

Новые геноварианты норовирусов, вызвавшие групповую заболеваемость в 2017-2018 гг.

Научный руководитель – Поклонская Наталья Владимировна

Лозюк Светлана Константиновна

Аспирант

Республиканский научно-практический центр эпидемиологии и микробиологии, Минск,
Беларусь

E-mail: lozyuk@gmail.com

В Республике Беларусь начиная с 2009 г. зарегистрировано 35 эпизодов групповой заболеваемости, основными этиологическими агентами которых являлись норовирусы (77%). При анализе генотипического разнообразия возбудителей оказалось, что большинство эпизодов до 2015 г. было связано с различными геновариантами генотипа GII.4, на смену которому в 2015 г. пришел генотип GII.P17, а, начиная с 2016 г. в нашей стране и во всем мире, преобладали рекомбинанты, содержащие полимеразу GII.P16 [3].

Целью представленной работы было изучение генотипического разнообразия норовирусов, вызвавших групповую заболеваемость в 2017 - 2018 гг.

Исследовано 159 проб стула, полученных от пациентов при расследовании 14 эпизодов групповой заболеваемости ОКИ. Детекцию норовирусов проводили с наборами «ОКВИ-ПЦР» (РНПЦ ЭМ, Беларусь), накопление фрагмента генома, включающего часть генов РНК-зависимой РНК-полимеразы и белка капсида, осуществляли с помощью ранее описанных праймеров [1, 2]. Молекулярное типирование выполняли в программе «Norovirus Genotyping Tool».

В результате проведенных исследований установлено, что этиологическими агентами 9 эпизодов были норовирусы II геногруппы. В 2017 г. 1 эпизод был вызван генотипом GII.17, который впервые был выявлен в 2015 г. и доминировал в 2015 - 2016 гг. Кроме того, в 2017 г. групповую заболеваемость вызвали новые генотипы GII.P16/GII.4 и GII.P16/GII.3 (2 и 1 эпизод), продолжившие циркуляцию в 2018 г., когда они вызвали 2 эпизода групповой заболеваемости и стали преобладающими этиологическими агентами спорадической заболеваемости.

В конце 2018 г. были выявлены два новых для Республики Беларусь рекомбинантных генотипа GII.P7/GII.14 и GII.P7/GII.6. Геновариант GII.P7/GII.6 имел 98-99% сходства с норовирусами, циркулировавшими в разных странах - в Китае, Эфиопии, Бразилии, Великобритании в период 2015-2017 гг. Геновариант GII.P7/GII.14 также обладал значительной степенью сходства (98-99%) с изолятами, идентифицированными на обширных территориях в течение длительного времени - в ЮАР (2013 г.), России (2016 г.), Китае и Австралии (2017 г). Полученные результаты позволяют предположить отсутствие у этих геновариантов значительного эпидемического потенциала, так как за достаточно длительный период их циркуляции, отсутствуют данные о вызванных ими осложнениях эпидемиологической ситуации. Следует отметить, что несмотря на наличие у обоих геновариантов полимеразы GII.P7, степень идентичности по этому гену составила 89%.

Источники и литература

- 1) Development of enhanced primer sets for detection of norovirus/ В.Н. Kong [et al.] // Biomed. Res. Int. – 2015;2015:103052.
- 2) Genogroup-specific PCR primers for detection of Norwalk-like viruses / S. Kojima [et al.] // J. Virol. Methods – 2002;100: 107-114.

- 3) Recombinant GII.P16/GII.4 Sydney 2012 was the dominant norovirus identified in Australia and New Zealand in 2017/ J.H. Lun [et al.]// Viruses. – 2018;10(10):548. Published 2018 Oct 9. doi:10.3390/v10100548