

УДК: 616.34:578.835.3Calicivirus-036.22(571.6)"2015/2020"

ЗАБОЛЕВАЕМОСТЬ ОСТРЫМИ КИШЕЧНЫМИ ИНФЕКЦИЯМИ, ВЫЗВАННЫМИ ВИРУСНЫМИ ВОЗБУДИТЕЛЯМИ, В СУБЪЕКТАХ ДАЛЬНЕВОСТОЧНОГО ФЕДЕРАЛЬНОГО ОКРУГА

Е.Ю. Сапега¹, Л.В. Бутакова¹, О.Е. Троценко¹, Т.А. Зайцева²,
О.П. Курганова³, П.В. Копылов⁴

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

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

³Управление Роспотребнадзора по Амурской области, Благовещенск-на-Амуре, Российская Федерация;

⁴Управление Роспотребнадзора по Еврейской автономной области, Биробиджан, Российская Федерация

Проанализированы результаты эпидемиологических и молекулярно-генетических исследований норовирусной инфекции за период с 2015 по 2020 гг. в ряде субъектов ДФО (Хабаровский край, Еврейская автономная и Амурская области). Заболеваемость ОКИ с 2015 по 2019 гг. сохранялась на высоких уровнях с тенденцией к росту количества ОКИ установленной этиологии, в структуре которой преобладали норовирусы. В 2020 г. в анализируемых субъектах ДФО наблюдалось значительное снижение заболеваемости ОКИ по сравнению с предыдущими годами. Молекулярно-генетические методы исследования позволили выявить у больных в очагах групповой заболеваемости ОКИ в анализируемых территориях ДФО 9 различных генотипов норовирусов, имеющих глобальное распространение и вызывавших вспышки в других регионах мира: GII.17, GII.2, GII.3, GII.4, GII.7, GII.12, GII.6, GIX.1 и GII.14.

Ключевые слова: эпидемический процесс, острая кишечная инфекция, норовирусная инфекция, эпидемический подъем заболеваемости, молекулярное типирование

ACUTE GASTROINTESTINAL INFECTIONS CAUSED BY VIRAL PATHOGENS IN CONSTITUENT ENTITIES OF THE FAR EASTERN FEDERAL DISTRICT

E.Yu. Sapega¹, L.V. Butakova¹, O.E. Trotsenko¹, T.A. Zaitseva², O.P. Kurganova³, P.V. Kopylov⁴

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

²Khabarovsk krai Rospotrebnadzor regional office;

³Amur oblast Rospotrebnadzor regional office;

⁴Jewish autonomous district Rospotrebnadzor regional office

Epidemiological and molecular-genetic analysis of norovirus infection was performed during the period of years 2015-2020 in a number of constituent entities of the Far Eastern Federal district (Khabarovsk krai, Jewish autonomous region and Amur oblast). Incidence of acute intestinal infections during years 2015-2019 maintained at high levels with an increasing tendency of acute intestinal infections number of specified etiology. In the structure of the diseases, norovirus was prevalent. In the year 2020 significant decline of acute intestinal infections incidence compared to previous years of observation was registered in analyzed constituent entities of the Far Eastern Federal district. Molecular-genetic analysis revealed nine different norovirus genotypes in the observed territories of the Far Eastern Federal district that are spread globally and cause infection outbreaks in different regions of the world: GII.17, GII.2, GII.3, GII.4, GII.7, GII.12, GII.6, GIX.1 and GII.14.

Key words: epidemic process, acute intestinal infection, norovirus infection, epidemic rise of incidence, molecular typing

Введение

Острые кишечные инфекции (ОКИ) – большая группа инфекционных заболеваний человека, занимающая одно из ведущих мест в структуре инфекционной патологии населения, характеризующаяся алиментарным механизмом заражения и поражением желудочно-кишечного тракта [1]. Кишечным инфекциям подвержены как дети, так и взрослые. Следует отметить, что у детей раннего возраста чаще встречается тяжелое течение заболевания и возможны летальные исходы. В Российской Федерации эпидемиологическая ситуация по ОКИ расценивается как сложная, а уровень заболеваемости в период с 2015 по 2019 годы в среднем составлял 549,18 на 100 тыс. населения [2].

Этиологическими агентами ОКИ являются различные патогены, при этом в последнее десятилетие в мире отмечается рост заболеваемости кишечными инфекциями, обусловленных вирусами. Так, по данным ВОЗ среди ежегодно регистрируемых диарейных заболеваний на вирусные инфекции приходится от 50 до 67% [<https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/diarrhoeal-disease>], а наибольшей эпидемиологической значимостью обладают ротавирусная и норовирусная инфекции. Особое внимание в мире уделяется норовирусам, которые являются ведущей этиологической причиной вспышечной и спорадической заболеваемости острым инфекционным гастроэнтеритом.

Внедрение в диагностику кишечных вирусных инфекций молекулярно-генетических методов исследования позволило выявить широкое разнообразие кишечных вирусов. Своевременное выявление норовирусов с высоким эпидемическим потенциалом способствует предотвращению их распространения и является важной составляющей эпидемиологического надзора за норовирусной инфекцией [3].

Цель исследования: охарактеризовать эпидемический процесс острых кишечных инфекций (ОКИ) в ряде субъектов Дальневосточного федерального округа в 2015-2020 гг., выявить циркулирующие типы норовирусов с применением методов молекулярно-генетического типирования норовирусов и филогенетического анализа.

Материалы и методы

Анализ заболеваемости острыми кишечными инфекциями в субъектах Дальневосточного федерального округа РФ в период с 2015 по 2020 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 период с 2015 по 2020 гг. изучены вспышечные очаги, обусловленные норовирусной инфекцией, а также молекулярно-генетические особенности норовирусов в трех субъектах ДФО – Хабаровский край, Амурская и Еврейская автономная области.

С целью выявления РНК/ДНК кишечных патогенов материал поступал из Центров гигиены и эпидемиологии субъектов ДФО в лабораторию ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора. В период с 2015 по 2020 гг. всего исследовано 315 проб клинического материала от 236 лиц с подозрением на ОКИ, от 115 контактных с больными ОКИ и 32 пробы из объектов окружающей среды.

Обнаружение РНК/ДНК кишечных патогенов в фекальных образцах и образцах из объектов внешней среды проводили методом полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР) с использованием набора реагентов «АмплиСенс®ОКИскрин-FL» (ФБУН «Центральный НИИ эпидемиологии» Роспотребнадзора).

Для положительных на наличие РНК норовирусов II генотипа 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 BigDye™ Terminator v.3.1. Cycle Sequencing Kit (Thermo Fisher Scientific Inc., США).

Для установления генотипа норовируса полученные нуклеотидные последовательности анализировали с помощью онлайн-инструмента Norovirus Typing Tool Version 2.0 (Netherlands National Institute for Public Health and the Environment (RIVM); <https://www.rivm.nl/mpf/typingtool/norovirus/>), 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>).

Филогенетический анализ выполнен с применением программного обеспечения MEGA 6.0. Филогенетические деревья построены с помощью метода Neighbor-Joining с использованием эволюционной модели Кимуры (Kimura 2-parameter model). Для оценки статистической достоверности узлов применяли бутстрэп-анализ с использованием 1000 случайных выборок.

Для статистической обработки полученных результатов применены пакеты прикладных программ Excel 2013 (Microsoft Office 2013) с использованием параметрических методов вариационной статистики [5, 6].

Результаты и обсуждение

Многолетний ретроспективный анализ заболеваемости острыми кишечными инфекциями (ОКИ) в целом по ДФО свидетельствует о стабильно высоком её уровне, варьирующем от 459,3 на 100 тыс. населения в 2020 г. до 920,3 на 100 тысяч населения в 2016 г. При этом отмечается тенденция к снижению заболеваемости ОКИ. Динамика заболеваемости ОКИ в анализируемых субъектах ДФО (Хабаровский край, Амурская и Еврейская автономная области) имела волнообразный характер (рис. 1).

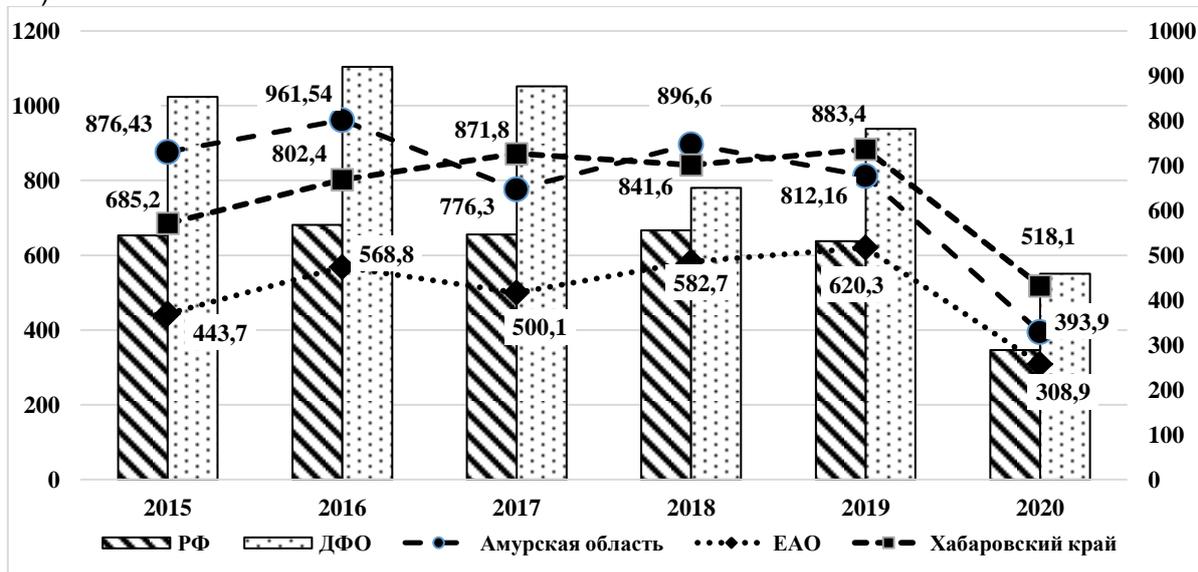


Рис. 1. Заболеваемость ОКИ в Хабаровском крае, Еврейской автономной и Амурской областях в сравнении с показателями в ДФО и РФ в 2015-2020 гг.

Наибольшее число случаев ОКИ в целом по ДФО было отмечено в 2016 г., в том числе среди анализируемых трех субъектов в 2016 году – только в Амурской области. Кроме того, ежегодно в Амурской области и Хабаровском крае показатели заболеваемости ОКИ были в 1,5 раза выше, чем в среднем по Российской Федерации. В ЕАО показатели заболеваемости ОКИ в анализируемый период регистрировались примерно на уровне среднероссийских показателей (табл. 1).

В структуре ОКИ в целом по ДФО преобладают ОКИ, вызванные неустановленными инфекционными возбудителями, пищевыми токсикоинфекциями неустановленной этиологии (ОКИ неустановленной этиологии), на долю которых приходится 68,4% (95%ДИ: 68,0-68,8). Наибольший удельный вес ОКИ неустановленной этиологии в анализируемый период ежегодно наблюдался в Хабаровском крае, в среднем он составил 82,3% (95%ДИ: 81,5-83,1), (рис. 2.).

Таблица 1

Заболеваемость ОКИ в субъектах ДФО РФ в период с 2015 по 2020 гг.

	Показатели заболеваемости ОКИ											
	2015 г.		2016 г.		2017 г.		2018 г.		2019 г.		2020 г.	
	абс	на 100 тыс.	абс	на 100 тыс.	Абс	на 100 тыс.	абс	на 100 тыс.	абс	на 100 тыс.	абс	на 100 тыс.
Хабаровский край	9571	685,2	10736	802,4	11635	871,8	11221	841,6	11734	883,4	6814	518,1
Амурская обл.	7098	876,4	7747	961,5	6224	776,3	7159	896,6	6442	812,2	3112	393,9
Еврейская авт. обл. (ЕАО)	742	443,7	945	568,8	816	500,1	938	582,7	1005	620,3	494	308,9
Российская Федерация	797571	544,8	831923	567,7	802462	546,5	815864	555,6	780007	531,4	424278	289,1
ДФО	52931	853,3	57013	920,3	54137	877,1	53393	650,7	63958	782,1	37511	459,3

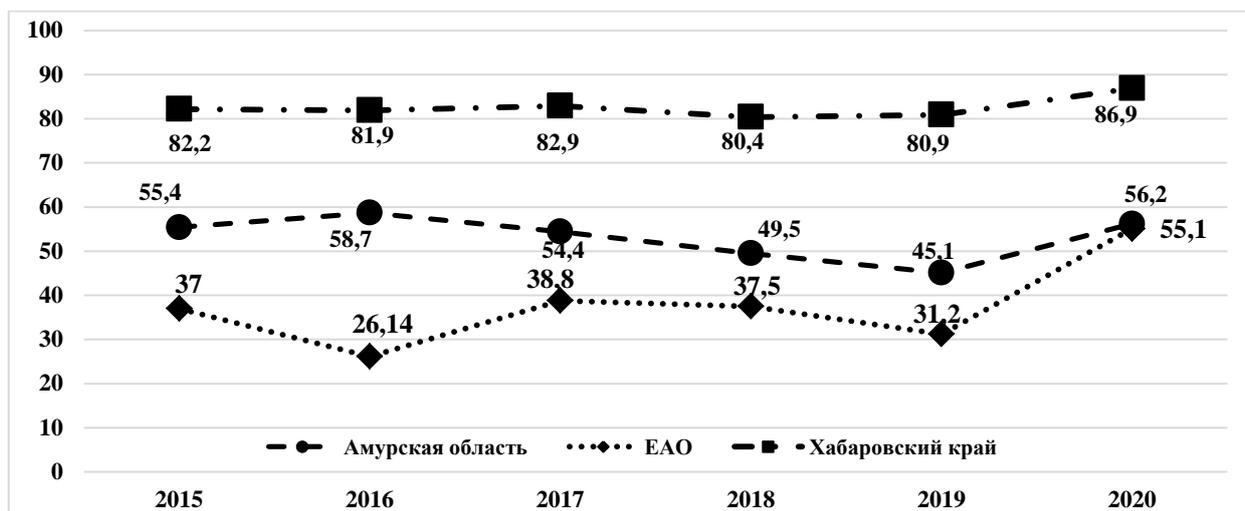


Рис. 2. Удельный вес ОКИ неустановленной этиологии в ряде субъектов ДФО в 2015- 2020 гг.

В связи с расширением спектра лабораторных исследований и улучшением качества лабораторной расшифровки отмечалась тенденция роста показателей заболеваемости ОКИ, вызванных установленными бактериальными и вирусными возбудителями, удельный вес которых в среднем составлял 44,4%. При этом в трех анализируемых субъектах ДФО доминировали вирусные возбудители кишечных инфекций (рота- и норовирусы), совокупная доля которых в период с 2015 по 2020 гг. увеличилась на 8,9 % (с 61,8% в 2015 г. до 70,7% в 2020 г.), вызывая более 50,0% заболеваний ОКИ установленной этиологии (рис.3).

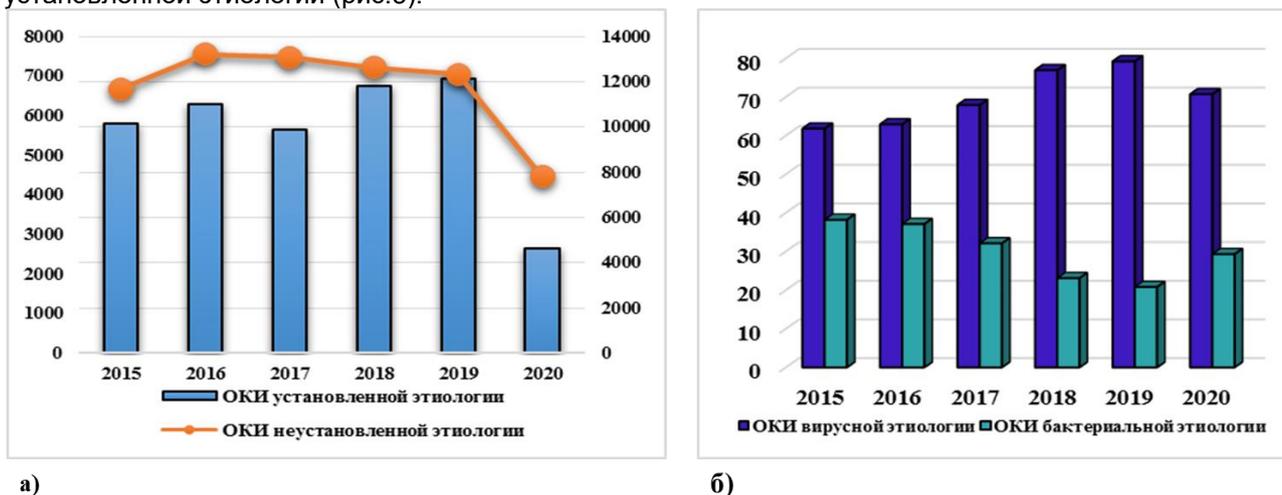


Рис. 3. Соотношение ОКИ установленной и неустановленной этиологии совокупно в Хабаровском крае, Амурской области и ЕАО (а). Соотношение ОКИ вирусной и бактериальной этиологии в структуре ОКИ установленной этиологии совокупно в Хабаровском крае, Амурской области и ЕАО (б).

В структуре ОКИ вирусной этиологии в трех анализируемых субъектах ДФО лидировали ротавирусы. Ежегодно ротавирусы выявлялись у 90,0% заболевших ОКИ. В возрастной структуре ротавирусной инфекции преобладали дети до 17 лет, составляя от 84,0 до 94,0% от общего числа детей, заболевших ОКИ установленной этиологии. Очаги групповой заболеваемости, обусловленные ротавирусами, в период с 2015 по 2020 гг. ежегодно регистрировались в Хабаровском крае. Минимальное количество вспышек в Хабаровском крае выявлено в 2018 году (3 очага) с числом пострадавших 16 детей, максимальное количество очагов зафиксировано в 2016 году (14 вспышек), при этом заболело 94 человека, из которых 98,9% составляли дети. В остальных анализируемых субъектах ДФО вспышечные очаги ротавирусной этиологии не регистрировались.

Следует отметить, что регистрация случаев норовирусной инфекции на территории России ведется с 2009 года, многолетняя динамика заболеваемости характеризуется ежегодным ростом показателей, при этом минимум был отмечен в 2010 году (2,46 на 100 тыс. населения). В анализируемых субъектах ДФО в период с 2015 по 2020 гг. наблюдался ежегодный рост показателей заболеваемости норовирусной инфекцией (рис. 4).

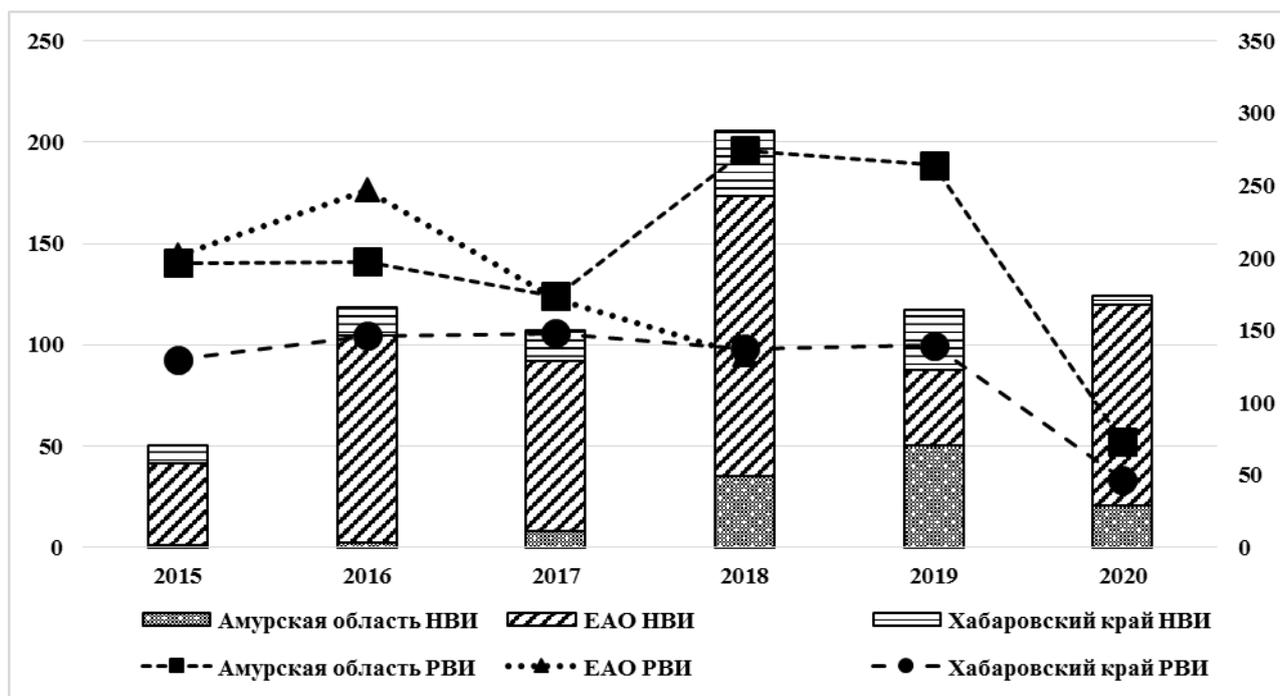


Рис. 4. Динамика заболеваемости ротавирусной (РВИ) и норовирусной инфекциями (НВИ) в Хабаровском крае, Амурской и Еврейской автономной областях в период с 2015 по 2020 гг.

При этом в ЕАО с 2015 года зафиксирован резкий подъем заболеваемости, когда показатели превысили средний по России в 5,0 раз. Возможно, что активизация норовирусной инфекции связана не только с широким распространением норовирусов в субъектах ДФО, но и с увеличением объема лабораторных исследований, расширением контингента обследуемых лиц: проводились обследования работников общепита, обслуживающего персонала из детских дошкольных учреждений и детских оздоровительных лагерей.

Наибольшее число очагов групповой заболеваемости среди инфекций с фекально-оральным механизмом передачи приходится на НВИ. В Хабаровском крае ежегодно регистрируется 5-7 вспышек норовирусной инфекции с количеством пострадавших от 57 до 174 человек, а в 2018 году выявлено 14 очагов НВИ в организованных коллективах с числом заболевших 240 человек, из них 196 детей. Следует отметить, что в крае в 2018 году зафиксирован рост заболеваемости НВИ, а показатель (45,5 на 100 тыс. населения) превысил в 2,3 раза уровень предыдущего года (в 2017 г. - 21,1 на 100 тыс. населения).

ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора в период с 2015 по 2020 гг. принимал участие в расследовании вспышек НВИ, зарегистрированных в анализируемых субъектах ДФО. Клинический материал поступал из 6 вспышечных очагов норовирусной инфекции в Хабаровском крае (2015 – 2016 гг., 2018 – 2019 гг.), 5 очагов групповой заболеваемости в Амурской области (2018 – 2019 гг.) и 2 очагов в ЕАО (2018 – 2019 гг.). Кроме того, в анализе были учтены нуклеотидные последовательности, полученные из клинического материала от больных из очагов групповых заболеваний в Хабаровском крае в 2021 году (3 очага). В 2020 году клинический материал из вспышечных очагов не поступал. Всего получено 169 нуклеотидных последовательностей НВ 9 генотипов (табл. 2).

Генотипы норовирусов, выявленные при расследовании очагов групповой заболеваемости норовирусной инфекцией в 2015-2021 гг.

Субъект ДФО	2015	2016	2018 г.	2019 г.	2021
	Количество очагов НВИ/ Генотип норовируса	Количество очагов НВИ/ Генотип норовируса			
Хабаровский край	1 GII.17	1 GII.4 Sydney_2012	1 GII.6	3 GII.6 [P7] GII.7 [P7] GII.12 [P16]	3 GII.12 [P16] GIX.1 [GII.P15] GII.14 [P7]
Амурская область	-	-	2 GII.2 GII.17	3 GII.2 [P16] GII.3 [P12] GII.4 [P31]	-
Еврейская автономная область	-	-	1 GII.3	1 GII.3 [P12]	-

Групповая заболеваемость норовирусной инфекцией в субъектах ДФО обусловлена, как правило, разными генотипами норовирусов. Однако в анализируемых субъектах на протяжении двух лет при исследовании клинического материала выявлялся один и тот же генотип норовируса, что свидетельствует о длительной циркуляции его среди населения. Так, в Хабаровском крае два года подряд (2018 и 2019 гг.) зарегистрированы две групповые вспышки, обусловленные норовирусом GII.6: в январе 2018 года в МАОУ «Гимназия № 3 имени М.Ф. Панькова» г. Хабаровска с количеством пострадавших 106 человек, а в 2019 г. контаминация воды норовирусом генотипа GII.6 [P7] обусловила возникновение очага групповой заболеваемости НВИ среди детей, игравших в пешеходном фонтанном комплексе [7].

Молекулярно-генетический анализ фрагмента ORF2 показал, что капсидный белок хабаровских штаммов норовируса GII.6 [P7] 2019 г. относится к геноварианту GII.6a по классификации, предложенной Chan-It W. et al. [8]. Тогда как вспышка норовирусной инфекции в гимназии г. Хабаровска в 2018 году была вызвана норовирусом GII.6 [9], принадлежащим к другому геноварианту – GII.6b. При этом отличие между нуклеотидными последовательностями хабаровских штаммов GII.6 2018-2019 гг. разных геновариантов составило 7,5%. Следует отметить, что норовирусы геновариантов GII.6a и GII.6b ранее циркулировали в различных городах России, являясь причиной групповых заболеваний.

В период с января по май 2021 года в ФБУН ХНИИЭМ поступал материал из 3 очагов норовирусной инфекции в Хабаровском крае. При исследовании клинического материала идентифицированы 3 разных рекомбинантных генотипа норовирусов. В январе 2021 года в г. Хабаровске зарегистрирована вспышка ОКИ, обусловленная норовирусом генотипа GIX.1 [GII.P15], ранее обозначаемого как GII.P15-GII.15 [10]. Сравнительный анализ хабаровских нуклеотидных последовательностей GIX.1 [GII.P15] с референсными из GenBank выявил сходство на 99,6% со штаммами, циркулировавшими в Китае в 2018 году, и на 99,2 % – со штаммами из США 2018 года. Данных о циркуляции норовируса GIX.1 [GII.P15] в других субъектах Российской Федерации нами не найдено. В феврале 2021 г. в МКОУ СОШ с. Вострцево Охотского района групповая заболеваемость была обусловлена норовирусом GII.14 [P7], а в мае вспышка кишечной инфекции произошла в строительном колледже г. Комсомольска-на-Амуре и была вызвана генотипом GII.12 [P16]. При этом, генотип норовируса GII.12 [P16] являлся причиной другого группового заболевания в МБДОУ №23 г. Хабаровска в 2019 году. При молекулярно-генетическом исследовании полученные штаммы оказались сходными друг с другом на 98%, на филограмме они сформировали единую монофилетическую группу совместно с вирусами, циркулировавшими в Испании в 2018 г., в США в 2019 г., а также в Нижнем Новгороде в 2020 г.

В Амурской области в 2018 и 2019 году зафиксированы очаги групповой заболеваемости, обусловленные норовирусом генотипа GII.2. При этом штаммы норовирусов из Амурской области значительно отличались друг от друга, а филогенетический анализ фрагмента ORF2 показал их принадлежность к единой монофилетической группе, представители которой циркулировали в Тайване в 2016-2017 гг. и Японии в 2020 г. (рис. 5).

В ЕАО норовирус GII.3 на протяжении двух лет (2018-2019 гг.) вызывал групповую заболеваемость в детских коллективах, что свидетельствует о его циркуляции среди населения области. Кроме того, этот генотип норовируса распространился на другие территории Дальнего Востока и явился причиной групповой заболеваемости в 2019 году в Амурской области. Молекулярно-генетический анализ фрагмента гена, кодирующего основной капсидный белок VP1, показал практически 100%

сходство анализируемых штаммов, а на филограмме они сформировали единую группу совместно с вирусами из Новосибирска 2017 г., Китая 2018 г. и США 2019 г.

Проведенные результаты молекулярно-генетических исследований свидетельствуют о длительной повсеместной циркуляции норовирусов среди населения, обуславливающих неблагоприятную обстановку по острым кишечным инфекциям в целом, вызывающих групповую заболеваемость в организованных коллективах, среди клиентов заведений общественного питания и посетителей мест общего пользования (на примере пешеходного фонтана).

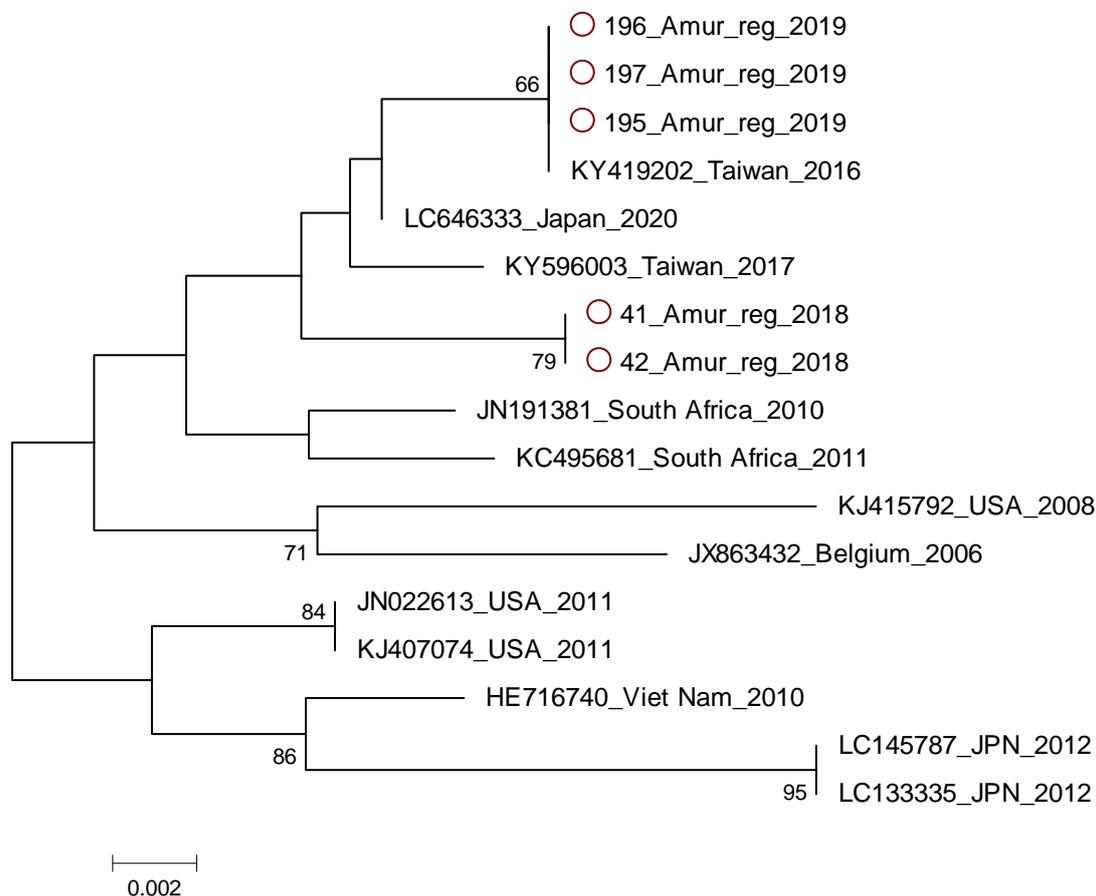


Рис. 5. Филогенетическое дерево для нуклеотидных последовательностей норовируса GII.2, построенное на основе анализа фрагмента ORF2 (VP1 308 н.о., позиции по референсному штамму NCBI NC039476: н.о. 5103-5411)

Заключение

Заболеваемость ОКИ в период с 2015 по 2020 гг. в анализируемых территориях ДФО (Хабаровский край, Амурская область и ЕАО) сохранялась на высоком уровне с тенденцией к росту количества ОКИ установленной этиологии, в структуре которых преобладали вирусные агенты. При этом наблюдался ежегодный рост показателей заболеваемости норовирусной инфекцией с регистрацией очагов групповой заболеваемости. В 2020 г. отмечено резкое снижение зарегистрированных случаев ОКИ, в том числе и НВИ, которому способствовало введение жестких ограничительных мер, направленных на прекращение распространения возбудителя опасного инфекционного заболевания COVID-19 – нового коронавируса SARS-CoV-2.

Молекулярно-генетические методы исследования позволили выявить у больных в очагах групповой заболеваемости ОКИ 9 различных генотипов норовирусов. Отмечено продолжительное (с 2016 по 2019 гг.) выявление генотипа GII.6 в г. Хабаровске, который явился причиной вспышек норовирусной инфекции в 2018-2019 гг. Установлена одновременная циркуляция норовируса GII.3 в двух соседних территориях (ЕАО и Амурской области), в одной из которых данный генотип вызывал очаги групповой заболеваемости на протяжении 2-х лет. Выявленные в ходе исследования молекулярно-генетические особенности свидетельствуют о длительной и широкой циркуляции норовирусов различных генотипов в анализируемых субъектах с формированием вспышечных очагов.

Таким образом, молекулярно-эпидемиологический мониторинг за норовирусной инфекцией является необходимым инструментом для надзора, устанавливающим возможные эпидемиологические связи случаев заболеваний и способствующим расследованию очагов групповой заболеваемости.

сти, а также позволяющим отслеживать циркуляцию и распространение различных генотипов норовирусов на территории Российской Федерации.

Литература

1. Острые кишечные инфекции у детей (диагностика, классификация, лечение) / В.Ф. Учайкин, А.А. Новокшенов, Л.В. Мазанкова, Н.В. Соколова // Пособие для врачей. – 2003. – 34 с.
2. Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2019 году». Режим доступа: https://www.rospotrebnadzor.ru/upload/iblock/8e4/gosdoklad-za-2019_seb_29_05.pdf (дата обращения 01.11.2021г.)
3. Поклонская Н.В., Амвросьева Т.В., Дедюля К.Л. и др. Групповая заболеваемость норовирусными гастроэнтеритами в Республике Беларусь и молекулярная эпидемиология возбудителей // Медицинские новости. - 2013. - № 12. - С. 78–81.
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. – V. 55(7). – P. 2208-2221. DOI: 10.1128/JCM.00455-17.
5. Бессмертный Б.С., Ткачева М.Н. Статистические методы в эпидемиологии. – М.:Медгиз, 1961. – 106 с.
6. Савилов Е.Д., Астафьев В.А., Жданова С.Н., Заруднев Е.А. Эпидемиологический анализ: Методы статистической обработки материала. – Новосибирск: Наука-Центр, 2011. – 156 с.
7. Бутакова Л.В., Сапега Е.Ю., Троценко О.Е., Зайцева Т.А., Каравянская Т.Н., Лебедева Л.А. Водная вспышка острой кишечной инфекции, обусловленная рекомбинантным норовирусом генотипа GII.P7–GII.6, в городе Хабаровске в 2019 году // Здоровье населения и среда обитания. – 2020. – №6, Том 327. – С. 50-54.
8. Chan-It W, Thongprachum A, Khamrin P, et al. Emergence of a new norovirus GII.6 variant in Japan, 2008-2009. *Journal of medical virology*. – 2012. – V. 84(7). – P.1089–1096. DOI: 10.1002/JMV.23309.
9. Бутакова Л.В., Сапега Е.Ю., Троценко О.Е., и др. Генотипы норовирусов, обусловившие заболеваемость острыми кишечными инфекциями в Хабаровском крае // Здоровье населения и среда обитания. - 2018. - Т. 304, №7. - С. 52-56.
10. Chhabra P., de Graaf M., Parra G. I., et al. Updated classification of norovirus genogroups and genotypes. // *The Journal of general virology*. – 2019. – №10, Vol. 100. – P. 1393–1406.

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: adm@hniiem.ru