

БИОМЕДИЦИНА ВА АМАЛИЁТ ЖУРНАЛИ

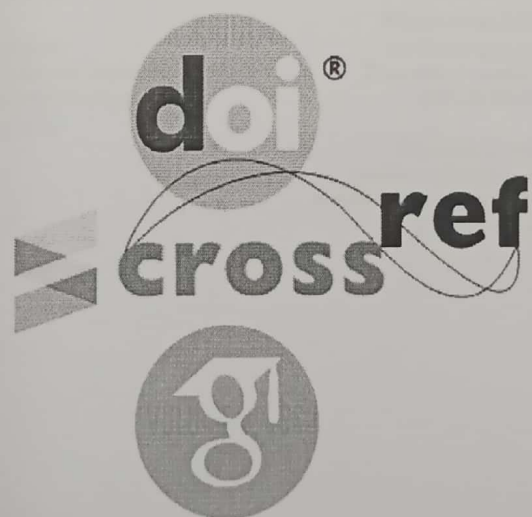
8 ЖИЛД, 2 СОН

ЖУРНАЛ БИОМЕДИЦИНЫ И ПРАКТИКИ

ТОМ 8, НОМЕР 2

JOURNAL OF BIOMEDICINE AND PRACTICE

VOLUME 8, ISSUE 2



Бош мухаррир:

Ризаев Жасур Алимжанович
тиббиёт фанлари доктори, профессор,
Самарқанд давлат тиббиёт университети ректори
ORCID ID: 0000-0001-5468-9403

Бош мухаррир ўринбосари:

Зиядуллаев Шухрат Худайбердиевич
тиббиёт фанлари доктори, Самарқанд давлат тиббиёт
университети Илмий ишлар ва инновациялар бўйича
проректори, **ORCID ID:** 0000-0002-9309-3933

Масъул котиб:

Самиева Гулноза Утқуровна
тиббиёт фанлари доктори, доцент,
Самарқанд давлат тиббиёт университети
ORCID ID: 0000-0002-6142-7054

Наир учун масъул:

Шахинова Шахиноза Шавкатовна
PhD, Самарқанд давлат тиббиёт университети,
онкология кафедраси
ORCID ID: 0000-0003-0888-9150

ТАХРИРИЯТ КЕНГАШИ:

Арипова Тамара Уктамовна

*Иммунология ва инсон геномикаси институти директори –
тиббиёт фанлари доктори, профессор, Ўзбекистон
Республикаси Фанлар академияси академиги*

Jin Young Choi

*Сеул миллий университети Стоматология мактаби оғиз ва
юз-жағ жарроҳлиги департаменти профессори, Жанубий
Кореянинг юз-жағ ва эстетик жарроҳлик ассоциацияси
президенти*

Абдуллаева Наргиза Нурмаматовна

*тиббиёт фанлари доктори, профессор, Самарқанд
давлат тиббиёт университети проректори, 1-клиникаси бош
врачи. ORCID ID: 0000-0002-7529-4248*

Худоярова Дилдора Рахимовна

*тиббиёт фанлари доктори, доцент, Самарқанд давлат
тиббиёт университети №1-сон Акушерлик ва гинекология
кафедраси мудири*

ORCID ID: 0000-0001-5770-2255

Орипов Фирдавс Суръатович

*тиббиёт фанлари доктори, доцент, Самарқанд давлат
тиббиёт университети Гистология, цитология ва*

эмбриология кафедраси мудири
ORCID ID: 0000-0002-0615-0144

Мавлянов Фарход Шавкатович

*тиббиёт фандар доктори, Самарқанд давлат тиббиёт
университети болалар жарроҳлиги кафедраси доценти*

ORCID ID: 0000-0003-2650-4445

Акбаров Миршавкат Миролминович

*тиббиёт фанлари доктори, В.Ваҳидов номидаги
Республика ихтисослаштирилган жарроҳлик маркази*

Саидов Сайдамир Абборович

*тиббиёт фанлар доктори,
Тошкент фармацевтика институти*
ORCID ID: 0000-0002-6616-5428

Бабаджанов Ойбек Абдужаббарович

*тиббиёт фанлари доктори, Тошкент педиатрия
тиббиёт институти, Тери-таносил, болалар
тери-таносил касалликлари ва ОИТС*
ORCID ID: 0000-0002-3022-916X

Теребаев Билим Алдамуратович

*тиббиёт фанлари номзоди, доцент, Тошкент
педиатрия тиббиёт институти Факультет болалар
хирургия кафедраси. ORCID ID: 0000-0002-5409-4327*

Юлдашев Ботир Ахматович

*тиббиёт фанлари номзоди,
Самарқанд давлат тиббиёт университети
№2-сон Педиатрия, неонатология ва болалар
касалликлари пропедевтикаси кафедраси доценти.*
ORCID ID: 0000-0003-2442-1523

Ибрагимова Малика Худайбергановна

*тиббиёт фанлари доктори, профессор
Тошкент давлат стоматология институти*
ORCID ID: 0000-0002-9235-1742

Рахимов Нодир Махамматкулович

*тиббиёт фанлари доктори, Самарқанд давлат
тиббиёт университети, онкология кафедраси доценти*
ORCID ID: 0000-0001-5272-5503

Саҳифаловчи: Хуршид Мирзахмедов

Контакт редакций журналлов. www.tadqiqot.uz

000 Tadqiqot город Ташкент,
улица Амира Темура пр.1, дом-2.

Web: <http://www.tadqiqot.uz/>; E-mail: info@tadqiqot.uz

Тел: (+998-94) 404-0000

Editorial staff of the journals of www.tadqiqot.uz

Tadqiqot LLC The city of Tashkent,
Amir Temur Street pr.1, House 2.

Web: <http://www.tadqiqot.uz/>; E-mail: info@tadqiqot.uz

Phone: (+998-94) 404-0000

Главный редактор:

Ризаев Жасур Алимджанович
доктор медицинских наук, профессор, Ректор Самаркандского государственного медицинского университета, ORCID ID: 0000-0001-5468-9403

Заместитель главного редактора:

Зиядуллаев Шухрат Худайбердиевич
доктор медицинских наук, проректор по научной работе и инновациям Самаркандского государственного медицинского университета, ORCID ID: 0000-0002-9309-

Ответственный секретарь:

Самиева Гульноза Уткуровна
доктор медицинских наук, доцент Самаркандского государственного медицинского университета, ORCID ID: 0000-0002-6142-7054

Ответственный за публикации:

Шаханова Шахноза Шавкатовна
PhD кафедры онкологии Самаркандского государственного медицинского университета, ORCID ID: 0000-0003-0858-9150

РЕДАКЦИОННЫЙ КОЛЛЕГИЯ:

Арипова Тамара Уктамовна

директор Института иммунологии и генетики человека доктор медицинских наук, профессор, академик АН РУз

Jin Young Choi

профессор департамента оральной и челюстно-лицевой хирургии школы стоматологии Стоматологического госпиталя Сеульского национального университета, Президент Корейского общества челюстно-лицевой и эстетической хирургии

Абдуллаева Наргиза Нурмаатовна

доктор медицинских наук, профессор, проректор Самаркандского государственного медицинского университета, ORCID ID: 0000-0002-7529-4248

Худоярова Дилдора Рахимовна

доктор медицинских наук, доцент, заведующая кафедрой Акушерства и гинекологии №1 Самаркандского государственного медицинского университета ORCID ID: 0000-0001-5770-2255

Орипов Фирдавс Суръатович

доктор медицинских наук, доцент, заведующий кафедрой Гистологии, цитологии и эмбриологии Самаркандского государственного медицинского университета ORCID ID: 0000-0002-0615-0144

Мавлянов Фарход Шавкатович

доктор медицинских наук, доцент кафедры Детской хирургии Самаркандского государственного медицинского университета, ORCID ID: 0000-0003-2650-4445

Акбаров Миршавкат Миролимович

доктор медицинских наук, Республиканский специализированный центр хирургии имени академика В.Вахидова

Сайдов Саидамир Аброворвич

доктор медицинских наук, Ташкентский фармацевтический институт ORCID ID: 0000-0002-6616-5428

Бабаджанов Ойбек Абдужаббарович

доктор медицинских наук, Ташкентский педиатрический медицинский институт, кафедра Дерматовенерология, детская дерматовенерология и СПИД, ORCID ID: 0000-0002-3022-916X

Теребаев Билим Алдамуратович

кандидат медицинских наук, доцент кафедры Факультетской детской хирургии Ташкентского педиатрического медицинского института, ORCID ID: 0000-0002-5409-4327

Юлдашев Ботир Ахматович

кандидат медицинских наук, доцент кафедры Педиатрии, неонатологии и протекции детских болезней №2 Самаркандского государственного медицинского университета ORCID ID: 0000-0003-2442-1523

Ибрагимова Малика Худайбергеновна

доктор медицинских наук, профессор Ташкентского государственного стоматологического института ORCID ID: 0000-0002-9235-1742

Рахимов Нодир Махамматкулович

доктор медицинских наук, доцент кафедры онкологии Самаркандского государственного медицинского университета ORCID ID: 0000-0001-5272-5503

Верстка: Хуршид Мирзахмедов

Контакт редакций журналов. www.tadqiqot.uz
ООО Tadqiqot город Ташкент,
улица Амира Темура пр.1, дом-2.
Web: <http://www.tadqiqot.uz>; E-mail: info@tadqiqot.uz
Тел: (+998 94) 404-0000

Editorial staff of the journals of www.tadqiqot.uz
Tadqiqot LLC The city of Tashkent,
Amir Temur Street pr.1, House 2.
Web: <http://www.tadqiqot.uz>; E-mail: info@tadqiqot.uz
Phone: (+998 94) 404-0000

Chief Editor:

Rizaev Jasur Alimjanovich
MD, DSc, Professor of Dental Medicine,
Rector of the Samarkand State Medical University
ORCID ID: 0000-0001-5468-9403

Deputy Chief Editor:

Ziyadullaev Shukhrat Khudayberdievich
Doctor of Medical Sciences, Vice-Rector for scientific work
and Innovation, Samarkand State Medical University
ORCID ID: 0000-0002-9309-3933

Responsible secretary:

Samieva Gulnoza Utkurovna
doctor of Medical Sciences, Associate Professor,
Samarkand State Medical University
ORCID ID: 0000-0002-6142-7054

Responsible for publication:

Shakhanova Shakhnoza Shaykatovna
PhD Department of Oncology
Samarkand State medical university
ORCID ID: 0000-0003-0888-9150

EDITORIAL BOARD:

Aripova Tamara Uktamovna

*Director of the Institute of Immunology and Human Genomics -
Doctor of Medical Sciences, Professor, Academician of the
Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan*

Jin Young Choi

*Professor Department of Oral and Maxillofacial
Surgery School of Dentistry Dental Hospital
Seoul National University, President of the
Korean Society of Maxillofacial Aesthetic Surgery*

Abdullaeva Nargiza Nurmatovna

*Doctor of Medical Sciences, Professor, Vice-Rector
Samarkand State Medical University, Chief Physician of
the 1st Clinic ORCID ID: 0000-0002-7529-4248*

Khudoyarova Dildora Rakhimovna

*Doctor of Medical Sciences, Associate Professor,
Head of the Department of Obstetrics and Gynecology,
Samarkand State Medical University No.1
ORCID ID: 0000-0001-5770-2255*

Oripov Firdavs Suratovich

*Doctor of Medical Sciences, Associate Professor,
Head of the Department of Histology, Cytology and
Embryology of Samarkand State Medical University.
ORCID ID: 0000-0002-0615-0144*

Mavlyanov Farkhod Shaykatovich

*Doctor of Medicine, Associate Professor of Pediatric
Surgery, Samarkand State Medical University
ORCID ID: 0000-0003-2650-4445*

Akbarov Mirshavkat Mirolimovich

*Doctor of Medical Sciences,
Republican Specialized Center of Surgery
named after academician V.Vakhidov*

Saidov Saidamir

*Doctor of Medical Sciences,
Tashkent Pharmaceutical Institute,
ORCID ID: 0000-0002-6616-5428*

Babadjanov Oybek Abdujabbarovich

*Doctor of sciences in medicine, Tashkent Pediatric
Medical Institute, Department of Dermatovenerology,
pediatric dermatovenerology and AIDS
ORCID ID: 0000-0002-3022-916X*

Terebaev Bilim Aldamuratovich

*Candidate of Medical Sciences, Associate Professor,
Tashkent Pediatric Medical Institute,
Faculty of Children Department of Surgery.
ORCID ID: 0000-0002-5409-4327.*

Yuldashev Botir Akhmatovich

*Candidate of Medical Sciences, Associate Professor of
Pediatrics, Neonatology and Propaedeutics of Pediatrics,
Samarkand State Medical University No. 2.
ORCID ID: 0000-0003-2442-1523*

Ibragimova Malika Xudayberganova

*Doctor of Medical Sciences, Professor,
Tashkent State Dental Institute
ORCID ID: 0000-0002-9235-1742*

Rahimov Nodir Maxammatkulovich

*DSc, Associate Professor of Oncology,
Samarkand State Medical University
ORCID ID: 0000-0001-5272-5503*

Page Maker: Khurshid Mirzakhmedov

Контакт редакції журналов. www.tadqiqot.uz

ООО Тадqiqot город Ташкент,

улица Амира Темура пр.1, дом-2

Web: <http://www.tadqiqot.uz/>; E-mail: info@tadqiqot.uz

Тел: (+998-94) 404-0000

Editorial staff of the journals of www.tadqiqot.uz

Tadqiqot LLC The city of Tashkent,

Amir Temur Street pr.1, House 2.

Web: <http://www.tadqiqot.uz/>; E-mail: info@tadqiqot.uz

Phone: (+998-94) 404-0000

15. Yusupov A. Shukhrat, Atakulov O. Jamshed, Shamsiyev M. Azamat, Mamadaliyev M. Alisher
SURGICAL TREATMENT OF HIRSHPRUNG'S DISEASE.....106

INFECTIOUS DISEASES

16. Tuichiev N. Laziz, Tadjieva U. Nigora, Yarmukhamedova A. Nargiza, Samibayeva Kh. Umida, Imamova A. Elmira
ETIOLOGICAL AND EPIDEMIOLOGICAL ASPECTS OF THE NEW CORONAVIRUS INFECTION COVID-19.....112

OTORHINOLARYNGOLOGY


17. Amonov E. Shavkat., Erkinova F. Kamola., Nurmuxamedova B. Firuza., Khamrakulova O. Nargiza
CLINICAL COURSE OF ALLERGIC RHINITIS COMBINED WITH ADENOID VEGETATION AND RHINOSINUSITIS IN CHILDREN.....125
18. Nasretdinova T. Makhzuna, Normirova N. Nargiza, Bahronov Sh. Bekzod, Narzullayev D. Ilgor, Normurodov A. Nodir
DIZZINESS IN VESTIBULAR NEURONITIS: APPROACHES TO DIAGNOSIS AND TREATMENT.....133

MORPHOLOGY

19. Khamidova M. Farida, Ismoilov M. Jasur
NONSPECIFIC AND SPECIFIC FACTORS OF BRONCHOPULMONARY TISSUE IN INFLAMMATORY PATHOLOGY.....143
20. Oripova O. Ozoda, Islamov E. Shavkat
MORPHOLOGICAL SIGNS OF ALCOHOLIC CARDIOMYOPATHY.....154

NEUROLOGY

21. Ibragimova Sh. Malika
STUDYING RISK FACTORS FOR THE DEVELOPMENT OF INFANTIAL CEREBRAL PALSY IN CHILDREN AND THE NEED FOR THEIR PREVENTION.....159
22. Kim A. Olga
CLINICAL AND NEUROLOGICAL FEATURES OF ISCHEMIC STROKE IN YOUNG PEOPLE WITH ALCOHOL DEPENDENCE.....166
23. Mavlyanova F. Zilola, Burkhanova L. Gulnoza, Valiev S. Vildan, Asmandiyarova A. Amina, Yagudina A. Regina, Akhmadeeva R. Leyla
COMMITMENT TO THE TREATMENT OF VETERANS OF BATTLE OPERATIONS SUFFERING WITH CEPHALGIA AFTER CRANIO-BRAIN INJURIES.....173
24. Nasretdinova T. Maxzuna, Xayitov A. Alisher, Normirova N. Nargiza, Normurodov A. Nodir
DIAGNOSIS OF VERTIGO AND DIZZINESS IS A DIFFICULT CHALLENGE IN VARIOUS FIELDS OF MEDICINE PRACTICE.....180
25. Saidazizova H. Shaxlo, Tulyaganova M. Nodiraxon, Nazarova O. Sadoqat
ASSESSMENT OF CLINICAL OUTCOMES OF CEREBRAL STROKE IN CHILDREN.....188



БИОМЕДИЦИНА ВА АМАЛИЁТ ЖУРНАЛИ

ЖУРНАЛ БИОМЕДИЦИНЫ И ПРАКТИКИ | JOURNAL OF BIOMEDICINE AND PRACTICE

TUICHIEV Laziz Nadirovich

TAJIEVA Nigora Ubaydullaevna

YARMUKHAMEDOVA Nargiza Anvarovna

SAMIBAYEVA Umida Khurshidovna


IMAMOVA Ilmira Abdullaevna

Tashkent Medical Academy

Republican Specialized Scientific and Practical Medical Center
for Epidemiology, Microbiology, Infectious and Parasitic Diseases,
Samarkand State Medical University

ETIOLOGICAL AND EPIDEMIOLOGICAL ASPECTS OF THE NEW CORONAVIRUS INFECTION COVID-19

For citation: Tuichiev N. Laziz, Tadjieva U. Nigora, Yarmukhamedova A. Nargiza, Samibayeva Kh. Umida, Imamova A. Elmira. Etiological and epidemiological aspects of the new coronavirus infection Covid-19. // Journal of Biomedicine and Practice. 2023, vol. 8, issue 2, pp.

 <http://dx.doi.org/10.5281/zenodo.0000000>

ANNOTATION

The purpose of the study: Study in detail the etiological and epidemiological aspects of COVID-19, which will make it possible to understand the temporal transformation of this infectious disease. This will allow, based on the literature review data, to expand and correct the view of epidemiologists and practicing physicians on this infection.

Conclusion:

1. The study of the etiological and epidemiological properties of COVID-19 using molecular genetic research methods continues to indicate the discovery of new ways of interactions of coronaviruses with the human body, this will improve new approaches to the prevention of this infection.
2. The transformation of coronavirus infection has been established: registration of mild cases until 2002, registration of SARS-Cov in 2002, registration of MERS-Cov in 2012, which caused epidemics with the development of severe forms of infection and nosocomial outbreaks, in 2019 SARS-CoV-2 which caused a severe acute respiratory syndrome with high mortality. At the present stage, there is a gradual decrease in the aggression of the virus.
3. The main epidemiological and clinical criteria necessary for diagnosing COVID-19 in the initial period of a pandemic have been determined.
4. The main method of preventing severe forms of COVID-19 is vaccine prevention with guaranteed safety before widespread use.

Key words: COVID-19, SARS-CoV-2 virus, etiology, epidemiology.

ТУЙЧИЕВ Лазиз Надирович
ТАДЖИЕВА Нигора Убайдуллаевна
ЯРМУХАМЕДОВА Наргиза Анваровна
САМИБАЕВА Умида Хуршидовна
ИМАМОВА Ильмира Абдуллаевна

Ташкентская медицинская академия
Республиканский специализированный научно-практический медицинский центр
эпидемиологии, микробиологии, инфекционных и паразитарных заболеваний,
Самаркандский государственный медицинский университет

ЭТИОЛОГИЧЕСКИЕ И ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ НОВОЙ КОРОНАВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИИ COVID-19

АННОТАЦИЯ

Цель: детально изучить этиологические и эпидемиологические аспекты COVID-19, что позволит понять временное преобразование данного инфекционного заболевания. Это позволит на основании данных обзора литературы расширить и скорректировать взгляд эпидемиологов, практикующий врачей на данную инфекцию.

Заключение.

1. Изучение этиологических и эпидемиологических свойств COVID-19 с использованием молекулярно-генетических методов исследования продолжают указывать на обнаружение новых путей взаимодействий коронавирусов с организмом человека, это позволит усовершенствовать новые подходы к профилактике данной инфекции.

2. Установлена трансформация коронавирусной инфекции: регистрация легких случаев до 2002 года, в 2002 году регистрация SARS-Cov, в 2012 году MERS-Cov, которые стали причиной эпидемий с развитием тяжелых форм инфекции и внутрибольничных вспышек, в 2019 году SARS-CoV-2, ставшая причиной тяжелого острого респираторного синдрома с высокой летальностью. На современном этапе наблюдается постепенное снижение агрессивности вируса.

3. Определены основные эпидемиологические и клинические критерии, необходимые для диагностирования COVID-19 в начальном периоде пандемии.

4. Основным методом профилактики тяжелых форм COVID-19 является вакцинопрофилактика с гарантированной безопасностью перед широким применением.

Ключевые слова: COVID-19, вирус SARS-CoV-2, этиология, эпидемиология.

TUYCHIEV Laziz Nadirovich
TADJIEVA Nigora Ubaydullaevna
YARMUXAMEDOVA Nargiza Anvarovna
SAMIBAEVA Umida Xurshidovna
IMAMOVA Ilmira Abdullaevna

Toshkent tibbiyot akademiyasi
Respublika ixtisoslashtirilgan epidemiologiya, mikrobiologiya,
yuqumli va parazitlar kasalliklar ilmiy-amaliy tibbiyot markazi
Samarqand Davlat tibbiyot universiteti

YANGI COVID-19 KORONAVIRUS INFEKSIYASINING ETIOLOGIK VA EPIDEMIOLOGIK JIHLTLARI

Тадқиқот мақсади: COVID-19 ning etiologik va epidemiologik jihatlari batafsil o'rganish, bu bizga ushbu yuqumli kasallikning vaqtinchalik o'zgarishini tushunishga imkon beradi. Bu adabiyotlarni o'rganish ma'lumotlariga asoslanib, epidemiologlar va amaliyotchi shifokorlarning ushbu infeksiyaga nisbatan nuqtai nazarini kengaytirish va tuzatishga imkon beradi.

Хулоса:

1. Molekulyar genetik tadqiqot usullaridan foydalangan holda COVID-19 ning etiologik va epidemiologik xususiyatlarini o'rganish koronaviruslarning inson tanasi bilan o'zaro ta'sirining yangi usullarini kashf qilishda davom etmoqda, bu ushbu infeksiyaning oldini olish bo'yicha yangi yondashuvlarni yaxshilaydi.
 2. Koronavirus infeksiyasining transformatsiyasi belgilandi: 2002 yilgacha engil kasalliklarni qayd etish, 2002 yilda SARS-Covni ro'yxatga olish, 2012 yilda infeksiyaning og'ir shakllarini rivojlanishi bilan epidemiya va kasalxona ichidagi epidemiyalarni keltirib chiqargan MERS-Covni qayd etish, 2019 yil SARS-CoV-2, bu o'lim darajasi yuqori bo'lgan og'ir o'tkir respirator sindromni keltirib chiqardi. Hozirgi bosqichda virusning tajovuzkorligining asta-sekin kamayishi kuzatiladi.
 3. Pandemiyaning dastlabki davrida COVID-19 tashxisini qo'yish uchun zarur bo'lgan asosiy epidemiologik va klinik mezonlar belgilandi.
 4. COVID-19 ning og'ir shakllarini oldini olishning asosiy usuli keng tarqalgan foydalanishdan oldin kafolatlangan xavfsizlik bilan vaksinalarning oldini olishdir.
- Kalit so'zlar:** COVID-19, SARS-CoV-2 virusi, etiologiya, epidemiologiya.

Актуальность. Коронавирусы представляют собой полиморфную группу респираторных вирусов, вызывающих острые воспалительные заболевания, как у животных, так и у людей. Эволюция коронавирусов привела к тому, что за последние 50 лет отмечалась регистрация вспышек, вызванных новыми штаммами коронавирусов, в том числе наиболее трёх известных вспышек, протекающих с возможным развитием летального исхода. Исследователи считают, что главной причиной появления новых видов коронавируса является непосредственный контакт старых и новых биологических хозяев вируса и отсутствие должной санитарии, что характерно для азиатских рынков [1].

До недавнего времени инфекция у людей, характеризовалась сезонностью, с преимущественно частой регистрацией в осенне-зимний период и развитием легких форм, в виде респираторной инфекции верхних дыхательных путей. Однако, в 2002 году SARS-Cov и в 2012 году MERS-Cov стали причиной эпидемий с развитием тяжелых форм инфекции и внутрибольничных вспышек. В середине декабря 2019 года в Китае, в городе Ухань, возникла вспышка нового типа коронавирусной инфекции, которая в течение 30 дней с момента обнаружения распространился из города Ухань по всей стране, а затем скоротечно по всему миру. Группа исследователей Международного комитета по систематике, 11 февраля 2020 г. опубликовала заявление, в котором объявила официальное обозначение нового вируса, как тяжелый острый респираторный синдром (ТОРС) (SARS-CoV-2), а вызываемую им болезнь COVID-19 [2, 3].

По состоянию на август месяц 2022 г. во всем мире было зарегистрировано свыше 572 миллионов подтвержденных случаев COVID-19. Пандемия унесла свыше 6,39 миллиона жизней [4].

Из первых заразившихся 24 человека контактировали с рынком "Хуанань", где торговали морепродуктами, но были и заболевшие, у которых контакт с больными не был установлен. Оставалось неизвестным, как и когда этот вирус мог передаваться от животного-носителя к человеку [5].

Были проанализированы два недавних исследования, в которых был сделан вывод о том, что змеи являются промежуточными хозяевами 2019 nCoV и что шиповидные вставки 2019-nCoV имеют уникальное сходство с ВИЧ-1. Однако повторная реализация анализа, построенного на более крупномасштабных наборах данных с использованием современных методов и баз данных биоинформации, представляет четкие доказательства, опровергающие эти выводы. Затем с использованием метагеномных образцов *Manis javanica*, был собран черновик генома 2019-nCoV-подобного коронавируса, который показывает 73% покрытие и 91% идентичность последовательности с геномом 2019-nCoV. В частности, выравнивание домена, связывающего рецептор гликопротеина на поверхности шипа, выявило в четыре раза больше вариаций в коронавирусе летучих мышей RaTG13, чем в коронавирусе *Manis*, по

сравнению с 2019-nCoV, что позволяет предположить, что панголин является недостающим звеном в передаче 2019-nCoV от летучих мышей человеку [6].

Вирус SARS-CoV-2 подвержен мутациям и постоянно изменяется, вследствие чего регулярно появляются и исчезают его новые варианты. Сейчас выделяют не менее пяти основных: B.1.1.7 (впервые выявлен в Великобритании); B.1.351 (США); P.1 (Бразилия); B.1.427 и B.1.429 (США, Калифорния); B.1.617, или «Дельта» (Индия); B.1.1.529, или «Омикрон» (ЮАР, Ботсвана); ХЕ - мутация подвидов омикрон-штамма BA.1 и BA.2 (Великобритания). Гипотетически какие-то из этих вариантов могут ускользать из-под действия вакцинных антител, но общепризнанных сведений об этом пока нет, исследования продолжаются. Известно, что некоторые из этих штаммов могут быть наиболее заразными и быстрее распространяться, что увеличивает число новых случаев заболевания.

Новый штамм коронавируса «Омикрон» впервые обнаружили в ЮАР и Ботсване в ноябре 2021 года. Он стремительно распространяется по всему миру. В омикрон-штамме присутствует более 30 мутаций в S-белке - шипе на оболочке вируса, с помощью которого он проникает в клетку. Благодаря этим мутациям снижается эффективность нейтрализующих антител, т.е. повышается риск заразиться для вакцинированных и переболевших [7,8,9].

Возбудитель коронавирусов является спирально-симметричными РНК-содержащим вирусом с одной цепью РНК. Они представляют собой сферические образования размером 80-220 нм. Внешне напоминают солнечную корону благодаря своей суперкапсид-липидной оболочке, окружённой белковыми шипами. Отсюда и происходит название этих вирусов [10].

Наиболее тяжелая эпидемиологическая ситуация по распространению COVID-19 и летальности от этого заболевания отмечалась в Китае, Италии, Испании, Иране, Южной Корее. Распространение COVID-19 среди населения разных стран имеет общие закономерности и выше среди людей мужского пола, старшего возраста, среди людей с нарушениями иммунитета и наличием сопутствующих хронических заболеваний, при которых увеличивается и частота летальных исходов. Анализ числа случаев заболеваний и летальных исходов обнаруживает значительные различия в распространении COVID-19 в разных странах мира. В Узбекистане первый случай заболевания коронавирусной инфекцией, вызванной вирусом SARS-CoV-2, выявлен 15 марта 2020 года у женщины вернувшейся из Франции. При этом до конца марта 2020 г. заболеваемость в стране оставалась низкой, а число новых выявленных инфицированных лиц не превышало 16 человек в сутки. В последующем динамика ежедневного прироста новых случаев заболевания демонстрировала неустойчивый характер с выраженным ростом заболеваемости к июню 2020 г. [11].

На сегодняшний день известно, что источником инфекции является больной человек, в том числе находящийся в инкубационном периоде заболевания, и бессимптомный носитель SARS-CoV-2. Наибольшую опасность для окружающих представляет больной человек в последние два дня инкубационного периода и первые дни болезни. При этом, передача инфекции осуществляется воздушно-капельным, воздушно-пылевым и контактно-бытовым путями. Ведущим путем передачи SARS-CoV-2 является воздушно-капельный, который реализуется при кашле, чихании и разговоре на близком (менее 2 метров) расстоянии. Возможен контактно-бытовой путь передачи, который реализуется во время рукопожатий и при других видах непосредственного контакта с инфицированным человеком, а также через поверхности и предметы, контаминированные вирусом [12].

В образцах фекалий больных COVID-19, исследователями обнаруживается РНК SARS-CoV-2, однако риск инфицирования посредством фекально-орального механизма передачи является низким [12, 13].

Установлена роль COVID-19, как инфекции, связанной с оказанием медицинской помощи, ибо изначально при пандемии медицинские работники подвергались самому высокому риску инфицирования в процессе выполнения профессиональных обязанностей, где имело место длительного аэрозольного контакта с пациентом. Риск реализации воздушно-капельного, пылевого и контактно-бытового путей передачи возбудителя повышается в условиях несоблюдения требований санитарно-противоэпидемического режима, правил

эпидемиологической безопасности, в том числе использования средств индивидуальной защиты. При этом после контактов с пациентами персонал учреждений также может становиться источником инфекции с возможной передачей контактным путем за счет присутствия вируса на одежде, волосах, коже, а также в результате повторных эпизодов вирусывыделения, в том числе в случаях повторного заражения, которые к настоящему моменту не исключены. Существует риск формирования эпидемических очагов COVID-19 в организованных коллективах и коллективах организаций закрытого типа при несоблюдении мер профилактики инфекции [14].

Согласно различным протоколам, стандартное определение случая заболевания COVID-19 устанавливается следующим образом: подозрительный на COVID-19 случай, когда клинические проявления острой респираторной инфекции (ОРИ) (температура тела выше $37,5^{\circ}\text{C}$ и один или более из следующих признаков: кашель - сухой или со скудной мокротой, одышка, ощущение заложенности в грудной клетке, насыщение крови кислородом по данным пульсоксиметрии (SpO_2) $\leq 95\%$, боль в горле, заложенность носа или умеренная ринорея, нарушение или потеря обоняния (гипосмия или anosmia), потеря вкуса (дисгевзия), конъюнктивит, слабость, мышечные и головная боль, кожная сыпь, рвота, диарея) при отсутствии других известных причин, которые объясняют клиническую картину вне зависимости от эпидемиологического анамнеза; вероятный (клинически подтвержденный) случай COVID-19, когда клинические проявления ОРИ (t тела $> 37,5^{\circ}\text{C}$ и один или более признаков: кашель, сухой или со скудной мокротой, одышка, ощущение заложенности в грудной клетке, $\text{SpO}_2 \leq 95\%$, боль в горле, заложенность носа или умеренная ринорея, нарушение или потеря обоняния (гипосмия или anosmia), потеря вкуса (дисгевзия), конъюнктивит, слабость, мышечные боли, головная боль, рвота, диарея, кожная сыпь) при наличии хотя бы одного из эпидемиологических признаков:

- наличие тесных контактов за последние 7 дней с лицом, находящимся под наблюдением по COVID-19, который в последующем заболел;
- возвращение из зарубежной поездки за 7 дней до появления симптомов;
- наличие тесных контактов за последние 7 дней с лицом, у которого лабораторно подтвержден диагноз COVID-19;
- наличие профессиональных контактов с лицами, у которых выявлен подозрительный или подтвержденный случай заболевания COVID-19.

При этом обязательным является сочетание данных с характерными изменениями в легких по данным компьютерной томографии вне зависимости от результатов однократного лабораторного исследования на наличие РНК SARS-CoV-2 и эпидемиологического анамнеза.

Подтвержденный случай COVID-19 рассматривается при положительном результате лабораторного исследования на наличие РНК SARS-CoV-2 с применением методов амплификации нуклеиновых кислот (ПЦР) или антигена SARS-CoV-2 с применением иммунохроматографического анализа вне зависимости от клинических проявлений [15].

Интервал, в течение которого человек с COVID-19 остается заразным, не определен. По-видимому, SARS-CoV-2 может передаваться до появления клинических симптомов и во время всего периода заболевания. Следует отметить, что эти выводы основаны на данных о выявлении РНК вируса в образцах секрета дыхательных путей, однако обнаружение вирусной РНК не обязательно указывает на выделение пациентом способных к заражению вирусных частиц - вирионов. Концентрация вирусной РНК в образцах из верхних дыхательных путей наиболее высока в период после начала проявления симптомов и снижается по мере течения заболевания. Кроме того, в исследовании девяти пациентов с легкой формой COVID-19 ученым удалось выделить вирионы из мазков с носо- и ротоглотки, а также образцов мокроты в первые восемь дней заболевания. После этого периода выделение вирионов прекратилось, несмотря на то, что концентрация вирусной РНК оставалась высокой [16, 17, 18].

Другая группа исследователей построила модель инфицирования, основанную на 77 подтвержденных случаях заражения в Китае (со средней продолжительностью инкубационного периода 5,8 суток). По результатам изучения данной модели с учетом

инкубационного периода были сделаны следующие выводы: заразный период начинался за 2,3 дня до первых проявлений, заразность достигала пика за 0,7 дней до первых проявлений, после чего постепенно снижалась в течение 7 дней. Ограничения модели состояли в том, что большинство из этих пациентов были изолированы вскоре после начала клинических проявлений, что снизило риск дальнейшей передачи инфекции независимо от истинной заразности [16].

Эти выводы подкрепляют мнение о том, что пациенты могут быть более заразными на ранних стадиях заболевания, но для подтверждения этой гипотезы необходимо больше данных.

Согласно анализу 72314 случаев заболеваний Центра по контролю и предотвращению заболеваний Китая по состоянию на 11 февраля 2020 г. в 87% случаев заболевшие были в возрасте от 30 до 79 лет, в 1% - дети 9 лет и младше, ещё 1% - дети и подростки в возрасте от 10 до 19 лет, и пожилые люди в возрасте от 80 лет - в 3%. Доля заболевших людей мужского и женского пола составила 51% и 49%, соответственно. Среди заболевших COVID-19 медицинские работники составляли 4%. Наибольшее число заболевших зарегистрировано в среднем возрасте от 50 до 59 лет [19]. Установлено, что, для лиц, которые находятся в группе высокого риска осложнений, связанных с COVID-19, включая пожилых людей и пациентов с имеющимися серьезными сопутствующими заболеваниями (сердечно-сосудистые и онкологические заболевания, сахарный диабет, заболевания легких), существуют максимальные риски осложнений и раннего летального исхода [20].

Также европейские ученые определили, что COVID-19 повышает риск развития диабета 2 типа. В случае подтверждения эти результаты подтверждают активный мониторинг нарушения регуляции уровня глюкозы после выздоровления [21].

Опубликованные последние данные, свидетельствуют о том, что пациенты, у которых заболевание протекает в бессимптомной форме, в течение 2-8 дней все еще способны передавать инфекцию. Так, Zou L. и соавт. [22] проследили за экспрессией вируса в тампонах от инфицированных людей в когорте пациентов. Они обнаружили увеличение вирусной нагрузки в то время, когда у пациентов появились симптомы заболевания. У одного пациента симптомы заболевания так и не проявились, и только на 7 день перестал выделяться вирус после регистрации предполагаемого времени инфицирования.

Несмотря на многообразие подходов к классификации SARS-CoV-2, консорциум GISAID (Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data) сформировал собственную, обобщенную систему классификации согласно которой выделяют семь основных клейдов (на основе характерных наборов мутаций): S, L, V, G, GH, GR, GV. Клейды G и GR преобладают в Европе, в то время как S и GH - в основном в Северной и Южной Америке. Референсный клейд L представлен преимущественно последовательностями из Азии. В настоящее время представители клейда G и его производных - GH и GR, наиболее распространены среди секвенированных геномов SARS-CoV-2, на долю которых в глобальном масштабе приходится 74% всех известных последовательностей. В частности, клейд GR, несущий комбинацию мутаций D614G S-белка и RG203KR N-белка, в настоящее время является самым распространенным представителем SARS-CoV-2 в мире. Исходный вирусный штамм, представленный клейдом L, по-прежнему составляет 7% от числа секвенированных геномов [23].

Классификация GISAID дополняется более детальной динамической системой номенклатуры, предложенной Rambaut и соавт. [24]. На основе этой системы разработано программное обеспечение pangolin, которое позволяет автоматически классифицировать новые геномы [25].

Молекулярно-генетический мониторинг новой коронавирусной инфекции и филогенетический анализ позволили выделить разные генетические варианты SARS-CoV-2, отличающиеся своей географической распространенностью [26]. Первые сообщения о генетическом исследовании хозяина путем глубокого секвенирования проведено в китайской популяции. Проводили анализ 332 пациентов с COVID-19, классифицированных по разным

уровням тяжести. Это геномное исследование китайских пациентов дает генетическое представление о фенотипических различиях между группами пациентов с COVID-19 и выделяет гены и варианты, которые могут помочь направить целенаправленные усилия по сдерживанию вспышки [27]. С момента секвенирования первого генома SARS-CoV-2 и по настоящее время были получены десятки тысяч последовательностей полных геномов SARS-CoV-2 из разных регионов мира. Информация о новых секвенированных изолятах SARS-CoV-2 депонируется в международную базу данных GISAID (<https://www.gisaid.org/>), в которой содержится более 63 тысяч последовательностей полных геномов SARS-CoV-2. В течение года после первоначальной идентификации SARS-CoV-2 в публичные базы данных было внесено более 280 000 полных геномных последовательностей этого вируса. Идентифицирован ряд мутаций и полиморфизмов, влияющих на структуру и стабильность белков- факторов восприимчивости к инфекции SARS-CoV-2, а также предрасположенности к развитию дыхательной недостаточности и потребности в интенсивной терапии. Большинство идентифицированных генетических факторов имеет отношение к функциям иммунной системы. Детерминанты тяжести заболевания, по-видимому, зависят почти исключительно от факторов хозяина, а не от генетической изменчивости вируса [28].

Китайские ученые исследовали потенциальную предрасположенность к COVID-19, изучив полиморфизмы ДНК в ACE2 и TMPRSS2 (два ключевых фактора хозяина SARS-CoV-2) из 81 000 геномов человека. В частности, было обнаружено, что полиморфизмы ACE2 связаны с сердечно-сосудистыми и легочными заболеваниями за счет изменения взаимодействий ангиотензиноген-ACE2, таких как p.Arg514Gly, у афроамериканского населения [29]. С другой стороны, на распространение и тяжесть течения COVID-19 влияет генетический полиморфизм самого вируса [30].

На сегодняшний день установлено, что геном вируса накапливает мутации и эволюционирует в сторону повышения контагиозности, репликативной способности и уклонения от иммунной системы хозяина. В декабре 2019 года появились сообщения о выделении в Великобритании нового штамма SARS-CoV-2, характеризующегося повышенным уровнем контагиозности. По данным филогенетического анализа этот штамм формирует отдельный филогенетический кластер (линия B.1.1.7). В S-белке этого вируса идентифицированы семь характерных мутаций: RBD (N501Y, A570D), S1 (ΔH69/V70) и S2 (P681H, T716I, S982A и D1118H). Делеция ΔH69/V70 в S1 способствует ускользанию вируса от иммунного ответа [31].

Очевидно, что значительная доля мутаций, которые влияли на трансмиссивность вируса, содержится в гене, кодирующем S-белок. Это очень важное наблюдение должно быть принято во внимание разработчиками вакцин против SARS-CoV-2, подавляющее число которых основано на S-белке. Существует несколько подходов к сравнительному геномному анализу вариантов SARS-CoV-2. В одном из них, предложенном Forster P. и соавт., [32] выделяют три основных варианта SARS-CoV-2 (A, B, C), которые различаются аминокислотными заменами. Типы A и C встречаются в основном в Европе и Америке. Напротив, тип B наиболее распространен в Восточной Азии, а его предковый геном, видимо, не вышел за пределы Восточной Азии, что предполагает существование иммунологической или экологической устойчивости к этому типу за пределами Азии. Эти исследования дополнены группой ученых из Гонконга, которые провели филогенетический и филодинамический анализ 247 геномных последовательностей SARS-CoV-2, доступных в базе данных GISAID на 5 марта 2020 года. Среди них идентифицировали четыре генетических кластера вирусов, названных «суперраспространителями» (super-spreaders, SS), т.е. вирусы, которые вызвали крупные вспышки заболевания COVID-19 в разных странах мира. Так, SS1 был широко распространен в Азии и США и в основном ответствен за вспышки в штатах Вашингтон и Калифорния, а также в Южной Корее, тогда как SS4 способствовал развитию пандемии в Европе. Используя сигнатурные мутации каждого SS в качестве маркеров, дополнительно проанализировали 1539 последовательностей генома SARS-CoV-2, зарегистрированных после 29 февраля 2020 года, и обнаружили, что 90% этих геномов были «суперраспространителями», причем доминировал

SS4. Проводя параллели с работой Forster P.[32], следует отметить, что вирус, идентифицированный как SS1, эквивалентен типу В, SS2 - типу С, а тип А - предковый вариант. Эти особенности организации генома могут быть следствием межвирусной рекомбинации [33].

Установлено, что 3 варианта (альфа, бета и гамма) вируса имеют на уровне ключевого участка S-белка (рецептор-связывающего домена, receptor binding domain (RBD)) мутацию N501Y, ассоциированную с повышенной аффинностью к рецептору ангиотензинпревращающего фермента 2 (АПФ2) (angiotensin-converting enzyme 2, ACE2). Это, в свою очередь, может способствовать повышенной трансмиссивности возбудителя. В конце 2020 г. международное научное сообщество описало несколько вызывающих настороженность вариантов SARS-CoV-2, которые требуют особого внимания. Это прежде всего альфа (ранее имевший название «британский», В.1.1.7), бета («южноафриканский», В.1.351), гамма («бразильский», Р.1) и дельта («индийский», В.1.617.2). Указанные разновидности вируса заинтересовали исследователей после того, как в ряде географических регионов планеты стали появляться сообщения об учащении случаев передачи данных инфекционных агентов от человека к человеку, а впоследствии новые варианты патогена были обнаружены во многих странах. Например, вариант альфа быстро распространился на юго-востоке Великобритании, где вызвал большое количество эпизодов заболевания, и вскоре после этого был выявлен в США (Центры по контролю и профилактике заболеваний, Centers for Disease Control and Prevention (CDC) сделавшись доминирующим на территории этой страны к апрелю 2021 г. [34]. Аналогичным образом варианты из Южно-Африканской Республики (ЮАР) и Бразилии обусловили вспышки COVID-19 в этих государствах. Перечисленные разновидности SARS-CoV-2 также вызывают озабоченность, поскольку содержат в S-белке мутацию E484K, которая, вероятно, снижает эффективность некоторых терапевтических моноклональных АТ, затрудняет нейтрализацию вируса *in vitro* и может привести к его потенциальному уходу от иммунной защиты, сформировавшейся после ранее перенесённой инфекции или вакцинации [35].

В мае 2021 г. в Российской Федерации обнаружен штамм дельта, ранее ставший причиной высокой заболеваемости в Индии, причём его распространённость на территории страны с этого времени стремительно росла. Более того, в России также выявлены локальные штаммы, в том числе сибирский (В.1.1.397) и северо-западный (В.1.1.370.1), несущие мутации в гене S-белка [36, 37].

Подавляющее большинство российских изолятов SARSCoV-2 имеет европейское происхождение. Вирусный геном значительной части российских изолятов SARSCoV-2 эволюционирует с накоплением новых мутаций, способствующих повышению трансмиссивности вируса. Высокая частота мутаций C241T, C3037T и C14408T в гене ORF1ab, кодирующем белки репликативного комплекса, и мутации A23403G в гене S, продукты которого взаимодействуют с рецептором ACE2, были обнаружены в изолятах вируса SARS-CoV-2 из стран Западной Европы, где заболевание COVID-19 протекает более тяжело, чем в других географических регионах [38].

В Узбекистане сотрудниками Центра геномики и биоинформатики Академии наук Республики Узбекистан установлены полные геномы коронавируса и провели биоинформатический анализ. Результаты были размещены в базе данных GISAID (<https://www.gisaid.org>, открытой базе данных для данных генома коронавируса). В результате выявлено генеалогическое расположение 18 вариантов COVID-19, выявленных в Узбекистане, где было показано, что выявленные варианты относятся к группам GR (20B) и S (19B). Ветвь GR (20B) генеалогического дерева наряду с Узбекистаном встречается, в основном в странах Европы, Азии, Африки и Австралии, а группа S (19B) включает геномы азиатских и африканских вирусов. Это означает, что вирусы попали в нашу страну не из единственного источника. Информация о вариантах коронавируса в Узбекистане очень важна для разработки вакцин против различных штаммов вируса, распространённых в нашей стране [39].

В настоящее время, изучение эволюции SARS-CoV-2 и своевременное выявление замен, вставок или делеций, которые могут повлиять на свойства вируса и способствовать фенотипическим изменениям, является важным инструментом эпидемиологического мониторинга. Мониторинг мутаций вируса во времени и пространстве также может помочь отслеживать распространение патогена и способствовать формированию более полного представления о потенциальных путях и динамике передачи инфекции. Одним из наиболее очевидных результатов генетического секвенирования является обнаружение мутаций, которые коррелируют с изменением трансмиссивности или патогенности вируса или могут снизить эффективность лечебно-диагностических средств и вакцин [40].

Основным методом профилактики тяжелых форм COVID-19 является вакцинопрофилактика. В настоящее время применяются несколько различных типов потенциальных вакцин против COVID-19, в том числе: инактивированные или ослабленные вирусные вакцины с использованием вируса, который был инактивирован или ослаблен и не вызывает болезни, но при этом генерирует иммунный ответ (вакцина от компании Sinopharm).

Вакцины на основе белка с использованием безвредных фрагментов белка или содержащей белок скорлупы, имитирующих вирус COVID-19, для безопасного иммунного ответа. "ЭпиВакКорона" - пример такой вакцины.

Вирусные векторные вакцины с использованием генетически модифицированного вируса, который не может вызывать болезни, но производит белки коронавируса, способные безопасно генерировать иммунный ответ (вакцина "Спутник V").

РНК-вакцины и ДНК-вакцины - передовой подход, использующий генетически модифицированные РНК или ДНК для создания белка, который безопасно вызывает иммунный ответ (вакцины от компаний Pfizer и Moderna).

После вакцинации эффект наступает примерно через три недели. Преимущества вакцин от COVID-19: в целом хорошая переносимость, отсутствие тяжелых побочных эффектов и хороший иммунный ответ у большинства привитых. Недостатком можно назвать лишь неопределенный период действия появившегося иммунитета после вакцинации. Все потенциально возможные и используемые вакцины против COVID-19 проходят тщательные исследования, чтобы гарантировать их максимальную безопасность перед широким применением. На сегодняшний день использование доступных вакцин показало достаточную их безопасность и возможность применения исходя из соотношения риск-польза для популяции. Как и у любой вакцины имеются определенные противопоказания, возможны аллергические реакции, однако они случаются редко [41].

Никаких серьезных побочных эффектов от вакцин, зарегистрированных в Узбекистане не выявлено. В них нет живого коронавируса - только его компоненты на разных носителях, поэтому никакого риска привитые для окружающих людей не предоставляют. При этом нет никаких доказательств, что вакцины от коронавируса значительно увеличивают риск развития тромбоза, сейчас это относится к редким побочным явлениям, не превышающим таковые при любых медицинских манипуляциях. Специально следить за уровнем D-димера (маркера тромбообразования) после вакцинации не требуется.

Установлено, что после болезни иммунитет сохраняется как минимум три месяца, в это время повторные заболевания крайне редки, данных о максимальной иммунной памяти пока нет. Уровень антител класса G, необходимый для защиты организма от повторного заболевания, отличается у разных людей, его точное значение, гарантирующее длительную защиту, пока не определено. Повторные заражения у пациентов с иммунодефицитом могут возникнуть через 4-6 месяцев после перенесенной инфекции. Результаты исследований показывают, что иммунитет после вакцинации ни в чем не уступает иммунитету, приобретенному после болезни.

В рекомендации по лекарственным средствам для лечения COVID-19 отражают сохраняющуюся неопределенность в отношении влияния лечения на все важные для пациентов исходы. Из нерешенных вопросов оставалась резистентность, а также

эффективность в отношении новых вариантов, вызывающих интерес комбинация нирматрелвира и ритонавира [42].

Недавно из зарубежных новостей за 2022 год согласно новому исследованию, опубликованному в *New England Journal of Medicine*. Авторы изучили данные о госпитализации и смерти пациентов с COVID-19 из группы риска в возрасте 40 лет и старше, когда доминирующим штаммом в Израиле был первоначальный вариант Омикрона. При использовании противовирусного препарата Паксловид (нирматрелвира и ритонавира), снизился риск смерти от COVID-19 на 79% и уменьшалось количество госпитализаций на 73% у пациентов из группы риска в возрасте 65 лет и старше [43].

Таким образом, изучение этиологических и эпидемиологических свойств коронавирусной инфекции с использованием молекулярно-генетических методов исследования продолжают, при этом обнаружение новых путей взаимодействий коронавирусов с организмом человека может стать основой для разработки более эффективных стратегий борьбы с COVID-19. Разработка новых подходов к профилактике коронавирусной инфекции, использование наиболее эффективных способов вакцинопрофилактики должно стать основным направлением научных исследований.

REFERENCES / СНОСКИ / ИҚТИБОСЛАР:

1. Попович Ю.Г., Рахимова Р.Ж., Ахметжанова Д.О. COVID 19 - Новая инфекция XXI века // Наука и здравоохранение. 2020. - №4.
2. World Health Organization et al. Coronavirus disease 2019 (COVID-19): situation report, 2020.- С.73.
3. Coronavirus N. situation reports-World Health Organization (WHO), 2019 Novel Coronavirus (2019-nCoV) in the US //US Centers for Disease Control and Prevention (CDC), symptoms of Novel Coronavirus (2019-nCoV)-CDC, china Travel Advisory-US State Department. Accessed. – 2020. – Т. 31.
4. WHO Coronavirus (COVID-19) Dashboard [онлайн база данных]. Женева: Всемирная организация здравоохранения; 2021 г. (<https://apps.who.int/iris/handle/10665/332779>)
5. Li Q. et al. Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus-infected pneumonia //New England journal of medicine. - 2020.
6. Zhang C. et al. Protein structure and sequence reanalysis of 2019-nCoV genome refutes snakes as its intermediate host and the unique similarity between its spike protein insertions and HIV-1 //Journal of proteome research. - 2020. - Т. 19. - №. 4. - С. 1351-1360.
7. Национальный институт инфекционных заболеваний, Южная Африка. Часто задаваемые вопросы о мутировавшей линии B.1.1.529 SARS-CoV-2 в Южной Африке.<https://www.nicd.ac.za/frequently-asked-questions-for-the-b-1-1-529-mutated-sars-cov-2-lineage-in-south-africa/> (по состоянию на ноябрь 29, 2021)
8. Европейский центр профилактики и контроля заболеваний. Краткий обзор оценки угрозы: последствия появления и распространения SARS-CoV-2 B.1.1.529 вариант концерна (Omicron) для ЕС/ЕЭЗ.<https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/threat-assessment-brief-emergence-sars-cov-2-variant-b.1.1.529> (по состоянию на 29 ноября 2021 г.)
9. Всемирная организация здоровья. Усиление ответа на вариант Omicron SARS-CoV-2.[https://www.who.int/publications/m/item/enhancing-readiness-for-omicron-\(b.1.1.529\)-technical-brief-and-priority-actions-for-member-states](https://www.who.int/publications/m/item/enhancing-readiness-for-omicron-(b.1.1.529)-technical-brief-and-priority-actions-for-member-states) (по состоянию на 29 ноября 2021 г.)
10. Coronaviridae Study Group of the International Committee on Taxonomy of Viruses. The species Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2. *Nat Microbiol.* 2020 Apr; 5(4):536-544. doi: 10.1038/s41564-020-0695-z. Epub 2020 Mar 2. PMID: 32123347; PMCID: PMC7095448.

11. Саидалиев С. С., Мирзабаев Д. С., Мадаминов М. М. Опыт борьбы с коронавирусной инфекцией в Республике Узбекистан //Проблемы особо опасных инфекций. - 2020. - №. 2. - С. 138-140.
12. Centers for Disease Control and Prevention. Coronavirus Disease 2019 (COVID-19): People at Higher Risk. Centers for Disease Control and Prevention. Available at <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/specific-groups/high-risk-complications.html>. March 8, 2020; Accessed: March 9, 2.
13. Kolavita F., Lapa D., Carletti F. et al. Isolation of SARS-CoV-2 from the ocular secretions of a patient with COVID-19 in Italy with prolonged detection of viral RNA. *Ann Intern Med.* 2020.-№173.-С.242.
14. Попова А. Ю. Руженцова Т.А., Хавкина Д.А., Туйчиев Л.Н., Ахмедова М.Д. и др. Опыт международного сотрудничества по организации учреждениями здравоохранения противоэпидемических мероприятий в условиях пандемии COVID-19 в Республике Узбекистан. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2021;(3):122-128. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2021-3-122-128>.
15. Плутницкий А.Н. Профилактика, диагностика и лечение новой коронавирусной инфекции (COVID-19). Версия 17. 14.2.2022.
16. He X., Lau EHY, Wu P., Deng X., Wang J., Hao X., Lau Y.C., Wong J.Y., Guan Y., Tan X., Mo X., Chen Y., Liao B., Chen W., Hu F., Zhang Q., Zhong M., Wu Y., Zhao L., Zhang F., Cowling B.J., Li F., Leung G.M. Temporal dynamics in viral shedding and transmissibility of COVID-19. *Nat Med.* 2020 May.-№26(5).-С.672-675.
17. Jones T.C., Biele G., Mühlemann B., Veith T., Schneider J., Beheim-Schwarzbach J., Bleicker T., Tesch J., Schmidt M.L., Sander L.E., Kurth F., Menzel P., Schwarzer R., Zuchowski M., Hofmann J., Krumbholz A., Stein A., Edelmann A., Corman V.M., Drosten C. Estimating infectiousness throughout SARS-CoV-2 infection course. *Science.* 2021 Jul 9.-№373(6551):eabi5273. doi: 10.1126/science.abi5273. Epub 2021 May 25. PMID: 34035154; PMCID: PMC9267347.
18. Ke R., Martinez P.P., Smith R.L. et al. Daily longitudinal sampling of SARS-CoV-2 infection reveals a significant heterogeneity of infection. *Nat microbiol* 2022; 7:640
19. Wu Z., McGoogan J.M. Characteristics of and Important Lessons From the Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) Outbreak in China: Summary of a Report of 72 314 Cases From the Chinese Center for Disease Control and Prevention. *JAMA.* 2020 Apr 7;323(13):1239-1242. doi: 10.1001/jama.2020.2648. PMID: 32091533.
20. de Wilde A.H., Snijder E.J., Kikkert M., van Hemert M.J. Host Factors in Coronavirus Replication. *Curr Top Microbiol Immunol.* 2018; 419:1-42. doi: 10.1007/82_2017_25. PMID: 28643204; PMCID: PMC7119980.
21. Rathmann W., Kuss O., Kostev K. Incidence of newly diagnosed diabetes after Covid-19. *Diabetologia.* 2022 Jun;65(6):949-954. doi: 10.1007/s00125-022-05670-0. Epub 2022 Mar 16. PMID: 35292829; PMCID: PMC8923743.
22. Zou L., Ruan F., Huang M., Liang L., Huang H., Hong Z., et al. SARS-CoV-2 Viral Load in Upper Respiratory Specimens of Infected Patients. *N Engl J Med.* 2020 Feb 19. [Medline].
23. Mercatelli D., Giorgi F.M. Geographic and genomic distribution of SARS-CoV-2 mutations //Frontiers in microbiology. - 2020. - Т. 11. - С. 1800.
24. Rambaut A. et al. Louis du Plessis, and Oliver G //Pybus. 2020b. "A Dynamic Nomenclature Proposal for SARS-CoV-2 Lineages to Assist Genomic Epidemiology." *Nature Microbiology.* - 2020. - Т. 5. - №. 11. - С. 1403-7.
25. Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak LI Neages (PANGOLIN) updated 2020. <https://github.com/covlineages/pangolin>.
26. Никонова А.А. и др. Генетическое разнообразие и эволюция биологических свойств коронавируса SARS-COV-2 в условиях глобального распространения //Acta Naturae - 2021. - Т. 13. - №. 3. - С. 77-89.

27. Wang F., Huang S., Gao R., Zhou Y., Lai C., Li Z., Xian W., Qian X., Li Z., Huang Y., Tang Q., Liu P., Chen R., Liu R., Li X., Tong X., Zhou X., Bai Y., Duan G., Zhang T., Xu X., Wang J., Yang H., Liu S., He Q., Jin X., Liu L. Initial whole-genome sequencing and analysis of the host genetic contribution to COVID-19 severity and susceptibility. *Cell Discov.* 2020 Nov 10;6(1):83. doi: 10.1038/s41421-020-00231-4. PMID: 33298875; PMCID: PMC7653987.
28. Kaser A. Genetic risk of severe Covid-19 // *New England Journal of Medicine.* - 2020. - Т. 383. - №. 16. - С. 1590-1591.
29. Hou Y., Zhao J., Martin W., Kallianpur A., Chung M.K., Jehi L., Sharifi N., Erzurum S., Eng C., Cheng F. New insights into genetic susceptibility of COVID-19: an ACE2 and TMPRSS2 polymorphism analysis. *BMC Med.* 2020 Jul 15; 18(1):216. doi: 10.1186/s12916-020-01673-z. PMID: 32664879; PMCID: PMC7360473.
30. Вологжанин Д.А. и др. Генетика COVID-19 // *Клиническая практика.* - 2021. - Т. 12. - №. 1. - С. 41-52.
31. Meng B, et al. Recurrent emergence of SARS-CoV-2 spike deletion H69/V70 and its role in the Alpha variant B.1.1.7. *Cell Rep.* 2021 Jun 29; 35(13):109292. doi: 10.1016/j.celrep.2021.109292. Epub 2021 Jun 8. PMID: 34166617; PMCID: PMC8185188.
32. Forster P, Forster L, Renfrew C, Forster M. Phylogenetic network analysis of SARS-CoV-2 genomes. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2020 Apr 28;117(17):9241-9243. doi: 10.1073/pnas.2004999117. Epub 2020 Apr 8. PMID: 32269081; PMCID: PMC7196762.
33. Yang X. et al. Genetic cluster analysis of SARS-CoV-2 and the identification of those responsible for the major outbreaks in various countries // *Emerging microbes & infections.* - 2020. - Т. 9. - №. 1. - С. 1287-1299.
34. Centers for Disease Control and Prevention, CDC. About variants of the virus that causes COVID-19. - Atlanta (USA) CDC, 2021.
35. Wang W. B. et al. E484K mutation in SARS-CoV-2 RBD enhances binding affinity with hACE2 but reduces interactions with neutralizing antibodies and nanobodies: Binding free energy calculation studies // *Journal of Molecular Graphics and Modelling.* - 2021. - Т. 109. - С. 108035.
36. Gladkikh A. et al. Characterization of a novel SARS-CoV-2 genetic variant with distinct spike protein mutations // *Viruses.* - 2021. - Т. 13. - №. 6. - С. 1029.
37. Klink G. V. et al. The CoRGI (Coronavirus Russian Genetic Initiative) Consortium. 2021. "Spread of Endemic SARS-CoV-2 Lineages in Russia." bioRxiv // medRxiv.
38. Yin C. Genotyping coronavirus SARS-CoV-2: methods and implications // *Genomics.* - 2020. - Т. 112. - №. 5. - С. 3588-3596.66. Clohisey S, Baillie JK. Host susceptibility to severe influenza A virus infection. *Crit Care.* 2019; 23(1):303. doi: 10.1186/s13054-019-2566-7.
39. Centers for Disease Control and Prevention. New CDC Study: Vaccination Offers Higher Protection than Previous COVID-19 Infection. - 2021.
40. Всемирная организация здравоохранения. Лекарственная терапия при COVID-19. Вариативные рекомендации. - 2022. - 125 с.
41. Crist C. Paxlovid Reduces Risk of COVID Death by 79% in Older Adults: Study // *Medscape.* - 2022.
42. Hajibeygi, R., Mirghazanfari, S. M., Pahlavani, N., Jalil, A. T., Alshahrani, S. H., Rizaev, J. A., ... & Yekta, N. H. (2022). Effect of a diet based on Iranian traditional medicine on inflammatory markers and clinical outcomes in COVID-19 patients: A double-blind, randomized, controlled trial. *European Journal of Integrative Medicine*, 102179.
43. Зейнитдинова, З. А., РИЗАЕВ, Ж. А., & Орипов, Ф. С. (2022). Степень цитологического поражения эпителия слизистой оболочки щеки при COVID-19. *ЖУРНАЛ БИОМЕДИЦИНЫ И ПРАКТИКИ*, 7(2).
44. Umirzakov Zokir, Rizaev Jasur, UMIROV Safar. The phenomenon of the epidemic covid-19 process and their leading determinants. *Journal of Biomedicine and Practice.* 2021, vol. 6, issue 6, pp. 286-295
45. Ризаев, ж. А., Кушаков, Б. Ж., Рустамова, Д. А. (2022). Проявления коронавирусной

- инфекции SARS-COV-2 в полости рта. Журнал биомедицины и практики, 7(2).
46. Умирзаков, З., Ризаев, Ж., Умиров, С., & Рустамова, Д. (2022). ОРГАНИЗАЦИЯ МЕДИЦИНСКИХ УСЛУГ В ЭПИДЕМИЧЕСКОМ ЦЕНТРЕ COVID-19. Журнал стоматологии и краниофациальных исследований, 2(3), 67-73.
<https://doi.org/10.26739.2181-0966-2021-3-13>