

**Молекулярно-эпидемиологический анализ норовирусной инфекции в  
Беларуси в 2015-2016 гг.**

**Научный руководитель – Поклонская Наталья Владимировна**

*Лозюк Светлана Константиновна*

*Выпускник (специалист)*

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

*E-mail: lozyuk@gmail.com*

Норовирусы - основная причина групповой заболеваемости вирусным острым гастроэнтеритом (ОГЭ) во всем мире [1]. В 2015-2016 гг. в Беларуси проведена этиологическая расшифровка 8 эпизодов норовирусной инфекции в закрытых коллективах. Цель представленной работы - молекулярно-эпидемиологический анализ групповой и спорадической заболеваемости норовирусной инфекцией в Беларуси в 2015-2016 гг. Работа выполнена на базе РНПЦ эпидемиологии и микробиологии.

Диагностику норовирусной инфекции осуществляли методом ПЦР в реальном времени. Определяли нуклеотидную последовательность региона соединения ORF1 и ORF2 на анализаторе CEQ8000, молекулярное типирование проводили в программе Norovirus Genotyping Tool [3], молекулярно-эпидемиологический анализ - MEGA 6.0.[2]. Всего исследовано 517 проб, полученных от пациентов во время групповой и спорадической заболеваемости, молекулярное типирование проведено для 82 образцов (37%).

В 2015 г. зарегистрировано 6 эпизодов групповой норовирусной заболеваемости. По результатам проведенного генотипирования возбудителей установлено, что они были вызваны норовирусами 2 геногруппы генотипа GII.P17/GII.17 и 1 геногруппы генотипа GI.3. До возникновения эпизодов групповой заболеваемости среди пациентов со спорадической заболеваемостью циркулировали генотипы GII.4 New Orleans/GII.4 Sydney (40%) и GII.4e-GII.4 Sydney (60%).

По результатам проведенных молекулярного типирования и филогенетического анализа в 2016 г. возбудителей 2 эпизода групповой норовирусной заболеваемости были вызваны генотипом GII.16/GII.2. Норовирусы, ассоциируемые со спорадической заболеваемостью, принадлежали генотипам GII.P17/GII.17(33,3%), GII.Pe/GII.4 Sydney\_2012 (33,3%), GII.16/GII.2 (13,8%), GII.P4 New Orleans\_2009 (5,6%), GII.P7 (5,6%), GII.P21/GII.3 (5,6%) и GII.16/GII.4 (2,8%). Генотип GII.16/GII.2, вызвавший групповую заболеваемость, впервые был выявлен у пациентов с ОГЭ на фоне регистрации спорадической заболеваемости незадолго до возникновения вспышечной (в конце лета 2016 года).

Полученные результаты свидетельствуют о том, что вспышки норовирусного ОГЭ в 2015-2016гг вызваны ранее не циркулировавшими генотипами вирусов, которые параллельно широко распространялись в популяции и вызывали спорадическую заболеваемость. Сравнение полученных данных с результатами молекулярно-эпидемиологического мониторинга прошлых лет указывает на то, что снижение интенсивности циркуляции доминирующего в глобальном масштабе генотипа GII.4 приводит к увеличению генетического разнообразия одновременно циркулирующих норовирусов 2 геногруппы.

**Источники и литература**

- 1) Kroneman A., Vennema H., Deforche K., v d Avoort H., Peñaranda S., Oberste M.S., Vinjé J., Koopmans M. An automated genotyping tool for enteroviruses and noroviruses // J. Clin. Virol. 2011. V. 51. No. 2. 121-125.

- 2) Patel M.M., Widdowson M.A., Glass R.I., Akazawa K., Vinjé J., Parashar U.D. Systematic literature review of role of noroviruses in sporadic gastroenteritis // *Emerg. Infect. Dis.* 2008. V. 14. No. 8. P. 1224–1231.
- 3) Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A., Kumar S. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0 // *Mol. Biol. Evol.* 2013. V. 30. No. 12. P. 2725-2729.