

УДК: 001.8:[616.34:578.835.3Calicivirus-036.22:575.22

ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ НОРОВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИИ НА СОВРЕМЕННОМ ЭТАПЕ

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

В настоящее время во всем мире в этиологической структуре острых кишечных инфекций преобладают вирусные патогены, среди которых ведущее место занимают норовирусы. В статье представлены основные сведения об этиологии и эпидемиологии норовирусов, принципах классификации на современном этапе. Кроме того, отражена эпидемическая ситуация по норовирусной инфекции в Российской Федерации и в отдельных субъектах Дальневосточного федерального округа (Хабаровский край, Амурская и Еврейская автономная области). Широкое генетическое разнообразие норовирусов, их высокая контагиозность и способность вызывать вспышки определяют необходимость регулярного молекулярно-эпидемиологического надзора за норовирусной инфекцией.

Ключевые слова: норовирусная инфекция, норовирусы, генотипы, групповая заболеваемость

CURRENT EPIDEMIOLOGICAL ASPECTS OF NOROVIRUS INFECTION

E.Yu. Sapega¹, L.V. Butakova¹, O.E. Trotsenko¹, T.A. Zaitseva², O.P. Kurganova³, P.V. Kopilov⁴

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

²Khabarovsk krai regional Rospotrebnadzor office, Khabarovsk, Russian Federation,

³Amur oblast regional Rospotrebnadzor office, Blagoveshchensk-on-Amur, Russian Federation,

⁴Jewish autonomous oblast regional Rospotrebnadzor office; Birobidzhan, Russian Federation

Viral causative agents and norovirus among them are prevailing in etiological structure of acute gastrointestinal tract infections at present time. The article presents current data concerning etiology and epidemiology of norovirus as well as classification guidelines. Apart of abovementioned, the research emphasizes on epidemiologic situation on norovirus infection in the Russian Federation and several constituent entities of the Far Eastern Federal district including Khabarovsk krai, Amur oblast and Jewish autonomous district. Wide diversity of norovirus genotypes, their high contagiousity and ability to cause outbreaks determine a necessity of regular molecular-epidemiological surveillance over norovirus infection.

Key words: norovirus infection, norovirus, genotypes, outbreaks

Введение

Острые кишечные инфекции (ОКИ) являются одной из важных проблем мирового здравоохранения и занимают второе место среди всех инфекционных заболеваний. ОКИ протекают с частой рвотой, диареей, что нередко приводит к обезвоживанию, тяжелому состоянию пациентов и даже летальному исходу. Больным с ОКИ нередко необходима госпитализация, обследование и в ряде случаев длительное лечение, что требует определенных финансовых затрат. Так, в Российской Федерации (РФ) экономический ущерб от ОКИ ежегодно оценивается в более, чем 8 млрд рублей [1]. Вспышки ОКИ ежегодно регистрируются в разных странах мира, в том числе и в РФ. По данным Референс-центра по мониторингу ОКИ (ФБУН Центральный НИИ эпидемиологии Роспотребнадзора) в 2019 году на территории РФ выявлено 213 очагов групповой заболеваемости ОКИ с общим количеством пострадавших 2422 человека [1].

В структуре возбудителей ОКИ ведущее место занимают вирусные патогены, среди которых преобладают норовирусы, являющиеся основной причиной спорадических случаев и вспышек острого гастроэнтерита во всех возрастных группах [1]. Вспышки ОКИ, обусловленные норовирусной инфекцией (НВИ), часто возникают в закрытых организованных коллективах как во взрослых, так и в детских, в различных медицинских учреждениях, в школах, на курортах, круизных лайнерах. Количество пострадавших во время вспышек и тяжесть течения заболевания различаются в зависимости от времени года и генотипов норовирусов, что позволяет предположить, что степень передачи норовируса варьирует в зависимости от внешних факторов и условий [2].

Этиология

Норовирусы относятся к роду *Norovirus*, семейству *Caliciviridae*, не содержат оболочку, геном представлен компактной одноцепочечной молекулой РНК положительной полярности, размер которой варьирует от 7,3 до 8,5 т.п.н. (<http://www.ictvonline.org/virusTaxonomy.asp>). РНК норовируса содержит три открытые рамки считывания (ORF), обозначаемые ORF-1, ORF-2 и ORF-3, которые кодируют восемь вирусных белков (рис.1). Из них ORF1 кодирует длинный полипротеин (P), ORF-2 и ORF-3 – структурные белки VP1 и VP2 соответственно.

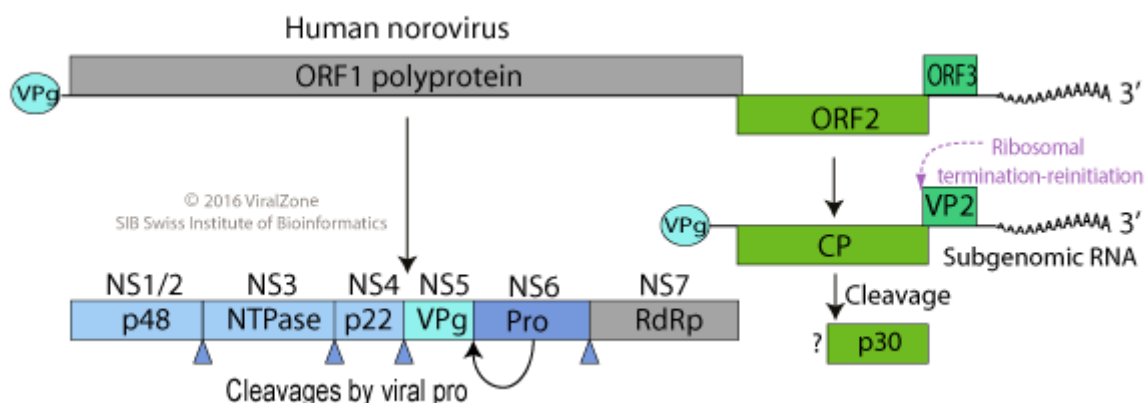


Рис. 1. Геномная организация *Norovirus* (<https://viralzone.expasy.org/194>)

Ранние классификации рода *Norovirus* основывались на оценке разнообразия нуклеотидных последовательностей, полученных в результате секвенирования областей открытых рамок считывания (ORF-1 или ORF-2). Частые рекомбинационные события в геноме норовирусов приводят к тому, что данные по количеству генотипов быстро устаревают и подлежат постоянному пересмотру. В связи с чем, в 2013 году исследователи из Рабочей группы по классификации норовирусов (*Norovirus classification working group* (NCWG)) предложили универсальную стандартизированную систему номенклатуры и типирования для определения генотипов норовирусов [3]. Дальнейшие исследования привели к созданию в 2019 году новой классификации норовирусов [4], согласно которой в настоящее время существуют 10 геногрупп (GI-GX) и 48 генотипов. Были предложены изменения для обозначения штаммов норовируса: GI.genotype [P-type] или GII.genotype [P-type], то есть сначала указывается генотип капсида (G), за которым следует тип полимеразы (P) в квадратных скобках, например, GII.6 [P6]. При регистрации нуклеотидных последовательностей в международной базе GenBank штаммы обозначаются согласно новым рекомендациям.

Основным генетическим вариантом, циркулирующим в мире с 2012 года, является норовирус GII.4 Sydney. В странах Восточной Азии в 2014 году произошла смена лидирующего генотипа на GII.17[P17], который выделялся в большинстве вспышек норовирусного гастроэнтерита [5].

Эпидемиология

Норовирус высокозаразен, для развития клиники достаточно от 10 до 1000 вирусных частиц. Механизм передачи норовирусной инфекции фекально-оральный, реализуется в основном контактно-бытовым и пищевым путями, помимо этого описаны водный и аэрозольный пути передачи. Источником инфекции является больной человек или вирусовыделитель. При этом вирус очень устойчив в окружающей среде, может длительное время сохраняться на любых поверхностях, в рекреационной и питьевой воде, на различных продуктах питания, особенно опасны продукты, не требующие термической обработки [6]. Более того, возможно сохранение и передача вируса через лед, используемый в пищевых целях [7].

Распространение норовирусной инфекции в мире. Многочисленные исследования в Китае, Японии, Тайване, Гонконге показали, что 93% всех вспышек норовирусной инфекции (НВИ), зарегистрированных в школах, реализуются контактным путем передачи [8, 9, 10]. Употребление загрязненных норовирусами пищевых продуктов и воды стоят на втором месте среди причин развития заболевания у большого количества людей и формирования вспышки. Некоторые авторы связывают отдельные генотипы с определенными способами передачи норовируса, например, GII.4 связан

с передачей инфекции контактным путем, особенно в больничных условиях, GI.7 и GII.12 – через контаминированные продукты питания [11].

В марте 2018 г. в г. Гуанчжоу (КНР) у 46 студентов, проживающих в одном общежитии и использовавших услугу доставки еды, выявлен норовирус GII.3. Кроме студентов, норовирус того же генотипа был идентифицирован у 10 работников службы доставки еды [12]. В феврале 2014 года источником норовирусной инфекции у учащихся 13 школ г. Цзясин (КНР) оказалась бутилированная вода. При обследовании персонала, разливающего воду по бутылкам, заболевших детей и исследовании бутилированной воды обнаружен единый генотип норовируса. [13]. В Северной Италии у 33 детей, которые в походе пили речную воду и заболели норовирусной инфекцией, установлен генотип норовируса GI.4 [14]. В Австрии в 2014 году 28 подопечных школы-интерната после употребления шашлыка в ресторане почувствовали недомогание, при обследовании выявлен норовирус GII.P21 [15].

В Малайзии в 2016 году зарегистрирована вспышка норовирусной инфекции среди учащихся школы-интерната в Клуанге с числом пострадавших 42 человека [16]. В Южной Корее в декабре 2017 года в педиатрическом отделении с многоместными палатами Детской больницы Сеульского национального университета пострадало 10 детей в возрасте до 1 года, при обследовании выявлен норовирус [17].

В США в период с 2009 по 2017 гг. 47% вспышек острого гастроэнтерита, зарегистрированных в Национальной системе отчетности о вспышках (the National Outbreak Reporting System-NORS), обусловлены норовирусами [18].

Помимо вспышек, повсеместно регистрируются случаи спорадической заболеваемости норовирусной инфекцией. При этом наблюдается высокий уровень заболеваемости и смертности от норовирусной инфекции в развивающихся странах [19]. В Республике Конго, где кишечные инфекции занимают третье место среди оснований для обращения детей в медицинские учреждения и являются причиной 7,5% смертей ежегодно, в период 2012-2013 гг. в 34 % случаев возбудителем выступал норовирус [20]. В Камеруне при выяснении причин ранней детской смертности от ОКИ в 8,4% случаев был выявлен норовирус [21]. В Тунисе в 2012 году при обследовании детей с гастроэнтеритом в 36,8% случаев был выявлен норовирус, преимущественно генотипа GII.3 [22]. В то же время в Марокко у детей в возрасте до 5 лет с острой кишечной инфекцией норовирусы были выделены в единичных случаях [23].

В КНР в 2013-2014 гг. у амбулаторных взрослых пациентов (возраст ≥ 16 лет) с острым гастроэнтеритом в 26,51% случаев были обнаружены норовирусы, причем геногруппа GII была преобладающей (96,2%) [24]. С 2012 по 2017 годы в Детской больнице Университета Фудань в Шанхае (Китай) при обследовании детей в возрасте от 1 года до 5 лет с острым гастроэнтеритом норовирусы GII были обнаружены в 15,4% случаев [25].

Кроме того, описываются случаи выделения норовируса при случайном обследовании клинически здоровых людей, в том числе работников пищеблоков в начальных школах г. Инчхон (Южная Корея) [26, 27]. Трансплантация фекальной микробиоты от бессимптомных доноров, не прошедших скрининг на наличие вируса, привела к передаче норовируса реципиентам [28]. Бессимптомное выделение норовируса чаще обнаруживается среди детей. Так, норовирус был выявлен в 11,3% случаев в Леоне (Никарагуа) и в 49,5 % случаев в пригороде Мехико (Мексика) [29, 30]. В Буркина-Фасо норовирус выделялся в одинаковом проценте случаев у клинически здоровых детей и у детей с симптомами гастроэнтерита [31].

Эпидемическая ситуация по норовирусной инфекции в Российской Федерации, в том числе в ряде субъектов Дальневосточного федерального округа (ДФО)

С 2009 года в Российской Федерации введена регистрация норовирусной инфекции, которая позволяет оценить распространение этой инфекции в отдельных субъектах. Многолетняя динамика заболеваемости НВИ характеризуется ежегодным ростом показателей, при этом минимум был отмечен в 2010 году (2,46 на 100 тыс. населения). В 2019 году показатель заболеваемости НВИ составил 37,9 на 100 тыс. населения (рис.2.), при этом по сравнению с 2018 годом (33,56 на 100 тыс. населения) количество больных увеличилось на 13% и превысило среднемноголетний показатель заболеваемости в 4 раза.

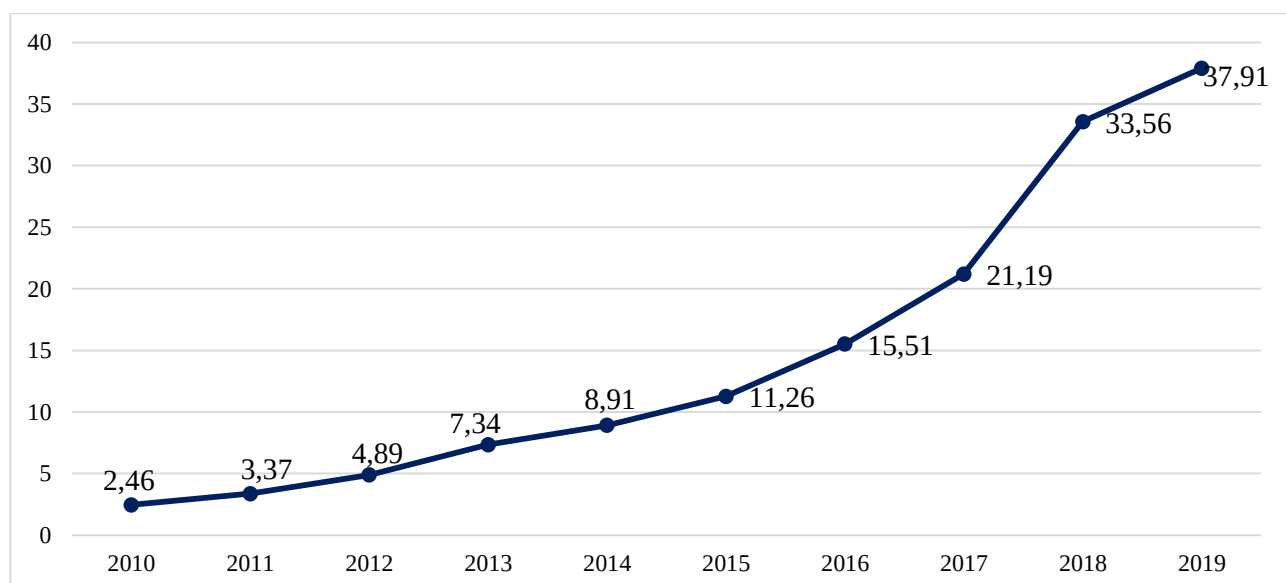


Рис.2. Динамика заболеваемости норовирусной инфекцией в Российской Федерации в 2010-2019 гг. (показатель на 100 тыс. населения)

Вспышки норовирусной инфекции в Российской Федерации регистрируются в большинстве случаев в закрытых и полужакрытых дошкольных и школьных учреждениях (Приморский край, 2015 год), в воинских частях, стационарах (г. Москва, 2016 год) [32, 33, 34, 35]. В 2019 году норовирусами были обусловлены 39,9% от всех вспышечных очагов, среди генотипов преобладал GII.P16-GII.2.

В некоторых субъектах Дальневосточного Федерального округа (ДФО), таких как Амурская область, Хабаровский край и Еврейская автономная область (ЕАО), заболеваемость норовирусной инфекцией была изучена нами более подробно. В этих субъектах в период с 2010 по 2019 годы наблюдался ежегодный рост показателей заболеваемости норовирусной инфекцией, превышающий в отдельные годы среднероссийские показатели более чем в 2 раза: в Хабаровском крае в 2010 г., в Амурской области в 2013г., в ЕАО в 2012 и 2013 гг. Следует отметить, что в ЕАО с 2015 года зафиксирован резкий подъем заболеваемости, а показатели заболеваемости в автономии превысили средний показатель по России в 5 раз. В Хабаровском крае и в Амурской области очередной подъем заболеваемости НВИ установлен в 2018 году, когда количество больных увеличилось в 2,3-4,5 раза по сравнению с 2017 годом (рис.3). Возможно, подъем заболеваемости норовирусной инфекции связан не только с активизацией распространения 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.

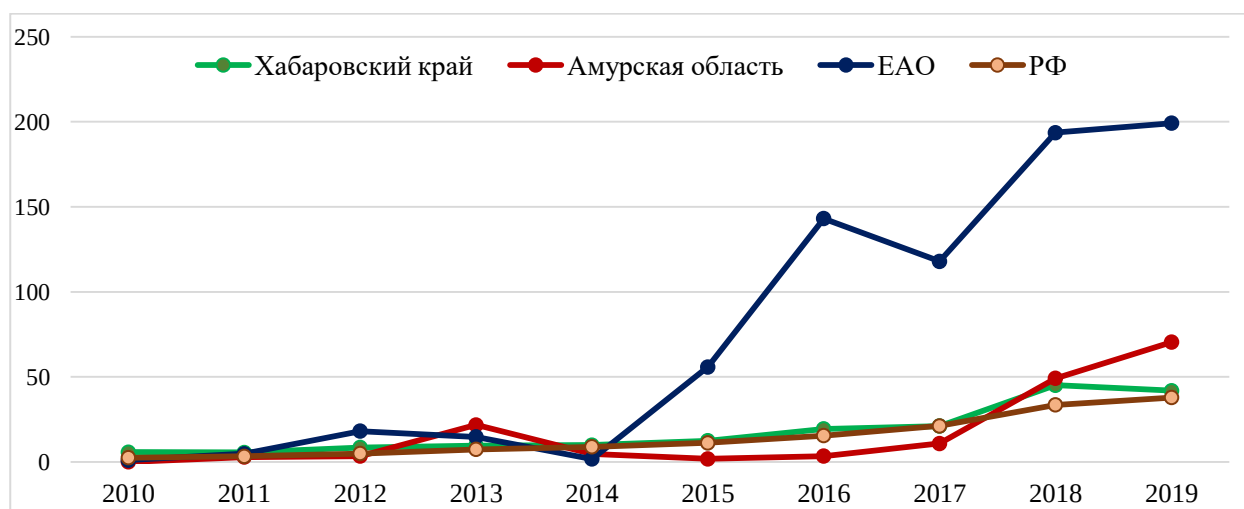


Рис. 3. Динамика заболеваемости норовирусной инфекцией в Хабаровском крае, Амурской и Еврейской автономной областях в сравнении с Российской Федерацией в период с 2010 по 2019 годы

Кроме того, в анализируемых субъектах были зарегистрированы очаги групповой заболеваемости. При этом в ЕАО, несмотря на напряженную эпидемическую ситуацию по НВИ, с 2015 года был выявлен только один очаг групповой заболеваемости в 2018 году с количеством пострадавших 23 человека в детско-юношеском центре «Солнечный» в с. Раздольное Биробиджанского района ЕАО. В Хабаровском крае ежегодный рост заболеваемости НВИ сопровождался формированием очагов групповой заболеваемости. Так, в 2018 году показатель заболеваемости составил 45,8 на 100. тыс. населения и было зарегистрировано 14 очагов с общим числом пострадавших 240 человек. В Амурской области в 2018 году рост заболеваемости НВИ составил 77,6% по сравнению с 2017 г., при этом были выявлены очаги групповой заболеваемости в детских образовательных учреждениях с числом пострадавших не более 7 человек в каждом из них.

Материал из очагов групповой заболеваемости НВИ исследуется в Референс-центре по изучению острых кишечных инфекций (ФБУН Центральный НИИ Роспотребнадзора). В 2015-2021 гг. в расследовании некоторых вспышек НВИ в субъектах ДФО принимал участие ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора. Так, в 2018 году установлен генотип норовируса GII.6, обусловивший групповую заболеваемость НВИ в МАОУ «Гимназия № 3 имени М.Ф. Панькова» г. Хабаровска. Филогенетический анализ полученных штаммов генотипа GII.6 показал сходство с норовирусами GII.6, выделенными в г. Нижнем Новгороде в 2014 году. Кроме того, норовирус генотипа GII.6 выявлялся в г. Хабаровске и ранее – в 2016 году у ребенка с острым гастроэнтеритом, а в 2019 году вызвал групповую заболеваемость среди посетителей пешеходного фонтана [36, 37]. Очевидно, что данный генотип довольно продолжительное время циркулирует среди населения как Хабаровского края, так и других регионов Российской Федерации.

В Амурской области в 2018 г. от больных норовирусной инфекции из 2 очагов групповой заболеваемости были выявлены два разных генотипа норовируса – GII.2 и GII.17. В 2019 г. генотип GII.2 продолжил циркулировать в Амурской области и вызвал вспышку норовирусной инфекции в детском саду №40 г. Благовещенска. С 2018 г. в ЕАО норовирус GII.3 на протяжении двух лет выявлялся в очагах групповой заболеваемости, при этом данный генотип одновременно циркулировал и в Амурской области в 2019 г. (табл.1) Данные исследования свидетельствуют о широкой циркуляции генотипов норовирусов на анализируемых территориях ДФО [38].

Таблица 1.

Генотипы норовирусов, выявленные при расследовании очагов групповой заболеваемости норовирусной инфекцией в 2018-2021 гг.

Субъект ДФО	2018 г.		2019 г.		2021 г.	
	Количество очагов НВИ	Генотип норовируса	Количество очагов НВИ	Генотип норовируса	Количество очагов НВИ	Генотип норовируса
Хабаровский край	1	GI.6	3	GI.6[P7] GI.7 [P7] GI.12 [P16]	1	GIX.1[P.15]
Амурская область	2	GI.2 GI.17	3	GI.2 [P16] GI.3 [P12] GI.4 [P31]	0	-
Еврейская автономная область	1	GI.3	1	GI.3 [P12]	0	-

С начала 2021 года в Хабаровском крае зарегистрирован очаг групповой заболеваемости в КГБОУ «Школа-интернат №2» г. Хабаровска. Методом секвенирования из 13 образцов (11 детей, 2 сотрудника пищеблока) получены нуклеотидные последовательности Norovirus GIX.1 [GI.15], оказавшиеся идентичными друг другу по анализируемому участку генома, что позволило определить вероятным источником инфекции персонал пищеблока, а факторами передачи – блюда, контаминированные в процессе приготовления. Вышеуказанный генотип норовируса оказался на 96,1% сходным с норовирусами, циркулировавшими в Китае в 2018 г. Данных о циркуляции норовируса GIX.1 [GI.15] в других субъектах Российской Федерации нами не найдено.

Заключение

Таким образом, разнообразие циркулирующих генотипов норовирусов, быстрая изменчивость их генома, способность вызывать вспышечную заболеваемость свидетельствуют о необходимости постоянного надзора за норовирусной инфекцией.

С целью выяснения генетической структуры норовирусов необходимо продолжить изучение циркуляции возбудителей НВИ среди населения с применением методов молекулярно-генетического

типирования. Особое внимание необходимо уделять случаям групповой заболеваемости в детских организованных коллективах.

Регулярный мониторинг за норовирусами позволит дать более полную оценку эпидемиологической ситуации в отношении НВИ 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 2019 году». Режим доступа: https://www.rospotrebnadzor.ru/upload/iblock/8e4/gosdoklad-za-2019_seb_29_05.pdf (дата обращения 17.05.2021г.)
2. Burke R.M., Shah M.P., Wikswa M.E., et al. The norovirus epidemiologic triad: predictors of severe outcomes in US norovirus outbreaks, 2009–2016// *J. Infect Dis.* – 2019. – Vol.219. – P.1364–1372.
3. Kroneman A., Vega E., Vennema H., et al. Proposal for a unified norovirus nomenclature and genotyping. // *Arch Virol.* – 2013. – №10, Vol.158. – P. 2059-2068.
4. 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.
5. Xue C., Pan L., Zhu W. et al. Molecular epidemiology of genogroup II norovirus infections in acute gastroenteritis patients during 2014–2016 in Pudong New Area, Shanghai, China // *Gut pathogens.* – 2018. – Vol. 10. – P.7.
6. Rockx B, De Wit M, Vennema H, et al Natural history of human calicivirus infection: a prospective cohort study // *Clin. Infect Dis.* – 2002. – Vol. 35(3). – P. 246-253.
7. Teunis PF, Moe CL, Liu P, et al. Norwalk virus: how infectious is it? // *J. Med. Virol.* – 2008. – Vol. 80(8). – P. 1468-1476.
8. Wu FT, Chen HC, Yen C, et al. Epidemiology and molecular characteristics of norovirus GII.4 Sydney outbreaks in Taiwan, January 2012–December 2013 // *J. Med. Virol.* – 2015. – Vol. 87(9). – P. 1462-1470.
9. Lau CS, Wong DA, Tong LK, et al. High rate and changing molecular epidemiology pattern of norovirus infections in sporadic cases and outbreaks of gastroenteritis in Hong Kon. // *J. Med. Virol.* – 2004. – Vol. 73(1). – P. 113-117.
10. Kumazaki M, Usuku S. Norovirus genotype distribution in outbreaks of acute gastroenteritis among children and older people: an 8-year study // *BMC Infect Dis.* – 2016. – Vol. 16(1). – P. 643.
11. Vega E, Barclay L, Gregoricus N, et al. Genotypic and epidemiologic trends of norovirus outbreaks in the United States, 2009 to 2013 // *J. Clin. Microbiol.* – 2014. – Vol. 52(1). – P. 147-155.
12. Lu Y, Ma M, Wang H, et al. An outbreak of norovirus-related acute gastroenteritis associated with delivery food in Guangzhou, southern China // *BMC Public Health.* – 2020. – Vol. 20(1). – P. 25.
13. Shang X, Fu X, Zhang P, et al. An outbreak of norovirus-associated acute gastroenteritis associated with contaminated barrelled water in many schools in Zhejiang, China // *PLoS One.* – 2017. – №2, Vol. 12. – P. e0171307.
14. Di Bartolo I, Pavoni E, Tofani S, et al. Waterborne norovirus outbreak during a summer excursion in Northern Italy // *New Microbiol.* – 2015. – Vol. 38(1). – P.109-112.
15. Lin YC, Hipfl E, Lederer I, Allerberger F, Schmid D. A norovirus GII.P21 outbreak in a boarding school, Austria 2014 // *Int. J. Infect Dis.* – 2015. – Vol.37. – P. 25-29.
16. Subahir MN, Jeffree MS, Hassan MR, et al. Norovirus outbreak among students of a boarding school in Kluang, Johor, Malaysia // *J. Infect Dev. Ctries.* – 2019. – Vol. 13(4). – P. 274-277.
17. Han MS, Chung SM, Kim EJ, et al. Successful control of norovirus outbreak in a pediatric ward with multi-bed rooms // *Am J. Infect Control.* – 2020. – Vol. 48(3). – P. 297-303.
18. U.S. Centers for Disease Control and Prevention. National Outbreak Reporting System (NORS) [Internet]. – 2019. <https://www.cdc.gov/nors/data.html>
19. Pires SM, Fischer-Walker CL, Lanata CF, et al Aetiology-Specific Estimates of the Global and Regional Incidence and Mortality of Diarrhoeal Diseases Commonly Transmitted through Food // *PLoS One.* – 2015. – Vol. 10(12). – P. e0142927.
20. Mikounou Louya V, Nguekeng Tsague B, Ntoumi F, Vouvoungui C, Kobawila SC. High prevalence of norovirus and rotavirus co-infection in children with acute gastroenteritis hospitalised in Brazzaville, Republic of Congo // *Trop. Med. Int. Health.* – 2019. – Vol. 24(12). P. 1427-1433.
21. Mugyia AE, Ndze VN, Akoachere JTK, et al. Molecular epidemiology of noroviruses in children under 5 years of age with acute gastroenteritis in Yaoundé, Cameroon // *J. Med. Virol.* – 2019. – 91(5). – P.738-743.
22. Ayouni S, Estienne M, Sdiri-Loulizi K, et al. Relationship between GII.3 norovirus infections and blood group antigens in young children in Tunisia // *Clin. Microbiol Infect.* – 2015. – Vol. 21(9). – P. 874-878.
23. Benmessaoud R, Jroundi I, Nezha M, et al. Aetiology, epidemiology and clinical characteristics of acute moderate-to-severe diarrhoea in children under 5 years of age hospitalized in a referral paediatric hospital in Rabat, Morocco // *J. Med. Microbiol.* – 2015. – Vol. 64(1). – P. 84-92.

24. Wu X, Han J, Chen L, et al. Prevalence and genetic diversity of noroviruses in adults with acute gastroenteritis in Huzhou, China, 2013-2014 // Arch. Virol. – 2015. – Vol. 160(7). – P. 1705-1713.
25. Lu L, Zhong H, Xu M, et al. Genetic diversity and epidemiology of Genogroup II noroviruses in children with acute sporadic gastroenteritis in Shanghai, China, 2012-2017 // BMC Infect Dis. – 2019. – Vol. 19(1). P. 736.
26. Jeong AY, Jeong HS, Lee JS, et al. Occurrence of norovirus infections in asymptomatic food handlers in South Korea // J. Clin. Microbiol. – 2013. – Vol. 51. – P. 598–600.
27. Yu JH, Kim NY, Lee EJ, Jeon IS. Norovirus infections in asymptomatic food handlers in elementary schools without norovirus outbreaks in some regions of Incheon, Korea // J. Korean Med. Sci. – 2011. – Vol. 26. – P. 734–739.
28. Schwartz M, Gluck M, Koon S. Norovirus gastroenteritis after fecal microbiota transplantation for treatment of Clostridium difficile infection despite asymptomatic donors and lack of sick contacts // Am. J. Gastroenterol. – 2013. – Vol. 108. – P. 1367.
29. Bucardo F, Nordgren J, Carlsson B, et al. Asymptomatic norovirus infections in Nicaraguan children and its association with viral properties and histo-blood group antigens // Pediatr. Infect Dis. J. – 2010. – Vol. 29. – P. 934–939.
30. Garcia C., DuPont HL, Long KZ, Santos JI, Ko G. Asymptomatic norovirus infection in Mexican children // J. Clin. Microbiol. – 2006. – Vol. 44. – P. 2997–3000.
31. Huynen P., Mauroy A., Martin C., et al. Molecular epidemiology of norovirus infections in symptomatic and asymptomatic children from Bobo Dioulasso, Burkina Faso // J. Clin. Virol. – 2013. – Vol. 58. – P. 515–521.
32. Воронок В.М. Анализ групповой и вспышечной заболеваемости в Приморском крае // Здоровье. Медицинская экология. Наука. – 2016. – № 3 (66). – С.78–84.
33. Соломай Т.В., Юрьева Н.В. Расследование вспышки норовирусной инфекции в многопрофильном стационаре с установлением причинно-следственной связи // Санитарный врач. – 2016. – № 4. – С. 48–52.
34. Кузовникова Е.Ж., Трясолобова М.А. Эпидемиологические особенности вспышек норовирусной кишечной инфекции в Пермском крае // Санитарный врач. – 2016. – № 11. – С. 34-37.
35. Малецкая О.В., Тибилов А.Г., Прислегина Д.А., и др. Эпидемиологические особенности вспышки норовирусной инфекции в Республике Северная Осетия-Алания // Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. – 2016. – № 2. – С. 69-74.
36. 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.
37. 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. – №7, Том 304. – С. 52-56.
38. Бутакова Л.В., Сапега Е.Ю., Троценко О.Е., и др. Характерные аспекты групповой заболеваемости норовирусной инфекцией в ряде субъектов Дальневосточного Федерального Округа в 2019 году // Дальневосточный журнал инфекционной патологии. – 2020. – № 39. – С. 60-62.

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, тел. (4212) 46-18-52, e-mail: evi.khv@mail.ru