

УДК: 001.8:616.34:578.835.3Calicivirus-036.22(571.61)"2024"

DOI: 10.62963/2073-2899-2024-46-40-44

ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЙ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ГРУППОВОЙ ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ НОРОВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИЕЙ В АМУРСКОЙ ОБЛАСТИ В 2024 Г.

Е.Ю. Сапега¹, Л.В. Бутакова¹, О.Е. Троценко¹, О.П. Курганова²,
Е.Н. Бурдинская³, Ю.А. Натикан³

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

²Управление Роспотребнадзора по Амурской области, Благовещенск, Российская Федерация;

³ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Амурской области», Благовещенск, Российская Федерация

Представлен эпидемиологический и молекулярно-генетический анализ очагов групповой заболеваемости норовирусной инфекцией в Амурской области в 2024 г. Установлены этиологические агенты, вызвавшие очаги групповой заболеваемости – норовирусы генотипов GII.4_Sydney [P16] и GII.7 [P7]. Возникновению и распространению инфекции способствовали несоблюдение противоэпидемических мероприятий, нарушение санитарного законодательства на пищеблоках учреждений, нахождение больных сотрудников пищеблока на рабочем месте, несвоевременное информирование территориальных органов Роспотребнадзора о фактах групповой заболеваемости учащихся и несвоевременная изоляция заболевших.

Ключевые слова: норовирус, норовирусная инфекция, групповая заболеваемость, острый гастроэнтерит.

EPIDEMIOLOGICAL AND MOLECULAR GENETIC ANALYSIS OF NOROVIRUS INFECTION OUTBREAKS IN THE AMUR OBLAST IN 2024

E.Yu. Sapega¹, L.V. Butakova¹, O.E. Trotsenko¹, O.P. Kurganova², E.N. Burdinskaya³,
Yu.A. Natikan³

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

²Rospotrebnadzor regional office in the Amur oblast, Blagoveshchensk, Russian Federation;

³FBUZ "Center of hygiene and epidemiology in the Amur oblast", Blagoveshchensk, Russian Federation

An epidemiological and molecular genetic analysis of norovirus outbreaks in the Amur oblast during 2024 is presented. Etiological agents that caused outbreaks were identified – norovirus genovariants GII.4_Sydney [P16] and GII.7 [P7]. Non-compliance with anti-epidemic measures, violation of sanitary legislation in institutions kitchens, presence of sick kitchen staff at the workplace, untimely notification of the Rospotrebnadzor regional offices about emergence of outbreaks among students as well as late isolation of the infected people facilitated emergence and spread of the infection.

Key words: norovirus, norovirus infection, outbreak, acute gastroenteritis.

Острые кишечные инфекции (ОКИ) на сегодняшний день сохраняют свою актуальность ввиду широкого спектра возбудителей, объединенных механизмом и путями передачи, быстрого их распространения среди населения и высокой заболеваемости [3, 6, 7]. Основное количество заболевших ОКИ в субъектах Дальневосточного федерального округа (ДФО) регистрируется среди детского населения [1]. В последнее десятилетие растет доля вирусных кишечных инфекций, а среди возбудителей лидируют рота- и норовирусы [2]. При этом ротавирусы зачастую вызывают спорадическую заболеваемость, тогда как норовирусы в большинстве случаев выявляются во вспышечных очагах [5].

Цель исследования – провести эпидемиологическое расследование случаев групповой заболеваемости острыми кишечными инфекциями (ОКИ) в первом квартале 2024 г. с использованием методов молекулярно-генетического анализа.

Материалы и методы

Анализ заболеваемости острыми кишечными инфекциями в Амурской области 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 Управления Роспотребнадзора по Амурской области в Федеральную службу по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека.

В ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора в феврале 2024 г. исследованы 14 проб биологического материала (кДНК норовирусов, выделенные из фекалий больных ОКИ), поступившего из ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Амурской области».

Для положительных на наличие РНК норовирусов образцов проводили амплификацию фрагмента в области соединения ORF1/ORF2 (частичные участки RdRp и VP1) с праймерами MON431 (TGG ACI AGR GGI CCY AAY CA) и G2SKR (CCR CCN GCA TRH CCR TTR TAC AT) [4]. Определение нуклеотидных последовательностей осуществляли методом секвенирования по Сэнгеру на генетическом анализаторе Applied Biosystems 3500 с использованием BigDyeTM Terminator v.3.1. Cycle Sequencing Kit (Thermo Fisher Scientific Inc., США).

Полученные нуклеотидные последовательности анализировали с помощью онлайн-инструмента Calicivirus Typing Tool (<https://calicivirustypingtool.cdc.gov>). 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>).

Результаты и обсуждение

В Амурской области в постковидный период (2021 –2023 гг.) отмечен рост заболеваемости острыми гастроэнтеритами с темпом прироста 7,8 %. В 2023 г. в области зарегистрированы 5443 случая ОКИ, показатель заболеваемости составил 719,8 на 100 тыс. населения, не превысив среднемирового уровня (790,3 на 100 тыс. населения). Из этиологических агентов в структуре ОКИ преобладали вирусы. Ежегодно в области выявляют по 2 очага групповой заболеваемости ОКИ, обусловленных норовирусами, с количеством пострадавших от 45 (2022 г.) до 130 человек (2023 г.), (табл.1).

Таблица 1.

Генотипы норовирусов, выявленные при расследовании очагов групповой заболеваемости норовирусной инфекцией в 2022–2024 гг.

Год	Число очагов	Количество пострадавших	Генотип норовируса
2022	2	45	<i>GII.4_Sydney [P.16]</i> <i>GII.17[P.17]</i>
2023	2	130	<i>GII.3[P.12]</i> , <i>GII.7[P.7]</i>
2024	2	83	<i>GII.4_Sydney [P.16]</i> <i>GII.7[P.7]</i>

С начала 2024 г. в области зарегистрированы 2 очага групповой заболеваемости ОКИ, с количеством пострадавших 83 человека. Вспышки развились практически одновременно, в феврале, в разных муниципальных районах. Основными клиническими проявлениями заболевания у большинства больных в обеих вспышках были рвота, повышение температуры и жидкий стул. Самый массовый вспышечный очаг ОКИ (71 человек) выявлен в гимназии г. Благовещенска. Заболевание протекало преимущественно в легкой форме (57 заболевших – 80,3%), средняя степень тяжести течения заболевания отмечена у 12 больных (госпитализированы в областную больницу) и у 2 человек – бессимптомное носительство. При лабораторном исследовании фекальных проб методом ПЦР у 11 больных детей и 2 работников пищеблока обнаружена РНК норовирусов, методом ИХА у других 11 больных выявлен антиген норовирусов. В ходе эпидемиологического расследования установлено, что учащиеся привлекаются к раздаче блюд, выявлено несоблюдение температурного режима хранения суточных проб в специально отведенном холодильнике, нарушение ведения журнала бракеража готовой продукции, что является нарушением ряда пунктов СП 2.4.3648-20 «Санитарно-эпидемиологические требования к организациям воспитания и обучения, отдыха и оздоровления детей и молодежи». Для установления генотипа норовирусов в лабораторию Хабаровского НИИ эпидемиологии и микробиологии поступил клинический материал от 6 детей и 2 сотрудников пищеблока. Методом секвенирования в 5 пробах от детей и 1 пробе от взрослого получены нуклеотидные последовательности, принадлежащие геноварианту норовируса *GII.4_Sydney [P16]*. Полученные результаты свидетельствуют об общем источнике инфекции, возможно, это носитель из числа работников пищеблока или больные дети, участвовавшие в раздаче столовых приборов и блюд во время дежурства в столовой.

Во втором очаге групповой заболеваемости ОКИ, зарегистрированном среди учащихся средней общеобразовательной школы с. Максимовка Амурской области в 2024 г., количество пострадавших насчитывало 12 человек, из которых 9 детей и 3 взрослых. Заболевание у всех протекало в легкой форме, больные получали лечение амбулаторно. Эпидемиологическое расследование выявило множество нарушений санитарно-эпидемических правил, в том числе и на пищеблоке. Одним из существенных нарушений являлось нахождение на работе сотрудника пищеблока с признаками острой кишечной инфекции, что, вероятно, и привело к формированию данного вспышечного очага. Усугубило ситуацию позднее информирование администрацией учебного заведения территориальных органов Роспотребнадзора. При исследовании биологических проб от заболевших и контактных методом ПЦР обнаружена РНК норовирусов II генетической группы у 5 детей и 1 взрослого.

Для генотипирования положительные пробы направлены в лабораторию Хабаровского НИИ эпидемиологии и микробиологии, где методом секвенирования во всех исследуемых пробах установлен геновариант норовируса **GII.7 [P7]**. Полная идентичность всех исследованных проб по анализируемому участку генома норовируса свидетельствует об едином источнике инфекции в данном вспышечном очаге.

Следует отметить, что генотипы норовирусов **GII.4_Sydney [P16]** и **GII.7 [P7]** активно циркулируют в Амурской области, участвуя в формировании очагов групповой заболеваемости.

Норовирус **GII.4_Sydney [P16]** ранее был выявлен в 2022 г. во вспышечном очаге в доме-интернате для престарелых и инвалидов в п. Архара Амурской области. Филогенетический анализ показал, что штаммы **GII.4_Sydney [P16]** 2022 и 2024 гг. группируются с вирусами, циркулировавшими в г. Нижнем Новгороде в 2022 г., г. Екатеринбурге в 2024 г., что в целом говорит о широкой циркуляции этого геноварианта на территории России (рис.1).

Норовирус **GII.7 [P7]** выявлен в 2 вспышках, зарегистрированных в Амурской области в 2023 г. в детских садах г. Благовещенска (у воспитателей, обследованных по контакту с больными кишечной инфекцией детьми в одном учреждении и у ребенка и одного сотрудника, больных острым гастроэнтеритом, в другом). Нуклеотидные последовательности генотипа норовируса **GII.7 [P.7]**, полученные при расследовании групповой заболеваемости в Амурской области в 2024 г., оказались полностью идентичными штаммам того же генотипа из вспышек в 2023 г. Кроме того, установлено их 99,0 % сходство с норовирусами **GII.7 [P.7]**, циркулировавшими в Хабаровском крае в 2023 г.

Таким образом, в 2024 г. продолжена работа Хабаровского НИИ эпидемиологии и микробиологии по этиологической расшифровке вспышечных очагов норовирусной инфекции в Амурской области. Клиническая картина в обоих очагах была идентичной, заболевание протекало в среднетяжелой и легкой форме гастроэнтерита.

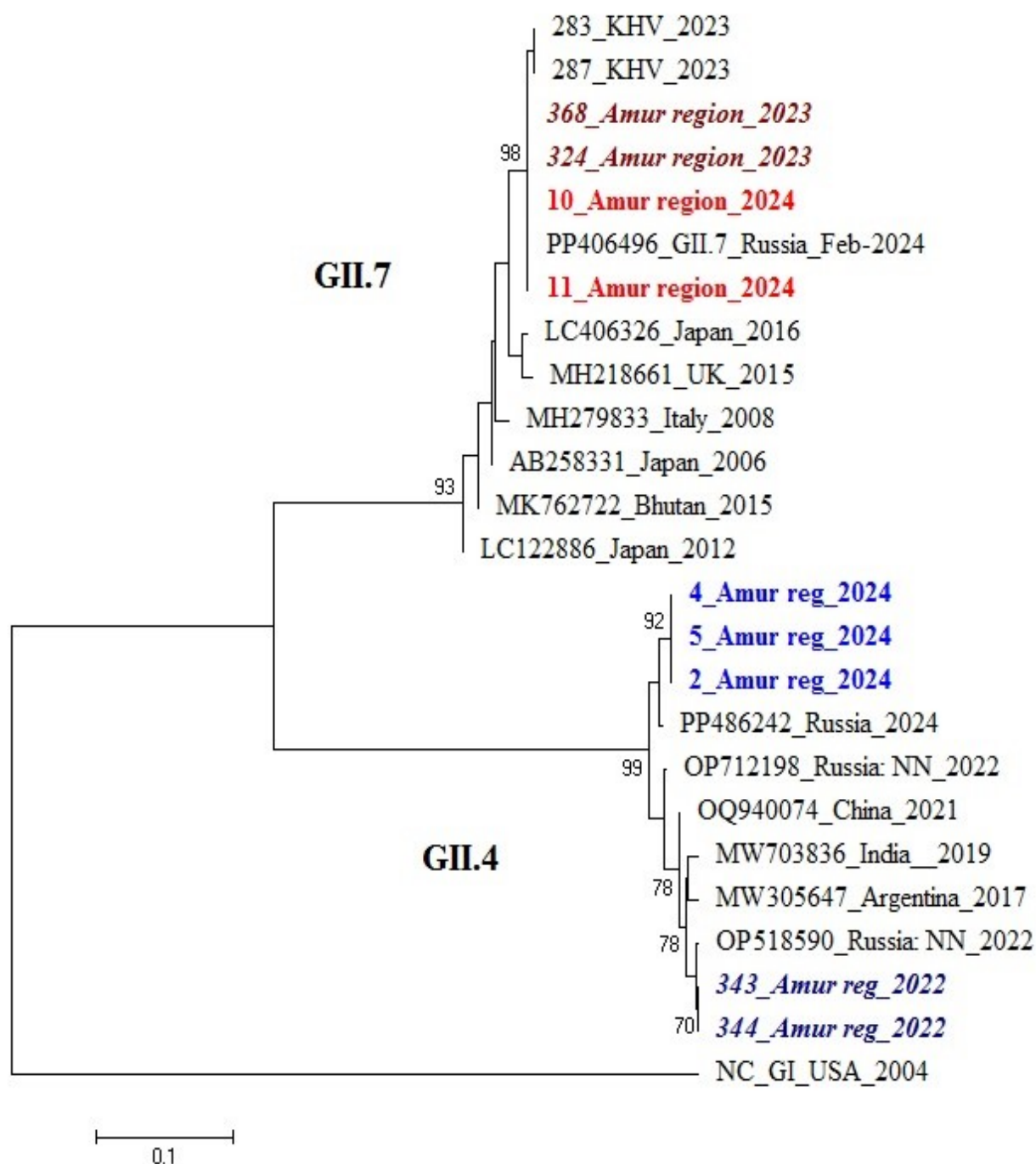


Рис.1. Филогенетическое дерево для нуклеотидных последовательностей норовирусов генотипов *GII.4_Sydney* и *GII.7*, построенное на основе анализа фрагмента ORF2 (VP1 308 н.о., позиции по референсному штамму NCBI NC039476: н.о. 5103-5411)

При молекулярно-генетическом исследовании клинического материала от детей и сотрудников пищеблока идентифицированы норовирусы 2 генотипов – *GII.4_Sydney* [P16] и *GII.7* [P7], выявлена их активная циркуляция среди населения Амурской области, способствующая возникновению очагов групповой заболеваемости. По данным эпидемиологического расследования возникновению и распространению инфекции способствовали несоблюдение противоэпидемических мероприятий, нарушение санитарного законодательства на пищеблоках учреждений, нахождение больных сотрудников пищеблока на рабочем месте, несвоевременное информирование территориальных органов Роспотребнадзора о фактах групповой заболеваемости учащихся и несвоевременная изоляция заболевших.

Литература

1. Сапега Е.Ю., Бутакова Л.В., Троценко О.Е., и др. Эпидемиологический и молекулярно-генетический анализ групповой заболеваемости острыми кишечными инфекциями в Хабаровском крае в 2022 году // Здоровье населения и среда обитания. – 2023. – Т.31, №11. – С. 62–70.
2. Сергеев В. И. Современные тенденции в многолетней динамике заболеваемости острыми кишечными инфекциями бактериальной и вирусной этиологии // Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. – 2020. – Т.19, № 4. – С. 14–19.
3. Шульдяков А.А., Ляпина Е.П., Рамазанова К.Х. Диареи вирусной этиологии. В кн.: Инфекционные болезни: национальное руководство. – Москва: ГЭОТАР-Медиа, 2019 – С.788–804.
4. Cannon JL, Barclay L, Collins NR, et al. Genetic and Epidemiologic Trends of Norovirus Outbreaks in the United States from 2013 to 2016 Demonstrated Emergence of Novel GII.4 Recombinant Viruses // Journal of clinical microbiology. – 2017. – Vol. 55, N 7. – P. 2208–2221.
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. Hikita T, Phan T, Okitsu S, et al. A comparative study of acute gastroenteritis symptoms in single-versus multiple-virus infections // Int. J. Mol. Sci. – 2023. – Vol. 24, N 9 – P. 8364.
7. Liu L, Moore MD. A Survey of Analytical Techniques for Noroviruses // Foods. – 2020. –Vol. 9, N 3. – P. 318.

Сведения об ответственном авторе:

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