

**Эпидемиологический и молекулярно-генетический анализ групповой заболеваемости острыми кишечными инфекциями в Хабаровском крае в 2022 году**Е.Ю. Сапега¹, Л.В. Бутакова¹, О.Е. Троценко¹, Т.А. Зайцева², Т.Н. Каравянская²¹ ФБУН «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора, ул. Шевченко, д. 2а, г. Хабаровск, 680010, Российская Федерация² Управление Роспотребнадзора по Хабаровскому краю, ул. Карла Маркса, д. 109б, г. Хабаровск, 680009, Российская Федерация**Резюме**

Введение. Одной из серьезных проблем здравоохранения являются острые кишечные инфекции, вызываемые преимущественно вирусами, большинство из которых распространяются через загрязненную фекалиями окружающую среду. В Дальневосточном федеральном округе Российской Федерации случаи кишечных инфекций ежегодно регистрируются на высоком уровне. При этом более 50 % заболеваний установленной этиологии обусловлены рота- и норовирусами. Кроме того, практически во всех субъектах Дальневосточного федерального округа, в том числе и в Хабаровском крае, ежегодно регистрируются очаги групповой заболеваемости, вызванные кишечными вирусами.

Цель исследования: провести анализ заболеваемости острыми вирусными кишечными инфекциями в Хабаровском крае в 2022 году, проанализировать результаты молекулярно-генетического мониторинга кишечных вирусов, обусловивших групповую заболеваемость в крае в 2022 году.

Материалы и методы. Использованы эпидемиологический, статистический методы анализа заболеваемости. Молекулярно-генетическими методами исследованы пробы клинического материала от больных острыми кишечными инфекциями, контактных с больными, собранные в очагах кишечных инфекций в Хабаровском крае.

Результаты. Эпидемиологическая ситуация по острым кишечным инфекциям в Хабаровском крае в 2022 году в целом была неблагополучной. Показатель заболеваемости острыми кишечными инфекциями превысил на 20,6 % уровень по округу, при этом среди острых кишечных инфекций установленной этиологии в большинстве случаев отмечались инфекции, вызванные кишечными вирусами, а также зарегистрированы множественные очаги групповой заболеваемости. Эпидемиологическое расследование 6 очагов кишечных инфекций установило фекально-оральный механизм передачи инфекции, реализованный пищевым, контактно-бытовым и, вероятно, водным путями. Проведенные молекулярно-генетические исследования кишечных вирусов, вызвавших вспышки острых кишечных инфекций в Хабаровском крае, идентифицировали такие генотипы норовирусов, как GII.4Sydney[P16], GII.4Sydney[P31], GII.17[P17] и GII.6[P7], а также ротавирусов А – G9P[8], G4P[8] и G3P[8]. Установлено, что некоторые из обнаруженных генотипов норовирусов ранее вызывали вспышки групповой заболеваемости в Хабаровском крае: GII.17[P17] – в 2015 году среди населения поселка Многовешинный, GII.6[P7] – в 2018 и 2019 году в г. Хабаровске, что указывает на длительную циркуляцию данных генотипов.

Заключение. Для изучения вклада в заболеваемость острыми кишечными инфекциями разных геновариантов рота- и норовирусов необходимо отслеживать изменения типовой структуры вирусной популяции. В связи с этим целесообразно проводить молекулярное типирование рота- и норовирусов не только при расследовании очагов групповой заболеваемости, но и при регистрации спорадической заболеваемости острыми кишечными инфекциями.

Ключевые слова: эпидемиологический анализ, норовирусы, ротавирусы, острая кишечная инфекция, ротавирусная инфекция, норовирусная инфекция, групповая заболеваемость, острый гастроэнтерит.

Для цитирования: Сапега Е.Ю., Бутакова Л.В., Троценко О.Е., Зайцева Т.А., Каравянская Т.Н. 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. 74–81. doi: 10.35627/2219-5238/2023-31-11-74-81

Epidemiological and Molecular Genetic Analysis of Outbreaks of Acute Intestinal Infections in the Khabarovsk Krai in 2022Elena Yu. Sapega,¹ Liudmila V. Butakova,¹ Olga E. Trotsenko,¹ Tatyana A. Zaitseva,² Tatyana N. Karavyanskaya²¹ Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology, 2a Shevchenko Street, Khabarovsk, 680010, Russian Federation² Khabarovsk Regional Office of the Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, 109b Karl Marx Street, Khabarovsk, 680009, Russian Federation**Summary**

Introduction: Acute intestinal infections are amongst the most important health concerns worldwide. The majority of them are caused by viruses spread through environmental objects contaminated with feces. A high incidence of intestinal infections is registered annually in the Far Eastern Federal District of the Russian Federation. Over 50 % of cases of established etiology are induced by rota- and noroviruses. Moreover, outbreaks of viral intestinal infections are registered annually in almost all regions of the Far Eastern Federal District, including the Khabarovsk Krai.

Objective: To analyze the incidence of acute intestinal infections and the results of molecular genetics testing of intestinal viruses that caused the outbreaks in the Khabarovsk Krai in the year 2022.

Materials and methods: We used epidemiological and statistical methods to analyze the incidence and conducted molecular genetics testing of samples obtained from patients with acute intestinal infections and their contacts in the foci of the disease in the Khabarovsk Krai.

Results: The acute intestinal infection situation in the Khabarovsk Krai in 2022 was unfavorable. The regional incidence rate was 20.6 % higher than that in the Far Eastern Federal District, with most diseases induced by intestinal viruses and numerous outbreaks registered. Our epidemiological investigation of six outbreaks revealed the fecal-oral transmission route of infection through contaminated food, household contacts and, probably, water. Molecular genetics testing of the causes of outbreaks showed circulation of norovirus genotypes GII.4Sydney[P16], GII.4Sydney[P31], GII.17[P17], and GII.6[P7] as well as rotavirus A genotypes G9P[8], G4P[8] and G3P[8] in the Khabarovsk Krai. Some of the identified norovirus genotypes had already caused outbreaks in the Khabarovsk Krai: GII.17[P17] – back in 2015 among the population of the Mnogovershinny village, GII.6[P7] – in the years 2018 and 2019 in the city of Khabarovsk, thus indicating long-term circulation of these genotypes.

Conclusion: Surveillance over changes in genetic diversity of the viral population is required to evaluate contribution of various gene variants of rota- and noroviruses to the incidence of acute intestinal infections. In this regard, molecular typing of rota- and noroviruses should be performed not only when investigating disease outbreaks, but also when sporadic cases are registered.

Keywords: epidemiological analysis, norovirus, rotavirus, acute intestinal infection, rotavirus infection, norovirus infection, outbreaks, acute gastroenteritis.

For citation: Sapega EYu, Butakova LV, Trotsenko OE, Zaitseva TA, Karavyanskaya TN. Epidemiological and molecular genetic analysis of outbreaks of acute intestinal infections in the Khabarovsk Krai in 2022. *Zdorov'e Naseleniya i Sreda Obitaniya*. 2023;31(11):74–81. (In Russ.) doi: 10.35627/2219-5238/2023-31-11-74-81

Введение. Острые кишечные инфекции (ОКИ) остаются актуальными для здравоохранения в мире [1–7]. В клинической картине заболевания преобладают тошнота, рвота и диарея, которые приводят к потере жидкости и электролитов, ухудшению общего состояния и нередко летальному исходу [8–11]. При этом кишечные инфекции представляют собой угрозу для здоровья и жизни детей и взрослых [12–14]. ОКИ вызываются множеством бактериальных, вирусных и паразитарных патогенов, большинство из которых распространяются через загрязненную фекалиями окружающую среду [15]. По данным ВОЗ и ЮНИСЕФ, ежегодно в мире регистрируется около 1,7 миллиарда случаев кишечных заболеваний у детей, из которых примерно 500 000 случаев диарей среди детей в возрасте до пяти лет заканчиваются летальным исходом^{1,2,3}. В последнее время отмечен рост числа больных ОКИ, вызванных кишечными вирусами (норовирусами и ротавирусами), с формированием большого количества очагов групповой заболеваемости в учреждениях закрытого и полужакрытого типа, среди путешественников, на круизных лайнерах, в условиях тесного контакта между людьми и ограниченного доступа к гигиене рук (походы или рафтинг) [16, 17]. Распространению инфекций способствуют ненадлежащие условия пребывания, нарушения при приготовлении пищи и уборке помещений. Известно, что кишечные вирусы способны сохраняться в окружающей среде длительное время, являются высокозаразными и имеют низкую инфицирующую дозу [18, 19].

В Российской Федерации сохраняется нестабильная ситуация по заболеваемости ОКИ. Так, до 2019 года в России показатель заболеваемости ОКИ ежегодно регистрировался на высоком уровне (531,7–565,2 на 100 тыс. населения). В 2020 году в результате введения строгих ограничительных мер на фоне распространения новой коронавирусной инфекции уровень заболеваемости ОКИ снизился в 1,8 раза, показатель заболеваемости составил 289,2 на 100 тыс. населения⁴. В 2021 и 2022 годах отмечена тенденция к росту уровня заболеваемости ОКИ (343,85 и 421,8 на 100 тыс. населения соответственно), который не превысил среднемноголетнего показателя заболеваемости (555,42 на 100 тыс. населения)⁵. В структуре ОКИ преобладали заболевания, вызванные неустановленными инфекционными возбудителями (ОКИ НЭ), удельный вес которых в 2022 году составил 68,9 %. Следует отметить, что в Российской Федерации с 2000 года среди ОКИ установленной этиологии (ОКИ УЭ) наблюдается увеличение доли вирусных инфекций, из которых основное место стали занимать рота- (РВИ) и норовирусные (НВИ) инфекции [20]. При этом в 2022 году отмечено превышение

среднемноголетнего показателя заболеваемости норовирусной инфекцией в 2,3 раза (13,25 на 100 тыс. населения)⁶. В Дальневосточном федеральном округе (ДФО) Российской Федерации в период с 2019 по 2021 год отмечались высокие показатели заболеваемости ОКИ [21]. В структуре ОКИ установленной этиологии более чем в 50 % случаев регистрировались заболевания, обусловленные вирусными агентами, преимущественно рота- и норовирусами. Одним из неблагополучных субъектов по заболеваемости ОКИ в ДФО является Хабаровский край, где ежегодно регистрируются высокий уровень заболеваемости и очаги групповой заболеваемости ОКИ.

Цель исследования – провести анализ заболеваемости острыми вирусными кишечными инфекциями в Хабаровском крае в 2022 году, проанализировать результаты молекулярно-генетического мониторинга кишечных вирусов, обусловивших групповую заболеваемость в крае в 2022 году.

Материалы и методы. Анализ заболеваемости ОКИ в субъектах Дальневосточного федерального округа в 2021 и 2022 годах 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 Управлений Роспотребнадзора по субъектам ДФО о регистрации очагов вспышечной заболеваемости ОКИ в Федеральную службу по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека.

Сотрудники ФБУН «Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора (ФБУН «ХНИИЭМ» Роспотребнадзора) в 2022 г. исследовали 72 пробы биологического материала от 52 больных ОКИ и 20 контактных с больными ОКИ, собранные в очагах групповой заболеваемости в Хабаровском крае.

Для положительных на наличие РНК норовирусов образцов проводили амплификацию фрагмента в области соединения ORF1/ORF2 (частичные участки RdRp и VP1) [22]. Для проб, содержащих РНК ротавирусов, проводили амплификацию фрагмента гена VP4 и фрагмента гена VP7 [23].

Нуклеотидные последовательности получали методом секвенирования по Сенгеру на генетическом анализаторе Applied Biosystems 3500 с использованием BigDyeTM Terminator v.3.1. Cycle Sequencing Kit (Thermo Fisher Scientific Inc.).

Для анализа нуклеотидных последовательностей использовали онлайн-инструменты Norovirus Typing Tool Version 2.0 и Rotavirus A Genotyping Tool Version 0.1⁷. Поиск референсных последовательностей проводили в сервисе BLAST⁸.

¹ World Health Organization. Media centre: Diarrhoeal disease. [Электронный ресурс] Режим доступа: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/diarrhoeal-disease> (дата обращения: 03.07.2023).

² World Health Organization. Media centre: Immunization coverage. [Электронный ресурс] Режим доступа: <https://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/immunization-coverage> (дата обращения: 18.07.2023)

³ UNICEF Data: Monitoring the situation of children and women. [Электронный ресурс] Режим доступа: <https://data.unicef.org/topic/child-health/diarrhoeal-disease> (дата обращения: 03.07.2023)

⁴ Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2020 году». [Электронный ресурс] Режим доступа: https://rospotrebnadzor.ru/documents/details.php?ELEMENT_ID=18266.

⁵ Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2021 году». [Электронный ресурс] Режим доступа: https://rospotrebnadzor.ru/documents/details.php?ELEMENT_ID=21796.

⁶ Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2022 году». [Электронный ресурс] Режим доступа: https://www.rospotrebnadzor.ru/documents/details.php?ELEMENT_ID=25076.

⁷ Netherlands National Institute for Public Health and the Environment (RIVM). [Электронный ресурс] Режим доступа: <https://www.rivm.nl/mpf/typingtool/norovirus/>, <https://www.rivm.nl/mpf/typingtool/rotavirusa/> (дата обращения: 15.05.2023).

⁸ National Center for Biotechnological Information. Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). [Электронный ресурс] Режим доступа: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> (дата обращения: 15.05.2023).

Статистическую обработку полученных результатов осуществляли с помощью пакетов прикладных программ Excel 2013 (Microsoft Office 2013) с использованием параметрических методов вариационной статистики⁹.

Результаты. В 2022 году в целом по ДФО зарегистрирован 50731 случай ОКИ, что превысило среднероссийский показатель на 32,9 % (табл. 1).

При этом в структуре ОКИ преимущественно регистрировались ОКИ НЭ, (66,2 %; 95 % ДИ 65,8–66,6. Кроме того, отмечен незначительный рост данного показателя по сравнению с 2021 годом, а среди субъектов ДФО лидировал Забайкальский край (83,4 %) (рис. 1).

Доля ОКИ УЭ в субъектах ДФО в 2022 году варьировала от 15,8 % (Сахалинская область) до 49,7 % (Амурская область). При этом у большинства больных кишечные инфекции были вызваны вирусами, из которых ротавирусы в качестве этиологического агента выявлены у 68,9 % больных, норовирусы – у 27,9 % заболевших (табл. 1). Кроме того, у 3,2 % больных заболевание ОКИ вызвано другими вирусами, в том числе астровирусами (АВ) и энтеровирусами (ЭВ). Следует отметить, что среди субъектов округа наиболее высокий показатель заболеваемости ротавирусной инфекцией (РВИ) в 2022 году отмечен в Приморском крае, а норовирусной инфекцией (НВИ) – в Чукотском АО.

В возрастной структуре ОКИ установленной вирусной этиологии в 2022 году лидировали две группы: 1–2 года (38,5 %; 95 % ДИ: 37,5–39,4) и 3–6 лет (34,3 %; 95 % ДИ: 33,5–35,1). При этом основным этиологическим агентом у детей дошкольного возраста являлся ротавирус, а у детей более старшего возраста (15–17 лет) – норовирус (рис. 2).

Вспышки кишечной инфекции, вызванные вирусами, в 2022 году зарегистрированы в 8 субъектах ДФО (Приморский, Забайкальский и Хабаровский края, республики Саха (Якутия) и Бурятия, Сахалинская, Магаданская и Амурская области). Всего отмечены 13 очагов групповой заболеваемости РВИ и 20 очагов НВИ, в основном в дошкольных и общеобразовательных учреждениях.

Эпидемиологическая ситуация по ОКИ в Хабаровском крае в 2022 году также была неблагоприятной, показатель заболеваемости оказался в 1,5 раза больше показателя 2021 года (511,6 на 100 тыс. населения), превысив окружной уровень на 20,6 % (табл. 1). Среди ОКИ установленной этиологии 95,5 % вызваны кишечными вирусами, преимущественно ротавирусами (62,5 %). Острый гастроэнтерит, обусловленный норовирусами, зарегистрирован у 34,9 % больных, что превысило в 2,8 раза число больных в 2021 году.

ОКИ установленной вирусной этиологии регистрировались преимущественно у детей дошкольного возраста (41,8 %). При этом РВИ в 79,0 % случаев отмечалась среди детей до года, а НВИ в 75,0 % – у детей более старшего возраста (15–17 лет).

Очаги групповой заболеваемости вирусной кишечной инфекцией ежегодно регистрируются в крае главным образом в детских дошкольных учреждениях, реже – в общеобразовательных учреждениях и местах общественного пользования. Основным этиологическим агентом выступают преимущественно норовирусы. В 2022 году зарегистрированы 8 очагов групповой заболеваемости ОКИ, обусловленными рота- и норовирусами.

В лабораторию нашего института в 2022 году для идентификации возбудителя поступили пробы из 6 очагов групповой заболеваемости ОКИ (табл. 2).

Таблица 1. Показатели заболеваемости ОКИ в субъектах ДФО в 2022 году (на 100 тыс. населения)
Table 1. Incidence rates of acute intestinal infections in the constituent entities of the Far Eastern Federal District in the year 2022 (per 100,000 population)

Субъекты / Constituent entities	ОКИ** / AII**	ОКИ НЭ / AII UE	ОКИ УЭ / AII EE	РВИ / RVI	НВИ / NVI
РС(Я)* / RS(Y)*	470,3	299,9	142,1	69,5	38,09
ПК / PK	771,3	470,7	300,2	195,4	34,92
ХК / KhK	756,5	592,5	154,6	92,3	51,5
АО / AR	667,5	299,2	331,8	137,5	66,9
СО / SR	931,3	743,3	147,9	47,3	36,8
ЕАО / JAR	507,7	287,3	199,6	122,2	48,1
МО / MR	462,3	219,9	214,9	145,2	43,6
КК / KK	336,1	221,0	109,0	77,1	16,9
ЗК / ZK	419,4	349,8	69,4	39,5	28,2
РБ / RB	559,4	346,2	180,7	103,6	66,3
ЧАО / ChAO	571,4	351,3	218,1	66,63	133,3
ДФО / FEFD	626,9	414,9	193,1	108,4	43,9

Примечание: * – РС(Я) – Республика Саха (Якутия), ПК – Приморский край, ХК – Хабаровский край, АО – Амурская область, СО – Сахалинская область, ЕАО – Еврейская автономная область, МО – Магаданская область, КК – Камчатский край, ЗК – Забайкальский край, РБ – Республика Бурятия, ЧАО – Чукотский автономный округ, ДФО – Дальневосточный федеральный округ; ** – ОКИ – Острые кишечные инфекции, ОКИ НЭ – Острые кишечные инфекции неустановленной этиологии, ОКИ УЭ – Острые кишечные инфекции установленной этиологии, РВИ – Ротавирусная инфекция, НВИ – Норовирусная инфекция.

Notes: * RS(Y) – Republic of Sakha (Yakutia), PK – Primorsky Krai; KhK – Khabarovsk Krai; AR – Amur Region; SR – Sakhalin Region; JAR – Jewish Autonomous Region; MR – Magadan Region; KK – Kamchatka Krai; ZK – Zabaykalsky Krai; RB – Republic of Buryatia; ChAO – Chukotka Autonomous Okrug; FEFD – Far Eastern Federal District; ** – AII – Acute intestinal infections, AII UE – Acute intestinal infections of unknown etiology, AII EE – Acute intestinal infections of established etiology, RVI – Rotavirus infection, NVI – Norovirus infection.

⁹ Ющук Н.Д., Найговзина Н.Б. Введение в медицинскую статистику с основами эпидемиологического анализа: учебное пособие М.: ГЭОТАР-Медиа, 2021. 192 с.

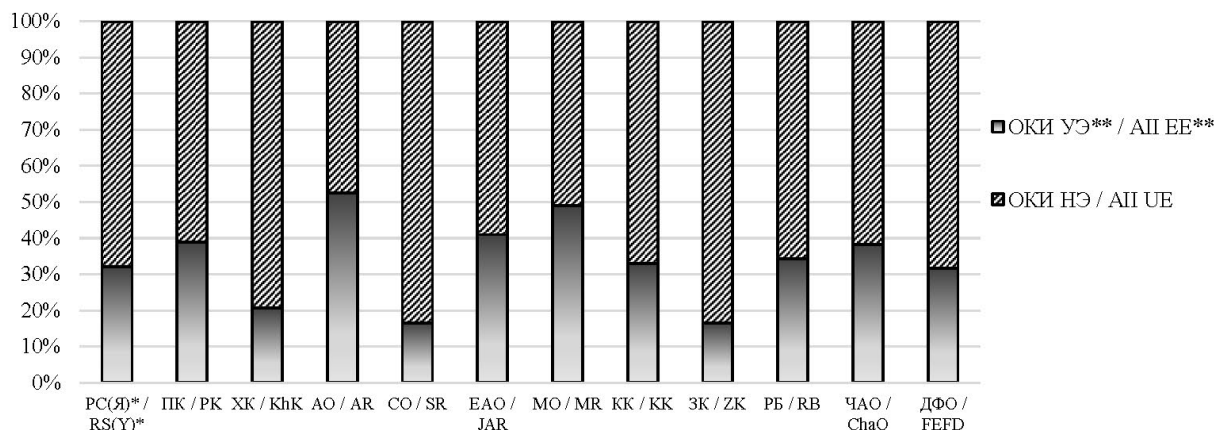


Рис. 1. Соотношение ОКИ НЭ к ОКИ УЭ в субъектах ДФО и в ДФО в 2022 году (%)

Fig. 1. The ratio of acute intestinal infections of established etiology to those of unknown etiology in the Far Eastern Federal District and its constituent entities in the year 2022 (%)

Примечание: * – РС(Я) – Республика Саха (Якутия), ПК – Приморский край, ХК – Хабаровский край, АО – Амурская область, СО – Сахалинская область, ЕАО – Еврейская автономная область, МО – Магаданская область, КК – Камчатский край, ЗК – Забайкальский край, РБ – Республика Бурятия, ЧАО – Чукотский автономный округ, ДФО – Дальневосточный федеральный округ; ** – ОКИ УЭ – Острые кишечные инфекции установленной этиологии, ОКИ НЭ – Острые кишечные инфекции неустановленной этиологии.

Notes: * RS(Y) – Republic of Sakha (Yakutia), PK – Primorsky Krai; KhK – Khabarovsk Krai; AR – Amur Region; SR – Sakhalin Region; EAO – Jewish Autonomous Region; MR – Magadan Region; KK – Kamchatka Krai; ZK – Zabaykalsky Krai; RB – Republic of Buryatia; ChaO – Chukotka Autonomous Okrug; FEFD – Far Eastern Federal District; ** All EE – Acute intestinal infections of established etiology, All UE – Acute intestinal infections of unknown etiology.

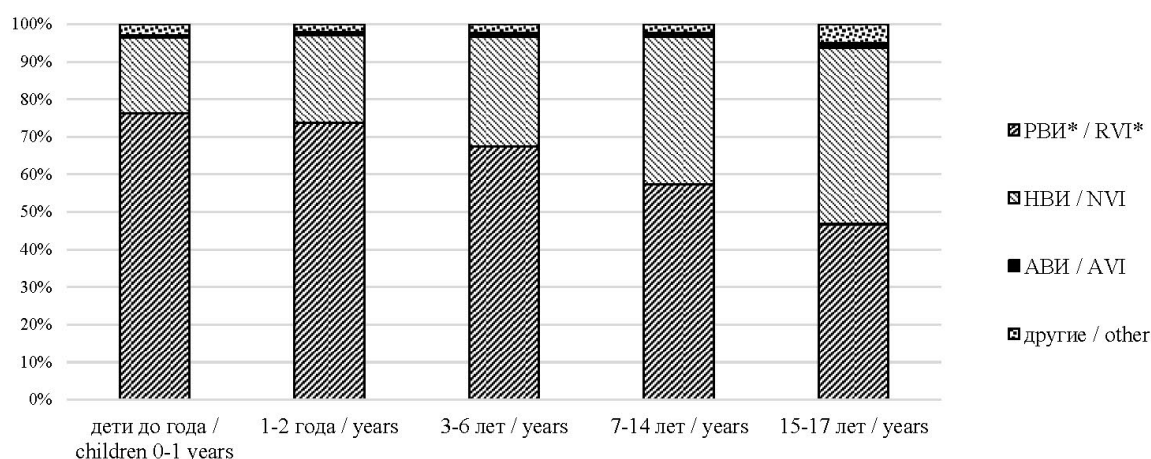


Рис. 2. Динамика возрастной структуры острых кишечных вирусных инфекций в 2022 году (%)

Fig. 2. Dynamics of the age structure of acute intestinal viral infections in 2022 (%)

Примечание: * – РВИ – Ротавирусная инфекция, НВИ – Норовирусная инфекция, АВИ – Астровирусная инфекция.

Notes: * RVI – Rotavirus infection, NVI – Norovirus infection, AVI – Astrovirus infection.

Из них 3 очага зафиксированы в зимне-весенний период (январь, апрель), 2 очага – в осенне-зимний период (ноябрь, декабрь) и один – в августе.

Первый в 2022 году очаг вспышечного заболевания выявлен в 4 группах детского сада в Хабаровском районе с количеством пострадавших 12 детей в возрасте 3–6 лет. В результате исследования клинического материала методом ПЦР у воспитанников и воспитателя выявлена РНК норовируса II генотипа. Методом секвенирования клинического материала от 8 больных и 9 контактных получены нуклеотидные последовательности норовируса *GII.4 Sydney*. При филогенетическом анализе установлено, что вспышку вызвали 2 геноварианта норовируса, отличающиеся по частичному участку VP1 на 6 % и имеющие разные типы полимеразы: *GII.4 Sydney [P16]* и *GII.4 Sydney [P31]*, что может свидетельствовать о разных источниках инфекции.

В апреле 2022 года зарегистрированы 2 очага вспышечной заболеваемости ОКИ среди воспитанников детских садов в одном из поселков Верхнебуреинского района и в одном из сел Нанайского района Хабаровского края. Всего выявлено 24 случая заболевания, из них в детском саду поселка Верхнебуреинского района – 14 детей, а в детском саду села Нанайского района – 10 человек. Исследование клинического материала из обоих очагов методом ПЦР выявило наличие РНК ротавируса А. Дальнейшее молекулярно-генетическое исследование методом секвенирования установило принадлежность их к двум разным G-генотипам. Вспышка ОКИ в детском саду поселка Верхнебуреинского района вызвана ротавирусом А *G9*, а в детском саду села Нанайского района – ротавирусом А *G4*. При этом данные ротавирусы принадлежали к одному Р-типу – *P[8]*.

Таблица 2. Очаги вспышечной заболеваемости острыми кишечными инфекциями в Хабаровском крае в 2022 году
Table 2. Outbreaks of acute intestinal infections registered in the Khabarovsk Krai in 2022

Дата регистрации очага / Date of outbreak registration dd.mm.yy	Место очага групповой заболеваемости / Outbreak location	Количество пострадавших / Cases, n	Этиологический агент / Etiological agent
21.01.2022	Детский сад в Хабаровском районе / Kindergarten in the Khabarovsk district	12 детей / children	Норовирусы / Noroviruses <i>GII.4Sydney</i> [P16] и <i>GII.4Sydney</i> [P31]
21.04.2022	Детский сад в Верхнебуреинском районе / Kindergarten in the Verkhnebureinsky district	14 детей / children	Ротавирус А / Rotavirus A <i>G9P</i> [8]
21.04.2022	Детский сад в Нанайском районе / Kindergarten in the Nanai district	10 детей / children	Ротавирус А / Rotavirus A <i>G4P</i> [8]
28.07.2022	Подрядная организация в Николаевском районе / Contracting organization in the Nikolayevsky district	5 взрослых / adults	Норовирус / Norovirus <i>GII.17</i> [P17]
23.11.2022	Детский сад в г. Хабаровске / Kindergarten in Khabarovsk	15 детей / children	Норовирус / Norovirus <i>GII.17</i> [P17], ротавирус А / Rotavirus A <i>G3P</i> [8]
25.11.2022	Детский сад в Тугуро-Чумиканском районе / Kindergarten in the Tuguro-Chumikansky district	32 человека (30 детей и 2 взрослых) / 32 people (30 children and 2 adults)	Норовирус / Norovirus <i>GII.6</i> [P7]

Летом этого же года вспышка острого гастроэнтерита выявлена среди сотрудников подрядной организации, расположенной в поселке Многовершинный Николаевского района Хабаровского края. Всего заболело 5 человек, исследование проб от больных показало наличие антигена норовируса. Молекулярно-генетическим методом типирован норовирус *GII.17* [P17]. Следует отметить, что данный генотип норовируса уже выявлялся в 2015 году у населения поселка, вызвав подъем заболеваемости НВИ [24]. Причиной распространения инфекции была инфицированная вода из водозабора, расположенного на ручье Ульченок.

Позднее, в ноябре 2022 года, зарегистрирован полиэтиологический очаг групповой заболеваемости в 5 группах детского сада города Хабаровска с количеством пострадавших 15 человек. При исследовании проб от заболевших методом ПЦР у 6 человек обнаружена РНК норовируса, у других 6 детей – РНК ротавируса А. Обследование сотрудников учреждения выявило у 5 воспитателей и 1 инструктора по физической культуре наличие РНК норовируса в фекальных пробах. При проведении генотипирования в пробах от 4 больных детей и одного взрослого (контактного) установлен генотип норовируса *GII.17*[P17], у других 4 больных детей идентифицирован ротавирус А *G3P*[8].

В ноябре – декабре 2022 г. в детском саду одного из сел Тугуро-Чумиканского муниципального района Хабаровского края выявлено 32 случая ОКИ, из них 30 человек – дети в возрасте 3–7 лет и 2 взрослых из числа сотрудников учреждения (повар и воспитатель). Заболевание протекало в легкой форме у 11 больных и в форме транзиторного носительства в 21 случае. Молекулярно-генетическим методом у пострадавших идентифицирован норовирус *GII.6* [P7].

Эпидемиологическое расследование всех очагов позволило установить фекально-оральный механизм передачи инфекции, реализованный пищевым и контактно-бытовым путями, а для подрядного предприятия – вероятно и водным путем распространения. Источником инфекции предположительно являлся персонал пищеблока, а фактором передачи служили готовые блюда, при этом в подрядной организации фактором передачи могла послужить и вода, использованная для приготовления пищи

и питья сотрудников. Распространению инфекции способствовали выявленные множественные нарушения санитарного и дезинфекционного режима на пищеблоке в дошкольных образовательных организациях, а также в разводящей системе водоснабжения общежития и столовой подрядной организации. При вирусологическом исследовании биологического материала от больных и контактных в 5 из 6 очагов групповой заболеваемости выявлены либо норовирусы, либо ротавирусы, а в формировании одного очага (детский сад г. Хабаровска) принимали участие два этиологических агента (норовирус и ротавирус А).

Обсуждение. ОКИ являются актуальной инфекционной патологией для субъектов ДФО, эпидемиологический процесс которых характеризуется высоким уровнем заболеваемости с превышением среднероссийского показателя в 1,6 раза, регистрацией множественных вспышечных очагов. В 2022 году показатель заболеваемости ОКИ в ДФО оказался в 1,5 раза выше аналогичного показателя в Российской Федерации, не превысив при этом среднесуточный уровень (2010–2019 годы) по округу (847,6 на 100 тыс. населения). В группе кишечных заболеваний установленной этиологии в последнее десятилетие в субъектах Российской Федерации, в том числе и в ДФО, отмечается ежегодный рост вирусных кишечных инфекций, преимущественно рота- и норовирусной этиологии, с формированием очагов групповой заболеваемости. В 2022 году в субъектах ДФО отмечен рост показателей заболеваемости РВИ на 31,5 % и НВИ на 16,4 % по сравнению с предыдущим годом, а также превышение среднероссийского уровня 2022 года на 43,1 и 31,9 % соответственно. В Хабаровском крае эпидемиологическая ситуация по ОКИ расценивается как неблагоприятная, показатель заболеваемости ОКИ превысил показатель по ДФО в 2022 году на 15,1 %. В структуре ОКИ УЗ преобладали кишечные вирусы (рота- и норовирусы), а также зарегистрировано большое количество очагов групповой заболеваемости ОКИ, обусловленными кишечными вирусами (8 очагов). Следует отметить, что как в целом по ДФО, так и в Хабаровском крае ОКИ УЗ преимущественно регистрировались среди детей двух возрастных групп 1–2 года и 3–6 лет,

вызванные в основном ротавирусами (73,4 и 59,3 % соответственно). Среди детей более старших возрастных групп (7–14 и 15–17 лет) основным вирусом, вызывающим острый гастроэнтерит, являлся норовирус (51,2 и 75,0 % соответственно).

Ежегодный рост регистрации случаев ОКИ, вызванных вирусами, связан с их повсеместным распространением, а также с улучшением лабораторной диагностики в субъектах. Между тем быстрому распространению инфекции способствуют несколько факторов, таких как малая инфицирующая доза и большая вирусная нагрузка [25]. К развитию вспышечной заболеваемости приводят, как правило, множественные нарушения требований санитарного законодательства на пищеблоках в дошкольных образовательных и общеобразовательных организациях, несоблюдение правил личной гигиены, недостаточные дезинфекционные мероприятия на разводящих системах водоснабжения, несвоевременное обращение за медицинской помощью взрослых и родителей заболевших детей [26].

Следует отметить, что ежегодно очаги вспышечной заболеваемости вызывают различные генотипы и варианты рота- и норовирусов [27–29]. Так, среди генотипов норовирусов, обусловивших развитие очагов групповой заболеваемости на территории Российской Федерации с 2017 по 2019 год, доминирующим являлся генотип *GII.2[P16]*. В 2020 году наибольшее распространение имели генотипы *GII.3[P12]* и *GII.4[P16]*. В 2021 году отмечено разнообразие генотипов, выявленных при типировании проб из вспышечной и спорадической заболеваемости, кроме того, различались преобладающие генотипы. Так, при исследовании проб из вспышечной заболеваемости НВИ чаще выявлялся генотип *GII.2[P16]*, а при спорадической – *GII.3[P12]*. Смена лидирующих генотипов ротавирусов происходит несколько реже, в 2012–2016 годах в России среди всех генотипов преобладал в циркуляции *G4*, который в последующем сменился сначала генотипом *G9* (2017–2021), а затем – *G3* (2022 г.)¹⁰.

Проведенные молекулярно-генетические исследования кишечных вирусов, вызвавших групповую заболеваемость ОКИ в Хабаровском крае в 2022 году, показали широкую циркуляцию нескольких генотипов рота- и норовирусов среди населения края. При этом выявлены некоторые особенности в циркуляции генотипов. Так, вспышку в детском саду Хабаровского района вызвали 2 геноварианта норовируса *GII.4 Sydney [P16]* и *GII.4 Sydney [P31]*. Данный факт свидетельствовал о том, что в формировании вспышки участвовали штаммы генотипа *GII.4 Sydney* разного происхождения.

В то же время можно было предположить наличие эпидемиологической связи двух вспышек, вызванных норовирусами генотипа *GII.17[P17]*, зарегистрированных в разных районах Хабаровского края с разницей в 5 месяцев (в подрядной организации Николаевского района и в детском саду г. Хабаровска). Установлена идентичность полученных последовательностей генотипа *GII.17[P17]* от детей и от взрослых из обоих очагов. Кроме того, в 2015 году в поселке Многовершинный Николаевского района генотип *GII.17* вызвал вспышечную заболеваемость

среди населения, причиной распространения инфекции была инфицированная вода из водозабора, расположенного на ручье Ульченок [24]. Между тем нуклеотидные последовательности *GII.17[P17]*, полученные в 2015 и 2022 годах, отличались друг от друга незначительно, что подтверждает факт длительной циркуляции этого генотипа норовируса как в п. Многовершинный, так и в Хабаровском крае в целом.

Генотип норовируса *GII.6[P7]*, выявлявшийся у больных, проживающих одним из сел Тугуро-Чумиканского муниципального района Хабаровского края в течение нескольких недель 2022 г., вызвавший подъем спорадической заболеваемости и вспышечный очаг НВИ в детском саду села, ранее также был этиологическим агентом вспышек заболеваемости в Хабаровском крае. В частности, данный генотип был идентифицирован в г. Хабаровске в двух очагах групповой заболеваемости среди посетителей пешеходного фонтана в 2019 году и у учащихся одной из гимназий города в 2018 году [30]. Однако при филогенетическом анализе установлено, что штаммы норовируса *GII.6[P7]* 2022 и 2018 годов значительно отличались от штаммов 2019 года и принадлежали к разным геновариантам [22]. Так, вспышки в 2018 и 2022 годах были вызваны норовирусами геноварианта *GII.6a*, а в 2019 году – геновариантом *GII.6b*. Данный факт свидетельствует о циркуляции на территории Хабаровского края разных геновариантов генотипа норовируса *GII.6[P7]*.

Следует отметить, что молекулярно-генетическое исследование ротавирусов из очагов групповой заболеваемости в разных муниципальных районах Хабаровского края выявило циркуляцию 3 широко распространенных по G-генотипу вирусов: G9, G4 и G3. По P-генотипу штаммы ротавирусов, полученные нами из разных очагов групповой заболеваемости в Хабаровском крае, принадлежали к наиболее часто встречающемуся типу P[8].

Закключение. Высокий уровень заболеваемости ОКИ установленной этиологии в Хабаровском крае обусловлен кишечными вирусами (рота- и норовирусами). Учитывая высокую изменчивость генома кишечных вирусов с появлением новых вариантов, которые в неиммунном коллективе способны быстро распространяться и приводить к вспышкам, необходимо отслеживать изменения типовой структуры вирусной популяции. В связи с этим целесообразно проводить молекулярное типирование рота- и норовирусов не только при расследовании очагов групповой заболеваемости, но и шире изучать структуру кишечных вирусов при спорадической заболеваемости ОКИ.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Graves NS. Acute gastroenteritis. *Prim Care*. 2013;40(3):727–741. doi: 10.1016/j.pop.2013.05.006
2. Torner N, Izquierdo C, Coronas L, et al.; Working Group for the Study of Outbreaks of Acute Gastroenteritis in Catalonia. Acute gastroenteritis outbreaks in closed and semi-closed facilities during 2017 in Catalonia, Spain. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*. 2021;40(5):1085–1089. doi: 10.1007/s10096-020-04101-5
3. Stanyevic B, Sepich M, Biondi S, Baroncelli GI, Peroni D, Di Cicco M. The evolving epidemiology of acute gastroenteritis in hospitalized children in Italy. *Eur J Pediatr*. 2022;181(1):349–358. doi: 10.1007/s00431-021-04210-z

¹⁰ Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2022 году». [Электронный ресурс] Режим доступа: https://www.rospotrebnadzor.ru/documents/details.php?ELEMENT_ID=25076

4. David EE, Igwenyi IO, Iroha IR, *et al.* Trends in empirical treatment of hospitalized children with acute gastroenteritis in Nigeria. *Recent Adv Antiinfect Drug Discov.* 2021;16(3):237-244. doi: 10.2174/2772434416666211022155438
5. Hossian ME, Islam MM, Miah M, *et al.* Viral etiology of acute gastroenteritis among forcibly displaced Myanmar nationals and adjacent host population in Bangladesh. *J Infect Dis.* 2021;224(12 Suppl 2):S864-S872. doi: 10.1093/infdis/jiab466
6. Abdel-Rahman ME, Mathew S, Al Thani AA, Ansari KA, Yassine HM. Clinical manifestations associated with acute viral gastroenteritis pathogens among pediatric patients in Qatar. *J Med Virol.* 2021;93(8):4794-4804. doi: 10.1002/jmv.26859
7. Cho SR, Chae SJ, Jung S, *et al.* Trends in acute viral gastroenteritis among children aged ≤5 years through the national surveillance system in South Korea, 2013–2019. *J Med Virol.* 2021;93(8):4875-4882. doi: 10.1002/jmv.26685
8. Шульдяков А.А., Ляпина Е.П., Рамазанова К.Х. Диареи вирусной этиологии. В кн.: Инфекционные болезни: национальное руководство. М.: ГЭОТАР-Медиа, 2019. С. 788–804.
9. Hikita T, Phan T, Okitsu S, Hayakawa S, Ushijima H. A comparative study of acute gastroenteritis symptoms in single- versus multiple-virus infections. *Int J Mol Sci.* 2023;24(9):8364. doi: 10.3390/ijms24098364
10. Климова О.И., Гончар Н.В., Алексеева Л.А., Лобзин Ю.В. Клинико-лабораторные особенности острых кишечных инфекций с синдромом гемоколиты у детей // Журнал инфектологии. 2019. Т. 11. № 3. С. 54–60. doi: 10.22625/2072-6732-2019-11-2-54-60.
11. Васюнин А.В., Краснова Е.И., Карпович Г.С. и др. Клинико-этиологические особенности острых кишечных инфекций у детей первых трех месяцев жизни на территории Новосибирской области // Сибирский медицинский вестник. 2019. № 3. С. 18–24.
12. Подколзин А.Т., Кожакметова Т.А., Кясова Д.Х. и др. Ассоциация возбудителей инфекционных диарей с летальными исходами у детей дошкольного возраста // Инфекция и иммунитет. 2021. Т. 11. № 4. С. 752–762. doi: 10.15789/2220-7619-ARB-1515
13. Capece G, Gignac E. *Norovirus*. StatPearls Publishing. Accessed July 03, 2023. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK513265/#article-25986.s15>
14. GBD 2019 Diseases and Injuries Collaborators. Global burden of 369 diseases and injuries in 204 countries and territories, 1990–2019: A systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2019. *Lancet.* 2020;396(10258):1204-1222. doi: 10.1016/S0140-6736(20)30925-9
15. Сизова Е.Н., Шмакова Л.Н., Ведякина Е.В. Эколого-эпидемиологический мониторинг сточных вод // Вятский медицинский вестник. 2022. № 2 (74). С. 89–93. doi: 10.24412/2220-7880-2022-2-89-93
16. 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;70(6):1-19. doi: 10.15585/mmwr.ss7006a1
17. Dale AP, Miko S, Calderwood LE, *et al.* Outbreak of acute gastroenteritis among rafters and backpackers in the backcountry of Grand Canyon National Park, April–June 2022. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2022;71(38):1207-1211. doi: 10.15585/mmwr.mm7138a2
18. Liu L, Moore MD. A survey of analytical techniques for noroviruses. *Foods.* 2020;9(3):318. doi: 10.3390/foods9030318
19. Phattanawiboon B, Nonthabenjawon N, Boonyos P, *et al.* Norovirus transmission mediated by asymptomatic family members in households. *PLoS One.* 2020;15(7):e0236502. doi: 10.1371/journal.pone.0236502
20. 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. doi: 10.13631/2073-3046-2020-19-4-14-19
21. Сапега Е.Ю., Бутакова Л.В., Троценко О.Е. и др. Заболеваемость острыми кишечными инфекциями в субъектах Дальневосточного федерального округа в 2021 году // Дальневосточный журнал инфекционной патологии. 2022. № 43 (43). С. 62–69.
22. Chen Q, Ma J, Gao L, *et al.* Determination and analysis of whole genome sequence of recombinant GII.6[P7] norovirus in Ningxia, China. *Infect Genet Evol.* 2023;115:105499. doi: 10.1016/j.meegid.2023.105499
23. World Health Organization. *Manual of Rotavirus Detection and Characterization Methods*. Geneva, Switzerland; 2009. Accessed July 10, 2023 https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/70122/WHO_IVB_08.17_eng.pdf?sequence=1
24. Бутакова Л.В., Сапега Е.Ю., Троценко О.Е. и др. Генотипы норовирусов, обуславливающие заболеваемость острыми кишечными инфекциями в Хабаровском крае // Здоровье населения и среда обитания. 2018. № 7 (304). С. 52–56. doi: 10.35627/2219-5238/3018-304-7-52-56.
25. Esposito S, Principi N. Norovirus vaccine: Priorities for future research and development. *Front Immunol.* 2020;11:1383. doi: 10.3389/fimmu.2020.01383
26. 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;20(1):25. doi: 10.1186/s12889-019-8117-y
27. van Beek J, de Graaf M, Al-Hello H, *et al.* Molecular surveillance of norovirus, 2005–16: An epidemiological analysis of data collected from the NoroNet network. *Lancet Infect Dis.* 2018;18(5):545-553. doi: 10.1016/S1473-3099(18)30059-8
28. Qi Y, Dong X, Cheng X, *et al.* Epidemiological characteristics of norovirus outbreaks in Shenyang from 2017 to 2021. *J Microbiol.* 2023;61(4):471-478. doi: 10.1007/s12275-023-00033-9
29. Ahmed K, Dony JFF, Mori D, *et al.* An outbreak of gastroenteritis by emerging norovirus GII.2[P16] in a kindergarten in Kota Kinabalu, Malaysian Borneo. *Sci Rep.* 2020;10(1):7137. doi: 10.1038/s41598-020-64148-4
30. Бутакова Л.В., Сапега Е.Ю., Троценко О.Е., Зайцева Т.А., Караванская 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 (327). С. 50–54. doi: 10.35627/2219-5238/2020-327-6-50-54

REFERENCES

1. Graves NS. Acute gastroenteritis. *Prim Care.* 2013;40(3):727-741. doi: 10.1016/j.pop.2013.05.006
2. Torner N, Izquierdo C, Coronas L, *et al.*; Working Group for the Study of Outbreaks of Acute Gastroenteritis in Catalonia. Acute gastroenteritis outbreaks in closed and semi-closed facilities during 2017 in Catalonia, Spain. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis.* 2021;40(5):1085-1089. doi: 10.1007/s10096-020-04101-5
3. Stanyevic B, Sepich M, Biondi S, Baroncelli GI, Peroni D, Di Cicco M. The evolving epidemiology of acute gastroenteritis in hospitalized children in Italy. *Eur J Pediatr.* 2022;181(1):349-358. doi: 10.1007/s00431-021-04210-z
4. David EE, Igwenyi IO, Iroha IR, *et al.* Trends in empirical treatment of hospitalized children with acute gastroenteritis in Nigeria. *Recent Adv Antiinfect Drug Discov.* 2021;16(3):237-244. doi: 10.2174/2772434416666211022155438
5. Hossian ME, Islam MM, Miah M, *et al.* Viral etiology of acute gastroenteritis among forcibly displaced Myanmar nationals and adjacent host population in Bangladesh. *J Infect Dis.* 2021;224(12 Suppl 2):S864-S872. doi: 10.1093/infdis/jiab466
6. Abdel-Rahman ME, Mathew S, Al Thani AA, Ansari KA, Yassine HM. Clinical manifestations associated with acute viral gastroenteritis pathogens among pediatric patients in Qatar. *J Med Virol.* 2021;93(8):4794-4804. doi: 10.1002/jmv.26859
7. Cho SR, Chae SJ, Jung S, *et al.* Trends in acute viral gastroenteritis among children aged ≤5 years through the national surveillance system in South Korea, 2013–2019. *J Med Virol.* 2021;93(8):4875-4882. doi: 10.1002/jmv.26685
8. Shul'dyakov AA, Lyapina EP, Ramazanov KKh. [Diarrhea of viral etiology.] In: *Infectious Diseases: National Guidelines.* Moscow: GEOTAR-Media Publ.; 2019:788–804. (In Russ.)
9. Hikita T, Phan T, Okitsu S, Hayakawa S, Ushijima H. A comparative study of acute gastroenteritis symptoms in single- versus multiple-virus infections. *Int J Mol Sci.* 2023;24(9):8364. doi: 10.3390/ijms24098364
10. Klimova OI, Gonchar NV, Alekseeva LA, Lobzin YuV. Clinical and laboratory features of acute intestinal infections with hemocolitis syndrome in children. *Zhurnal Infekologii.* 2019;11(3):54-60. (In Russ.) doi: 10.22625/2072-6732-2019-11-2-54-60
11. Vasyunin AV, Krasnova EI, Karpovich GS, *et al.* Clinical and etiological features of acute intestinal infections in children in the first three months in the Novosibirsk region. *Sibirskiy Meditsinskiy Vestnik.* 2019;(3):18-24. (In Russ.)
12. Podkolzin AT, Kozhakhmetova TA, Kyasova DKh, *et al.* A relationship between causative agents of infectious diarrhea

<https://doi.org/10.35627/2219-5238/2023-31-11-74-81>

Original Research Article

- and fatal outcomes in pre-school children. *Infektsiya i Immunitet*. 2021;11(4):752–762. (In Russ.) doi: 10.15789/2220-7619-ARB-1515
13. Capece G, Gignac E. *Norovirus*. StatPearls Publishing. Accessed July 03, 2023. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK513265/#article-25986.s15>
 14. GBD 2019 Diseases and Injuries Collaborators. Global burden of 369 diseases and injuries in 204 countries and territories, 1990–2019: A systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2019. *Lancet*. 2020;396(10258):1204–1222. doi: 10.1016/S0140-6736(20)30925-9
 15. Sizova EN, Shmakova LN, Vidyakina EV. Ecological and epidemiological wastewater monitoring. *Vyatskiy Meditsinskiy Vestnik*. 2022;(2(74)):89–93. (In Russ.) doi: 10.24412/2220-7880-2022-2-89-93
 16. 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;70(6):1–19. doi: 10.15585/mmwr.ss7006a1
 17. Dale AP, Miko S, Calderwood LE, et al. Outbreak of acute gastroenteritis among rafters and backpackers in the backcountry of Grand Canyon National Park, April–June 2022. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep*. 2022;71(38):1207–1211. doi: 10.15585/mmwr.mm7138a2
 18. Liu L, Moore MD. A survey of analytical techniques for noroviruses. *Foods*. 2020;9(3):318. doi: 10.3390/foods9030318
 19. Phattanawiboon B, Nonthabenjawan N, Boonyos P, et al. Norovirus transmission mediated by asymptomatic family members in households. *PLoS One*. 2020;15(7):e0236502. doi: 10.1371/journal.pone.0236502
 20. Sergevin VI. Modern trends in long-term dynamics of the acute intestinal infectious incidence of bacterial and viral etiology. *Epidemiologiya i Vaktsinoprofilaktika*. 2020;19(4):14–19. (In Russ.) doi: 10.31631/2073-3046-2020-19-4-14-19
 21. Sapega EYu, Butakova LV, Trotsenko OE, et al. Acute gastrointestinal infections incidence in constituent entities of the Far Eastern Federal District in the year 2021. *Dal'nevostochnyy Zhurnal Infektsionnoy Patologii*. 2022;(43(43)):62–69. (In Russ.)
 22. Chen Q, Ma J, Gao L, et al. Determination and analysis of whole genome sequence of recombinant GII.6[P7] norovirus in Ningxia, China. *Infect Genet Evol*. 2023;115:105499. doi: 10.1016/j.meegid.2023.105499
 23. World Health Organization. *Manual of Rotavirus Detection and Characterization Methods*. Geneva, Switzerland; 2009. Accessed July 10, 2023 https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/70122/WHO_IVB_08.17_eng.pdf?sequence=1
 24. Butakova LV, Sapega EYu, Trotsenko OE, et al. Norovirus genotypes that caused cases of acute gastroenteritis in the Khabarovsk region. *Zdorov'e Naseleniya i Sreda Obitaniya*. 2018;(7(304)):52–56. (In Russ.) doi: 10.35627/2219-5238/3018-304-7-52-56
 25. Esposito S, Principi N. Norovirus vaccine: Priorities for future research and development. *Front Immunol*. 2020;11:1383. doi: 10.3389/fimmu.2020.01383
 26. 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;20(1):25. doi: 10.1186/s12889-019-8117-y
 27. van Beek J, de Graaf M, Al-Hello H, et al. Molecular surveillance of norovirus, 2005–16: An epidemiological analysis of data collected from the NoroNet network. *Lancet Infect Dis*. 2018;18(5):545–553. doi: 10.1016/S1473-3099(18)30059-8
 28. Qi Y, Dong X, Cheng X, et al. Epidemiological characteristics of norovirus outbreaks in Shenyang from 2017 to 2021. *J Microbiol*. 2023;61(4):471–478. doi: 10.1007/s12275-023-00033-9
 29. Ahmed K, Dony JJF, Mori D, et al. An outbreak of gastroenteritis by emerging norovirus GII.2[P16] in a kindergarten in Kota Kinabalu, Malaysian Borneo. *Sci Rep*. 2020;10(1):7137. doi: 10.1038/s41598-020-64148-4
 30. Butakova LV, Sapega EYu, Trotsenko OE, Zaitseva TA, Karavyanskaya TN, Lebedeva LA. Waterborne outbreak of acute gastroenteritis caused by recombinant norovirus GII. P7–GII.6 in Khabarovsk in 2019. *Zdorov'e Naseleniya i Sreda Obitaniya*. 2020;(6(327)):50–54. (In Russ.) doi: 10.35627/2219-5238/2020-327-6-50-54

Сведения об авторах:

✉ **Сapeга Елена Юрьевна** – к.м.н., ведущий научный сотрудник-руководитель Дальневосточного регионального научно-методического центра по изучению энтеровирусных инфекций ФБУН «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора; e-mail: evi.khv@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4438-6913>.

Бутова Людмила Васильевна – научный сотрудник Дальневосточного регионального научно-методического центра по изучению энтеровирусных инфекций ФБУН «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора; e-mail: evi.khv@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7238-3691>.

Тrotsenko Ольга Евгеньевна – д.м.н., директор ФБУН «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора; e-mail: trotsenko_oe@hniem.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3050-4472>.

Зайцева Татьяна Анатольевна – руководитель Управления Роспотребнадзора по Хабаровскому краю; e-mail: root@sanepid.khv.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3531-4996>.

Караванская Татьяна Николаевна – начальник отдела эпидемиологического надзора Управления Роспотребнадзора по Хабаровскому краю; e-mail: root@sanepid.khv.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2030-6560>

Информация о вкладе авторов: концепция и дизайн исследования, сбор и анализ данных, проведение молекулярно-генетических исследований, интерпретация результатов, написание статьи: *Сapeга Е.Ю.*; концепция и дизайн исследования, сбор данных, проведение молекулярно-генетических исследований, редактирование текста: *Бутова Л.В.*; сбор данных: *Зайцева Т.А.*, *Караванская Т.Н.*; итоговое редактирование: *Тrotsenko О.Е.* Все авторы ознакомились с результатами работы и одобрили окончательный вариант рукописи.

Соблюдение этических стандартов: данное исследование не требует представления заключения комитета по биомедицинской этике или иных документов.

Финансирование: исследование проведено без спонсорской поддержки

Конфликт интересов: авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов в связи с публикацией данной статьи.

Статья получена: 08.09.23 / Принята к публикации: 10.11.23 / Опубликована: 30.11.23

Author information:

✉ **Elena Yu. Sapega**, Cand. Sci. (Med.), Leading Researcher, Head of the Far Eastern Regional Enterovirus Infection Research and Methodological Center, Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology; e-mail: evi.khv@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4438-6913>.

Liudmila V. Butakova, Researcher, Far Eastern Regional Enterovirus Infection Research and Methodological Center, Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology; e-mail: evi.khv@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7238-3691>.

Olga E. Trotsenko, Dr. Sci. (Med.), Director, Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology; e-mail: trotsenko_oe@hniem.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3050-4472>.

Tatyana A. Zaitseva, Head of the Khabarovsk Regional Office of the Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing; e-mail: root@sanepid.khv.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3531-4996>.

Tatyana N. Karavyanskaya, Head of the Department of Epidemiological Surveillance, Khabarovsk Regional Office of the Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing; e-mail: root@sanepid.khv.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2030-6560>.

Author contributions: study conception and design, data collection, molecular genetics testing, interpretation of results, draft manuscript preparation: *Sapega E.Yu.*; study conception and design, data collection, molecular genetics testing, editing: *Butakova L.V.*; data collection: *Zaitseva T.A.*, *Karavyanskaya T.N.*; final revision: *Trotsenko O.E.* All authors reviewed the results and approved the final version of the manuscript.

Compliance with ethical standards: Not applicable.

Funding: This research received no external funding.

Conflict of interest: The authors have no conflicts of interest to declare.

Received: September 9, 2023 / Accepted: November 10, 2023 / Published: November 30, 2023