

© Бутакова Л.В., Сапега Е.Ю., Троценко О.Е., Зайцева Т.А., Каравянская Т.Н., Лебедева Л.А., Копачевская К.А., Молочный В.П., Щеголева И.Е., 2018

УДК 575.22: 578.835.3Calicivirus]:[616.9:616.34-036.11-036.2(571.620)

ГЕНОТИПЫ НОРОВИРУСОВ, ОБУСЛОВИВШИЕ ЗАБОЛЕВАЕМОСТЬ ОСТРЫМИ КИШЕЧНЫМИ ИНФЕКЦИЯМИ В ХАБАРОВСКОМ КРАЕ

Л.В. Бутакова¹, Е.Ю. Сапега¹, О.Е. Троценко¹, Т.А. Зайцева², Т.Н. Каравянская², Л.А. Лебедева³, К.А. Копачевская⁴, В.П. Молочный⁴, И.Е. Щеголева⁵

¹ФБУН «Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора, ул. Шевченко, 2, г. Хабаровск, 680610, Россия

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

³ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Хабаровском крае», ул. Владивостокская, 9, г. Хабаровск, 680013, Россия

⁴ФГБОУ ВО «Дальневосточный государственный медицинский университет» Минздрава России, ул. Муравьева-Амурского, 35, г. Хабаровск, 680000, Россия

⁵КГБУЗ «Детская краевая клиническая больница» им. А.К. Пиотровича Министерства здравоохранения Хабаровского края, ул. Прогрессивная 6, г. Хабаровск, 680003, Россия

Норовирусы являются ведущей этиологической причиной вспышек и спорадических случаев острого инфекционного гастроэнтерита во всем мире.

Цель исследования – изучить генотипы норовирусов, ставших причиной вспышечной и спорадической заболеваемости норовирусной инфекцией в Хабаровском крае в 2015–2018 гг.

Проведен анализ вспышечной заболеваемости норовирусной инфекцией в Хабаровском крае в 2015–2018 гг. Выполнено молекулярно-генетическое исследование проб биологического материала, полученных от 60 пациентов из 3 очагов групповой заболеваемости острыми кишечными инфекциями в Хабаровском крае, а также от 164 детей со спорадическим острым гастроэнтеритом в г. Хабаровске. Методом секвенирования установлен генотип норовирусов, проведен филогенетический анализ полученных нуклеотидных последовательностей.

Выявлены генотипы норовирусов, обусловившие возникновение вспышечных очагов норовирусной инфекции в Хабаровском крае в 2015–2018 гг. – GII.17, GII.4 Sydney_2012, GII.6. Спорадические случаи острого гастроэнтерита у детей в г. Хабаровске в 2016 г. были вызваны генотипами норовирусов GII.4 Sydney_2012, GII.3, GII.6. Обнаружение в 2016 г. геноварианта GII.4 Sydney_2012 как при вспышечной, так и при неэпидемической заболеваемости норовирусной инфекцией свидетельствует об его активной циркуляции в Хабаровском крае в этот период времени. Генотип GII.6 выявлялся в г. Хабаровске с 2016 по 2018 год.

Ключевые слова: норовирусная инфекция, вспышка, острые кишечные инфекции, норовирус, острый гастроэнтерит, молекулярно-генетическое типирование.

L. V. Butakova, E. Yu. Sapega, O. E. Trotsenko, T. A. Zaytseva, T. N. Karavyanskaya, L. A. Lebedeva, K. A. Kopachevskaya, V. P. Molochnyj, I. E. Shchegoleva □ **NOROVIRUS GENOTYPES THAT CAUSED CASES OF ACUTE GASTROENTERITIS IN THE KHABAROVSK REGION**

□ Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology of Rospotrebnadzor, 2, Shevchenko str., Khabarovsk, 680610, Russia; Regional Office of Rospotrebnadzor in the Khabarovsk region, 109b, Karl Marx str., Khabarovsk, 680009, Russia; Center of Hygiene and Epidemiology in the Khabarovsk region, 9, Vladivostokskaja str., Khabarovsk, 680013, Russia; The Far Eastern State Medical University of the Ministry of Health of Russian Federation, 35, Murav'eva-Amurskogo str., Khabarovsk, 680000, Russia; Khabarovsk children's territorial clinical hospital named after A.K. Piotrovich of the Ministry of Health of Khabarovsk region, 6, Progressivnaja str., Khabarovsk, 680003, Russia.

Noroviruses are the leading etiologic cause of outbreaks and sporadic cases of acute gastroenteritis worldwide.

The objective of research was to study the genotypes of noroviruses, that caused outbreaks and sporadic incidence of norovirus infection in the Khabarovsk region in 2015-2018.

The analysis of outbreaks due to norovirus infection in the Khabarovsk Region in 2015-2018 was performed. The molecular genetic study of samples from 60 patients from three norovirus outbreaks in the Khabarovsk Region and from 164 children with sporadic acute gastroenteritis in Khabarovsk region was performed. Genotype of noroviruses was determined by sequencing method, phylogenetic analysis of the obtained nucleotide sequences was carried out.

The norovirus genotypes GII.17, GII.4 Sydney_2012 and GII.6 had caused the outbreaks of norovirus infection in the Khabarovsk region in 2015-2018. Sporadic cases of acute gastroenteritis in children in Khabarovsk in 2016 were due to GII.4 Sydney_2012, GII.3 and GII.6 norovirus genotypes. Detection of the GII.4 Sydney_2012 strain in both outbreaks and sporadic norovirus infection cases in the Khabarovsk region in 2016 evidenced of active circulation of this variant type during this period. The genotype GII.6 had been identified in Khabarovsk from 2016 to 2018.

Key words: norovirus infection, outbreak, acute intestinal infections, norovirus, acute gastroenteritis, molecular genetic typing.

Норовирусная инфекция является серьезной проблемой для здравоохранения многих стран мира. В настоящее время норовирусы выступают в качестве ведущей этиологической причины вспышечной и спорадической заболеваемости острым инфекционным гастроэнтеритом. В большинстве случаев кишечные инфекции, обусловленные норовирусами, протекают в легких формах, в то же время возможны тяжелое течение заболевания и летальный исход. Так, в развивающихся странах свыше 90 % смертей от острых кишечных инфекций связаны с норовирусами [15, 21].

Механизмом передачи инфекции является фекально-оральный, преимущественно реализующийся контактно-бытовым и пищевым путями. Среди пищевых продуктов наиболее частыми факторами заражения при вспышках являются листовые овощи, фрукты, орехи, моллюски. В 2017 году в Японии было зарегистрировано 7 вспышек норовирусной инфекции с общим числом пострадавших 2 094 человека, вероятнее всего, обусловленных употреблением в пищу сушеных измельченных водорослей – нори. Не меньшее значение в возникновении очагов инфекции имеет контаминация норовирусами питьевой воды. Кроме того, не исключается и возможность реализации аспирационного механизма передачи [8, 11, 16, 17, 19, 23].

Норовирусы отличаются очень высокой устойчивостью к факторам внешней среды. Наиболее уязвимым контингентом при заболеваемости норовирусной инфекцией являются дети до пяти лет и пожилые люди. В то же время, по данным исследования образцов биологического материала от детей до 17 лет, госпитализированных в один из детских инфекционных стационаров г. Нижнего Новгорода с острыми кишечными инфекциями в период с 2006 по 2015 год, установлено, что норовирусы чаще выявлялись среди возрастных групп 6–14 и 15–17 лет [2, 10].

Вспышки норовирусной инфекции нередко возникают в закрытых и полужакрытых коллективах – в детских учреждениях, среди пассажиров круизных судов, в домах престарелых, воинских частях, в стационарах, а также в местах общественного питания, во время проведения массовых мероприятий и у путешественников [9, 10, 20]. В 2015 году в Приморском крае зарегистрировано 7 пищевых вспышек норовирусной инфекции в дошкольных учреждениях, школах, в высшем учебном заведении, среди воспитанников спортивной базы с общим числом вовлеченных в эпидемический процесс 88 человек [1]. В 2016 году вспышка норовирусной инфекции зафиксирована в многопрофильном стационаре города Москвы. Общее число пострадавших составило 44 человека в возрасте от 50 до 78 лет, было задействовано 6 отделений больницы. Инфекция реализовывалась пищевым и контактно-бытовым путями, распространению способствовало сокрытие симптомов первыми заболевшими – двумя сотрудницами больницы и одной пациенткой [6].

Норовирусы – небольшие безоболочечные вирусы диаметром от 27 до 40 нм, относящиеся к семейству *Caliciviridae*. Геном норовирусов представлен положительно заряженной одноцепочечной РНК длиной от 7,5 до 7,7 тысяч нуклеотидных оснований и имеет три открытые рамки считывания (ОРС1, ОРС2, ОРС3). Выделяют семь геногрупп норовирусов – GI–GVII,

среди которых патогенными для человека являются геногруппы I, II, IV. Наиболее распространенной является геногруппа II, внутри которой на основании различий в основном капсидном белке VP1 выделяют 22 генотипа – GI.1–GI.22. Генетическое разнообразие норовирусов связано как с накоплением точечных мутаций, связанных с репликацией РНК, подверженной ошибкам, так и с рекомбинацией между вирусами [7, 21].

Своевременное выявление геновариантов норовирусов с высоким эпидемическим потенциалом способствует предотвращению их распространения и является важной составляющей эпидемиологического надзора за норовирусной инфекцией [5].

С 2012 года во всем мире доминирует генетический вариант GI.4 Sydney_2012. В странах Восточной Азии с 2014 года ответственным за большинство вспышек норовирусного гастроэнтерита является генотип GI.17-GI.17 [22].

В Российской Федерации групповая заболеваемость норовирусной инфекцией в 2017 г. в большинстве случаев была обусловлена генотипом GI.16-GI.2, который сменил ранее преваляровавший генотип GI.17-GI.17 [4].

Цель работы – изучение генотипов норовирусов, явившихся причиной вспышечной и спорадической заболеваемости норовирусной инфекцией в Хабаровском крае в 2015–2018 гг.

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

Проведено молекулярно-генетическое исследование проб биологического материала, полученных от 60 пациентов из 3 очагов групповой заболеваемости острыми кишечными инфекциями в поселке городского типа Многовершинный Хабаровского края в 2015 году, поселке Маго Николаевского района Хабаровского края в 2016 году, г. Хабаровске в 2018 году, а также от 164 детей с острой кишечной инфекцией (спорадические случаи), находившихся на лечении в инфекционном отделении КГБУЗ «Детская краевая клиническая больница» им. А.К. Пиотровича Министерства здравоохранения Хабаровского края в 2016 году.

Обнаружение РНК/ДНК вирусных и бактериальных патогенов в фекальных образцах проводили методом полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР) в лабораторно-испытательном центре ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Хабаровском крае» и в лаборатории Регионального научно-методического центра по мониторингу за возбудителями инфекционных болезней Дальневосточного федерального округа, организованного на базе ФБУН «Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора. В работе использовали набор реагентов «АмплиСенс®ОКИс-крин-FL».

Для положительных на наличие РНК норовирусов образцов в Хабаровском НИИЭМ проводили обратную транскрипцию, амплифика-

цию и секвенирование, используя праймеры, фланкирующие С-регион ORC2 (N/S домен VP1) [12]. Для определения генотипа/геноварианта норовируса полученные нуклеотидные последовательности анализировали с помощью онлайн-инструментов BLAST и Norovirus Typing Tool Version 2.0 [13, 14]. Филогенетический анализ выполнен с применением программного обеспечения MEGA 6.0 [18]. Построение филогенетических деревьев проводили с помощью метода присоединения соседей (neighbor-joining method) и эволюционной модели Кимуры (Kimura 2-parameter model). Для оценки статистической достоверности топологии узлов в построенных дендрограммах применяли бутстрэп-анализ с использованием 1000 случайных выборок. В качестве референсных использовали нуклеотидные последовательности норовирусов из базы данных GenBank.

Нуклеотидные последовательности норовирусов генотипа GII.4, полученные от заболевших из вспышечного очага в поселке Маго Николаевского района Хабаровского края в 2016 году и пациентов инфекционного отделения детской больницы г. Хабаровска, были депонированы в GenBank под номерами MG271760–MG271771.

Результаты исследования. В период с 2015 по 2018 год на территории Хабаровского края были зарегистрированы 3 очага групповой заболеваемости норовирусной инфекцией.

В конце мая – начале июня 2015 года произошла вспышка острой кишечной инфекции в форме гастроэнтерита в поселке городского типа Многовершинный Николаевского района Хабаровского края с общим числом пострадавших 79 человек (46 взрослых и 33 ребенка). Среди заболевших в госпитализации нуждался 1 человек, во всех остальных случаях инфекция протекала в легкой форме. Употребление пациентами сырой питьевой воды, проведение эксплуатационных работ на водозаборе поселка и активное снеготаяние в период возникновения вспышечного очага указывали на водный путь передачи возбудителя, как наиболее вероятный. При лабораторном исследовании биологического материала, взятого от 31 заболевшего, у 29 человек выявлена РНК норовирусов II геногруппы. При молекулярном типировании положительных образцов установлен генотип GII.17, прежде вызывавший вспышки норовирусной инфекции в Юго-Восточных провинциях Китая [3].

В апреле 2016 года в МБДОУ «Детский сад № 43 «Солнышко» п. Маго Николаевского района Хабаровского края были зарегистрированы 11 случаев острой кишечной инфекции среди детей 2–5 лет. Заболевание протекало в легкой

клинической форме с нормальной либо субфебрильной температурой, рвотой, диареей. При эпидемиологическом расследовании установлен контактно-бытовой путь передачи, распространению инфекции в учреждении способствовали несоблюдение противоэпидемиологического режима, позднее выявление и изоляция заболевших, несвоевременное проведение противоэпидемиологических мероприятий. При исследовании биологического материала методом ОТ-ПЦР у 10 детей с клиникой кишечной инфекции и 1 контактного (воспитатель) обнаружена РНК норовирусов II геногруппы. В результате генотипирования идентифицирован генетический вариант GII.4 Sydney_2012, широко распространенный во всем мире.

В январе 2018 года в МАОУ «Гимназия № 3 имени М.Ф. Панькова» г. Хабаровска выявлены 106 случаев острой кишечной инфекции у 99 учащихся и 7 работников (6 педагогов и 1 уборщица). Заболевание протекало в виде острого гастроэнтерита легкой и средней степеней тяжести. Четверо детей были госпитализированы. При эпидемиологическом расследовании выявлены многочисленные нарушения санитарного законодательства на пищеблоке гимназии. В образцах биологического материала от 38 заболевших в 31 случае методом ОТ-ПЦР выявлена РНК норовирусов II геногруппы. При проведении генотипирования установлен генотип GII.6.

Кроме того, в рамках договора о совместной научно-исследовательской работе между Хабаровским НИИ эпидемиологии и микробиологии и Дальневосточным государственным медицинским университетом было обследовано 164 ребенка в возрасте до 4,5 лет, находившихся на лечении в 2016 году в инфекционном отделении КГБУЗ ДККБ имени А.К. Пиотровича Министерства здравоохранения Хабаровского края с диагнозом острая кишечная инфекция. Пробы биологического материала отбирались в первые сутки с момента поступления пациента в стационар до назначения антибактериальных и противовирусных препаратов. Методом ОТ-ПЦР норовирусы II геногруппы были выявлены у 53 детей. При этом в 13,2 % случаев установлена моноинфекция, в 79,2 % – вирусно-вирусные ассоциации с рота-, астро- и аденовирусами, в 7,6 % – вирусно-бактериальная микст-инфекция. При генотипировании положительных на норовирусы образцов биоматериала идентифицированы генотипы GII.3 (29,4 %), GII.6 (11,8 %) и GII.4 варианта Sydney_2012 (58,8 %). Следует отметить, что GII.4 Sydney_2012 явился ведущей причиной спорадических заболеваний норовирусной инфекцией в г. Хабаровске в 2016 году (табл. 1).

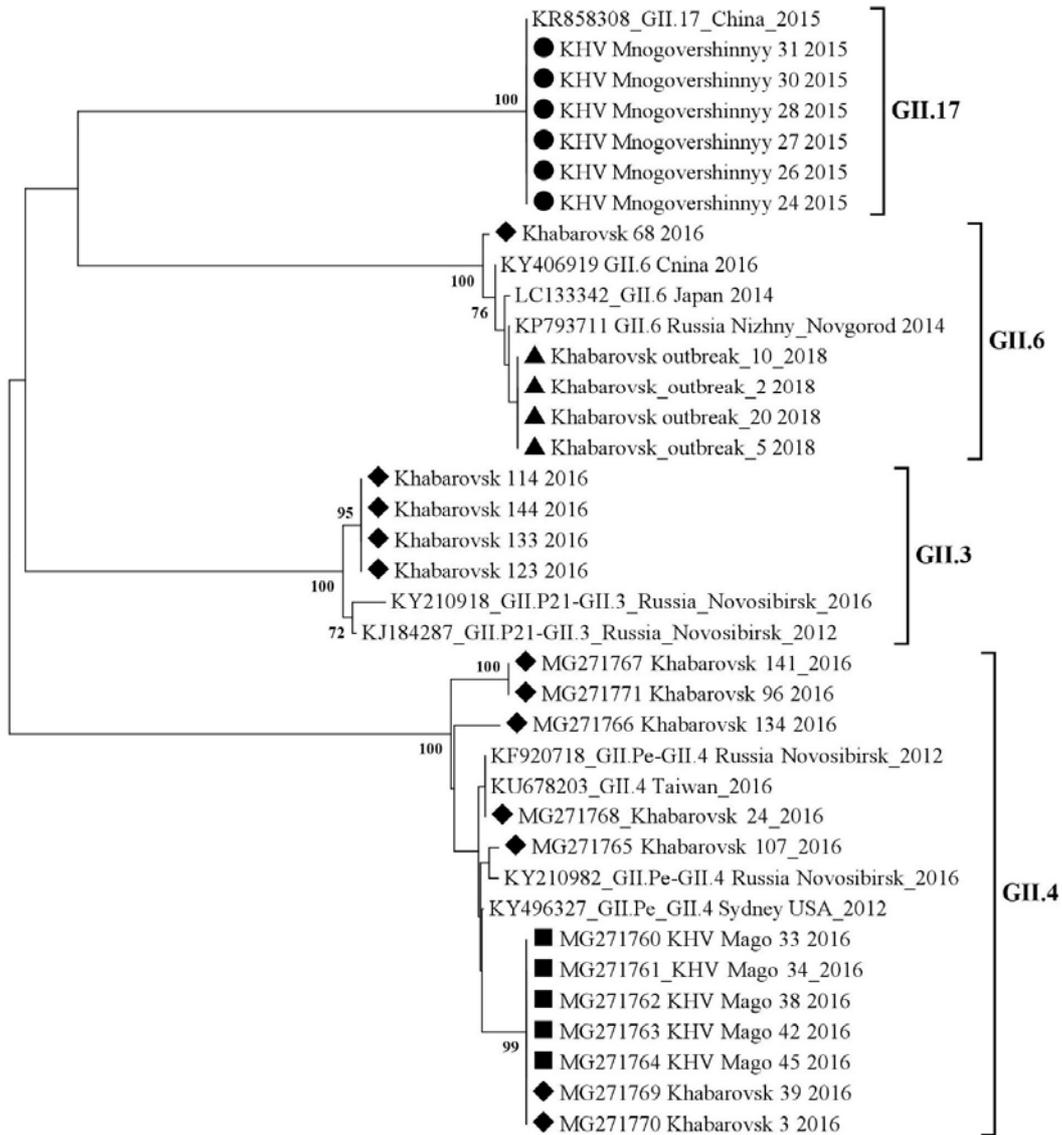
Таблица 1. Генотипы норовирусов, явившиеся причиной вспышечной и спорадической заболеваемости норовирусной инфекцией в Хабаровском крае
Table 1. Noroviruses genotypes that caused the outbreak and sporadic morbidity of norovirus infection in the Khabarovsk region

Год	Административные территории	Вспышечный очаг/ Число пострадавших	Спорадическая заболеваемость/ Число обследованных	Генотипы норовируса II геногруппы
2015	п.г.т. Многовершинный	79 человек	–	GII.17
2016	г. Хабаровск	–	164 человека	GII.4 Sydney_2012 GII.3 GII.6
2016	п. Маго	11 человек	–	GII.4 Sydney_2012
2018	г. Хабаровск	106 человек	–	GII.6

На рис. 1 представлено филогенетическое дерево, построенное на основе анализа полученных в рамках данного исследования нуклеотидных последовательностей норовирусов II генотипы (N/S домен VP1), циркулировавших на территории Хабаровского края в 2015–2018 гг.

Штаммы норовирусов генотипа GII.17, выявленные при расследовании вспышечного очага в п.г.т. Многовершинный в 2015 году,

оказались идентичными между собой и вошли в один кластер со штаммом, выделенным во время вспышки норовирусной инфекции в г. Пекине (КНР) в 2015 году. Можно предположить, что данный генотип широко циркулировал в 2015 г. не только на территории Восточной Азии, но и на Дальнем Востоке России, где при определенных неблагоприятных эпидемиологических условиях явился причиной возникновения групповой заболеваемости.



0.05

Легенда:

- — штаммы норовирусов, полученные при расследовании вспышки в п.г.т. Многовершинный в 2015 г.;
- — штаммы норовирусов, полученные при расследовании вспышки в п. Маго в 2016 г.;
- ◆ — штаммы норовирусов, полученные при обследовании детей с острой кишечной инфекцией, госпитализированные в инфекционное отделение г. Хабаровска;
- ▲ — штаммы норовирусов, полученные при расследовании вспышки в гимназии г. Хабаровска в 2018 г.

Рис. 1. Филогенетическое дерево, построенное на основе анализа нуклеотидных последовательностей (332 н.о.) участка генома, кодирующего N/S-домен капсидного белка VP1 (регион С второй открытой рамки считывания) норовирусов генотипов GII.4, GII.6, GII.3, GII.17.

Fig. 1. The phylogenetic tree constructed on the basis of analysis of the nucleotide sequences (332 n.b.) of the genome region, encoding the N/S domain of capsid protein VP1 (region C of the second open reading frame) of norovirus genotypes GII.4, GII.6, GII.3, GII.17.

Штаммы норовирусов генотипа GI.4, явившиеся причиной спорадической заболеваемости норовирусной инфекцией среди детей г. Хабаровска в 2016 году и вспышечной заболеваемости среди посещающих детский сад п. Маго Николаевского района Хабаровского края в 2016 году, по анализируемому участку генома принадлежали геноварианту Sydney_2012. Близкородственные им штаммы циркулировали в г. Новосибирске в 2012 и 2016 гг., в США – в 2012 году, на о. Тайвань – в 2016 году.

Помимо норовирусов генотипа GI.4, спорадические заболевания норовирусным гастроэнтеритом среди детей г. Хабаровска были вызваны и генотипом норовирусов GI.3, который на протяжении ряда лет также циркулировал и на территории Западной Сибири.

Норовирусы генотипа GI.6, обусловившие крупную пищевую вспышку в гимназии г. Хабаровска в 2018 году, оказались сходными со штаммом, выделенным в г. Нижнем Новгороде в 2014 году. Кроме того, норовирус генотипа GI.6 выявлялся в г. Хабаровске и ранее – в 2016 году у ребенка с острым гастроэнтеритом. Очевидно, что данный генотип довольно продолжительное время циркулирует среди населения как Хабаровского края, так и других регионов Российской Федерации.

Заключение. При молекулярно-эпидемиологическом расследовании групповой заболеваемости норовирусной инфекцией в Хабаровском крае в 2015–2018 гг. идентифицированы норовирусы II геногруппы. Установлены пути передачи норовирусной инфекции в каждом вспышечном очаге и факторы, способствовавшие ее распространению.

Проведенное молекулярное типирование образцов биоматериала от заболевших из вспышечных очагов позволило выявить генотипы норовирусов GI.17, GI.4 варианта Sydney_2012 и GI.6. Все три анализируемых случая групповой заболеваемости норовирусной инфекцией были связаны с генотипами норовирусов, имевшими глобальное распространение и вызывавшими вспышки в других регионах мира.

При спорадической заболеваемости норовирусной инфекцией среди детей г. Хабаровска в 2016 году преобладающим генотипом норовирусов явился GI.4 Sydney_2012. В то же время данный генотип вызвал в 2016 году и групповую заболеваемость в детском учреждении п. Маго Николаевского района в Хабаровском крае, что свидетельствует об его активной циркуляции на территории края в этот период.

Кроме того, отмечено продолжительное (с 2016 по 2018 год) выявление генотипа GI.6 в г. Хабаровске, который явился причиной вспышки норовирусной инфекции в 2018 году.

Таким образом, регулярный надзор за норовирусной инфекцией с проведением молекулярно-эпидемиологических исследований позволит отслеживать географическое распространение наиболее значимых для Хабаровского края генотипов и геновариантов возбудителя, их смену и влияние на показатели заболеваемости, а также расширить представление об их генетическом разнообразии.

ЛИТЕРАТУРА

(п. 7–23 см. References)

1. **Воронок В.М.** Анализ групповой и вспышечной заболеваемости в Приморском крае // *Здоровье. Медицинская экология. Наука.* 2016. № 3 (66). С. 78–84.
2. **Елифанова Н.В., Сашина Т.А., Хохлова Н.М. и др.** Острые кишечные инфекции вирусной этиологии по данным многолетних наблюдений на территории Нижнего Новгорода // *Медицинский Алфавит.* 2016. № 1 (6). С. 30–34.
3. **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.
4. О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2017 году: государственный доклад. М.: Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, 2018. 268 с.: [Электронный ресурс]. Режим доступа: http://www.rosпотребнадзор.ru/upload/iblock/5ec/gd_2017_seb.pdf (дата обращения: 04.06.2018).
5. **Поклонская Н.В., Амвросьева Т.В., Дедюля К.Л. и др.** Групповая заболеваемость норовирусными гастроэнтеритами в Республике Беларусь и молекулярная эпидемиология возбудителей // *Медицинские новости.* 2013. № 12. С. 78–81.
6. **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.

REFERENCES

1. Voronok V.M. Analiz gruppovoy i vspyshechnoy zabollevaemosti v Primorskom krae [Analysis of the group and outbreak morbidity in Primorsky region]. *Zdorov'e. Meditsinskaya ekologiya. Nauka*, 2016, no. 3 (66), pp. 78–84. (In Russ.)
2. Epifanova N.V., Sashina T.A., Khokhlova N.M. et al. Ostrye kishhechnye infektsii virusnoy etiologii po dannym mnogoletnikh nablyudeny na territorii Nizhnego Novgoroda [Acute intestinal infections of viral etiology according to long-term surveillance on territory of Nizhny Novgorod]. *Meditsinskiy Alfavit*, 2016, no. 1 (6), pp. 30–34. (In Russ.)
3. Zaytseva T.A., Karavyanskaya T.N., Chistyak V.M. et al. Rol' vodnogo faktora v vozniknovenii vspyshechnoy zabollevaemosti ostrymi kishhechnymi infektsiyami virusnoy etiologii (na primere Khabarovskogo kraya) [The role of water source in outbreak of acute viral intestinal infections (on the example of Khabarovsk region)]. *Dal'nevostochnyy zhurnal infektsionnoy patologii*, 2015, no. 29, pp. 17–25. (In Russ.)
4. O sostoyanii sanitarno-epidemiologicheskogo blagopoluchiya naseleniya v Rossijskoj Federatsii v 2017 godu: gosudarstvennyy doklad [On the state of sanitary and epidemiological welfare of the population in the Russian Federation in 2017: the state report]. Moscow: Federal'naja sluzhba po nadzoru v sfere zashchity prav potrebitel'ey i blagopoluchija cheloveka, 2018, 268 p. Available at: http://www.rosпотребнадзор.ru/upload/iblock/5ec/gd_2017_seb.pdf (accessed 04.06.2018). (In Russ.)
5. Poklonskaya N.V., Amvros'eva T.V., Dedyulya K.L. et al. Gruppovaya zabollevaemost' norovirusnymi gastroenteritami v Respublike Belarus' i molekulyarnaya epidemiologiya vozбудiteley [Group morbidity of norovirus gastroenteritis in the Republic of Belarus and molecular epidemiology of causative agents]. *Meditsinskie novosti*, 2013, no. 12, pp. 78–81. (In Russ.)
6. Solomay T.V., Yur'eva N.V. Rassledovanie vspysyki norovirusnoy infektsii v mnogoprofil'nom stacionare s ustanovleniem prichinno-sledstvennoy svyazi [Investigation of outbreak of rotavirus infection in multi-speciality hospital with the establishment of causal link]. *Sanitarnyy vrach*, 2016, no. 4, pp. 48–52. (In Russ.)
7. Bull R.A., Tanaka M.M., White P.A. Norovirus recombination // *The Journal of general virology.* 2007. Vol. 88 (pt. 12). P. 3347–3359.
8. Ding Z., Zhai Y., Wu C. et al. Infectious diarrheal disease caused by contaminated well water in Chinese schools: A systematic review and meta-analysis // *Journal of epidemiology.* 2017. Vol. 27 (6). P. 274–281.

9. Freeland A.L., Vaughan G.H. Jr., Banerjee S.N. Acute Gastroenteritis on Cruise Ships – United States, 2008–2014 // *Morbidity and Mortality Weekly Report*. 2016. Vol. 65 (1). P. 1–5.
10. Glass R.I., Parashar U.D., Estes M.K. Norovirus gastroenteritis // *The New England journal of medicine*. 2009. Vol. 361 (18). P. 1776–1785.
11. Gould L.H., Walsh K.A., Vieira A.R. et al. Surveillance for foodborne disease outbreaks – United States, 1998–2008 // *Morbidity and Mortality Weekly Report. Surveillance summaries*. 2013. Vol. 62 (2). P. 1–34.
12. Kojima S., Kageyama T., Fukushi S. et al. Genogroup-specific PCR primers for detection of Norwalk-like viruses // *Journal of virological methods*. 2002. Vol. 100. P. 107–114.
13. National Center for Biotechnological Information. Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). Available at: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> (accessed 14 May 2018).
14. Netherlands National Institute for Public Health and the Environment (RIVM). Norovirus Typing Tool Version 2.0. Available at: <https://www.rivm.nl/mpf/typingtool/norovirus/> (accessed 14 May 2018).
15. Pires S.M., Fischer-Walker C.L., Lanata C.F. 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.
16. Qin M., Dong X.G., Jing Y.Y. et al. A Waterborne Gastroenteritis Outbreak Caused by Norovirus GII.17 in a Hotel, Hebei, China, December 2014 // *Food and environmental virology*. 2016. Vol. 8 (3). P. 180–186.
17. Sakon N., Sadamasu K., Shinkai T. et al. Foodborne Outbreaks Caused by Human Norovirus GII.P17-GII.17-Contaminated Nori, Japan, 2017 // *Emerging infectious diseases*. 2018. Vol. 24 (5). P. 920–923.
18. Tamura K., Stecher G., Peterson D. et al. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0 // *Molecular biology and evolution*. 2013. Vol. 30 (12). P. 2725–2729.
19. Taylor M., Galanis E., Forsting S. et al. Enteric outbreak surveillance in British Columbia, 2009–2013 // *Canada communicable disease report*. 2015. Vol. 41 (11). P. 263–271.
20. Vega E., Barclay L., Gregoricus N. et al. Genotypic and epidemiologic trends of norovirus outbreaks in the United States, 2009 to 2013 // *Journal of clinical microbiology*. 2014. Vol. 52 (1). P. 147–155.
21. Vinjé J. Advances in laboratory methods for detection and typing of norovirus // *Journal of clinical microbiology*. 2015. Vol. 53 (2). P. 373–381.
22. 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.
23. Zhang T.L., Lu J., Ying L. et al. An acute gastroenteritis outbreak caused by GII.P16-GII.2 norovirus associated with airborne transmission via the air conditioning unit in a kindergarten in Lianyungang, China // *International journal of infectious diseases*. 2017. Vol. 65. P. 81–84.

Контактная информация:

Бутакова Людмила Васильевна, научный сотрудник, руководитель Регионального научно-методического центра по мониторингу за возбудителями инфекционных болезней Дальневосточного федерального округа ФБУН «Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора
e-mail: evi.khv@mail.ru

Contact information:

Butakova Lyudmila, Scientific worker, Head of the Regional Scientific and Methodological Center for infectious diseases pathogens monitoring in the Far East Federal District, Khabarovsk Scientific Research Institute of Epidemiology and Microbiology of Rospotrebnadzor
e-mail: evi.khv@mail.ru

© Степанов Н.А., Ледяйкина Л.В., Верещагина В.С., Куняева Т.А., 2018

УДК 614.2

ПОКАЗАТЕЛИ ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ БРОНХИАЛЬНОЙ АСТМОЙ В МОРДОВИИ

Н.А. Степанов¹, Л.В. Ледяйкина², В.С. Верещагина², Т.А. Куняева²

¹Управление Роспотребнадзора по Республике Мордовия,
ул. Дальняя, 7, г. Саранск, 430030, Россия

²ФГБОУ ВО «Национальный исследовательский Мордовский государственный университет им. Н.П. Огарева», ул. Большевикская, 68, г. Саранск, Республика Мордовия, 430005, Россия

Бронхиальная астма, которая является проблемой мирового уровня, имеет актуальность также в России и в Республике Мордовия, в частности. В республике обнаруживается рост числа заболевших этой болезнью. Заболеваемость бронхиальной астмой более выражена на территориях с более высоким уровнем загрязнения атмосферного воздуха.

Ключевые слова: Республика Мордовия, бронхиальная астма, загрязнение атмосферного воздуха.

N.A. Stepanov, L.V. Lediajkina, V.S. Vereshchagina, T.A. Kunjaeva □ **THE INCIDENCE OF BRONCHIAL ASTHMA IN MORDOVIA** □ Office of Rospotrebnadzor in the Republic of Mordovia, 7, Dalniaya str., Saransk, 430030, Russia; N.P.Ogarev Mordovia State University, 68, Bolshevistskaya str., Saransk, 430005, Republic of Mordovia, Russia.

Bronchial asthma, which is a problem all around the world, has relevance also in Russia and in the Republic of Mordovia in particular. In the Republic reveals a growing number of cases of this disease. The incidence of asthma is more pronounced in areas with higher levels of air pollution.

Key words: Republic of Mordovia, bronchial asthma, air pollution.

Эпидемиологические исследования свидетельствуют о том, что бронхиальной астмой страдают от 4 до 8 % населения России; в детской популяции этот показатель повышается до 5–10 %, во взрослой находится в пределах 5 %. Проблема бронхиальной астмы для России также актуальна, как и в других странах мира. Еще в 2011 г. на совещании ООН по неинфекцион-

ным заболеваниям (Noncommunicable Diseases – NCDs) внимание было сосредоточено на угрозе увеличения заболеваемости бронхиальной астмой и другими неинфекционными заболеваниями, глобальному здоровью, социальному благополучию и экономическому развитию [2].

В материалах государственных докладов «О состоянии санитарно-эпидемиологического