



Эпидемиологический и молекулярно-генетический мониторинг коревой инфекции в Казахстане в 2023 году

А.С. Муталиева, А.Б. Габиден, М.Ж. Тлеубергенова, А.М. Куатбаева, А.Е. Тулемагамбетова,
Э.С. Утегенова, М.А. Смагул, А.С. Есмагамбетова

Филиал «Научно-практический центр санитарно-эпидемиологической экспертизы и мониторинга» РГП
на ПХВ «НЦОЗ» МЗ РК, ул. Ауэзова, д. 84, г. Алматы, 050000, Казахстан

Резюме

Введение. Вирус кори продолжает оставаться одной из основных причин детской заболеваемости и смертности, представляя серьезную угрозу для большинства стран. В Казахстане с марта 2023 года наблюдается осложнение эпидемиологической ситуации по кори. Основная заболеваемость регистрировалась у ранее не привитых, недостаточно или несвоевременно привитых детей и взрослых, которые формируют широкую неиммунную прослойку населения.

Цель исследования: проведение эпидемиологического и молекулярно-генетического мониторинга вирусов кори, вызвавших рост заболеваемости в Казахстане в 2023 году.

Материалы и методы. Анализ заболеваемости вирусами кори в Республике Казахстан в 2023 году проведен с использованием данных государственных статистических форм. В целях генотипирования циркулирующих штаммов кори проводился анализ нуклеотидной последовательности С-терминальной области N-гена 69 клинических образцов мочи вируса кори методом Сэнгера.

Результаты. В Казахстане в 2023 году зарегистрирован 29 731 случай кори, показатель на 100 тысяч населения составил 149,95. Значительную часть заболевших составили дети от 1 до 4 лет – 43,3 %, далее дети 5–14 лет – 19,9 % и дети до года – 16,1 %, из которых 65,9 % заболевших не были привиты против кори. По результатам анализа нуклеотидных последовательностей 69 образцов кори было выявлено, что исследованные образцы принадлежали двум генотипам – D8 и B3.

Обсуждение. Заболеваемость корью в 2023 году была зарегистрирована по всей территории Казахстана. Генотип D8 был представлен преобладающей линией 8248, идентифицированной в Таджикистане в 2021 году и циркулировавшей в Европе. Генотип B3 был связан с штаммами, впервые выявленными в Индии и Саудовской Аравии. Эти данные подтверждают, что заболеваемость корью в Казахстане была вызвана импортированием вирусов из других стран.

Заключение. Эпидемиологический и молекулярно-генетический анализ вирусов кори подтверждает продолжение циркуляции генотипов B3 и D8. Эти данные подчеркивают необходимость продолжения мониторинга и повышения уровня вакцинации для контроля распространения кори.

Ключевые слова: вирус кори, эпидемиологический анализ, молекулярно-генетический анализ, генотипирование, генотипы кори.

Для цитирования: Муталиева А.С., Габиден А.Б., Тлеубергенова М.Ж., Куатбаева А.М., Тулемагамбетова А.Е., Утегенова Э.С., Смагул М.А., Есмагамбетова А.С. Эпидемиологический и молекулярно-генетический мониторинг коревой инфекции в Казахстане в 2023 году // Здоровье населения и среда обитания. 2025. Т. 33. № 3. С. 41–48. doi: 10.35627/2219-5238/2025-33-3-41-48

Epidemiological and Molecular Genetic Monitoring of Measles in Kazakhstan in 2023

Aknur S. Mutaliyeva, Altynay B. Gabiden, Madina Zh. Tleubergenova, Ainagul M. Kuatbaeva,
Aidana E. Tulemagambetova, Elmira S. Utegenova, Manar A. Smagul, Aizhan S. Yesmagambetova

Scientific and Practical Center for Sanitary and Epidemiological Expertise and Monitoring, Branch of the National
Center for Public Health, 84 Auezov Street, Almaty, 050000, Republic of Kazakhstan

Summary

Introduction: Measles virus remains one of the main causes of childhood morbidity and mortality, posing a serious threat to most countries. Since March 2023, measles incidence rates have been growing in Kazakhstan, with the disease registered in previously unvaccinated, incompletely or untimely vaccinated children and adults representing a wide unimmunized stratum of the population.

Objective: To conduct epidemiological and molecular genetic monitoring of measles viruses causing the increase in disease incidence in Kazakhstan in 2023.

Materials and methods: The analysis of measles incidence in the Republic of Kazakhstan in 2023 was based on state statistics. In order to genotype circulating measles strains, we took 69 clinical urine samples and performed Sanger sequencing of the C-terminal region of the N-gene.

Results: In 2023, 29,731 measles cases were registered in Kazakhstan, the incidence rate being 149.95 per 100 thousand population. Most of the cases were children aged 1 to 4 years – 43.3 %, followed by children aged 5–14 years – 19.9 % and children aged 0–12 months – 16.1 %, of which 65.9 % were not vaccinated against measles. The results of nucleotide sequencing of 69 samples from measles patients showed two genotypes – D8 and B3.

Discussion: Measles cases in 2023 were registered throughout Kazakhstan. Measles virus genotype D8 was represented by the predominant line 8248, identified in Tajikistan in 2021 and circulating in Europe. Genotype B3 was associated with strains first identified in India and Saudi Arabia. These data confirm that measles incidence in Kazakhstan was attributed to viruses imported from other countries.

Conclusion: Findings of epidemiological analysis and molecular genetic testing of measles viruses confirm continued circulation of genotypes B3 and D8 and emphasize the importance of continuing monitoring and increasing vaccination rates to control the disease spread.

Keywords: measles virus, epidemiological analysis, molecular genetic testing, genotyping, measles genotypes.

Cite as: Mutaliyeva AS, Gabiden AB, Tleubergenova MZh, Kuatbaeva AM, Tulemagambetova AE, Utegenova ES, Smagul MA, Yesmagambetova AS. Epidemiological and molecular genetic monitoring of measles in Kazakhstan in 2023. *Zdorov'e Naseleniya i Sreda Obitaniya*. 2025;33(3):41–48. (In Russ.) doi: 10.35627/2219-5238/2025-33-3-41-48

Введение. Корь – это инфекционное заболевание, передающееся воздушно-капельным путем, которое быстро распространяется через аэрозольные капли из дыхательных путей [1–3]. Возбудителем является вирус кори – сферический, несегментированный, обоочечный, отрицательно-полярный одноцепочечный РНК-вирус, который является представителем рода Morbillivirus семейства Paramyxovirus [4, 5]. Единственными хозяевами вируса кори являются люди [6, 7].

Корь остается одной из наиболее опасных инфекционных болезней, представляющих угрозу для здоровья населения, особенно в условиях низкого уровня вакцинации и эпидемиологических факторов. По оценкам ВОЗ, с 2000 по 2022 год вакцинация против кори предотвратила 57 миллионов смертей. Несмотря на доступность безопасной и экономически эффективной вакцины, в 2022 году произошло 136 000 смертей от кори, преимущественно среди невакцинированных или недостаточно вакцинированных детей младше 5 лет¹. В последние годы в мире наблюдается рост числа случаев кори, несмотря на существующие программы вакцинации, что ставит перед здравоохранительными системами новые вызовы.

Многолетняя динамика заболеваемости корью среди населения Республики Казахстан за период с 2000 по 2023 г. демонстрирует циклический характер эпидемического процесса с периодическими подъемами и спадом заболеваемости каждые 3–5 лет (рис. 1).

По данным ВОЗ, Казахстан классифицируется как страна с эндемической передачей кори. В 2023 году осложнившаяся ситуация с коревой инфекцией в Казахстане обусловлена рядом факторов, среди которых – миграционные процессы и сниженный уровень вакцинации в некоторых регионах. Это подтверждает необходимость применения много-

уровневого мониторинга, направленного на раннее выявление и предотвращение вспышек кори [8, 9].

Одним из ключевых инструментов для контроля заболеваемости является эпидемиологический мониторинг, который включает в себя сбор, анализ и интерпретацию данных о заболеваемости, а также выявление источников и путей передачи инфекции². Важным дополнением к этому является молекулярно-генетический мониторинг, который позволяет более глубоко исследовать вирус кори на уровне его генетической структуры. Молекулярно-генетический анализ (генотипирование) помогает выявлять новые циркулирующие штаммы, оценивать их генетическую разнообразность и устанавливать взаимосвязь между циркуляцией вируса и эпидемическими вспышками [10].

Генотипирование штаммов вируса особенно актуально при достижении фазы элиминации, так как только вирусологический мониторинг позволяет документировать прерывание трансмиссии ранее эндемичных генотипов, что является одним из основных показателей элиминации [11]. Учитывая генетические вариации в регионе N-450, на сегодня идентифицировано 24 различных генотипа кори [12]. Однако, согласно литературным данным, с 2018 года в мире циркулируют четыре основных генотипа: B3, D4, D8 и H1. Из них генотип D8 преобладает в Северной и Южной Америке, Европе, Океании и Азии, тогда как генотип B3 широко распространен в Африке и на Ближнем Востоке [13–15].

Целью данного исследования является проведение эпидемиологического и молекулярно-генетического мониторинга вирусов кори, вызвавших рост заболеваемости в Казахстане в 2023 году.

Материалы и методы

Эпидемиологический анализ. Анализ заболеваемости вирусов кори в Республике Казахстан

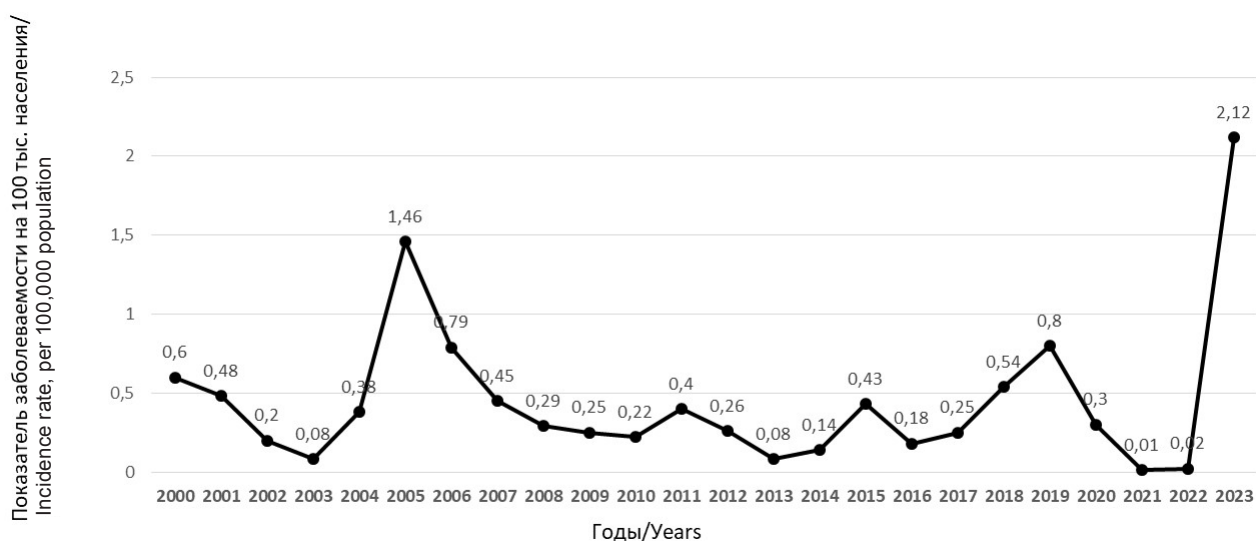


Рис. 1. Многолетняя заболеваемость корью в Республике Казахстан, показатель на 100 тыс. населения

Fig. 1. Long-term incidence of measles in the Republic of Kazakhstan, per 100,000 population

¹ World Health Organization. Корь. [Электронный ресурс.] Режим доступа: [https://www.who.int/ru/publications/m/item/who-guidance-for-the-use-of-annex-2-of-the-international-health-regulations-\(2005\)](https://www.who.int/ru/publications/m/item/who-guidance-for-the-use-of-annex-2-of-the-international-health-regulations-(2005)). Дата обращения: 23.01.2025.

² CDC. Корь (краснуха). [Электронный ресурс.] Режим доступа: <https://www.cdc.gov/measles/index.html>. Дата обращения: 23.01.2025.

в 2023 году проведен с использованием данных государственных статистических форм (Форма № 1. Отчет об отдельных инфекционных и паразитарных заболеваниях населения Республики Казахстан за 2023 г., Форма № 4. Отчет об охвате профилактическими прививками за 2012–2023 гг.).

Материалы исследования и сбор образцов. Для молекулярно-генетического исследования (секвенирования) использовались 69 клинических образцов мочи, отобранные в период с января по сентябрь 2023 года. Клинический диагноз был подтвержден путем выявления специфических коревых иммуноглобулинов IgM с использованием тест-системы иммуноферментного анализа производства компании «Вектор-Бест» (Россия).

Наибольшее количество образцов было отобрано из гг. Алматы (10 обр.) и Астаны (10 обр.), а также из Актюбинской (6 обр.), Карагандинской (5 обр.), Жетысу (5 обр.), Западно-Казахстанской (5 обр.), Мангистауской (4 обр.), Жамбылской (4 обр.), Туркестанской (3 обр.), Акмолинской (3 обр.), Костанайской (3 обр.), Павлодарской (3 обр.), Восточно-Казахстанской (3 обр.), Абай (3 обр.) и Северо-Казахстанской (2 обр.) областей.

Выделение РНК. Вирусные РНК экстрагировали из клинических образцов мочи с использованием мини-набора Pure Link RNA Mini Kit (США) в соответствии с инструкциями производителя.

ПЦР с обратной транскрипцией. Высоковариабельную область из 450 нуклеотидов на карбокси-конце белка нуклеокапсида (N-450) амплифицировали и секвенировали для генотипирования с использованием прямого (MeV216) и обратного (MeV214) праймеров. ОТ-ПЦР проводили с использованием набора набора SuperScript® III One-Step RT-PCR System with Platinum® Taq DNA

Polymerase (США) в соответствии с инструкциями производителя. Результаты ОТ-ПЦР учитывали с помощью аналитического электрофореза в 1,7 % агарозном геле с трис-боратным буфером с бромидом этидия.

Очистка и генотипирование. Образцы с подходящими по длине фрагментами кДНК очищали от реакционной смеси ОТ-ПЦР с помощью набора PureLink® PCR Purification Kit (США). Для секвенирующей реакции использовали набор BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (США) и те же праймеры, которые ранее использовали для ОТ-ПЦР. Полученные ампликоны гена N-450 были очищены с помощью набора Big Dye X Terminator Kit (США) в соответствии с инструкцией производителя и секвенированы по методу Сэнгера с использованием генетического анализатора ABI 3500.

Филогенетический анализ. Нуклеотидные последовательности С-концевого фрагмента N-гена длиной 450 нуклеотидов исследованных образцов сравнивали с последовательностями эталонных штаммов генотипов вируса кори, представленных в базе MeaNS (Нуклеотидный надзор за вирусом кори, ВОЗ)³. Для создания филогенетических деревьев использовалось приложение MEGA6 и метод Neighbor-Joining с использованием метода «множественных повторов» (bootstrap анализ, 500 повторов), а также онлайн-базы iTOL [16, 17].

Результаты. Пандемия COVID-19 оказала значительное влияние на другие вакциноуправляемые инфекции, в том числе на корь. Из-за перенаправления ресурсов на борьбу с новой коронавирусной инфекцией произошли сбои в плановой вакцинации в стране (рис. 2).

В итоге в 2020 г. по республике не был достигнут рекомендуемый Всемирной организацией

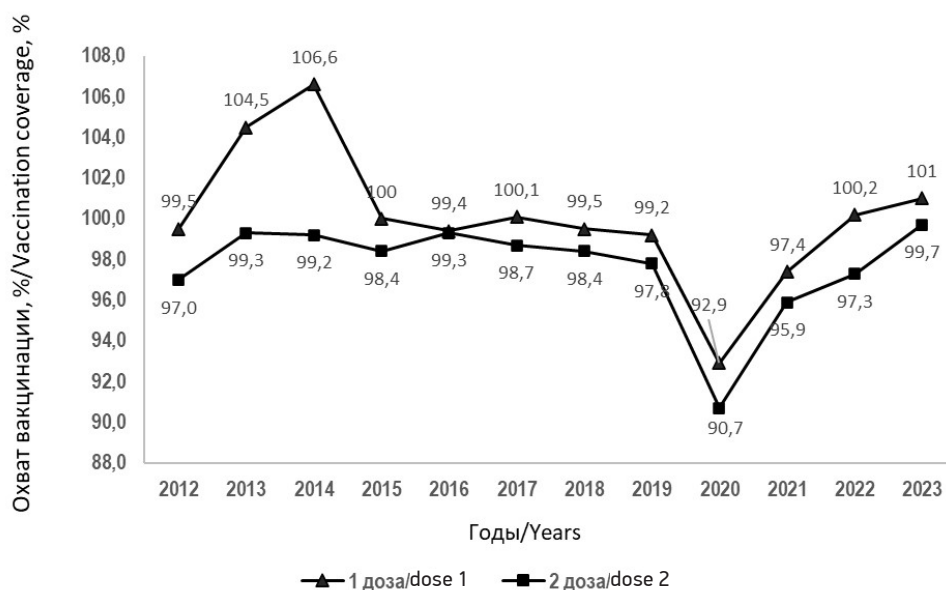


Рис. 2. Охват вакцинацией ККП в Республике Казахстан, %, 2012–2023 гг., данные национального эпидемиологического надзора

Fig. 2. MMR vaccination coverage in the Republic of Kazakhstan, %, 2012–2023, national epidemiological surveillance data

³ Дополнительная информация от ВОЗ. Корь. [Электронный ресурс.] Режим доступа: <https://http://www.who-measles.org/>. Дата обращения: 23.01.2025.

здравоохранения показатель охвата вакцинации (не менее 95 %) от кори, краснухи, паротита (ККП), что сформулировало неиммунную прослойку населения. Таким образом, с марта 2023 года отмечалось осложнение эпидемиологической ситуации по кори. Всего за 2023 год зарегистрирован 29 731 случай кори, показатель на 100 тысяч населения составил 149,95.

Заболеваемость зарегистрирована во всех регионах республики, но максимальное количество заболевших регистрировалось в г. Алматы (4021 сл.), в Жамбылской области (3584 сл.), в г. Шымкенте (3396 сл.), в Мангистауской (2864 сл.), Алматинской (2793 сл.), Туркестанской (2285 сл.) и Актюбинской (2179 сл.) областях (рис. 3).

Заболеваемость корью по возрастам в 2023 году распределена следующим образом: до 1 года – 4776 (16,1 %), 1–4 года – 12 827 (43,3 %), 5–14 лет – 5898 (19,9 %), 15–18 лет – 1194 (4,0 %), 19 лет и старше – 4953 (16,7 %).

В результате анализа иммунных статусов заболевших было установлено, что 19 543 (65,9 %) заболевших не были привиты против кори, из них 4673 (23,09 %) случая не привиты из-за недостижения прививочного возраста, 11 133 (57,5 %) по причине отказа от вакцинации, 3441 (18,1 %) по медицинским противопоказаниям, 296 (1,2 %) случаев – иные причины (упущенные). В 5373 (18,1 %) случаях от общего числа заболевших нет данных по вакцинации.

В том числе высокий удельный вес не вакцинированных лиц против кори по причине отказов от прививок регистрируется в следующих регионах: Атырауская – 1102 (79,4 %), Актюбинская – 1074 (73,0 %), г. Алматы – 2104 (70,5 %), Карагандинская – 315 (70,1 %), Акмолинская – 173 (67,3 %), Павлодарская – 269 (64,6 %) областях. Также высока доля невакцинированных лиц из-за медицинских противопоказаний во всех регионах, где удельный вес составляет от 24,6 до 33,7 %.

Молекулярно-генетический анализ циркулирующих штаммов вируса кори. По результатам анализа нуклеотидных последовательностей 69 образцов было выявлено, что генотипированные образцы принадлежали двум генотипам – D8 и B3, причем большинство из них ($n = 63$) относились к генотипу D8. На рис. 4 представлено филогенетическое дерево кори, исследованных в Республике Казахстан в 2023 году.

Обсуждение. Пандемия COVID-19 оказала существенное воздействие на уровень вакцинации в Казахстане, что привело к снижению охвата вакцинацией ККП в 2020 году. В связи с перенаправлением ресурсов на борьбу с коронавирусной инфекцией произошли сбои в плановой вакцинации, что создало предпосылки для формирования неиммунной прослойки населения. Этот фактор стал одним из основных, способствовавших вспышке кори в 2023 году, когда уровень заболеваемости значительно возрос. Подобные явления были также зафиксированы в других странах, где пандемия привела к уменьшению уровня вакцинации и спровоцировала эпидемии вакциноуправляемых заболеваний [18].

Заболеваемость корью в 2023 году была зарегистрирована по всей территории Казахстана, при этом наибольшее количество случаев наблюдалось в крупных городах, таких как Алматы и Шымкент, а также в Жамбылской и Мангистауской областях. Эта тенденция может свидетельствовать о более высоком уровне миграции и плотности населения в этих регионах, что способствует быстрому распространению вируса. Важно отметить, что среди заболевших наибольшую долю составляют дети в возрасте 1–4 года (43,3 %), что указывает на неадекватный уровень вакцинации в данной возрастной группе, особенно среди тех, кто не получил прививку по причине отказа от нее.

По данным филогенетического анализа из 63 штаммов кори генотипа D8 – 57 штаммов (90,5 %)

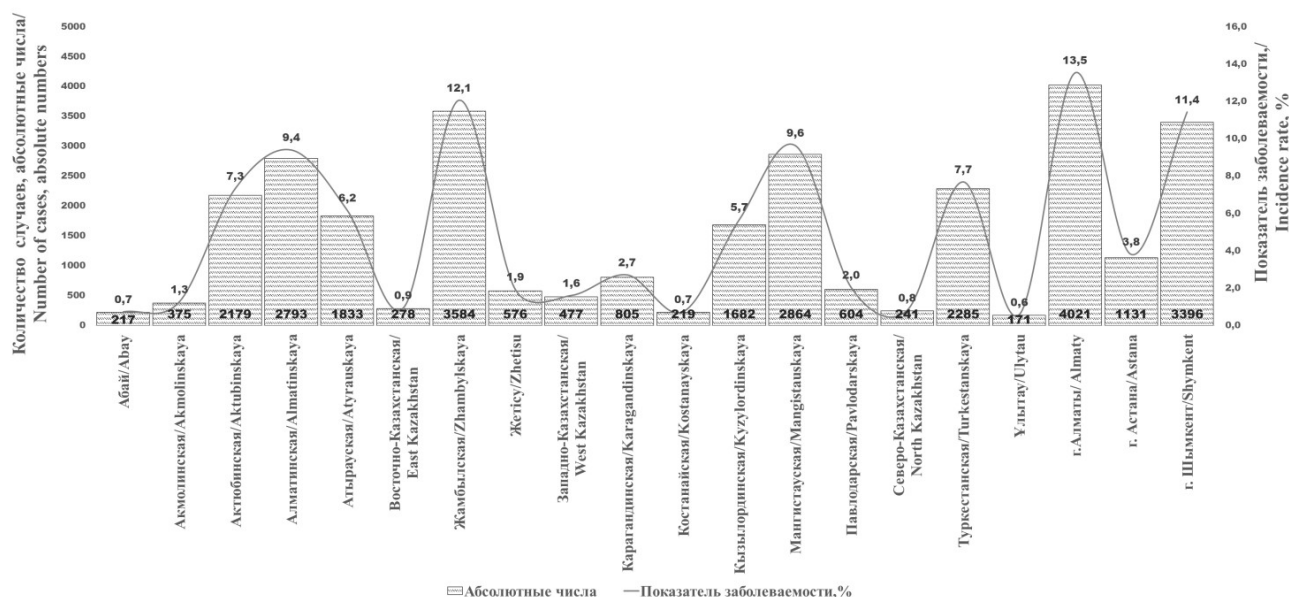


Рис. 3. Заболеваемость корью в Республике Казахстан на 2023 год

Fig. 3. Measles incidence in the Republic of Kazakhstan in 2023



Рис. 4. Филогенетическое дерево кори, выделенных в Республике Казахстан в 2023 г.

Fig. 4. The phylogenetic tree of measles virus isolated in the Republic of Kazakhstan in 2023

представлены одной преобладающей генетической линией 8248 которые имеют сродство со штаммом MVs/Rudaki.TJK/49.21. Данная генетическая линия впервые была выявлена в Таджикистане в декабре 2021 г. и активно циркулировала на территории некоторых европейских стран, Российской Федерации и Турции, откуда он, вероятно, и был импортирован [19–21]. Филогенетический анализ 4 вируса кори (6,3 %) генотипа D8 из Карагандинской ($n = 2$), Актюбинской ($n = 1$), Мангистауской ($n = 1$) областей имели сродство со штаммом MVs/Patan.IND/16.19 (100 %), впервые обнаруженным в Индии в 2019 г. и циркулирующем в Европе (Австрия, Румыния, Россия) с 2023 года. Оставшиеся 2 штамма (3,2 %) генотипа D8 имеют 100 % совпадение со штаммом MVs/MAU.IND/24.22, относящиеся в генетической линии 8318 впервые обнаруженным в Индии в июне 2022 г. [22, 23].

В результате генотипирования всего было выявлено 6 вирусов кори генотипа B3, из них два штамма из Жамбылской области относились к генетической линии 8493 и имели совпадение со штаммом MVs/Minnesota.USA/11.22 (99,8 %), который был выявлен в Европе и Америке в 2022 г. Два штамма генотипа B3 из г. Астаны были близкородственны со штаммом MVs/Quetta.PAK/44.20, впервые выявленным в Пакистане и ОАЭ в 2022 г. Остальные два штамма генотипа B3 из Западно-Казахстанской и Мангистауской областей относились к линии 8428 и были близкородственны со штаммом MVs/Riyadh.SAU/29.22, циркулирующей в Саудовской Аравии с января 2023 года, откуда, вероятно, он был импортирован. Генотип B3 также широко распространен в Африке и на Ближнем Востоке и, по литературным источникам, считается более трансмиссивным, чем другие генотипы [24]. Молекулярно-генетический анализ этих штаммов подтверждает, что основной причиной подъема заболеваемости является завоз вирусов из других стран, что также подчеркивает необходимость улучшения контроля за международной миграцией и укрепления эпидемиологического мониторинга [25].

Эпидемиологический и молекулярно-генетический анализ штаммов, циркулирующих на территории Республики Казахстан в 2023 году, подтверждает продолжение циркуляции генотипов B3 и D8. Согласно Глобальной сети лабораторий по кори и краснухе BO3 MeaNS2, в течение последних 5 лет эти генотипы вызывают вспышки заболеваемости кори во всем мире. Таким образом, подъем уровня заболеваемости корью в 2023 году, вероятнее всего, связан с импортированием штаммов кори генотипа D8 и B3. При этом на основании имеющихся данных можно предположить, что произошло несколько независимых случаев завоза штаммов кори.

Закключение. С марта 2023 года Казахстан наблюдалось осложнение эпидемиологической ситуации по кори, что подтверждалось анализом циркулирующих штаммов B3 и D8. Эти генотипы, вызывающие вспышки заболевания по всему миру, вероятно, были импортированы, что указывает на несколько независимых случаев завоза.

Молекулярно-генетический и филогенетический анализ играют ключевую роль в поддержании контроля над корью. Эти инструменты позволяют отслеживать внедрение импортированных штаммов, анализировать их устойчивость и выявлять причины распространения, что поможет избежать крупных эпидемий в будущем. Такой многогранный подход необходим для успешной элиминации кори и защиты здоровья населения.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Riddell MA, Rota JS, Rota PA. Review of the temporal and geographical distribution of measles virus genotypes in the prevaccine and postvaccine eras. *Viol J*. 2005;2:87. doi: 10.1186/1743-422X-2-87
- Rota PA, Brown K, Mankertz A, et al. Global distribution of measles genotypes and measles molecular epidemiology. *J Infect Dis*. 2011;204(Suppl 1):S514-S523. doi: 10.1093/infdis/jir118
- Santibanez S, Tischer A, Heider A, Siedler A, Hengel H. Rapid replacement of endemic measles virus genotypes. *J Gen Virol*. 2002;83(Pt 11):2699-2708. doi: 10.1099/0022-1317-83-11-2699
- Wolfson LJ, Grais RF, Luquero FJ, Birmingham ME, Strebel PM. Estimates of measles case fatality ratios: A comprehensive review of community-based studies. *Int J Epidemiol*. 2009;38(1):192-205. doi: 10.1093/ije/dyn224
- Moss WJ. Measles. *Lancet*. 2017;390(10111):2490-2502. doi: 10.1016/S0140-6736(17)31463-0
- Ma DZ, Pfäller CK, eds. *Measles and Related Morbilliviruses: Methods and Protocols*. Humana New York, NY; 2024. doi: 10.1007/978-1-0716-3870-5
- Naim HY. Measles virus: a pathogen, vaccine, and a vector. *Hum Vaccin Immunother*. 2015;11(1):21-26. doi: 10.4161/hv.34298
- Abeev A, Zhylykibayev A, Kamalova D, et al. Epidemiological outbreaks of measles virus in Kazakhstan during 2015. *Jpn J Infect Dis*. 2018;71(5):354-359. doi: 10.7883/yoken.JJID.2017.565
- Тлеумбетова Н., Нусупбаева Г., Амандосова Д., Кулжабаева А., Дурумбетов Е., Магай А. Результаты молекулярно-генетического мониторинга вирусов кори, циркулировавших на территории Казахстана в 2015 году // Вестник КазНМУ. 2017. №4. С. 27-30.
- Kumar S., et al. Epidemiology and control of measles: A global perspective. *Journal of Infectious Diseases*. 2019; 219(Supplement_1): S11-S18. <https://doi.org/10.1093/infdis/jiy600>
- Parker EP, et al. Global epidemiology of measles: trends and future directions. *The Lancet Infectious Diseases*. 2019;19(9):e291-e300. doi: 10.1016/S1473-3099(19)30306-1
- Рубальская Т.С., Ерохов Д.В., Жердева П.Е., Мамаева Т.А., Тихонова Н.Т. Глобальное генетическое разнообразие вируса кори (Paramyxoviridae: Morbillivirus: Morbillivirus hominis): исторические аспекты и современное состояние // Вопросы вирусологии. 2023. Т. 68. № 5. С. 361-371. doi: 10.36233/0507-4088-187
- Ackley SF, Hacker JK, Enanoria WTA, et al. Genotype-specific measles transmissibility: A branching process analysis. *Clin Infect Dis*. 2018;66(8):1270-1275. doi: 10.1093/cid/cix974
- Rota PA, Bellini WJ. Update on the global distribution of genotypes of wild type measles viruses. *J Infect Dis*. 2003;187(Suppl 1):S270-S276. doi: 10.1086/368042
- Klein N. P., et al. The changing epidemiology of measles in the 21st century. *Vaccine*. 2019; 37(37): 5485-5492. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2019.06.017>
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S. MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol Biol Evol*. 2011;28(10):2731-2739. doi: 10.1093/molbev/msr121
- Letunic I, Bork P. Interactive Tree Of Life (iTOL) v5: An online tool for phylogenetic tree display and annotation. *Nucleic Acids Res*. 2021;49(W1):W293-W296. doi: 10.1093/nar/gkab301
- Ali I. Impact of COVID-19 on vaccination programs: Adverse or positive? *Hum Vaccin Immunother*. 2020;16(11):2594-2600. doi: 10.1080/21645515.2020.1787065
- Moss WJ, Griffin DE. Paramyxoviruses: Measles. In: Kaslow RA, Stanberry LR, Powers AM, eds. *Viral Infections of Humans*. New York, NY: Springer; 2023:1-29. doi: 10.1007/978-1-4939-9544-8_23-1
- Santibanez S, Hübschen JM, Ben Mamou MC, et al. Molecular surveillance of measles and rubella in the WHO European Region: New challenges in the elimination phase. *Clin Microbiol Infect*. 2017;23(8):516-523. doi: 10.1016/j.cmi.2017.06.030
- Chatterjee P., Dutta, A. Molecular methods for the detection of measles virus: Current status and future prospects. *Journal of Clinical Virology*. 2022; 149: 104213. <https://doi.org/10.1016/j.jcv.2022.104213>
- Lüthy IA, Kantor IN. Measles. *Medicina (B Aires)*. 2020;80(2):162-168. (In Spanish.)
- Ciceri G, Canuti M, Bianchi S, et al. Genetic variability of the measles virus hemagglutinin gene in B3 genotype strains circulating in Northern Italy. *Infect Genet Evol*. 2019;75:103943. doi: 10.1016/j.meegid.2019.103943
- Khan S, Kulp D. Genetic diversity of measles virus strains: Insights from recent outbreaks. *Virus Research*. 2019;263:198205. doi: 10.1016/j.virusres.2019.198205
- O'Connor P, Jankovic D, Muscat M, et al. Measles and rubella elimination in the WHO Region for Europe: Progress and challenges. *Clin Microbiol Infect*. 2017;23(8):504-510. doi: 10.1016/j.cmi.2017.01.003

REFERENCES

- Riddell MA, Rota JS, Rota PA. Review of the temporal and geographical distribution of measles virus genotypes in the prevaccine and postvaccine eras. *Viol J*. 2005;2:87. doi: 10.1186/1743-422X-2-87
- Rota PA, Brown K, Mankertz A, et al. Global distribution of measles genotypes and measles molecular epidemiology. *J Infect Dis*. 2011;204(Suppl 1):S514-S523. doi: 10.1093/infdis/jir118
- Santibanez S, Tischer A, Heider A, Siedler A, Hengel H. Rapid replacement of endemic measles virus genotypes. *J Gen Virol*. 2002;83(Pt 11):2699-2708. doi: 10.1099/0022-1317-83-11-2699
- Wolfson LJ, Grais RF, Luquero FJ, Birmingham ME, Strebel PM. Estimates of measles case fatality ratios: A comprehensive review of community-based studies. *Int J Epidemiol*. 2009;38(1):192-205. doi: 10.1093/ije/dyn224
- Moss WJ. Measles. *Lancet*. 2017;390(10111):2490-2502. doi: 10.1016/S0140-6736(17)31463-0
- Ma DZ, Pfäller CK, eds. *Measles and Related Morbilliviruses: Methods and Protocols*. Humana New York, NY; 2024. doi: 10.1007/978-1-0716-3870-5
- Naim HY. Measles virus: a pathogen, vaccine, and a vector. *Hum Vaccin Immunother*. 2015;11(1):21-26. doi: 10.4161/hv.34298

<https://doi.org/10.35627/2219-5238/2025-33-3-41-48>
Original Research Article

8. Abeev A, Zhylkibayev A, Kamalova D, et al. Epidemiological outbreaks of measles virus in Kazakhstan during 2015. *Jpn J Infect Dis.* 2018;71(5):354-359. doi: 10.7883/yoken.JJID.2017.565
9. Tleumbetova N, Nusupbayeva G, Amandosova D, Kulzhabaeva A, Durumbetov E, Magai A. Genetic variability of wild-type measles viruses, circulating in the Republic of Kazakhstan 2015 year]. *Vestnik Kazakhstanskogo Natsional'nogo Meditsinskogo Universiteta.* 2017;(4):27-30. (In Russ.)
10. Kumar S., et al. Epidemiology and control of measles: A global perspective. *Journal of Infectious Diseases.* 2019; 219(Supplement_1): S11-S18. <https://doi.org/10.1093/infdis/jiy600>
11. Parker EP, et al. Global epidemiology of measles: trends and future directions. *The Lancet Infectious Diseases.* 2019;19(9):e291-e300. doi: 10.1016/S1473-3099(19)30306-1
12. Rubalskaia TS, Erokhov DV, Zherdeva PE, Mamaeva TA, Tikhonova NT. Global genetic diversity of measles virus (Paramyxoviridae: Morbillivirus: Morbillivirus hominis): Historical aspects and current state. *Voprosy Virusologii.* 2023;68(5):361-371. (In Russ.) doi: 10.36233/0507-4088-187
13. Ackley SF, Hacker JK, Enanoria WTA, et al. Genotype-specific measles transmissibility: A branching process analysis. *Clin Infect Dis.* 2018;66(8):1270-1275. doi: 10.1093/cid/cix974
14. Rota PA, Bellini WJ. Update on the global distribution of genotypes of wild type measles viruses. *J Infect Dis.* 2003;187(Suppl 1):S270-S276. doi: 10.1086/368042
15. Klein N. P., et al. The changing epidemiology of measles in the 21st century. *Vaccine.* 2019; 37(37): 5485-5492. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2019.06.017>
16. Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S. MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol Biol Evol.* 2011;28(10):2731-2739. doi: 10.1093/molbev/msr121
17. Letunic I., Bork P. Interactive Tree Of Life (iTOL) v5: An online tool for phylogenetic tree display and annotation. *Nucleic Acids Res.* 2021;49(W1):W293-W296. doi: 10.1093/nar/gkab301
18. Ali I. Impact of COVID-19 on vaccination programs: Adverse or positive? *Hum Vaccin Immunother.* 2020;16(11):2594-2600. doi: 10.1080/21645515.2020.1787065
19. Moss WJ, Griffin DE. Paramyxoviruses: measles. In: *Viral infections of humans: Epidemiology and control.* New York, NY: Springer US; 2023:1-29. doi: https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9544-8_23-1
20. Santibanez S, Hübschen JM, Ben Mamou MC, et al. Molecular surveillance of measles and rubella in the WHO European Region: New challenges in the elimination phase. *Clin Microbiol Infect.* 2017;23(8):516-523. doi: 10.1016/j.cmi.2017.06.030
21. Chatterjee P., Dutta, A. Molecular methods for the detection of measles virus: Current status and future prospects. *Journal of Clinical Virology.* 2022; 149: 104213. <https://doi.org/10.1016/j.jcv.2022.104213>
22. Lüthy IA, Kantor IN. Measles. *Medicina (B Aires).* 2020;80(2):162-168. (In Spanish.)
23. Ciceri G, Canuti M, Bianchi S, et al. Genetic variability of the measles virus hemagglutinin gene in B3 genotype strains circulating in Northern Italy. *Infect Genet Evol.* 2019;75:103943. doi: 10.1016/j.meegid.2019.103943
24. Khan S, Kulp D. Genetic diversity of measles virus strains: Insights from recent outbreaks. *Virus Research.* 2019;263:198205. doi: 10.1016/j.virusres.2019.198205
25. O'Connor P, Jankovic D, Muscat M, et al. Measles and rubella elimination in the WHO Region for Europe: Progress and challenges. *Clin Microbiol Infect.* 2017;23(8):504-510. doi: 10.1016/j.cmi.2017.01.003

Сведения об авторах:

✉ **Муталиева** Акнур Сапаралиевна – заведующая Референс-лабораторией по контролю за вирусными инфекциями; e-mail: mutaliyeva.a.s@gmail.com; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9608-4138>.

Габиден Алтынай Бакытовна – специалист Референс-лаборатории по контролю за вирусными инфекциями; e-mail: altinai_S@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2323-5043>.

Тлеубергенова Мадина Жасулановна – специалист Референс-лаборатории по контролю за вирусными инфекциями; e-mail: tleu.madina96@gmail.com; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0040-1643>.

Куатбаева Айнагуль Мухановна – директор; e-mail: a.kuatbaeva@hls.kz; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1391-4253>.

Тулемагамбетова Айдана Еркебайкызы – врач-лаборант Референс-лаборатории по контролю за вирусными инфекциями Филиала «Научно-практический центр санитарно-эпидемиологической экспертизы и мониторинга» РГП на ПХВ «НЦОЗ» МЗ РК; e-mail: atulemagambetova00@gmail.com; ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-6856-0042>.

Утегенова Эльмира Сейтбековна – заместитель директора; e-mail: Elmira_utegenova@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2000-3404>.

Смагул Манар Асыровна – заместитель председателя; e-mail: manarka@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0905-8121>.

Есмагамбетова Айжан Серикбаевна – председатель; e-mail: secretariat@hls.kz; ORCID: <https://orcid.org/0009-0006-7141-5635>.

Информация о вкладе авторов: концепция и дизайн исследования: Муталиева А.С.; сбор данных: Муталиева А.С., Габиден А.Б.; анализ и интерпретация результатов: Тлеубергенова М.Ж., Габиден А.Б., Тулемагамбетова А.Е.; обзор литературы, подготовка текста рукописи: Муталиева А.С., Куатбаева А.М., Утегенова Э.С., Смагул М.А., Есмагамбетова А.С.. Все авторы рассмотрели результаты и одобрили окончательный вариант рукописи.

Соблюдение этических стандартов: данное исследование не требует представления заключения комитета по биоэтической этике или иных документов.

Финансирование: исследование проведено без спонсорской поддержки.

Конфликт интересов: авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов в связи с публикацией данной статьи.

Статья получена: 09.12.24 / Принята к публикации: 10.03.25 / Опубликована: 28.03.25

Author information:

✉ Aknur S. Mutaliyeva, Head of the Reference Laboratory for the Control of Viral Infections of the Branch "Scientific and practical center of sanitary-epidemiological expertise and monitoring" of the republican state enterprise on the right of economic management "National center of public health care" of the Ministry of Health of the Republic of Kazakhstan; e-mail: mutaliyeva.a.s@gmail.com; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9608-4138>.

Altynay B. **Gabiden**, Specialist of the Reference Laboratory for the Control of Viral Infections of the Branch "Scientific and practical center of sanitary-epidemiological expertise and monitoring" of the republican state enterprise on the right of economic management "National center of public health care" of the Ministry of Health of the Republic of Kazakhstan; e-mail: altinai_S@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2323-5043>.

Madina Zh. **Tleubergenova**, Specialist of the Reference Laboratory for the Control of Viral Infections of the Branch "Scientific and practical center of sanitary-epidemiological expertise and monitoring" of the republican state enterprise on the right of economic management "National center of public health care" of the Ministry of Health of the Republic of Kazakhstan; e-mail: tleu.madina96@gmail.com; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0040-1643>.

Ainagul M. **Kuatbayeva**, Director of the Branch "Scientific and practical center of sanitary-epidemiological expertise and monitoring" of the republican state enterprise on the right of economic management "National center of public health care" of the Ministry of Health of the Republic of Kazakhstan; e-mail: a.kuatbaeva@hls.kz; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1391-4253>.

Aidana E. **Tulemagambetova**, Laboratory assistant of the Reference Laboratory for the Control of Viral Infections of the Branch "Scientific and practical center of sanitary-epidemiological expertise and monitoring" of the republican state enterprise on the right of economic management "National center of public health care" of the Ministry of Health of the Republic of Kazakhstan; e-mail: atulemagambetova00@gmail.com; ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-6856-0042>.

Elmira S. **Utegenova**, Deputy Director of the Branch "Scientific and practical center of sanitary-epidemiological expertise and monitoring" of the republican state enterprise on the right of economic management "National center of public health care" of the Ministry of Health of the Republic of Kazakhstan; e-mail: Elmira_utegenova@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2000-3404>.

Манар А. **Smagul**, Deputy Chairman "National center of public health care" of the Ministry of Health of the Republic of Kazakhstan; e-mail: manarka@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0905-8121>.

Aizhan S. **Yesmagambetova**, Chairman "National center of public health care" of the Ministry of Health of the Republic of Kazakhstan; e-mail: secretariat@hls.kz; ORCID: <https://orcid.org/0009-0006-7141-5635>.

Author contributions: study concept and design: *Mutaliyeva A.S.*; data collection: *Mutaliyeva A.S., Gabiden A.B.*, analysis and interpretation of results: *Tleubergenova M.Zh., Gabiden A.B., Tulemagambetova A.E.*; bibliography compilation and referencing, draft manuscript preparation: *Mutaliyeva A.S., Kuatbaeva A.M., Utegenova E.S., Smagul M.A., Yesmagambetova A.S.* All authors reviewed the results and approved the final version of the manuscript.

Compliance with ethical standards: Not applicable.

Funding: This research received no external funding.

Conflict of interest: The authors have no conflicts of interest to declare.

Received: December 9, 2024 / Accepted: March 10, 2025 / Published: March 28, 2025