

© Бутакова Л.В., Сапега Е.Ю., Троценко О.Е., Зайцева Т.А., Каравянская Т.Н., Лебедева Л.А., 2020
УДК 616.34:578.835.3Calicivirus-022.35-036(571.620-25)"2019"

Водная вспышка острой кишечной инфекции, обусловленная рекомбинантным норовирусом генотипа GII.P7-GII.6, в городе Хабаровске в 2019 году

Л.В. Бутакова¹, Е.Ю. Сапега¹, О.Е. Троценко¹, Т.А. Зайцева²,
Т.Н. Каравянская², Л.А. Лебедева³

¹ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора,
ул. Шевченко, д. 2, г. Хабаровск, 680610, Российская Федерация

²Управление Роспотребнадзора по Хабаровскому краю,
ул. Карла Маркса, д. 109б, г. Хабаровск, 680009, Российская Федерация

³ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Хабаровском крае»,
ул. Карла Маркса, д. 109 б, г. Хабаровск, 680009, Российская Федерация

Резюме: Введение. Норовирусы обуславливают вспышки острых кишечных инфекций во всем мире. Несмотря на то, что основным путем передачи норовирусной инфекции является контактный путь от человека к человеку, заражение посредством контаминированной воды также часто приводит к возникновению массовых заболеваний. Цель исследования. Провести эпидемиологический и молекулярно-генетический анализ водной вспышки норовирусной инфекции среди детей в г. Хабаровске в 2019 г. Материалы и методы. Обнаружение РНК норовирусов в образцах биологического материала осуществляли с помощью полимеразной цепной реакции. Нуклеотидные последовательности норовирусов определяли методом секвенирования. Полученные сиквенсы подвергнуты филогенетическому анализу. Результаты исследования. В июле 2019 г. в г. Хабаровске острой кишечной инфекцией заболели 34 ребенка. Эпидемиологическое расследование показало, что все заболевшие накануне играли и купались в пешеходном фонтанном комплексе. Молекулярно-генетический анализ 18 образцов клинического материала от детей с острым гастроэнтеритом и 1 образца воды из пешеходного фонтанного комплекса выявил рекомбинантный норовирус GII.P7-GII.6. Установлено 100,0 % сходство всех полученных нуклеотидных последовательностей между собой. Филогенетический анализ фрагмента ORF2 показал, что капсидный белок хабаровских штаммов GII.P7-GII.6 принадлежит к геноварианту GII.6a. Заключение. Наиболее вероятной причиной развития вспышки норовирусной инфекции среди детей в г. Хабаровске в 2019 г. явилась контаминация воды в пешеходном «игровом» фонтанном комплексе, произошедшая в результате отсутствия должного обслуживания и регулярных дезинфекционных мероприятий.

Ключевые слова: норовирус, генотип GII.P7-GII.6, норовирусная инфекция, водная вспышка, острая кишечная инфекция, филогенетический анализ.

Для цитирования: 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 (327). С. 50-54 DOI: <https://doi.org/10.35627/2219-5238/2020-327-6-50-54>

Waterborne Outbreak of Acute Gastroenteritis Caused by Recombinant Norovirus GII.P7-GII.6 in Khabarovsk in 2019

L.V. Butakova¹, E.Yu. Sapega¹, O.E. Trotsenko¹, T.A. Zaytseva², T.N. Karavyanskaya², L.A. Lebedeva³

¹Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology,
2 Shevchenko Street, Khabarovsk, 680610, Russian Federation

²Khabarovsk Krai Rospotrebnadzor Office,
109b Karl Marx Street, Khabarovsk, 680009, Russian Federation

³Center for Hygiene and Epidemiology in the Khabarovsk Krai,
109b Karl Marx Street, Khabarovsk, 680009, Russian Federation

Abstract. Background: Noroviruses are common causative agents of acute gastroenteritis worldwide. Person-to-person transmission is the dominant transmission route for norovirus infection but contaminated water also often leads to outbreaks. Objectives: Our purpose was to do epidemiologic and molecular genetic analyses of waterborne norovirus infection outbreak among children in Khabarovsk in 2019. Materials and methods: Clinical and water samples were screened for the presence of norovirus RNA using real-time RT-PCR detection kit. The norovirus nucleotide sequences were determined by Sanger sequencing. The obtained sequences were subjected to a phylogenetic analysis. Results: In July 2019, 34 children developed acute gastroenteritis in Khabarovsk. The epidemiologic investigation showed that on the eve of the disease onset all patients played and bathed in a pedestrian fountain complex. A molecular genetic analysis of 18 biological samples from children with acute gastroenteritis and a water sample from the fountain revealed a recombinant norovirus GII.P7-GII.6. We established a 100.0% identity of all obtained nucleotide sequences to each other. A phylogenetic analysis of ORF2 partial sequences showed that the capsid protein of the Khabarovsk GII.P7-GII.6 strains belonged to the variant GII.6a. Conclusions: Contaminated water in the pedestrian interactive fountain complex was the most likely cause of the norovirus infection outbreak among children in Khabarovsk in 2019 associated with the lack of proper maintenance and regular disinfection measures.

Key words: norovirus, GII.P7-GII.6 genotype, norovirus infection, waterborne outbreak, acute gastroenteritis, phylogenetic analysis.

For citation: Butakova LV, Sapega EYu, Trotsenko OE, Zaytseva 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 Russian) DOI: <https://doi.org/10.35627/2219-5238/2020-327-6-50-54>

Author information: Butakova L.V., <https://orcid.org/0000-0002-7238-3691>; Sapega E.Y., <https://orcid.org/0000-0003-4438-6913>; Trotsenko O.E., <https://orcid.org/0000-0003-3050-4472>; Karavyanskaya T.N., <https://orcid.org/0000-0002-8231-7559>.

Введение. Род *Norovirus* отличается широким генетическим разнообразием, представлен семью генетическими группами (GI–GVII) и более 30 инфицирующими человека генотипами, установленными на основе получения полных

аминокислотных последовательностей области генома VP1 [1].

В большинстве случаев острый гастроэнтерит норовирусной этиологии протекает благоприятно, тем не менее имеется вероятность тяжелого

течения и летального исхода у детей раннего возраста, пожилых людей и лиц с нарушениями иммунной системы [2].

Норовирусная инфекция наносит существенный социально-экономический ущерб мировому здравоохранению. По оценке американских специалистов, ежегодные расходы США на медицинскую помощь при норовирусной инфекции составляют более 200 млн долларов [3]. Низкая инфицирующая доза (минимум 18 вирусных частиц достаточно для заражения взрослого человека) и продолжительное выделение вируса (до 4 недель в среднем) делают норовирусную инфекцию высококонтагиозной и способствуют возникновению вспышек заболевания [4, 5].

Несмотря на то, что ведущую роль в передаче норовирусной инфекции имеет контактный путь от человека к человеку, заражение посредством контаминированной воды также часто является причиной массовых заболеваний. Так, с 2007 по 2008 г. в США были зарегистрированы 4 вспышки норовирусной инфекции в штатах Мэриленд (2007 г. — 94 человека пострадавших), Колорадо (2007 г. — 77 человек), Вашингтон (2007 г. — 32 человека) и Оклахома (2008 г. — 62 человека), связанные с употреблением питьевой воды, в которой, как и в клинических образцах от заболевших, были обнаружены норовирусы I и II геногрупп [6].

В Южной Корее с 2008 по 2012 гг. зафиксированы 4 вспышки острой кишечной инфекции, развившиеся в результате использования грунтовых вод для купания в аквапарке, приготовления пищи и питья в местах общественного питания. В клиническом материале от пострадавших и в пробах воды идентифицированы норовирусы GI.4 (2008 г.), GI.3 (2011 г.), GII.17 (май 2012 г.) и GII.2 (июнь 2012 г.) [7].

В китайской провинции Хэбэй в декабре 2014 г. зарегистрированы случаи острого гастроэнтерита среди сотрудников и гостей отеля (29 человек), расположенного недалеко от международного горнолыжного курорта. Предполагаемым источником заражения явился один из питьевых колодцев (глубиной 20 метров), в 50 метрах от которого за 5 месяцев до вспышки был построен отстойник для сточных вод (глубиной 8 метров), не имеющий защитных конструкций для недопущения протечек. В клинических пробах от всех заболевших, а также в концентрированных образцах воды из питьевого колодца и отстойника для сточных вод был выявлен норовирус GII.17 [8].

В мае 2016 г. в курортной зоне на Сицилии (Италия) наблюдалась вспышка норовирусной инфекции с вовлечением в эпидпроцесс учеников средней школы (24 человека) и учительницы. При исследовании биологического материала обнаружен норовирус GII.P2–GII.2. Возникновение эпидемического очага связали с употреблением небутилированной воды из водопровода, которая скорее всего была загрязнена из-за утечки сточных вод [9].

В Хабаровском крае эпидемический очаг острого гастроэнтерита с общим числом пострадавших 79 человек, в формировании ко-

торого наиболее вероятную роль также сыграл водный фактор, был зафиксирован в 2015 г. в п. Многовершинном. В клиническом материале от заболевших идентифицирован норовирус GII.17. Проведение эксплуатационных работ на водозаборе поселка в период возникновения вспышки и активное снеготаяние позволили связать эти данные с развитием массового заболевания лиц, употреблявших сырую питьевую воду [10].

Кроме того, в научной литературе представлены случаи, когда интерактивные фонтаны становились источником массового заражения людей кишечными патогенами. Так, в 1999 г. во Флориде (США) зарегистрирована вспышка острого гастроэнтерита среди 38 человек. В качестве этиологических агентов были установлены *Shigella sonnei* и *Cryptosporidium parvum*. Эпидемиологическое расследование выявило связь заболеваний с игрой в интерактивном фонтане в парке, проглатыванием воды и потреблением еды и напитков в фонтане. При этом системы рециркуляции, фильтрации и дезинфекции фонтана не обслуживались должным образом либо были не полностью работоспособными во время его использования [11]. Кроме того, вспышка шигеллёза, к возникновению которой привело использование заболевшими детьми интерактивного фонтана для игры, наблюдалась в США (Орегон) и в 2003 г. [12]. В 2004 г. в Нидерландах зафиксирована вспышка норовирусной инфекции среди школьников, также посещавших игровую площадку с интерактивным фонтаном [13].

Норовирус генотипа GII.P7–GII.6 является рекомбинантным и на протяжении достаточно длительного времени циркулирует в разных странах. Вспышки острого гастроэнтерита, обусловленные штаммами GII.P7–GII.6, наблюдались в Бразилии, Австралии, Китае [14–16].

Цель исследования. Провести эпидемиологический и молекулярно-генетический анализ вспышки норовирусной инфекции в г. Хабаровске в 2019 г.

Материалы и методы. Для анализа вспышечной заболеваемости норовирусной инфекцией в г. Хабаровске использованы данные форм государственного статистического наблюдения № 1 и № 2 «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях», № 23–09 «Сведения о вспышках инфекционных заболеваний», оперативные донесения о случаях острых кишечных инфекций в Федеральную службу по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека.

Экстракцию нуклеиновых кислот из биологического материала проводили с помощью комплекта реагентов «РИБО-преп», используя на этапе элюции РНК-элюент (ФБУН ЦНИИЭ Роспотребнадзора, Россия). Для выявления и дифференциации ДНК (РНК) возбудителей кишечной инфекции применяли метод полимеразной цепной реакции с гибридно-флуоресцентной детекцией в режиме «реального времени», используя набор реагентов «АмплиСенс®ОКИ скрин-FL» (ФБУН ЦНИИЭ Роспотребнадзора, Россия) и амплификатор Rotor-Gene Q (QIAGEN).

Для положительных на наличие РНК норовирусов II геногруппы 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) [17].

Определение нуклеотидных последовательностей осуществляли методом секвенирования по Сэнгеру на генетическом анализаторе Applied Biosystems 3500 с использованием BigDyeTMTerminator v.3.1. Cycle Sequencing Kit (Thermo Fisher Scientific Inc.).

Для определения 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.

Результаты и обсуждение. В период с 22.07.2019 по 23.07.2019 в Управление Роспотребнадзора по Хабаровскому краю поступили 34 экстренных извещения о случаях заболеваний острой кишечной инфекцией (ОКИ) среди детей г. Хабаровска. При эпидемиологическом расследовании было установлено, что все заболевшие в один день (21.07.2019) отдыхали в Центральном районе города, играли и купались в пешеходном фонтанном комплексе. В инфекционное отделение КГБУЗ ДККБ им. А.К. Пиотровича госпитализированы 10 человек, остальные получали лечение в амбулаторных условиях.

Следует отметить, что диаметр пешеходного «игрового» фонтанного комплекса в г. Хабаровске составляет 38 метров, ограждающие конструкции отсутствуют. По всему периметру сооружения имеются решетки с форсунками для подачи воды, которая уходит через эти же решетки в накопительные лотки, протекает через фильтры очистки и подается вновь, обеспечивая непрерывную циркуляцию. На момент возникновения вспышечного очага регулярные дезинфекционные мероприятия при эксплуатации фонтана не проводились.

В лабораторно-испытательном центре ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Хабаровском крае» Роспотребнадзора при исследовании клинического материала от детей из вспышечного очага, а также проб воды из фонтана методом ОТ-ПЦР были обнаружены РНК норовирусов II геногруппы. Для дальнейшего определения генотипа норовируса и установления возможной эпидемиологической связи между заболеванием детей и водой из фонтанного комплекса 19 образцов комплементарных ДНК

(кДНК) (18 образцов, полученных из фекалий пострадавших, и 1 образец воды) направлены в ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора.

Методом секвенирования по Сэнгеру из 17 проб от пациентов с ОКИ и 1 пробы воды из фонтана получены нуклеотидные последовательности норовируса генотипа GII.P7–GII.6, которые при последующем сравнительном анализе оказались идентичными друг другу на 100,0 %. Данный факт позволил предположить, что именно вода из фонтанного комплекса явилась наиболее вероятным фактором в развитии вспышечного очага норовирусной инфекции среди детского населения г. Хабаровска в июле 2019 г.

Следовательно, отсутствие или недостаточное обеззараживание воды в общественных фонтанах, а также пользование фонтаном людьми с низким уровнем гигиенической грамотности (например, существует потенциальный риск контаминирования воды при использовании фонтана в качестве устройства для мытья) могут привести к возникновению водных вспышек острых кишечных инфекций.

При сравнении нуклеотидных последовательностей норовируса генотипа GII.P7–GII.6, полученных при расследовании вспышки в г. Хабаровске в 2019 г., с представленными в GenBank выявлена высокая степень гомологии по анализируемому участку ORF1/ORF2 (525 н.о.) с вирусами, циркулировавшими в Китае в 2018 г. (98,8 %), Австралии в 2016 г. (97,7 %), г. Нижнем Новгороде в 2017–2018 гг. (97,5 %).

Филогенетический анализ фрагмента ORF2 показал, что капсидный белок хабаровских штаммов норовируса GII.P7–GII.6 2019 г. относится к геноварианту GII.6a (рис. 1) по классификации, предложенной Chan-It W. et al. [18].

В 2018 г. в г. Хабаровске была зарегистрирована вспышка острой кишечной инфекции (в детском образовательном учреждении с числом пострадавших 106 человек), также обусловленная норовирусом GII.6 [19], но принадлежащим к другому геноварианту – GII.6b. При этом отличие между нуклеотидными последовательностями хабаровских штаммов GII.6 2018–2019 гг. разных геновариантов составило 7,5 %.

Ранее было показано, что норовирусы геновариантов GII.6a и GII.6b циркулировали в Нижнем Новгороде, Новосибирске, Москве и других городах России. Кроме того, геновариант GII.6a выявлен при расследовании внутрибольничного очага групповой заболеваемости (17 человек пострадавших) в Нижнем Новгороде в 2011 г. [20].

Полимераза хабаровских штаммов норовируса геноварианта GII.6a 2019 г. принадлежит генотипу GII.P7 (рис. 2), что, как было показано в другом исследовании [20], является достаточно частым сочетанием. По анализируемому участку ORF1 установлена наиболее высокая степень гомологии (99,1 %) хабаровских изолятов 2019 г. с китайским штаммом 2018 г. (МК789459).

Заключение

По результатам проведенных эпидемиологических и молекулярно-генетических иссле-

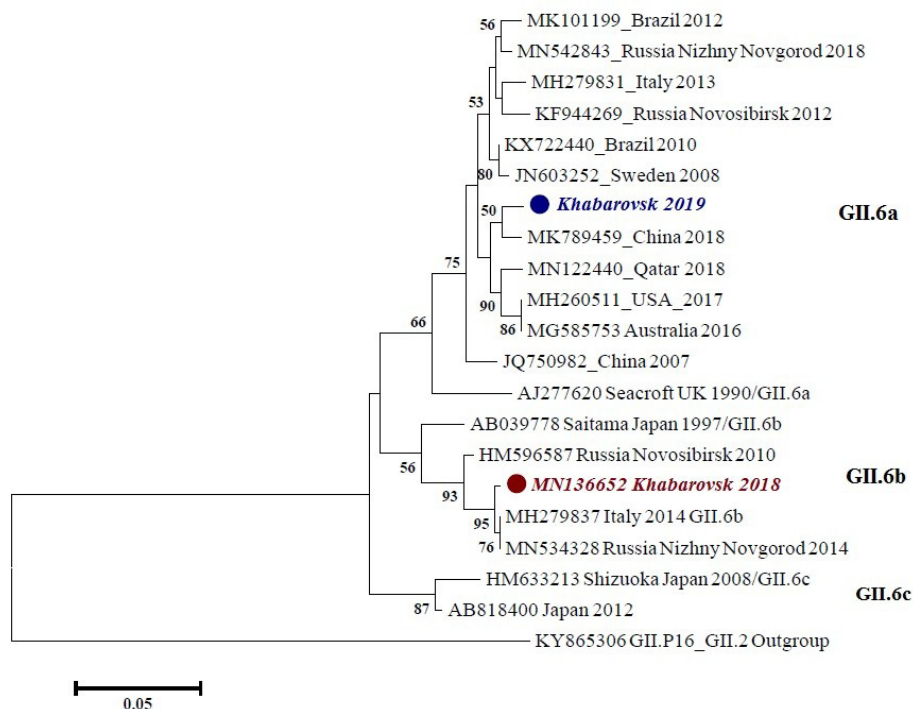


Рис. 1. Филогенетическое дерево для нуклеотидных последовательностей норовируса GII.P7–GII.6, построенное на основе анализа фрагмента ORF2 (VP1 281 н.о., позиции по референсному штамму NCBI NC040876: н.о. 5079–5359)

Fig. 1. The phylogenetic tree constructed based on partial ORF2 sequences of norovirus GII.P7–GII.6 (VP1 281 bp, nt 5079–5359 according to reference NCBI strain: NC040876)

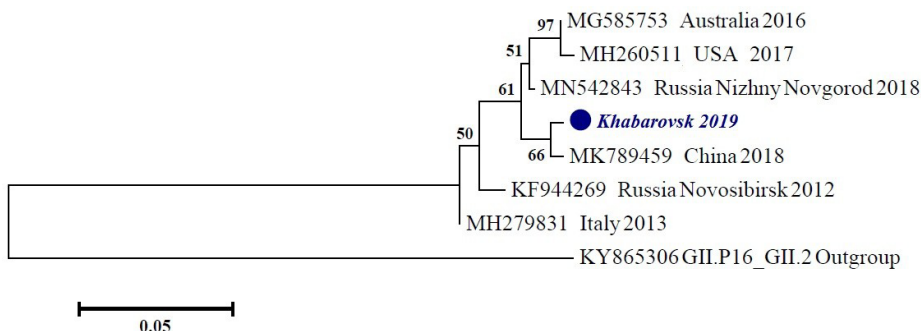


Рис. 2. Филогенетическое дерево для нуклеотидных последовательностей норовируса GII.P7–GII.6, построенное на основе анализа фрагмента ORF1 (RdRp 261 н.о., позиции по референсному штамму NCBI NC040876: н.о. 4835–5095)

Fig. 2. The phylogenetic tree constructed based on partial ORF1 sequences of norovirus GII.P7–GII.6 (RdRp 261 bp, nt 4835–5095 according to reference NCBI strain: NC040876)

дований установлено, что наиболее вероятной причиной развития вспышки острой кишечной инфекции среди детей в г. Хабаровске в июле 2019 г. явилась контаминация воды в пешеходном «игровом» фонтанном комплексе, произошедшая в результате отсутствия должного обслуживания и регулярных дезинфекционных мероприятий. В качестве этиологического агента возникновения заболеваний установлен рекомбинантный норовирус генотипа GII.P7–GII.6. Филогенетический анализ показал, что капсидный белок выявленных в 2019 г. штаммов относится к геноварианту GII.6a, что, в свою очередь, свидетельствует о более высокой генетической изменчивости норовирусов.

Вода подвергается повышенному риску загрязнения кишечными патогенами, что требует соблюдения населением гигиенических навыков, а также контроля проектирования, эксплуатации

и обслуживания мест общественного отдыха муниципальными службами.

Дальнейший молекулярно-эпидемиологический мониторинг за норовирусной инфекцией является необходимым инструментом для надзора и позволит отслеживать циркуляцию и распространение норовирусов разных генотипов, в том числе рекомбинантных, на территории Российской Федерации.

Информация о вкладе авторов: Бутакова Л.В., Сапега Е.Ю., Троценко О.Е., Зайцева Т.А., Каравянская Т.Н., Лебедева Л.А. — анализ литературы, проведение молекулярно-генетических исследований и филогенетического анализа, написание текста статьи.

Список литературы (пп. 1–9, 11–18 см. References)

10. Зайцева Т.А., Каравянская Т.Н., Чистяк В.М. и др. Роль водного фактора в возникновении вспышечной заболеваемости острыми кишечными инфекциями

вирусной этиологии (на примере Хабаровского края) // Дальневосточный журнал инфекционной патологии. 2015. № 29. С. 17–25.

19. 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.
20. Епифанова Н.В. Генетические варианты норовируса генотипа GII.6 // Молекулярная генетика, микробиология и вирусология. 2015. № 4. С. 30–37.

References

1. Vinjé J. Advances in laboratory methods for detection and typing of norovirus. *J Clin Microbiol.* 2015; 53(2):373–381. DOI: <https://doi.org/10.1128/JCM.01535-14>
2. Capece G, Gignac E. Norovirus. StatPearls Publishing [Internet]. 2019. Available at: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK513265/#article-25986.s15>. Accessed: 15.3.2020
3. Gastañaduy PA, Hall AJ, Curns AT, *et al.* Burden of norovirus gastroenteritis in the ambulatory setting—United States, 2001–2009. *J Infect Dis.* 2013; 207(7):1058–1065. DOI: <https://doi.org/10.1093/INFDIS/JIS942>
4. Teunis PF, Moe CL, Liu P, *et al.* Norwalk virus: How infectious is it? *J Med Virol.* 2008; 80(8):1468–1476. DOI: <https://doi.org/10.1002/JMV.21237>
5. Atmar RL, Opekun AR, Gilger MA, *et al.* Norwalk virus shedding after experimental human infection. *Emerg Infect Dis.* 2008; 14(10):1553–1557. DOI: <https://doi.org/10.3201/EID1410.080117>
6. Brunkard JM, Ailes E, Roberts VA, *et al.* Surveillance for waterborne disease outbreaks associated with drinking water — United States, 2007–2008. *MMWR Surveill Summ.* 2011; 60(12):38–68.
7. Cho HG, Lee SG, Kim WH, *et al.* Acute gastroenteritis outbreaks associated with ground-waterborne norovirus in South Korea during 2008–2012. *Epidemiol Infect.* 2014; 142(12):2604–2609. DOI: <https://doi.org/10.1017/S0950268814000247>
8. Qin M, Dong XG, Jing YY, *et al.* A waterborne gastroenteritis outbreak caused by norovirus GII.17 in a hotel, Hebei, China, December 2014. *Food Environ Virol.* 2016; 8(3):180–186. DOI: <https://doi.org/10.1007/S12560-016-9237-5>
9. Giammanco GM, Bonura F, Urone N, *et al.* Waterborne Norovirus outbreak at a seaside resort likely originating from municipal water distribution system failure. *Epidemiol Infect.* 2018; 146(7):879–887. DOI: <https://doi.org/10.1017/S095026881800081X>
10. Zaitseva TA, Karavyanskaya TN, Chistyak VM, *et al.* The role of water source in outbreak of acute viral intestinal infections in Khabarovsk Krai. *Dal'nevostochnyi Zhurnal Infektsionnoi Patologii.* 2015; (29):17–25. (In Russian).

11. Lee SH, Levy DA, Craun GF, *et al.* Surveillance for waterborne-disease outbreaks — United States, 1999–2000. *MMWR Surveill Summ.* 2002; 51(8):1–47.
12. Bancroft JE, Keifer SB, Keene WE. Shigellosis from an interactive fountain: implications for regulation. *J Environ Health.* 2010; 73(4):16–20.
13. Hoebe CJ, Vennema H, de Roda Husman AM, *et al.* Norovirus outbreak among primary schoolchildren who had played in a recreational water fountain. *J Infect Dis.* 2004; 189(4):699–705.
14. Fumian TM, da Silva Ribeiro de Andrade J, Leite JPG, *et al.* Norovirus recombinant strains isolated from gastroenteritis outbreaks in Southern Brazil, 2004–2011. *PLoS ONE.* 2016; 11(4):e0145391. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0145391>
15. Bruggink LD, Moselen JM, Marshall JA. The comparative molecular epidemiology of GII.P7_GII.6 and GII.P7_GII.7 norovirus outbreaks in Victoria, Australia, 2012–2014. *Intervirology.* 2016; 59(1):60–65. DOI: <https://doi.org/10.1159/000448100>
16. Dong X, Qin M, Wang ZE, *et al.* Should we pay attention to recombinant norovirus strain GII.P7/GII.6? *J Infect Public Heal.* 2019; 12(3):403–409. DOI: <https://doi.org/10.1016/J.JIPH.2018.12.007>
17. 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. *J Clin Microbiol.* 2017; 55(7):2208–2221. DOI: <https://doi.org/10.1128/JCM.00455-17>
18. Chan-It W, Thongprachum A, Khamrin P, *et al.* Emergence of a new norovirus GII.6 variant in Japan, 2008–2009. *J Med Virol.* 2012; 84(7):1089–1096. DOI: <https://doi.org/10.1002/JMV.23309>
19. Butakova LV, Saepa EYu, Trotsenko OE, *et al.* Norovirus genotypes that caused cases of acute gastroenteritis in the Khabarovsk Region. *Zdorov'e Naseleniya i Sreda Obitaniya.* 2018; 304(7):52–56. (In Russian). DOI: <https://doi.org/10.35627/2219-5238/3018-304-7-52-56>
20. Epifanova NV. Genetic variants of the norovirus genotype GII.6. *Molekulyarnaya Genetika, Mikrobiologiya i Virusologiya.* 2015; 30(4):30–37. (In Russian).

Контактная информация:

Бутакова Людмила Васильевна, научный сотрудник Дальневосточного регионального научно-методического центра по изучению энтеровирусных инфекций ФБУН «Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора
e-mail: evi.khv@mail.ru

Corresponding author:

Liudmila V. Butakova, Researcher, Far Eastern Regional Scientific and Methodological Center for Surveillance on Enterovirus Infections, Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology of the Federal Service for Surveillance in the Sphere of Consumers Rights and Human Wellbeing (Rospotrebnadzor),
e-mail: evi.khv@mail.ru

