

*Семейко Г. В., Свирчевская Е. Ю., Ермолович М. А., Шиманович В. П.,
Самойлович Е. О.*

МОЛЕКУЛЯРНО-ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ ЭПИДЕМИЧЕСКОГО ПАРОТИТА В РЕСПУБЛИКЕ БЕЛАРУСЬ В УСЛОВИЯХ НИЗКОЙ ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ

*Республиканский научно-практический центр эпидемиологии и микробиологии,
г. Минск, Республика Беларусь*

Эпидемический паротит (эпидпаротит) уже в течение нескольких десятилетий относится к вакциноуправляемым инфекциям. С 2010 г. показатель заболеваемости эпидпаротитом в Беларуси впервые достиг уровня менее 1 на 100 000 населения, а, начиная с 2013 г., заболеваемость снизилась до уровня менее 1 на 1 млн населения [1].

С целью дифференциации случаев эпидпаротита от других неспецифических поражений слюнных желез подозрительные на эпидпаротит случаи (т. е. случаи острого воспаления слюнных желёз) подлежат лабораторному обследованию. Для диагностики этой инфекции используются серологические методы исследования (выявление IgM антител, выявление нарастания концентрации IgG антител) и молекулярные (обнаружение РНК вируса паротита в носоглоточном соскобе и/или моче) [2]. В условиях низкой заболеваемости с целью дифференциации местных и завозных случаев инфекции целесообразным является выполнение генотипирования вируса для определения его происхождения.

Хотя вирус паротита представлен единственным серотипом, выделяют различные генотипы вируса, циркулирующие на определенных географических территориях. В настоящее время согласно классификации, предложенной в 2012 г. Всемирной организацией здравоохранения, различают 12 генотипов на основании различий нуклеотидной последовательности SH-гена (316 п.н.), наиболее вариабельного участка генома [3].

Целью настоящей работы является анализ случаев эпидемического паротита, выявленных в результате проведения молекулярно-эпидемиологического мониторинга за инфекцией в 2013-2015 гг.

В течение 2013-2015 гг. выявлено 475 подозрительных на эпидемический паротит случаев в 7 регионах страны. Клинические образцы (сыворотка крови, моча, носоглоточный соскоб (НГС)) от этих пациентов были собраны и направлены на исследование в РНПЦ эпидемиологии и микробиологии, г. Минск.

Определение IgM антител к вирусу паротита выполняли с использованием иммуноферментных тест-систем производства Virion/Serion (Германия) и Siemens (Германия). Вирусную РНК выделяли из мочи и НГС с помощью наборов QIAampViralRNA MiniKit (Qiagen, Германия) и выявляли методом гнездовой ОТ-ПЦР со специфическими праймерами к SH-гену согласно ранее описанному протоколу [4]. Полученные ПЦР продукты вырезали из геля и секвенировали с использованием набора BigDye Terminator v.3.1 Cycle Sequencing kit (Applied Biosystems, США) на капиллярном секвенаторе Avant 3100 (Applied Biosystems, США). Нуклеотидные последовательности анализировали с помощью программ BioEdit и MEGA 6.0.

Среди 475 подозрительных на эпидемический паротит случаев, выявленных и направленных на лабораторное обследование в течение 3 лет наблюдения, лабораторно подтверждены только 8 (1,86%) (5 – в 2013 г., 2 – в 2014 г., 1 – в 2015 г.). Из них 4 подтверждены на основании обнаружения специфических IgM антител, 2 – IgM антител и нарастания концентрации IgG антител и 2 – IgM антител и РНК вируса. Выявленные случаи эпидпаротита являлись не связанными между собой. Три случая классифицированы как завозные: из России (по эпидемиологическим данным), из Чехии и из Индии (на основании эпидемиологических данных и результатов генотипирования вируса).

Среди завозных случаев первым заболевшим (апрель 2013 г.) оказался мужчина 26 лет, проживающий в г. Минске, который заболел после посещения России, где провел большую часть инкубационного периода заболевания. Вторым заболевший (июль 2013 г.) – ребенок 12 лет из г. Могилева, который во время инкубационного периода находился в Чехии. Генотипирование вируса показало, что он относится к генотипу G. По данным литературы в 2013 г. в Чехии отмечалась крупная вспышка эпидемического паротита (зарегистрировано 1553 случая заболевания). Анализ вирусов, выявленных у пациентов в период вспышки, показал, что все они относились к генотипу G, наиболее распространенному в Европе генотипу [5]. Третий заболевший (июнь 2014 г.) – мужчина 26 лет, врач, который заболел после возвращения из Индии, где провел весь инкубационный период заболевания. Генотипирование вируса показало, что он также относится к генотипу G (в Индии отмечена коциркуляция генотипов G и C [2]). Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей обоих завезённых в Республику Беларусь вирусов показал, что, несмотря на принадлежность к одному генотипу, они обладают значительной долей различий – 2,8% (9 замен), и с вероятностью 97% кластеризуются отдельно.

Как свидетельствуют результаты молекулярно-эпидемиологического мониторинга эпидпаротита в 2013-2015 гг., благодаря эффективной вакцинопрофилактике этой инфекции, основанной на применении двухдозовой схемы вакцинации и достижении высокого уровня охвата прививками, в Республике Беларусь регистрируются редкие спорадические случаи эпидпаротита. Доказан завозной характер некоторых из них.

ЛИТЕРАТУРА

1. *Влияние* вакцинации на популяционный иммунитет к вирусу паротита в Республике Беларусь / Е. О. Самойлович [и др.] // *Здравоохранение*. 2012. № 11. С. 45-48.
2. *Genomic diversity of mumps virus and global distribution of the 12 genotypes* / L. Jin [et al.] // *Rev. Med. Virol.* 2014. Vol. 25, N 2. P. 85-101.
3. *WHO. Mumps virus nomenclature update: 2012* // *Wkly. Epidemiol. Rec.* 2012. Vol. 22, N 87. P. 217–224.
4. *Молекулярно-эпидемиологический мониторинг эпидемического паротита в Республике Беларусь* / В. П. Шиманович [и др.] // *Современные проблемы инфекционной патологии человека: сб. науч. тр.* Минск: ГУ РНМБ, 2014. Вып. 7. С. 107-113.
5. *Mumps in the Czech Republic in 2013: clinical characteristics, mumps virus genotyping and epidemiological links* / M. Havlockova [et al.] // *Centr. Eur. J. Public. Health.* 2016. Vol. 24, N 1. P. 22-28.