

ПРОЯВЛЕНИЯ ЭПИДЕМИЧЕСКОГО ПРОЦЕССА ОСТРЫХ КИШЕЧНЫХ ИНФЕКЦИОННЫХ ЗА- БОЛЕВАНИЙ В СУБЪЕКТАХ ДАЛЬНЕВОСТОЧ- НОГО ФЕДЕРАЛЬНОГО ОКРУГА В 2021–2023 гг.

Е.Ю. Сапега, Л.В. Бутакова, О.Е. Троценко

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

В сообщении представлен краткий анализ заболеваемости острыми кишечными инфекционными заболеваниями в субъектах Дальневосточного федерального округа в период с 2021 по 2023 годы. Отмечено, что в субъектах округа заболеваемость острыми инфекционными гастроэнтеритами превышает российские показатели. Выявлено снижение уровня заболеваемости шигеллёзами и сальмонеллезами. Среди кишечных инфекций установленной этиологии лидируют рота- и норовирусные инфекции. Молекулярно-генетические расследования очагов групповой заболеваемости кишечными инфекциями, проводимые в ряде субъектов округа, способствовали установлению этиологических агентов, таких как GII.4_Sydney[P16], GII.17[P17], GII.7[P7] и GII.6[P7], GII.3[P12].

Ключевые слова: острые кишечные инфекционные заболевания, шигеллез, сальмонеллез, норовирусная инфекция, ротавирусная инфекция, вспышечные очаги, молекулярное типирование

ACUTE INTESTINAL INFECTIONS EPIDEMIC PROCESS MANIFESTATIONS IN CONSTITUENT ENTITIES OF THE FAR EASTERN FEDERAL DISTRICT DURING 2021-2023

E.Yu. Sapega, L.V. Butakova, O.E. Trotsenko

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

The report presents a brief analysis of acute intestinal infections incidence in constituent entities of the Far Eastern Federal district during 2021 – 2023. It is noted that incidence of acute infectious gastroenteritis in the district territories exceeds the index of the Russian Federation. A decline of shigellosis and salmonellosis incidence was revealed. Rota- and norovirus infections are most prevalent among intestinal infectious diseases of known origin. Molecular-genetic investigation of intestinal infections outbreaks were conducted in several territories of the district and allowed to reveal etiological agents such as GII.4_Sydney[P16], GII.17[P17], GII.7[P7] и GII.6[P7], GII.3[P12].

Key words: acute intestinal infectious diseases, shigellosis, salmonellosis, norovirus infection, rotavirus infection, outbreaks, molecular typing.

Острые кишечные инфекционные заболевания (ОКИЗ) – одна из важных проблем здравоохранения [4]. Ежегодно в большинстве стран мира выявляется более 1,5 миллиарда случаев кишечных заболеваний среди младенцев [6, 7]. Этиологической причиной ОКИЗ являются различные инфекционные агенты, среди которых в последнее время растёт роль кишечных вирусов (рота- и норовирусы) [2]. При этом ротавирусы преимущественно вызывают sporadicкую заболеваемость, тогда как норовирусы в большинстве случаев выявляются во вспышечных очагах [5].

Материалы и методы

Анализ заболеваемости острыми кишечными инфекциями в субъектах Дальневосточного федерального округа (ДФО) в период с 2021 по 2023 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 с 2021 по 2023 гг. исследована 251 проба биологического материала от 185 лиц с подозрением на ОКИЗ и от 66 контактных с больными ОКИЗ собранных в очагах групповой заболеваемости, зарегистрированных в Хабаровском крае, Амурской и Сахалинской областях.

Для установления генотипов вирусов в положительных на наличие вирусных нуклеиновых кислот пробах амплифицировали специфичные участки генома: область соединения ORF1/ORF2 для норовирусов и фрагменты генов VP4 и VP7 для ротавирусов, используя соответствующие пары праймеров и температурные режимы [3, 8]. Полученные фрагменты вирусных геномов секвенировали методом Сэнгера на генетическом анализаторе Applied Biosystems 3500 с использованием набора BigDyeTM Terminator v.3.1. Cycle Sequencing Kit (Thermo Fisher Scientific Inc., США).

Анализ полученных нуклеотидных последовательностей проводили в онлайн-сервисе 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 [1].

Результаты исследования

С 2021 г. Региональный научно-методический центр по мониторингу за возбудителями инфекционных и паразитарных болезней II–IV групп патогенности Дальневосточного федерального округа (на базе Хабаровского НИИ эпидемиологии и микробиологии) проводит эпидемиологический анализ заболеваемости ОКИЗ во всех субъектах ДФО. Установлено, что эпидемический процесс ОКИЗ в субъектах ДФО в период с 2021 по 2023 гг. характеризовался более высокими, по сравнению со среднероссийскими, показателями заболеваемости основными нозологическими формами, за исключением шигеллёзов. Кроме того, отмечено снижение заболеваемости как шигеллезами, так и сальмонеллезами. Средний темп снижения заболеваемости бактериальной дизентерией составил –24,97%, а сальмонеллезами –1,9%.

Среди ОКИЗ установленной этиологии отмечено превышение на 76,2% уровня заболеваемости вирусными инфекциями над ОКИЗ бактериальной этиологии. Наиболее уязвимым контингентом являются дети в возрасте до 6 лет, среди которых чаще болеют ОКИЗ дети первых двух лет жизни. Неблагополучная ситуация по заболеваемости ОКИЗ ежегодно отмечается в Сахалинской и Амурской областях, Приморском, Забайкальском и Хабаровском краях. Очаги групповой заболеваемости инфекционными гастроэнтеритами регистрировались во всех субъектах ДФО, кроме Камчатского края и Еврейской автономной области в 2021 и 2022 годах и Магаданской области в 2023 году. При расследовании вспышек ОКИЗ в Хабаровском крае и Сахалинской области в 2021 г. получены нуклеотидные последовательности четырех разных генотипов норовирусов, в том числе и выявленных нами впервые в субъектах ДФО: *GIX.1[GII.P15]* и *GII.14[P7]*. В клиническом материале от пострадавших из вспышечных очагов ОКИЗ в 2022–2023 гг. в Хабаровском крае и Амурской области идентифицировали широко циркулирующие на территории Российской Федерации генотипы норовирусов *GII.4_Sydney[P16]*, *GII.17[P17]*, *GII.7[P7]* и *GII.6[P7]*, *GII.3[P12]*. Кроме того, в очагах групповой заболеваемости ОКИЗ в Хабаровском крае в 2022 году выделены ротавирусы А генотипов *G9P[8]*, *G4P[8]* и *G3P[8]*.

Заключение

Учитывая сложность ситуации по вирусным кишечным инфекциям в ряде субъектов ДФО и широкое разнообразие кишечных вирусов, необходимо продолжать молекулярно-генетические исследования с целью получения дополнительных филогенетических данных о вирусных возбудителях ОКИЗ для выявления их молекулярных особенностей, понимания эпидемического процесса кишечных инфекций вирусной этиологии, установления эпидемиологических связей в очагах групповых заболеваний ОКИ и возможной связи отдельных геновариантов с определенными клиническими проявлениями или тяжестью течения заболевания.

Литература

1. Савилов Е.Д., Астафьев В.А., Жданова С.Н., Заруднев Е.А. Эпидемиологический анализ: Методы статистической обработки материала. – Новосибирск: Наука-Центр, 2011. – 156 с.
2. Сергеев В. И. Современные тенденции в многолетней динамике заболеваемости острыми кишечными инфекциями бактериальной и вирусной этиологии // Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. - 2020. - Том 19, №4. - С. 14–19. DOI:10.31631/2073-3046-2020-19-4-14-19
3. Chen Q., Ma J., Gao L., Xian R., Wei K., Shi A., et al. Determination and analysis of whole genome sequence of recombinant *GII.6[P7]* Norovirus in Ningxia, China // Infect. Genet. Evol. – 2023. - №115. – P. 105499. DOI: 10.1016/j.meegid.2023.105499.
4. Graves N.S. Acute gastroenteritis // Prim Care. - 2013. - Vol. 40, N3. - P. 727-41
5. Jenkins KA, Vaughan GH Jr, Rodriguez LO, Freeland A. Acute Gastroenteritis on Cruise Ships - Maritime Illness Database and Reporting System, United States, 2006-2019 // MMWR Surveill Summ. - 2021. - Vol. 70, N 6. - P. 1-19.

6. UNICEF Data: Monitoring the situation of children and women. Accessed July 03, 2024
<https://data.unicef.org/topic/child-health/diarrhoeal-disease>

7. World Health Organization. Media centre: Diarrhoeal disease. Accessed July 03, 2024
<https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/diarrhoeal-disease>

8. World Health Organization. Manual of Rotavirus detection and characterization methods. Accessed July 3, 2024
<https://iris.who.int/bitstream/handle/10665/70122/WHOIVB08.17eng.pdf?sequence=1>

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, email: evi.khv@mail.ru
