилии), однако в Европе его доля в 2021 году оставалась <1% [5].

Приход варианта Дельта (В.1.617.2, AY.*) и его сублиний ознаменовал собой

значительное изменение в эпидемиологической и генетической картине пандемии COVID-19. Данный вариант имел ряд новых мутаций в S-белке — L452R, T478K, P681R. Темпы его распространения были высокими и в большинстве стран мира он стал лидировать уже к июню — августу 2021 года, в том числе и в странах Восточной Европы [4]. В конце 2021 года впервые был идентифицирован новый вариант Омикрон (В.1.1.529). В его S-белке идентифицировано более 30 аминокислотных замен, включая Δ69–70 и N501Y (как у Альфа), K417N (как у Бета), а также E484A, Δ143–145 и P681H. Омикрон сочетал высокую контагиозность с выраженным уклонением из-под иммунного ответа при одновременном снижении патогенности. Уже в декабре 2021 — январе 2022 года он молниеносно заместил ранее доминирующий вариант Дельта и его сублинии в ряде европейских стран [6]. Таким образом в 2020–2021 гг. в мире прослеживалась последовательная смена доминирующих генетических вариантов SARS-CoV-2: от ранних линий с заменой D614G к вариантам Альфа/Дельта и к варианту Омикрон.

Цель исследования — провести ретроспективный анализ генетических вариантов SARS-CoV-2 на основе биоинформатического анализа S-белка и установить особенности их распространения в Республике Беларусь в 2020–2021 гг.

Материал и методы исследования

В исследование включены 2066 клинических образцов от пациентов с лабораторно подтвержденным COVID-19 в период с марта 2020 по декабрь 2021 года. Рибонуклеиновую кислоту SARS-CoV-2 выделяли из клинических образцов методом сорбции на магнитных частицах. Амплификацию специфических фрагментов и секвенирование нуклеотидных последовательностей SARS-CoV-2 выполняли согласно методике, описанной ранее [7]. Анализ последовательностей SARS-CoV-2 проводили в Sequencing Analysis Software v5.1.1 (Applied Biosystems, США), выравнивание

выполняли в BioEdit v7.2. Экспортированные последовательности в формате fasta загружали на ресурс Nextclade (<https://clades.nextstrain.org>) для определения генетических вариантов SARS-CoV-2. Расчёт абсолютных и относительных частот вариантов выполняли по кварталам, годам и регионам. Для сравнения долей между регионами и временными периодами использовали критерий χ^2 Пирсона или точный критерий Фишера при малых числовых значениях. Все тесты считались статистически значимыми при $p < 0,05$, анализ проводился с использованием R, версия 4.4.1.

Результаты исследования

В конце февраля 2020 года в Республике Беларусь был зарегистрирован первый лабораторно подтверждённый случай COVID-19. Начиная с этого времени SARS-CoV-2 стал активно распространяться на территории страны [8]. Учитывая новизну возбудителя, возникла необходимость его всесторонней характеристики, в том числе и молекулярно-генетической. С этой целью в стране в 2020 году были начаты первые исследования по оценке его генетического разнообразия. Распределение исследованных образцов в 2020 году по регионам страны представлено в таблице 1.

Полученные данные продемонстрировали принадлежность большинства — $92,7 \pm 2,7\%$ ($n=140$) — нуклеотидных последовательностей к вариантам, близким к «уханьскому». В марте 2020 года были идентифицированы два новых варианта: в

г. Минске — А.1 ($n=2$) и Витебской области — В.1 ($n=1$). В дальнейшем (2 и 3 кварталы) вариант В.1 стал доминирующим и определялся во всех исследованных пробах ($n=52$). В 4 квартале сохранилась его лидирующая роль в поддержании пандемии ($90,6 \pm 3,0\%$, $n=87$). В тоже время в мире стали регистрироваться и новые варианты SARS-CoV-2, ряд из которых был идентифицирован в нашей стране: В.1.1.186 ($n=1$), В.1.1.374 ($n=3$), В.1.1.298 ($n=3$), В.1.1.462 ($n=1$) и В.1.160 ($n=1$). Доля их в генотипической структуре составила $9,4 \pm 3,0$ процента. Полученные нами результаты в значительной степени согласуются с данными для стран Европы и Российской Федерации (РФ), которые отмечают на протяжении 2020 года доминирование варианта В.1 с постепенным смещением к варианту В.1.1 и его сублиниям к концу года [9, 10].

Обращает на себя факт выявления в середине октября 2020 года у двух пациентов из Могилёвской и одного из Гомельской областей варианта В.1.1.298 (Cluster 5). Этот вариант впервые был зарегистрирован в Дании и интересен с точки зрения межвидовой передачи вируса от человека к норкам; при этом были зафиксированы крупные вспышки данного варианта на зверофермах в Литве и Польше в 3 квартале 2020 года [11].

Ещё одной сублинией, получившей широкое распространение, стал вариант В.1.1.374, впервые секвенированный от пациента из Гродненской области в конце 2020 года. Этот вариант в 2021 году продолжил

Таблица 1 — Распределение исследованных образцов SARS-CoV-2 по кварталам за 2020 год

Регион	Количество собранных образцов (абс. число (95% ДИ))				Всего
	1 кв.	2 кв.	3 кв.	4 кв.	
Брестская обл.	–	–	–	8 (2–14)	8
Витебская обл.	1 (0–3)	7 (2–12)	3 (0–6)	11 (4–18)	22
Гомельская обл.	–	3 (0–6)	3 (0–6)	23 (14–32)	29
Гродненская обл.	–	–	1 (0–3)	13 (6–20)	14
г. Минск	2 (0–5)	9 (3–15)	5 (1–9)	20 (11–29)	36
Минская обл.	–	11 (4–18)	5 (1–9)	8 (2–14)	24
Могилёвская обл.	–	1 (0–3)	4 (0–8)	13 (6–20)	18

активно распространяться и в других регионах страны, его доля в генотипической структуре составила $31,9 \pm 4,3\%$ ($n=38$). Данная сублиния фиксировалась и в странах Европы, однако в Центральной Европе осенью — зимой 2020 года локально доминировал вариант В.1.258 с характерной делецией $\Delta 69/70$ [12]. В РФ 2020 год отличался ростом «эндемичных» для страны сублиний В.1.1.317 и В.1.1.397, широко циркулировавших до весны 2021 года [10], но которые не встречались в нашей стране.

Мы проанализировали генотипический ландшафт по регионам страны, который показал отсутствие статистически значимой связи между регионом и вариантами SARS-CoV-2, выявляемыми в данный период ($p > 0,05$).

Начало 2021 года характеризовалось переходом от вариантов сублинии В.1 и В.1.1 к варианту Альфа (В.1.1.7) и в конце первой половины года — к варианту Дельта (В.1.617.2) и его сублиниям. В течение года проанализировано 1915 последовательностей S-гена SARS-CoV-2 (таблица 2).

Согласно нашим данным, в первом квартале 2021 года продолжилось распространение варианта В.1.1.374 ($31,9 \pm 4,3\%$, $n=38$), в значительной степени заменившего вариант В.1 ($10,1 \pm 2,7\%$, $n=13$). Однако уже в конце февраля в Минске впервые был идентифицирован вариант Альфа, на который к концу 1 квартала пришлось $48,7 \pm 4,6\%$ ($n=58$) новых случаев. Второй квартал характеризовался сохранением значительного вклада в генотипическую

структуру SARS-CoV-2 варианта Альфа ($42,4 \pm 2,5\%$, $n=162$). В конце мая на территории страны впервые выявлен вариант Дельта, который на протяжении мая — июня идентифицировался одновременно с вариантом Альфа, суммарная доля которого во 2 квартале составила $41,6 \pm 2,5\%$ ($n=159$). Кроме двух основных вариантов параллельно детектировали и варианты, относившиеся к сублиниям В.1 и В.1.1 — $16 \pm 1,9\%$ ($n=61$). Во 2 полугодии 2021 года произошло молниеносное распространение сублиний варианта Дельта, среди которых лидирующую позицию занимала сублиния AY.4 ($98,9 \pm 0,3\%$, $n=1546$). Анализ территориального распространения вариантов SARS-CoV-2 не показал различий в представленности отдельных вариантов в регионах страны ($p > 0,05$). Генотипический пейзаж и его структура были сопоставимы.

Несколько иная картина наблюдалась в отношении варианта Альфа в Польше, Словакии и Чехии. Если пик распространения варианта Альфа в нашей стране пришёлся на апрель — май и его доля в генотипической структуре в среднем составляла $65,1\%$, то в этих странах лидирующая роль Альфа в поддержании эпидемического процесса была более продолжительной (с марта по июль), а частота встречаемости варианта Альфа в этот период превышала $90-95\%$ среди всех секвенированных образцов. В июле 2021 года он был вытеснен вариантом Дельта [12, 13]. Интересен факт, что в РФ вариант Альфа встречался редко и его пиковое значение с февраля по

Таблица 2 — Квартальное распределение исследованных образцов SARS-CoV-2 за 2021 год

Регион	Количество собранных образцов (абс. число (95% ДИ))				Всего
	1 кв.	2 кв.	3 кв.	4 кв.	
Брестская обл.	9 (3–15)	49 (35–63)	93 (74–112)	152 (128–176)	303
Витебская обл.	6 (1–11)	1 (0–3)	70 (54–86)	79 (62–96)	156
Гомельская обл.	4 (0–8)	82 (64–100)	81 (63–99)	100 (80–120)	267
Гродненская обл.	8 (2–14)	35 (23–47)	81 (63–99)	102 (82–122)	226
г. Минск	87 (69–105)	164 (139–189)	117 (96–138)	162 (137–187)	530
Минская обл.	2 (0–5)	4 (0–8)	70 (54–86)	159 (134–184)	235
Могилёвская обл.	3 (0–6)	47 (34–60)	46 (33–59)	102 (82–122)	198

май 2021 года было менее 25 процентов. В этот период большинство новых случаев заражения было связано с вариантом В.1.1.317/397 [9, 10].

Детальный анализ молекулярно-генетического разнообразия позволил идентифицировать достаточно редкие сублинии SARS-CoV-2, не характерные для стран Европы. В первую очередь это касается вариантов, включённых в группу ВВО — Бета (В.1.351), Эта (В.1.525), Эпсилон (В.1.429), а также сублиний, находящихся под мониторингом — В.1.160 и С.36.3. Анализ регионального распространения показал присутствие варианта В.1.160 в Минске (5/8) и Гомельской области (3/8), при этом в 1 квартале его доля в общей структуре составляла $0,4 \pm 0,1$ процента. Вариант С.36.3 детектировался только в 1 и 2 кварталах 2021 года в Минске (3/6), Брестской (2/6) и Гомельской (1/6) областях в $0,3 \pm 0,1$ % случаев. Вариант В.1.1.523 идентифицирован в 1–3 кварталах в 8 образцах ($0,4 \pm 0,1$ %). Вариант ВВО Эпсилон, выявленный в 1 и 2 кварталах, определён в пробах 6 ($0,3 \pm 0,1$ %) пациентов, проживающих на территории Витебской (4/6) и Гомельской (1/6) областей, а также г. Минска (1/6). Варианты Бета и Эта, также относящиеся к ВВО, встречались единожды в исследуемых образцах от пациентов из г. Минска ($0,1 \pm 0,1$ %). Однако, если в ряде стран они оказали существенное влияние на развитие эпидемии (например, вариант Бета в Бразилии), то в странах Европы и России этот вариант выявлялся редко, а его доля не превышала $<1\%$ [14]. Начиная с 3 квартала 2021 года абсолютное большинство исследуемых последовательностей относилось к варианту Дельта, при этом с августа туказанного года другие варианты не были представлены.

Важно отметить, что в большинстве стран Европы вариант Дельта доминировал уже к концу июня 2021 года [6], в то время как в Республике Беларусь максимальное количество заражений этим вариантом регистрировалось с опозданием на месяц. Вероятно, ограничения на въезд и выезд из

страны, действовавшие в 2021 году, снизили трансграничную передачу вируса, что по сравнению с соседними странами привело к отсрочке начала волны заболеваемости, вызванной вариантом Дельта.

Согласно имеющимся данным, в период широкой циркуляции варианта Дельта (конец 2021 г.), спектр его сублиний и скорость распространения в Беларуси и России существенно различались. Так, в РФ подъём варианта Дельта был особенно быстрым: от менее 1% в апреле до более 90% в июне 2021, при этом в 83,3% случаев преобладал во все месяцы наблюдения сублинии АУ.122 [10]. Напротив, в нашей стране число заражений было связано с сублинией АУ.4, а сублиния АУ.122 встречалась только в единичных случаях, при этом ее доля в генотипической структуре была минимальной ($1,1 \pm 0,3\%$, $n=18$). В результате исследования, идентифицированы и другие сублинии АУ.9.2 (1/18), АУ.46.4 (1/18), АУ.32 (8/18), АУ.41 (2/18) и АУ.122 (6/18). Сублиния АУ.4 впервые зафиксирована в Великобритании и регистрировалась на территории большинства стран Европы, что позволяет предположить о преимущественном завозе данного варианта из стран Евросоюза. Также необходимо выделить и сублинию АУ.32, которая регистрировалась в ряде стран, включая Египет и государства Южной Африки [15], что создало риски завоза вируса на территорию Республики Беларусь в период активных туристических потоков.

В конце декабря 2021 года в стране (г. Минск) был идентифицирован первый случай заражения сублинией ВА.1 варианта Омикрон, что в дальнейшем привело к масштабной волне заболеваемости COVID-19. Потомки варианта Омикрон в настоящее время продолжают свою циркуляцию на территории Республики Беларусь.

Таким образом, полученные нами данные продемонстрировали последовательную смену доминирующих вариантов SARS-CoV-2 на протяжении 2020–2021 гг. в Республике Беларусь, что отражено на рисунке.

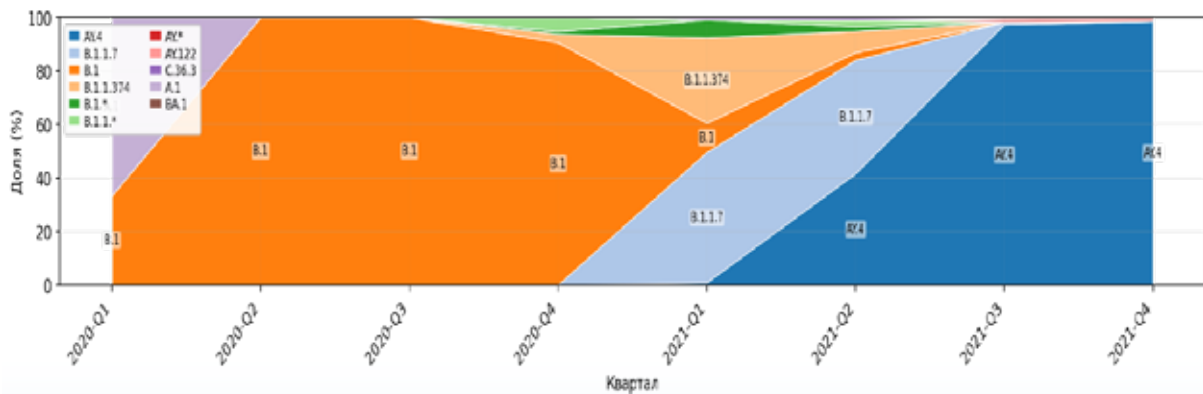


Рисунок — Динамика распространения генетических вариантов вируса SARS-CoV-2 на территории Республики Беларусь в период с 2020 по 2021 год

Заключение

Начало пандемии COVID-19 в 2020 году в стране характеризовалось доминированием исходной линии B.1 и её эволюцией в сублинии B.1.1. По мере развития пандемии в 2021 году установлен переход к варианту Альфа и далее — к варианту Дельта, которые в целом выявлялись на месяц позже, чем в странах Европы. Вариант Альфа являлся доминирующим в генотипической структуре с апреля по май 2021 года (65,1%), с июня по декабрь лидирующая роль принадлежала сублинии AY.4 варианта Дельта (95,5%). Эпидемиологическая ситуация в Республике Беларусь во второй половине 2021 года определялась сублинией AY.4 и его вариациями, широко представленными в странах Европы, в то время как в России основной вклад в развитие пандемии внёс вариант AY.122. В единичных случаях были идентифицированы варианты B.1.160, B.1.1.298 (Cluster 5), C.36.3, B.1.1.523, B.1.429 и др., доля которых в генотипической структуре не превышала 5%, что указывает на множественные пути и направления проникновения SARS-CoV-2 на территорию Беларуси.

Не установлено существенных различий в генотипической структуре SARS-CoV-2 между регионами страны на протяжении 2020–2021 гг. В конце декабря 2021 года зарегистрирован первый случай заражения вариантом BA.1 Омикрон у пациента из Минска, что явилась началом последующей смены доминирующих вариантов.

Библиографический список

1. SARS-CoV-2 variants, spike mutations and immune escape / W.T. Harvey, A.M. Carabelli, B. Jackson [et al.] // *Nature Reviews Microbiology*. – 2021. – Vol. 19, №7. – P. 409–424. DOI: 10.1038/s41579-021-00573-0
2. The origins and potential future of SARS-CoV-2 variants of concern in the evolving COVID-19 pandemic / S.P. Otto, T. Day, J. Arino [et al.] // *Current Biology*. – 2021. – Vol. 31, №14. – P. R918–R929. DOI: 10.1016/j.cub.2021.06.049
3. Spike mutation D614G alters SARS-CoV-2 fitness / J. A. Plante, Y. Liu, J. Liu [et al.] // *Nature*. – 2021. – Vol. 592, №7852. – P. 116–121. DOI: 10.1038/s41586-020-2895-3
4. Enhanced fusogenicity and pathogenicity of SARS-CoV-2 Delta P681R mutation / A. Saito, T. Irie, R. Suzuki [et al.] // *Nature*. – 2022. – Vol. 602, №7896. – P. 300–306. DOI: 10.1038/s41586-021-04266-9
5. Geographical prevalence of SARS-CoV-2 variants, August 2020 to July 2021 / W.S. Chan, Y.M. Lam, J.H.Y. Law [et al.] // *Scientific Reports*. – 2022. – Vol. 12, №1. – Article number: 4704. DOI: 10.1038/s41598-022-08684-1
6. From Delta to Omicron—Genetic Epidemiology of SARS-CoV-2 (hCoV-19) in Southern Poland / M. Mikłasińska-Majdanik, E. Morawiec, J. Bratosiewicz-Wąsik [et al.] // *Pathogens*. – 2025. – Vol. 14, №7. – Article number: 708. DOI: 10.3390/pathogens14070708
7. Распространение генетических вариантов вируса SARS-CoV-2 на территории г. Минска в феврале — мае 2021 года / К.Ю. Булда, Е.Л. Гасич, А.Д. Коско [и др.] // *БГМУ в авангарде медицинской науки и практики: рецензир. ежегод. сб. науч. тр.: в 2 т. / М-во здравоохран. Респ. Беларусь, Бел. гос. мед. ун-т*; под ред. С. П. Рубникович, В. А. Филонюк. – Минск: ИВЦ Минфина, 2023. – Вып. 13. – Т. 2: *Фундаментальная наука – медицине. Профилактическая медицина*. – С. 125–131.
8. В Беларуси зарегистрирован завозной случай коронавируса. Пресс-служба Мини-

стерства здравоохранения, 28.02.2020. – URL: <https://minzdrav.gov.by/ru/sobytiya/v-belarusi-zaregistririvan-zavoznoy-sluhay-koronavirusa/> (дата обращения: 30.12.2025).

9. SARS-CoV-2 lineages and sub-lineages circulating worldwide: a dynamic overview / E. Cella, F. Benedetti, S. Fabris [et al.] // *Chemotherapy*. – 2021. – Vol. 66, №1–2. – P. 3–7. DOI: 10.1159/000515340

10. COVID-19: эволюция пандемии в России. Сообщение II: динамика циркуляции геновариантов вируса SARS-CoV-2 / В.Г. Акимкин, А.Ю. Попова, К.Ф. Хафизов [и др.] // *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. – 2022. – Т. 99, №4. – С. 381–396. DOI: 10.36233/0372-9311-295

11. Zoonotic spill-over of SARS-CoV-2: mink-adapted virus in humans / L. Rabalski, M. Kosinski, N. Mazur-Panasiuk [et al.] // *Clinical Microbiology and Infection*. – 2022. – Vol. 28, №3. – P. 451.e1-451.e4. DOI: 10.1016/j.cmi.2021.12.001

12. A SARS-CoV-2 mutant from B.1.258 lineage with Δ H69/ Δ V70 deletion in the Spike protein circulating in Central Europe in the fall 2020 / B. Brejová,

K. Boršová, V. Hodorová [et al.] // *Virus Genes*. – 2021. – Vol. 57, №6. – P. 556–560. DOI: 10.1007/s11262-021-01866-5

13. From Alpha to Delta-genetic epidemiology of SARS-CoV-2 (hCoV-19) in Southern Poland / E. Morawiec, M. Mikłasińska-Majdanik, J. Bratosiewicz-Wąsik [et al.] // *Pathogens*. – 2022. – Vol. 11, №7. – Article number: 780. DOI: 10.3390/pathogens11070780

14. Characteristics of SARS-CoV-2 variants of concern B.1.1.7, B.1.351 or P.1: data from seven EU/EEA countries, weeks 38/2020 to 10/2021 / T. Funk, A. Pharris, G. Spiteri [et al.] // *Eurosurveillance*. – 2021. – Vol. 26, №16. – Article number: 2100348. DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2021.26.16.2100348

15. Induced humoral immunity of different types of vaccines against most common variants of SARS-CoV-2 in Egypt prior to Omicron outbreak / R. El-Shesheny, A. El Taweel, M.R. Gomaa [et al.] // *Vaccine*. – 2022. – Vol. 40, №32. – P. 4303–4306. DOI: 10.1016/j.vaccine.2022.05.086

K.Y. Bulda, E.L. Gasich, A.D. Kosko

GENOTYPIC PORTRAIT OF SARS-COV-2 IN THE REPUBLIC OF BELARUS IN 2020–2021

Based on partial sequencing data of the S gene from 2 066 clinical samples, the spectrum of SARS-CoV-2 variants was determined and the characteristics of their spread in the Republic of Belarus in 2020–2021 were established. At the beginning of 2020, predominantly early «Wuhan» variants were identified: A.1 in Minsk and B.1 in the Vitebsk Region. In the 2nd–3rd quarters, all analyzed sequences belonged to variant B.1, which remained the leader in the 4th quarter (90,6%). Rare B.1 sublineages collectively accounted for 9,4%, among which variant B.1.1.374 predominated. Regional differences during this period were not significant ($p>0,05$). The Alpha variant displaced the early variants (including B.1.1.374) in the first quarter of 2021, becoming dominant. The Delta variant, represented predominantly by AY.4, began to active spread from May 2021 and by summer completely replaced Alpha. Regional differences in 2020–2021 were not significant ($p>0,05$).

Key words: SARS-CoV-2, VOC, Alpha, Delta, sequencing, genotyping

Поступила 15.01.26