

УДК: 616.98:578.823.91(571.620)

РОТАВИРУСНАЯ ИНФЕКЦИЯ В ХАБАРОВСКОМ КРАЕ

Е.Ю. Сапега¹, Л.В. Бутакова¹, О.Е.Троценко¹, Т.А. Зайцева²,
Т.Н. Каравянская², Ю.А. Гарбуз³, Л.А. Лебедева³

¹ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, г. Хабаровск, Российская Федерация;

²Управление Роспотребнадзора по Хабаровскому краю, г. Хабаровск, Российская Федерация;

³ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии» в Хабаровском крае, г. Хабаровск, Российская Федерация

Проведён эпидемиологический анализ заболеваемости ротавирусной инфекцией и проанализированы результаты молекулярно-генетического мониторинга ротавирусов, циркулировавших в Хабаровском крае в 2022 г. Установлено, что показатель заболеваемости ротавирусной инфекцией в 2022 г. оказался несколько выше среднеевропейского уровня, рассчитанного за период 2010–2019 гг. (92,3 и 90,5 на 100 тыс. населения соответственно). Среди заболевших выявлено преобладание детей дошкольного возраста. В 2022 г. в детских образовательных организациях зарегистрировано 4 очага групповой заболеваемости ротавирусной инфекцией. Молекулярно-генетическое исследование возбудителей, обнаруженных в очагах групповой заболеваемости, установило циркуляцию в них трёх широко распространённых по G-генотипу ротавирусов: G9, G4 и G3. Филогенетический анализ ротавирусов A генотипа G9 указал на возможный их завоз из стран Юго-Восточной Азии, а штаммов ротавирусов A генотипа G3 – позволил их отнести к реассортантам. По P-генотипу штаммы ротавирусов, полученные из очагов групповой заболеваемости в Хабаровском крае, вошли в линию P[8]-3. Регулярный мониторинг за ротавирусами, проводимый на фоне постоянного эпидемиологического анализа заболеваемости, позволяет более полно охарактеризовать эпидемический процесс ротавирусной инфекции на конкретной территории.

Ключевые слова: ротавирусная инфекция, острая кишечная инфекция, острый гастроэнтерит, ротавирусы A, генотипы

ROTAVIRUS INFECTION IN THE KHABAROVSK KRAI

E.Yu. Sapega¹, L.V. Butakova¹, O.E. Trotsenko¹, T.A. Zaitseva², T.N. Karavyanskaya²,
Yu.A. Garbuz³, L.A. Lebedeva³

¹FBUN Khabarovsk research institute of epidemiology and microbiology of the Federal service for surveillance on consumers rights protection and human wellbeing (Rosпотребнадзор), Khabarovsk, Russian Federation;

² Rosпотребнадzor regional office in the Khabarovsk krai, Khabarovsk, Russian Federation;

³FBUN "Center of hygiene and epidemiology" in the Khabarovsk krai, Khabarovsk, Russian Federation

Epidemiological analysis of rotavirus infection incidence was carried out and results of molecular genetic monitoring of rotaviruses circulating in the Khabarovsk krai during year 2022 were analyzed. It was established that rotavirus infection incidence rate in the year 2022 was slightly higher than long-term average level calculated for the period of observation that included years 2010–2019 (92.3 and 90.5 per 100 000 population, respectively). Predominance of preschool children was revealed among infected patients. Four outbreaks of rotavirus infection were registered in children's educational institutions in the year 2022. Molecular genetic analysis of pathogens found in foci of the outbreaks revealed circulation of three prevalent G-genotype rotaviruses: G9, G4 and G3. Phylogenetic analysis of rotavirus A genotype G9 indicated their possible importation from the countries of Southeast Asia when analysis of rotavirus A genotype G3 strains allowed to classify them as reassortants. Other rotavirus strains obtained from the foci of the disease outbreaks located the Khabarovsk krai were typed as P[8]-3 lineage in accordance with P-genotype strains. Regular monitoring of rotaviruses carried out against the background of continuous epidemiological analysis of incidence makes it possible describe the epidemic process of rotavirus infection in a specific territory more accurately.

Key words: rotavirus infection, acute intestinal infection, acute gastroenteritis, rotavirus A, genotypes

Острые кишечные заболевания (ОКЗ), проявляющиеся диареей и рвотой, являются одной из важных проблем здравоохранения [10]. Так, каждый год в мире регистрируется около 1,7 миллиарда случаев кишечных заболеваний среди детей в возрасте до 5 лет [21, 24]. Основной причиной ОКЗ, как правило, являются различные инфекционные агенты (бактерии, вирусы и другие микроорганизмы). При этом в последнее десятилетие в развитии ОКЗ растет роль кишечных вирусов, из них основными являются ротавирусы. Ротавирусы повсеместно распространены в мире, вызывая поражение желудочно-кишечного тракта как среди детей, так и среди взрослых [4, 5, 20]. Следует отметить, что ротавирусы выявляют не только при единичных заболеваниях ОКЗ, но и в очагах вспышечной заболеваемости в детских образовательных учреждениях, медицинских организациях, не редки и семейные очаги [7, 17, 18]. Кроме того, ротавирусы активно циркулируют в природе, могут поражать других млекопитающих и птиц, у которых они вызывают кишечные симптомы и респираторные заболевания [12, 16].

Ротавирусы относятся к роду Reoviridae, состоят из 11 сегментов двухцепочечной РНК (дцРНК), заключенных в трехслойный капсид, включающий в себя ядро, внутренний и внешний капсиды. Внешний капсид представляет собой два структурных белка (VP7 и VP4), которые независимо участвуют в вирусной нейтрализации и определяют специфичность генотипа G (VP7 – гликопротеин) или P (VP4 – чувствителен к протеазе) соответственно [19]. Наличие сегментированного генома способствует реассортации генов при коинфекции [14, 22]. В результате этих обменов образуются новые ротавирусы с сегментами геномов, принадлежащими более, чем одному штамму. Рабочая группа по классификации ротавирусов установила единую систему классификации и номенклатуры для ротавируса А, основанную на нуклеотидных идентификациях 11 сегментов генома ротавируса и филогенетических дендрограммах [15]. В настоящее время эта схема классификации включает 36 G-типов (VP7) и 51 P-тип (VP4), из них основными генотипами считаются G1-G4, G9 и P[4], P[6], P[8]. Около 90% штаммов, циркулирующих во всем мире, представлены такими комбинациями, как G-P: G1P[8], G2P[4], G3P[8], G4P[8] и G9P[8]. При этом периодическая смена основных G[P]-типов ротавирусов поддерживает заболеваемость инфекцией на высоком уровне. Так, в России в период с 2012 по 2016 гг. основным генотипом был G4, в 2017 году его сменил G9. В настоящее время в циркуляции преобладает генотип G3 [1].

В России заболеваемость ротавирусной инфекцией (РВИ) ежегодно регистрируется на высоких цифрах, составляя примерно 50% от всех случаев острой кишечной инфекции (ОКИ) установленной этиологии. В то же время в 2022 году заболеваемость РВИ (61,7 на 100 тыс. населения) не превысила среднемноголетний уровень за период 2010-2019 гг. [1]. В Дальневосточном федеральном округе (ДФО) в постпандемийный период отмечена тенденция роста заболеваемости РВИ с показателями 73,94 в 2021 году и 108,4 на 100 тыс. населения в 2022 году. Среди субъектов округа в эти годы наиболее высокий показатель заболеваемости РВИ отмечен в Приморском крае (136,2 в 2021 г. и 195,4 на 100 тыс. населения в 2022 г.). Кроме того, в субъектах ДФО ежегодно регистрируются очаги групповой заболеваемости, вызванные кишечными вирусами, в которых на долю ротавирусов пришлось 37-44% случаев в 2021 и 2022 гг.

Цель исследования – провести эпидемиологический анализ заболеваемости ротавирусной инфекцией и проанализировать результаты молекулярно-генетического мониторинга ротавирусов, циркулировавших в Хабаровском крае в 2022 г.

Материалы и методы

Анализ заболеваемости ротавирусной инфекцией в субъектах Дальневосточного федерального округа РФ за 2021 и 2022 гг. проведен с использованием данных государственных статистических форм наблюдения №№ 1, 2 «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях», № 23-09 «Сведения о вспышках инфекционных заболеваний», оперативных донесений о случаях острых кишечных инфекций в Федеральную службу по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека.

В лаборатории ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора в 2022 г. исследованы 24 пробы биологического материала от 21 больных ОКИ и 3 контактных с больными ОКИ, собранные в очагах групповой заболеваемости в Хабаровском крае.

Для проб, положительных на наличие РНК ротавирусов, проводили амплификацию фрагмента гена VP4 с праймерами con2 (ATT TCG GAC CAT TTA TAA CC) и con3 (TGG CTT CGC TCA TTT ATA GAC A), а также фрагмента гена VP7 с праймерами VP7-F (ATG TAT GGT ATT GAA TAT ACC AC) и VP7-R (ACT TGC CAC CAT YTT TTC CA) [23].

Определение нуклеотидных последовательностей осуществляли методом секвенирования по Сэнгеру на генетическом анализаторе Applied Biosystems 3500 с использованием BigDye™ Terminator v.3.1. Cycle Sequencing Kit (Thermo Fisher Scientific Inc., США).

Полученные нуклеотидные последовательности анализировали с помощью онлайн-инструментов Rotavirus A Genotyping Tool Version 0.1 (Netherlands National Institute for Public Health and the Environment (RIVM); <https://www.rivm.nl/mpf/typingtool/rotavirusa/>). Поиск референсных последовательностей проводили в сервисе BLAST (National Center for Biotechnological Information. Basic Local Alignment Search Tool (BLAST); <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>).

Для статистической обработки полученных результатов применены пакеты прикладных программ Excel 2013 (Microsoft Office 2013) с использованием параметрических методов вариационной статистики [3].

Результаты и обсуждение

После снятия ограничительных мер, введенных в период эпидемического распространения новой коронавирусной инфекции, в 2022 г. в Хабаровском крае зарегистрирован рост заболеваемости ОКИ (суммарно всеми нозологическими формами) в 1,5 раза по сравнению с 2021 г., достигший в 2022 г. 756,5 случаев на 100 тысяч населения (рис. 1).

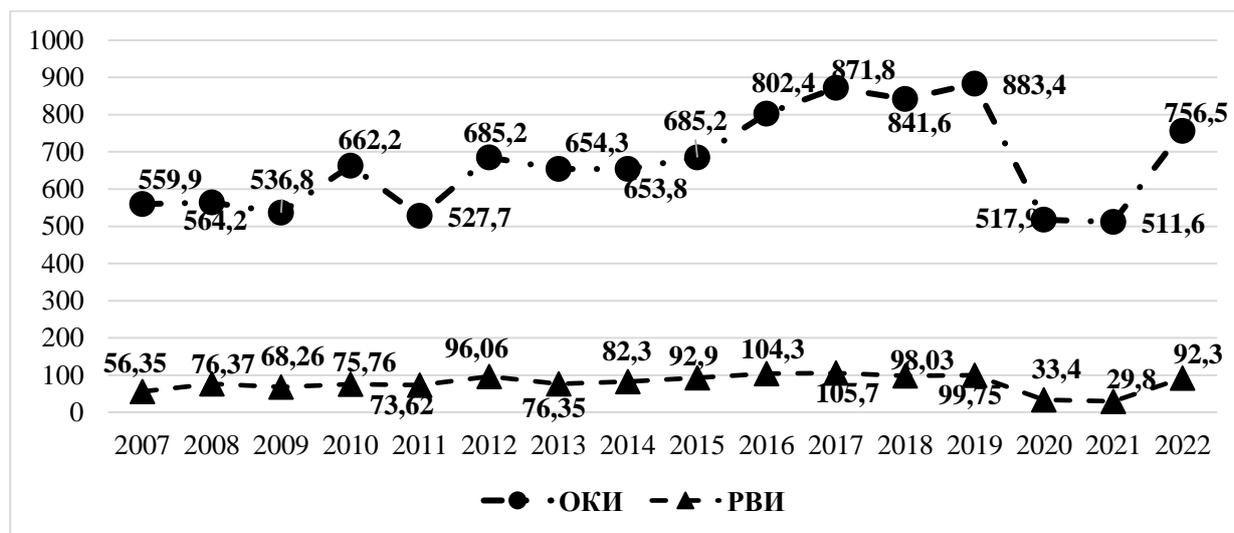


Рис. 1. Динамика показателей заболеваемости ОКИ (суммарно всеми нозологическими формами) и ротавирусной инфекцией в Хабаровском крае

При этом в 2022 г. отмечено превышение среднеемноголетнего уровня (712,14 на 100 тыс. населения) на 6,2% и среднего по ДФО показателя (626,99 на 100 тыс. населения) на 20,6%. В структуре всех ОКИ первое место в Хабаровском крае занимают кишечные инфекции без установленного возбудителя (ОКИ НЭ), зарегистрированные в 2022 году у 78,3% больных. Этиологический агент, соответственно, выявлен только у 21,6% заболевших ОКИ, при этом в последнее время в структуре последних отмечено преобладание вирусных кишечных инфекций, особенно ротавирусной инфекции (РВИ). Показатель заболеваемости ротавирусной инфекцией в 2022 г. составил 92,3 на 100 тыс. населения, оказавшись на 1,9% выше среднеемноголетнего уровня за период 2010–2019 гг. (90,5 на 100 тыс. населения).

В возрастной структуре всех больных ОКИ в Хабаровском крае преобладали дети до 17 лет (82,7%), среди которых наибольший уровень заболеваемости выявлен у детей 3-6 лет (38,48 %). Причём у детей 3-6 лет практически одинаковую долю занимали ОКИ неустановленной и установленной этиологии – 37,6% и 41,0% соответственно (рис. 2). Тогда как в целом по ДФО ОКИ установленной этиологии чаще регистрируется у детей первых двух лет жизни (38,5%), а ОКИ без выявленного этиологического агента отмечается в 34,9% случаев у детей 3-6 лет.

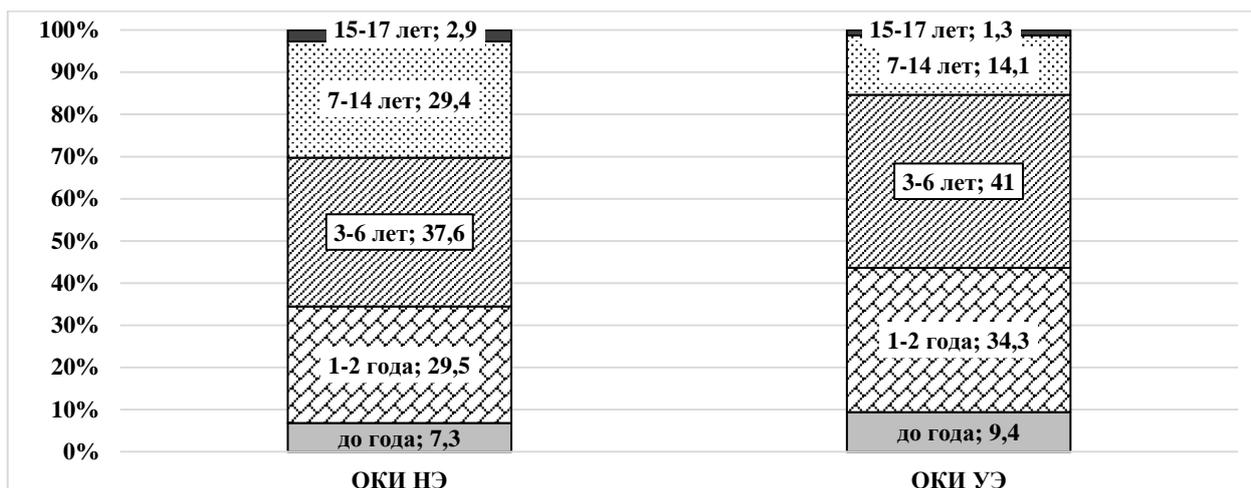


Рис. 2. Процентное соотношение ОКИ неустановленной (НЭ) и установленной (УЭ) этиологии среди детей разных возрастных групп в Хабаровском крае в 2022 г.

Возрастная структура больных РВИ в Хабаровском крае несколько отличалась от общей заболеваемости ОКИ. Так, при РВИ выявлено преобладание детей двух возрастных групп – 1-2 года и 3-6 лет, удельный вес которых был практически одинаков и составил 39,4 % и 39,0% соответственно (рис. 3). Аналогично и в целом по ДФО РВИ преимущественно регистрировалась у детей вышеуказанных возрастных групп, но несколько чаще у детей в возрасте 1-2 года, чем в возрасте 3-6 лет (40,9 и 33,3%, соответственно).

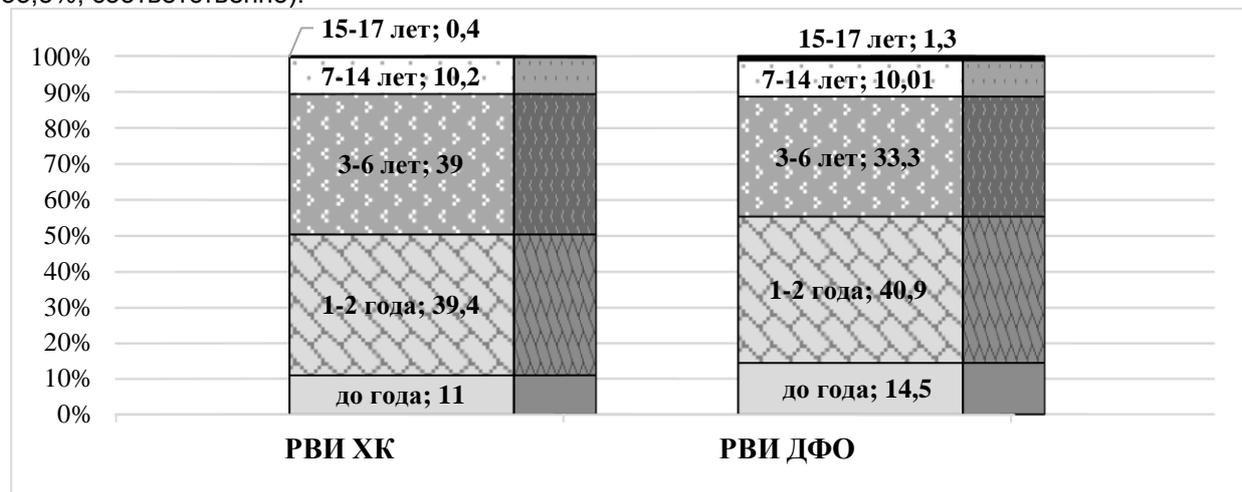


Рис. 3. Возрастная структура (%) больных РВИ в Хабаровском крае (ХК) в 2022 г. в сравнении с данными по Дальневосточному федеральному округу (ДФО) в целом

Таким образом, заболеваемость ОКИ в Хабаровском крае в 2022 г. отмечалась на высоком уровне с тенденцией к росту количества случаев ОКИ установленной этиологии, в структуре которых превалировала ротавирусная инфекция. Основная заболеваемость ротавирусной инфекцией приходится на детей дошкольного возраста. Об эпидемиологическом неблагополучии также свидетельствует рост количества очагов вспышечной заболеваемости. Так, если в 2021 году вспышки ротавирусной инфекции в крае не регистрировались, то в 2022 году выявлено 4 очага РВИ.

В ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора в 2022 году для идентификации возбудителя пробы поступили из 3 очагов групповой заболеваемости ротавирусной инфекцией. Молекулярно-генетическое исследование ротавирусов выявило циркуляцию трёх широко распространенных по G-генотипу вирусов: G9, G4 и G3.

Анализ литературы показал, что ротавирусы А с генотипом G9 активно циркулируют в субъектах Российской Федерации, а также в других странах. В Нижнем Новгороде в 2016-2017 гг. в типовой структуре ротавирусов удельный вес данного генотипа составлял 63,1%, а в Москве в 2018-2019 гг. – у 35,8% больных ОКИ [2, 25]. В Китае в период с 2013 по 2014 гг. ротавирус А G9 был выявлен в сточных водах городов Цзинань и Линь провинции Шаньдун, в 2015-2016 годах был идентифицирован как преобладающий генотип у детей из г. Куньмин провинции Юньнань, в тот же период обнаружен у детей в Таиланде. В Хабаровском крае весной 2022 года при исследовании клинического материала из вспышечного очага среди воспитанников детского сада поселка Сулук Верхнебуреинского района от 8 больных получены нуклеотидные последовательности, принадлежащие ротавирусу А G9. На филограмме хабаровские штаммы сформировали единую группу с большинством ротавирусов, циркулировавших в том числе в Таиланде и Китае в 2013-2016 гг., при этом генетически отличались от

штаммов, циркулировавших в РФ в прежние годы (рис.4). Данные результаты могут свидетельствовать о завозе ротавирусов А генотипа G9 из стран Юго-Восточной Азии [6, 8, 9, 26].

В этот же период 2022 г. в детском саду села Троицкое Нанайского района Хабаровского края зарегистрирован очаг групповой заболеваемости, вызванный ротавирусами А с количеством пострадавших 10 человек, из них 1 взрослый. Исследование методом секвенирования установило принадлежность ротавирусов А к генотипу G4 [13].

Филогенетический анализ показал, что ближайшими родственниками ротавируса А генотипа G4 из вспышечного очага острой кишечной инфекции в детском саду с. Троицкое Хабаровского края оказались вирусы из Нижнего Новгорода 2013-2017 гг., Италии и Германии (2010 г.), (рис. 4). Согласно классификации, предложенной несколькими авторами, штаммы из с. Троицкое, наряду с другими вирусами из России и Европы, отнесены нами к сублинии I-c [11].

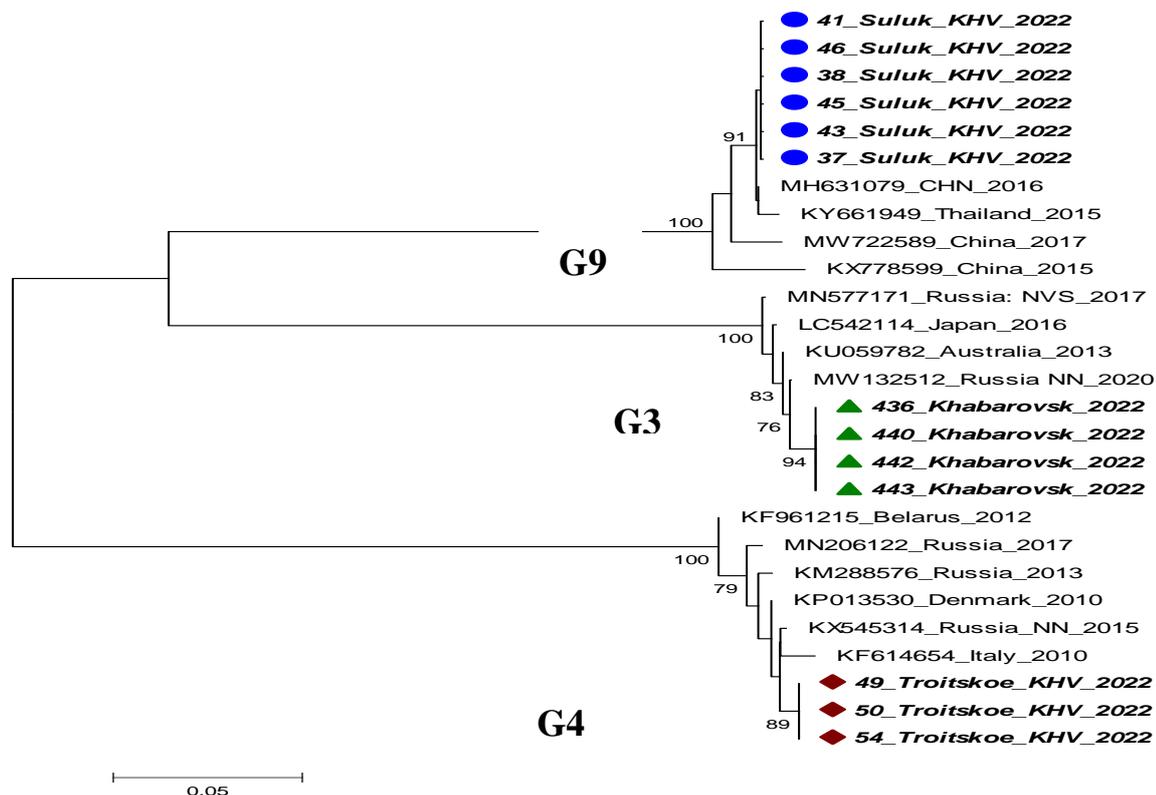


Рис.4. Филогенетическое дерево, построенное на основе гена VP7 ротавирусов генотипов G3, G4, G9.

Осенью 2022 года зарегистрирован вспышечный очаг в детском саду города Хабаровска. Количество пострадавших насчитывало 15 человек из 5 групп детского учреждения. Исследование биологических проб показало, что вспышка ОКИ вызвана двумя разными кишечными вирусами. Из 12 обследованных детей у 6 обнаружена РНК норовирусов, у других 6 заболевших – РНК ротавирусов. Идентификация вирусов методом секвенирования позволила установить их генотипы. В пробах от 4 детей установлен ротавирус А G3P[8], у других 4 детей и одного взрослого (контактного) идентифицирован генотип норовируса GII.17[P17].

На филограмме штамм ротавируса А G3 оказался сходным со штаммами, циркулировавшими в Австралии в 2013 г., Японии в 2016 г., в России в 2017 (г. Новосибирск) и 2020 (г. Нижний Новгород) годах (рис. 4). Следует отметить, что генотипы ротавирусов группы А, в том числе и генотип G3, широко распространены в природе среди различных видов животных и подвержены частой рекомбинации. Так в Австралии в 2013 г., в Испании в 2015 г., в Таиланде среди детей в 2015-2016 гг. (в Чианграе) обнаружены штаммы G3P[8], идентифицированные как реассортантные ротавирусы с лошадиноподобным геном VP7 [6]. Данный факт свидетельствует о широком географическом распространении реассортантов генотипа G3P[8] в человеческой популяции. На филогенетическом дереве хабаровские штаммы ротавируса А G3 2022 г. вошли в одну группу совместно с австралийскими штаммами, что позволило их также отнести к реассортантам.

По Р-генотипу штаммы ротавирусов, полученные нами из разных очагов групповой заболеваемости в Хабаровском крае, принадлежали к часто встречающемуся типу P[8]. Следует отметить, что внутри генотипа P[8] выделяют четыре филогенетические линии: P[8]-1, P[8]-2, P[8]-3 и P[8]-4, при этом отличие штаммов разных линий составляет 9,7-12,9%. Ротавирусы, циркулировавшие в очагах групповой заболеваемости в 2022 г. в Хабаровском крае, вошли в линию P[8]-3, совместно со штаммами из Новосибирска 2012 г. и Ханты-Мансийска 2013 г. (рис. 5).

Следует отметить, что развитию и распространению кишечных вирусных инфекций способствуют множественные нарушения правил личной гигиены, несоблюдение технологии приготовления пищи и хранения пищевых продуктов. Данные нарушения были отмечены и при эпидемиологических расследованиях очагов вспышечной заболеваемости в детских образовательных учреждениях Хабаровского края.

Заключение

Заболеваемость ОКИ в Хабаровском крае в 2022 г. регистрировалась на высоком уровне с тенденцией к росту количества ОКИ установленной этиологии, в структуре которых превалировала ротавирусная инфекция. Основная заболеваемость ротавирусной инфекцией приходится на детей дошкольного возраста. Об эпидемиологическом неблагополучии также свидетельствует рост количества очагов вспышечной заболеваемости, вызванных широко распространенными по G-генотипу ротавирусами: G9, G4 и G3.

Разнообразие циркулирующих геновариантов ротавирусов, сегментированное строение генома, способствующее реассортации, способность вызывать поражение желудочно-кишечного тракта у детей дошкольного возраста свидетельствуют о необходимости постоянного эпидемиологического надзора за ротавирусной инфекцией с использованием молекулярно-генетических технологий. Особое внимание необходимо уделять случаям групповой заболеваемости в детских организованных коллективах.

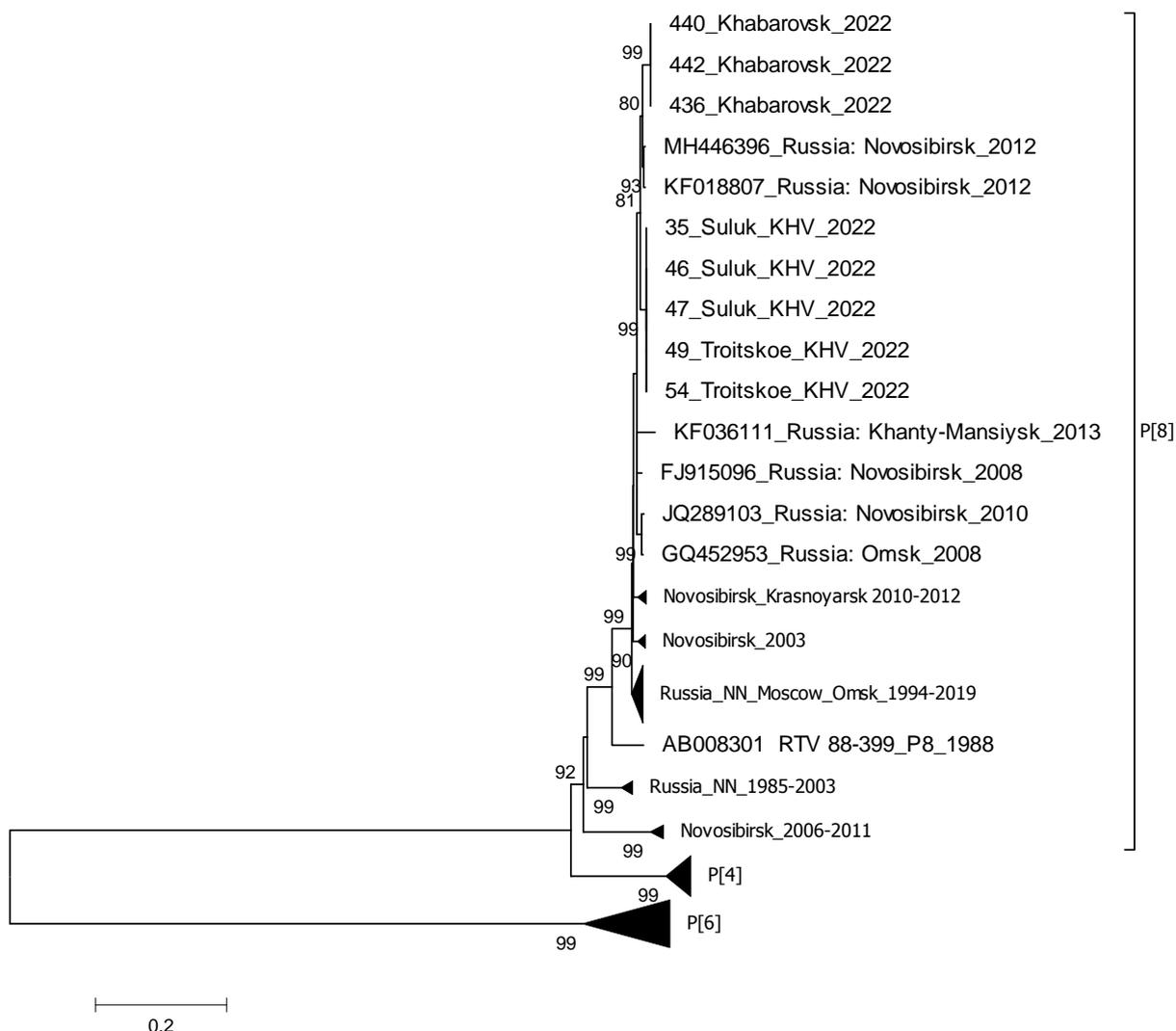


Рис. 5. Филогенетическое дерево, построенное на основе гена VP4 ротавирусов генотипов P[8]

Регулярный мониторинг за ротавирусами позволит дать более полную оценку эпидемиологической ситуации в отношении РВИ на конкретной территории и, в случае необходимости, своевременно скорректировать профилактические и противоэпидемические мероприятия.

Литература

1. Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2022 году» https://www.rospotrebnadzor.ru/documents/details.php?ELEMENT_ID=25076.
2. Сашина Т.А., Морозова О.В., Епифанова Н.В., Кашников А.Ю., Леонов А.В., Новикова Н.А. Молекулярный мониторинг ротавирусов (Reoviridae: Sedoreovirinae: Rotavirus: Rotavirus A), циркулирующих в Нижнем Новгороде (2012–2020 гг.): обнаружение штаммов с новыми генетическими характеристиками // Вопросы вирусологии. – 2021. – № 66(2). – С. 140-151.
3. Ющук Н.Д., Найговзина Н.Б. Введение в медицинскую статистику с основами эпидемиологического анализа: учебное пособие. – М.: ГЭОТАР-Медиа, 2021. – 192 с.
4. Barsoum Z. Paediatric viral gastroenteritis and regional predominant viral pathogens in the post-rotavirus vaccination year: prospective Irish regional study // Sudanese journal of paediatrics. - 2021. - Vol. 21, N1. - P. 36-41.
5. Bawa F.K., Mutocheluh M., Dassah S.D., Ansah P., Oduro A.R. Genetic diversity of rotavirus infection among young children with diarrhoea in the Kassena-Nankana Districts of Northern Ghana: a seasonal cross-sectional survey // Pan African Medical Journal. - 2023. - Vol. 28, N44. - P.148.
6. Chan-It W., Chanta C. Emergence of G9P[8] rotaviruses in children with acute gastroenteritis in Thailand, 2015-2016 // Journal of Medical Virology. - 2018. - Vol. 90, N3. - P. 477-484.
7. Chia G., Ho H.J., Ng C.G. et al. An unusual outbreak of rotavirus G8P[8] gastroenteritis in adults in an urban community, Singapore, 2016 // Journal of Clinical Virology. - 2018. - Vol. 105. - P. 57-63.
8. Dian Z., Wang B., Fan M. et al. Completely genomic and evolutionary characteristics of human-dominant G9P[8] group A rotavirus strains in Yunnan, China // Journal of General Virology. - 2017. - Vol. 98, N6. - P. 1163-1168.
9. Dian Z., Fan M., Wang B. et al. The prevalence and genotype distribution of rotavirus A infection among children with acute gastroenteritis in Kunming, China // Archives of Virology. - 2017. - Vol. 162. - P. 281–285.
10. Graves N.S. Acute gastroenteritis // Prim Care. - 2013. - Vol. 40, N3. - P. 727-741.
11. Green K.Y., Sarasini A., Qian Y. et al. Genetic variation in rotavirus serotype 4 subtypes // Virology. - 1992. - Vol. 188, N1. - P.362-368.
12. Jampanil N., Kumthip K., Maneekarn N., Khamrin P. Genetic Diversity of Rotaviruses Circulating in Pediatric Patients and Domestic Animals in Thailand // Tropical Medicine and Infectious Disease. - 2023. - Vol. 29, N8 (7). - P. 347.
13. Koukou D.M., Michos A., Chatzichristou P. et al. Greek Rotavirus Study Group. Rotavirus epidemiology and genotype distribution in hospitalised children, Greece, 2008 to 2020: A prospective multicentre study // Eurosurveillance. - 2022. - Vol. 27, N47. - P. 2101133.
14. Mandal P., Mullick S., Nayak M.K. et al. Complete genotyping of unusual species A rotavirus G12P[11] and G10P[14] isolates and evidence of frequent in vivo reassortment among the rotaviruses detected in children with diarrhea in Kolkata, India, during 2014 // Archives of Virology. - 2016. - Vol. 161, N10. - P. 2773-2785.
15. Matthijnsens J., Ciarlet M., McDonald S.M. et al. Uniformity of rotavirus strain nomenclature proposed by the Rotavirus Classification Working Group (RCWG) // Archives of Virology. - 2011. - Vol. 156, N8. - P. 1397-1413.
16. Nelsen A., Lager K.M., Stasko J., Nelson E., Lin C.M., Hause B.M. Identification of Pulmonary Infections With Porcine Rotavirus A in Pigs With Respiratory Disease // Frontiers in Veterinary Science. - 2022. - Vol. 23, N9. - P. 918736.
17. Niendorf S., Ebner W., Marques A.M. et al. Rotavirus outbreak among adults in a university hospital in Germany // Journal of Clinical Virology. - 2020. - Vol. 129. - P. 104532.
18. Ranshing S., Ganorkar N., Ramji S., Gopalkrishna V. Complete genomic analysis of uncommon G12P[11] rotavirus causing a nosocomial outbreak of acute diarrhea in the newborns in New Delhi, India // Journal of Medical Virology. - 2022. - Vol. 94, N6. - P. 2613-2623.
19. Suzuki H. Rotavirus Replication: Gaps of Knowledge on Virus Entry and Morphogenesis // Tohoku Journal of Experimental Medicine. - 2019. - Vol. 248, N4. - P. 285-296.
20. Tian Y., Chughtai A.A., Gao Z. et al. Prevalence and genotypes of group A rotavirus among outpatient children under five years old with diarrhea in Beijing, China, 2011-2016 // BMC Infectious Diseases. - 2018. - Vol. 18, N1. - P.497.
21. UNICEF Data: Monitoring the situation of children and women. Accessed July 03, 2023 <https://data.unicef.org/topic/child-health/diarrhoeal-disease>.
22. Wang S.J., Chen L.N., Wang S.M. et al. Genetic characterization of two G8P[8] rotavirus strains isolated in Guangzhou, China, in 2020/21: evidence of genome reassortment // BMC Infectious Diseases. - 2022. - Vol. 22, N1. - P. 579.

23. World Health Organization. Manual of rotavirus detection and characterization methods. Accessed July 10, 2023 https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/70122/WHO_IVB_08.17_eng.pdf?sequence=1.
24. World Health Organization. Media centre: Diarrhoeal disease. Accessed July 03, 2023 <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/diarrhoeal-disease>.
25. Yuzhakov A., Yuzhakova K., Kulikova N. et al. Prevalence and genetic diversity of group a rotavirus genotypes in Moscow (2019–2020) // Pathogens. - 2021. - Vol. 10, N6. - P. 674.
26. Zhou N., Lv D., Wang S. et al. Continuous detection and genetic diversity of human rotavirus A in sewage in eastern China, 2013-2014 // Virology Journal. - 2016. - Vol.13, N1. - P. 153.

Сведения об ответственном авторе:

Сапега Елена Юрьевна – кандидат медицинских наук, руководитель Дальневосточного регионального научно-методического центра по изучению энтеровирусных инфекций ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, e-mail: evi.khv@mail.ru