

Т. В. Амвросьева¹, З. Ф. Богуш¹, Н. В. Поклонская¹, Ю. Б. Колтунова¹,
О. Н. Казинец¹, В. В. Запольская², В. А. Волкова²

ТИПОВОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ЦИРКУЛИРУЮЩИХ НЕПОЛИОМИЕЛИТНЫХ ЭНТЕРОВИРУСОВ В РЕСПУБЛИКЕ БЕЛАРУСЬ В 2022–2023 ГОДАХ

ГУ «Республиканский научно-практический центр эпидемиологии и микробиологии», Минск¹,
ГУ «Республиканский центр гигиены, эпидемиологии и общественного здоровья»²

Энтеровирусные инфекции (ЭВИ) представляют собой группу острых инфекционных заболеваний вирусной этиологии, вызываемых различными представителями рода *Enterovirus*, среди которых в настоящее время насчитывается более 100 типов неполиомиелитных энтеровирусов (НПЭВ). ЭВИ представляют серьезную проблему для здравоохранения во многих странах мира, в том числе и в Республике Беларусь.

Настоящая работа посвящена анализу результатов мониторинговых исследований, направленных на изучение типового разнообразия НПЭВ, циркулирующих на разных территориях Республики Беларусь в 2022–2023 гг., и их молекулярно-генетических и молекулярно-эпидемиологических характеристик с учетом регистрируемых показателей заболеваемости ЭВИ.

Популяция циркулировавших в 2022–2023 гг. на территории Республики Беларусь НПЭВ была представлена как регулярно регистрируемыми серотипами Coxsackie B 4, Coxsackie B 5, Coxsackie A 1, Coxsackie A 5, Coxsackie A 9, ECHO 6, ECHO 7, ECHO 9, ECHO 11, так и впервые выявленным энтеровирусом HEV B80. В типовой структуре НПЭВ превалировала группа вирусов ECHO (51,9 %) с доминированием серотипа ECHO 6 (40,7 %). Основными этиологическими агентами регистрируемых в 2023 году в республике энтеровирусных менингитов были вирусы ECHO 6 геноварианта ECHO 6 C1_VY1. 2023 г. стал очередным годом подъема заболеваемости ЭВИ. Исходя из закономерностей динамики эпидемического процесса ЭВИ и ситуации в мире, текущий 2024 г. может быть периодом очередного эпидемического подъема. В этих условиях особую значимость приобретает проводимый на регулярной основе молекулярно-эпидемиологический мониторинг циркулирующих на территории страны НПЭВ с целью раннего обнаружения их новых серо- и генотипов, обладающих высоким эпидемическим потенциалом.

Ключевые слова: энтеровирусы, энтеровирусная инфекция, циркуляция, мониторинг, заболеваемость.

T. V. Amvrosieva, Z. F. Bohush, N. V. Paklonskaya, Yu. B. Kaltunova,
O. N. Kazinets, V. V. Zapolskaya, V. A. Volkova

TYPE DIVERSITY OF NON-POLIOMYELITIS ENTEROVIRUSES THAT CIRCULATED IN THE REPUBLIC OF BELARUS IN 2022–2023

Enterovirus infections (EVI) are a group of acute infectious diseases of viral etiology caused by various members of the *Enterovirus* genus, currently including more than 100 types of non-polio enteroviruses (NPEV). EVI cause a serious health problem in many countries around the world, including the Republic of Belarus.

This work is dedicated to the analysis of the monitoring studies results of the type diversity of NPEV that circulated in different territories of the Republic of Belarus in 2022–2023, and their molecular genetics as well as the epidemiological characteristics, the recorded incidence rates of EVI being taken into account.

Population of NPEV in 2022–2023 on the territory of the Republic of Belarus, was represented by both regularly registered serotypes Coxsackie B 4, Coxsackie B 5, Coxsackie A 1, Coxsackie A 5, Coxsackie A 9, ECHO 6, ECHO 7, ECHO 9, ECHO 11, and the newly identified enterovirus HEV B80. In the structure of NPEV, the group of ECHO viruses prevailed (51.9 %) with the dominance of serotype ECHO 6 (40.7 %).

The main etiological agents of enteroviral meningitis registered in the republic in 2023 were the ECHO 6 viruses of the ECHO 6 C1_BY1 genovariant. 2023 was another year of increased incidence of EVI. Based on the patterns of dynamics of the epidemic process of EVI and the situation in the world, the 2024 may become a period of another epidemic rise. In these conditions, molecular epidemiological monitoring of NPEVs circulating in the country on a regular basis is a matter of particular importance for the purpose of early detection of their new sero- and genotypes with high epidemic potential.

Key words: enteroviruses, enterovirus infection, circulation, monitoring, incidence.

Энтеровирусные инфекции (ЭВИ) представляют собой группу острых инфекционных заболеваний вирусной этиологии, вызываемых различными представителями рода Enterovirus, среди которых в настоящее время насчитывается более 100 типов неполиомиелитных энтеровирусов (НПЭВ). НПЭВ имеют повсеместное распространение и высокую устойчивость к воздействиям физико-химических факторов внешней среды. Благодаря своему многообразию и высокой генетической изменчивости они могут вызывать достаточно широкий круг инфекций с различной клинической картиной и наносить значительный социально-экономический ущерб. В современных условиях мобильности населения и усиливающейся миграции НПЭВ легко и относительно быстро распространяются на новые территории со сменой их доминирующих серо-генотипов, что является предметом пристального внимания ученых во всем мире. Данные факторы обуславливают важность и необходимость осуществления регулярного слежения за циркуляцией данных возбудителей как на популяционном, так и на внешнесредовом уровнях.

Настоящая работа посвящена анализу результатов мониторинговых исследований, направленных на изучение типового разнообразия НПЭВ, циркулирующих на разных территориях Республики Беларусь в 2022–2023 гг., а также их молекулярно-генетических и молекулярно-эпидемиологических характеристик с учетом регистрируемых показателей заболеваемости ЭВИ.

Материалы и методы. За период наблюдения (2022–2023 гг.) на предмет выявления маркеров НПЭВ отечественной лабораторной службой проведено 10047 санитарно-вирусологических исследований (пробы воды разного вида пользования, пищевые продукты, смывы с предметов и объектов среды обитания человека) и 47292 диагностических исследований биологического материала (образцы сывороток крови, спинномозговой жидкости, носоглоточных смывов, фекалий).

Отбор проб из вод разного вида пользования проводили проточным методом с использованием линейки наборов для сбора и концентрирования вирусов из питьевой воды (ТУ РБ 100558032.048-2001, ТУ РБ 100558032.047-2001), поверхностных вод и воды бассейнов, водоисточников и колод-

цев (ТУ BY 100558032.123-2006), сточных вод (ТУ РБ 100558032.047-2001), смывов с объектов среды обитания человека (ТУ BY 100558032.409-2019) производства РНПЦ эпидемиологии и микробиологии (Беларусь) согласно инструкциям по их применению. Экстракцию и концентрирование вирусов из пищевых продуктов выполняли с использованием «Наборов для экстракции и концентрирования вирусов из пищевых продуктов» и «Наборов для концентрирования вирусов из расфасованных вод и экстрактор пищевых продуктов» (РНПЦ эпидемиологии и микробиологии, Беларусь).

Выделение инфекционных НПЭВ осуществляли стандартным методом параллельно на двух клеточных линиях – RD (клетки эмбриональной рабдомиосаркомы человека), BGM (клетки почечной ткани обезьяны (Buffalo green monkey kidney), Her-2C (клетки карциномы гортани человека).

Индикацию антигенов НПЭВ проводили с помощью «Тест-системы рекомбинантной для определения антигенов энтеровирусов методом иммуноферментного анализа» (РНПЦ эпидемиологии и микробиологии, Беларусь) согласно инструкции по применению. Для детекции антител использовали «Тест-систему диагностическую для выявления антител класса М к энтеровирусам методом иммуноферментного анализа (РНПЦ эпидемиологии и микробиологии, Беларусь). Обнаружение РНК НПЭВ осуществляли методом ПЦР в режиме реального времени. Для выделения вирусных нуклеиновых кислот применяли коммерческие наборы «НК-экстра» (РНПЦ эпидемиологии и микробиологии, Беларусь), для постановки ОТ-ПЦР в одной пробирке – «Наборы реагентов для генодиагностики кишечных вирусных инфекций и санитарной вирусологии «ОКВИ-ПЦР» (РНПЦ эпидемиологии и микробиологии, Беларусь). Для молекулярного типирования энтеровирусов использовали фрагмент гена основного капсидного белка VP1, накопленный в ОТ-ПЦР [4, 5]. Поиск гомологичных последовательностей осуществляли в базе данных NCBI с помощью программы BLAST [2]. Компьютерный анализ последовательностей проводили с помощью программы MEGA версии 7.0 [3].

Результаты и обсуждение. В ходе проведенных в 2023 г. на территории Республики Беларусь 25829 вирусологических, серологических и моле-

Таблица 1. Результаты выявления маркеров НПЭВ в разрезе регионов Республики Беларусь в 2021–2022 гг.

Год	Административные области Республики Беларусь	Количество санитарно-вирусологических исследований / из них положительных / %	Количество исследований биологического материала / из них положительных / %
2022	Витебская	697 / 3 / 0,43	2026 / 220 / 10,86
	Гомельская	1160 / 0 / 0	943 / 92 / 9,76
	Минская	418 / 0 / 0	1752 / 292 / 16,67
	Брестская	840 / 0 / 0	7366 / 541 / 7,34
	Могилевская	1047 / 3 / 0,29	2818 / 35 / 1,24
	Гродненская	157 / 0 / 0	344 / 26 / 7,56
	г. Минск	253 / 1 / 0,65	6214 / 356 / 5,73
	Республика Беларусь	4572 / 7 / 0,15	21463 / 1562 / 7,28
2023	Витебская	663 / 5 / 0,75	2597 / 200 / 7,70
	Гомельская	1182 / 3 / 0,25	3408 / 912 / 26,76
	Минская	454 / 3 / 0,66	2246 / 256 / 11,4
	Брестская	953 / 2 / 0,21	7151 / 202 / 2,82
	Могилевская	1740 / 2 / 0,11	3358 / 152 / 4,53
	Гродненская	600 / 2 / 0,33	717 / 44 / 6,14
	г. Минск	327 / 5 / 1,53	6352 / 447 / 7,04
	Республика Беларусь	5475 / 22 / 0,40	25829 / 2205 / 8,54

кулярно-биологических исследований проб биологического материала положительный результат в отношении маркеров НПЭВ был получен для 2205 из них (8,54 %), что оказалось незначительно выше уровня предыдущего 2022 г. (7,28 %). При этом увеличение частоты регистрации позитивных проб в 2023 г. отмечалось в трех регионах республики – Гомельском, Могилевском и г. Минске с максимальным ее уровнем в Гомельской области (26,76 %). В Витебской, Минской, Брестской и Гродненской областях отмечалось незначительное снижение данного показателя с минимальным (2,82 %) в Брестском регионе (табл. 1).

В течение 2023 г. исследовано 5475 проб из объектов окружающей среды, в том числе воды водопроводной – 1323, воды открытых водоемов – 725, воды бассейнов – 129, зон рекреации – 146, водоисточников – 859, колодцев – 59, воды сточной – 1620, смывов с объектов среды обитания человека – 343, пищевых продуктов – 271. Их структура (рис. 1) свидетельствует о приоритетном

исследовании воды водопроводной (24,16 % от общего количества), воды водоисточников (15,69 %) и сточной воды (29,6 %).

В целом маркеры НПЭВ выявлены в 0,4 % проб, что оказалось практически в 3 раза выше по сравнению с 2022 г. (0,15 %). Наибольшие показатели энтеровирусного загрязнения внешне-средовых объектов в этот период были отмечены в г. Минске (1,53 %), Витебской (0,75 %), Минской (0,66 %) и Гродненской (0,33 %) областях. В 2022 г. максимальные уровни контаминации объектов окружающей среды имели место в г. Минске (0,65 %), Витебской (0,43 %) и Могилевской (0,29 %) областях (табл. 1). При этом следует отметить, что в анализируемый период все пробы, содержащие НПЭВ, относились исключительно к сточным водам.

В ходе проведенного анализа результатов десятилетнего периода наблюдения (2014–2023 гг.) установлено, что частота выявления маркеров НПЭВ в пробах биологического материала и объектов окружающей среды характеризовалась периодическими подъемами и спадами, в том числе многократным снижением в 2021 г. (5,73 % и 0,27 %, соответственно) на фоне противоэпидемических и профилактических мероприятий, направленных на борьбу с пандемией COVID-19 (рис. 2).

В целом показатели энтеровирусного загрязнения объектов окружающей среды в 2021–2023 гг. колебались в пределах 0,27–0,4 %, показатели частоты выявления маркеров НПЭВ в биологическом материале – 5,73–8,54 %. При этом в 2022–2023 гг. отмечался постепенный рост и возвращение их к среднемноголетнему уровню предшествующих пандемии лет. В данный период показатели частоты



Рис. 1. Структура исследований санитарно-вирусологических проб в 2023 г.

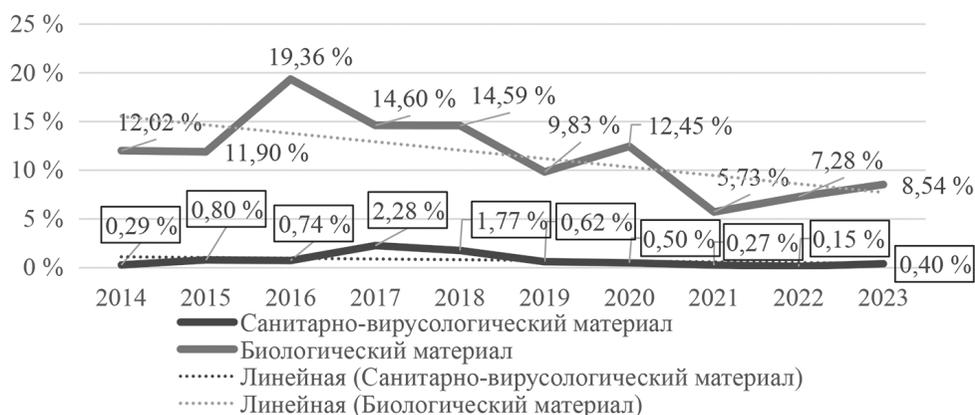


Рис. 2. Частота регистрации маркеров НПЭВ в биологическом материале и эпидемически значимых объектах окружающей среды (2014–2023 гг.)

Таблица 2. Типовой спектр НПЭВ, циркулировавших в Республике Беларусь в 2012–2023 гг.

Год	Типы НПЭВ, изолированных из сточных вод
2012	Coxsackie B 1-6, 1, 3, 4, 5; ECHO 5, 6, 11, 19, 22, 24, 30
2013	Coxsackie B 1-6, 3, 4, 5; Coxsackie A 9; ECHO 6, 9, 11, 16, 30, 33
2014	Coxsackie B 1-6, 3, 5; Coxsackie A 1, 5, 6, 9, 16; ECHO 6, 7, 9, 11, 16, 30
2015	Coxsackie B 1-6, 3, 4, 5; Coxsackie A 9; ECHO 3, 5, 6, 11, 16, 25, 30
2016	Coxsackie B 3, 4, 5; Coxsackie A 4, 9; ECHO 3, 6, 7, 9, 16, 19
2017	Coxsackie B 1, 2, 3, 4, 5; Coxsackie A 5, 21, 24; ECHO 3, 6, 9, 13, 15, 16, 20, 25, 30; ЭВ C99
2018	Coxsackie B 2, 3, 4, 5; Coxsackie A 1, 4, 5, 6, 9, 13, 19, 21, 22; ECHO 6, 7, 14, 15, 25, 30
2019	Coxsackie B 1, 2, 3, 4, 5; Coxsackie A 1, 2, 4, 6, 9; ECHO 3, 6, 7, 13, 18, 20, 21, 30; EV 71
2020	Coxsackie B 5; ECHO 6, 13
2021	Coxsackie B 3, 5; ECHO 30
2022	Coxsackie B 5; Coxsackie A 9; ECHO 7; HEV B 80
2023	Coxsackie B 4, 5; Coxsackie A 1, 5, 9; ECHO 6, 9, 11

обнаружения маркеров НПЭВ как при осуществлении диагностических, так и при выполнении санитарно-вирусологических исследований были ниже таковых по сравнению с предыдущими годами наблюдений.

Проведенный анализ результатов многолетнего слежения за циркулирующими в стране возбудителями ЭВИ выявил их достаточно выраженное разнообразие, включающее широкий спектр представителей серотипов ECHO, Coxsackie B, Coxsackie A (табл. 2).

При этом установлена цикличность циркуляции регистрируемых НПЭВ с определенной периодичностью и сменой доминирующих серотипов (рис. 3). Как известно, появление в популяции новых серотипов, к которым имеется достаточный контингент неиммунных людей, преимущественно детей в возрасте до 3–5 лет, способно привести к обострению эпидситуации по ЭВИ. Анализ полученных нами данных показал, что в 2022–2023 гг. на территории Республики Беларусь циркулировало не менее 10 типов НПЭВ:

Coxsackie B 4, Coxsackie B 5, Coxsackie A 1, Coxsackie A 5, Coxsackie A 9, ECHO 6, ECHO 7, ECHO 9, ECHO 11 и HEV B80. Среди них доминировали вирусы ECHO 6 (40,7%), Coxsackie A 5 (14,8%) и Coxsackie B 5 (11,1%). Вклад вирусов Coxsackie B 4 и Coxsackie A 9 составил по 7,4% и по 3,7% пришлось на долю Coxsackie A 1, ECHO 7, ECHO 9, ECHO 11 и HEV B 80.

В ходе проведенных исследований выявлены некоторые региональные особенности регистрируемого пейзажа циркулирующих НПЭВ (табл. 3). Так, циркуляция доминирующего вируса ECHO 6 имела место исключительно на территории Гомельской области. Второй из доминирующих НПЭВ – Coxsackie A 5 – был обнаружен в Минской и Брестской областях. Вирус Coxsackie B 5 регистрировался в 2022 г. в Могилевской области, а в 2023 г. ареал его распространения расширился за счет Гомельской области и г. Минска. Наибольшее типовое разнообразие возбудителей ЭВИ было зарегистрировано в Гомельской области. Отличительной особенностью пула выявленных в этом

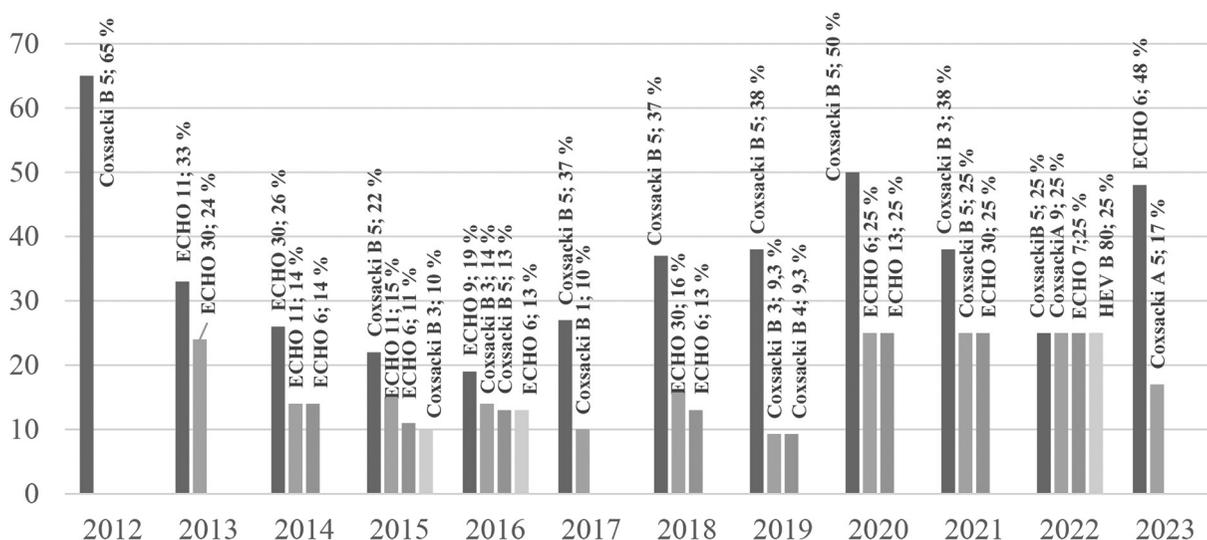


Рис. 3. Смена доминирующих НПЭВ на территории Республики Беларусь в период 2012–2023 гг. (% от пула циркулирующих вирусов)

Таблица 3. Спектр НПЭВ, циркулировавших в 2022–2023 гг. в различных регионах Республики Беларусь

Год	Административные области Республики Беларусь	Серотип циркулирующих НПЭВ (количество изолятов)	
		Объекты окружающей среда	Биологический материал
2022	Витебская	н/т (3)	н/т (3)
	Гомельская	–	ECHO 7 (1), Coxsackie A9 (1), HEV B80 (1), н/т (1)
	Минская	–	н/т (3)
	Брестская	–	н/т (6)
	Могилевская	Coxsackie B5 (1), н/т (2)	–
	Гродненская	–	н/т (3)
	г. Минск	н/т (1)	н/т (4)
2023	Витебская	н/т (5)	ECHO 6 (3), ECHO11(1)
	Гомельская	Coxsackie B4 (2), Coxsackie B5 (1), н/т (1)	Coxsackie A1 (1), Coxsackie A9 (1), ECHO 6 (8), н/т (1)
	Минская	н/т (1)	Coxsackie A5 (1)
	Брестская	–	Coxsackie A 5 (3), н/т (2)
	Могилевская	н/т (2)	–
	Гродненская	н/т (2)	ECHO 9 (1)
	г. Минск	Coxsackie B5 (1), н/т (4)	н/т (2)

Примечание: н/т – НПЭВ, тип которых установить не удалось.

регионе НПЭВ явилось обнаружение энтеровируса человека HEV В 80, циркуляция которого была отмечена на территории Республики Беларусь впервые за многолетний период наблюдения. Проведенные нами молекулярно-эпидемиологические исследования показали, что это относительно новый вирус, идентифицированный как отдельный серотип в 2007 г., ассоциируемый с неврологическими формами ЭВИ и острыми кишечными инфекциями. HEV В 80, идентифицированный в 2022 г. в Беларуси, был обнаружен в биологическом материале пациента без клинических проявлений ЭВИ.

В 2022 г. основными лабораторно подтвержденными формами ЭВИ, вызванными вирусами ECHO 7 и Coxsackie A 9, были фарингиты и ОРВИ с кишечным синдромом. В 2023 г. 42,1 % из всех лабораторно подтвержденных форм ЭВИ пришлось на энтеровирусные менингиты, 5,3 % – энтеровирусные везикулярные фарингиты, по 26,3 % – энтеровирусные гастроэнтериты и другие формы ЭВИ. Вирусы ECHO 6 были этиологическими агентами неврологических форм ЭВИ и энтеровирусных гастроэнтеритов, Coxsackie A 5 – энтеровирусных гастроэнтеритов, фарингитов и других форм ЭВИ. Причиной неуточненных форм ЭВИ явились

также Coxsackie A 1, Coxsackie A 5, Coxsackie A 9 и ECHO 11.

По результатам молекулярно-генетического анализа НПЭВ, циркулировавших на территории республики в 2022 г. [1], установлено, что вирус Коксаки В 5 не являлся новым для населения страны и выявлялся на ее территории в 2006–2007 гг. К новому геноварианту, циркуляция которого не регистрировалась ранее, относился вирус Coxsackie A 9, который имел лишь 82,2 % – 90,2 % сходства нуклеотидной последовательности с изолятами того же серотипа, идентифицированными на территории нашей страны в предшествующие годы. Впервые зарегистрированным в Беларуси был энтеровирус HEV В80, выделенный из биологического материала пациента без клинических проявлений ЭВИ.

В ходе проведенного в 2023 г. генотипирования НПЭВ показано, что доминирующие в это время вирусы ECHO 6 принадлежали к двум геновариантам в пределах генотипа ECHO 6 С1. В состав геноварианта ECHO 6 С1_BY1 входили вирусы, обнаруженные у пациентов с серозным менингитом на территории Гомельской области. Они достоверно формировали монофилетический кластер с вирусами, циркулировавшими в 2022–2023 гг. в России (Иркутск, Омск, Екатеринбург, Новосибирск) и в 2022 г. в Казахстане. Среднее генетическое расстояние внутри кластера составило $1,6 \pm 0,6$ %. Белорусские изоляты геноварианта имели 99,1–97 % сходства с российскими и казахскими. Вирусы ECHO 6, циркулировавшие на территории Витебской области, входили в состав геноварианта ECHO 6 С1_BY2. Поиск в базе данных GenBank не позволил обнаружить изоляты ECHO 6, обладающие значительным сходством с этим геновариантом и формирующие с ним общий монофилетический кластер. Наибольшим генетическим сходством (93–94 %) с белорусским геновариантом ECHO 6 С1_BY2 обладали вирусы, идентифицированные на Кипре в 2017 г. и в Японии в 2014 г.

В спектре доминирующих в 2023 г. НПЭВ присутствовал также вирус Коксаки А 5. Данный тип был одним из этиологических агентов крупной вспышки ЭВИ во Франции в 2021 г. Выполненный биоинформационный анализ показал, что циркулировавший на территории нашей страны вирус принадлежал к другому геноварианту и имел 10,0–10,3 % отличий при сравнении его с вирусами, выделенными во Франции.

Среди идентифицированных НПЭВ зарегистрирован вирус Коксаки В 5, который активно циркулировал как во время эпидемических подъемов заболеваемости ЭВИ, так и ее снижения, что происходило на фоне выявления эндемичных и завозных геновариантов возбудителя. Циркулировавшие в 2023 г. вирусы Коксаки В 5 принадлежали к двум различным геновариантам, которые относились к разным генетическим линиям. При этом, один из геновариантов был эндемичным, его регистрация отмечалась на территории Беларуси и Польши начиная с 2019 г. Другой геновариант, по-видимому, был завозным – изолят, выделенный в Беларуси, группировался с вирусами, циркулировавшими в Казахстане, и их ближайший общий предок датировался 2020 г. на территории Казахстана с вероятностью 84,8 %.

Вирус Коксаки А 9 был представлен тем же геновариантом, который циркулировал в предшествующем 2022 г. Вирус ECHO 11 принадлежал генотипу D5, который ранее циркулировал в Беларуси в 2013–2014 гг. Вирусы ECHO 9 и Коксаки В 4, выявленные в Беларуси в 2023 г., принадлежали к новым геновариантам, циркуляция которых не регистрировалась ранее.

Для понимания эпидемической значимости циркулировавших в нашей стране НПЭВ за последние 2 года была проанализирована зарегистрированная в этот период заболеваемость ЭВИ. Согласно данным статистической отчетности, в 2020–2021 гг. отмечались минимальные ее показатели за многолетний период наблюдения –



Рис. 4. Динамика заболеваемости ЭВИ за 2009–2023 гг.

6,1 и 6 случаев на 100 тысяч населения, соответственно. Снижение заболеваемости ЭВИ, наблюдаемое в 2020–2021 гг., было связано в нашей стране, как и во всем мире, с проведением противоэпидемических мероприятий в условиях пандемии COVID-19. В 2022 г. имел место двукратный подъем заболеваемости – 12,3 случаев на 100 тысяч населения (рис. 4), а 2023 г. продемонстрировал дальнейший ее рост – 15,6 случаев на 100 тысяч населения. Можно полагать, что он был связан с появлением новых для территории страны возбудителей ЭВИ (энтеровируса HEV В80 и новых геновариантов Coxsackie А9, ECHO 6, Коксаки В 5, ECHO 9 и Коксаки В 4) на фоне ослабления профилактических санитарно-гигиенических общественных и персональных мер.

С учетом динамики регистрации ЭВИ, характеризующейся чередованием периодов ее подъема и спада (в среднем в течение 2–3 лет), вполне возможно, что 2024 г. будет годом дальнейшего роста заболеваемости.

Заключение

В 2022–2023 гг. на территории Республики Беларусь имело место значительное типовое разнообразие циркулировавших НПЭВ, которое сопровождалось многообразием клинических проявлений.

Популяция циркулировавших НПЭВ была представлена как регулярно регистрируемыми серотипами Coxsackie В 4, Coxsackie В 5, Coxsackie А 1, Coxsackie А 5, Coxsackie А 9, ECHO 6, ECHO 7, ECHO 9, ECHO 11, так и впервые выявленным энтеровирусом HEV В80.

В типовой структуре НПЭВ превалировала группа вирусов ECHO (51,9 %) с доминированием серотипа ECHO 6 (40,7 %).

Циркулирующие в 2023 году вирусы ECHO 6 геноварианта ECHO 6 С1_ВУ1 были основными этиологическими агентами регистрируемых в республике энтеровирусных менингитов.

2023 г. стал очередным годом подъема заболеваемости ЭВИ. Исходя из закономерностей динамики эпидемического процесса ЭВИ и ситуации в мире, текущий 2024 год может быть периодом очередного эпидемического подъема. В этих условиях особую значимость приобретает проводимый на регулярной основе молекулярно-эпидеми-

ологический мониторинг циркулирующих в стране НПЭВ с целью раннего обнаружения их новых серо- и генотипов, обладающих высоким эпидемическим потенциалом.

Литература

1. Амвросьева Т. В., Богуш З. Ф., Поклонская Н. В. и др. Мониторинг циркулирующих непوليوмиелитных энтеровирусов – как инструмент контроля и прогноза эпидемиологической ситуации по энтеровирусной инфекции в Республике Беларусь. Военная медицина. – 2023. – № 4. – С. 70–79.

2. Altschul S. F., Gish W., Miller W. et al. Basic local alignment search tool. Journal of Molecular Bioogyl. – 1990; 215(3): 403–410.

3. Kumar S., Stecher G., Tamura K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. Molecular Biology Evolution. – 2016; 33(7): 1870–1874.

4. Mirand A., Archimbaud C., Henquell C. et al. Prospective identification of HEV-B enteroviruses during the 2005 outbreak. Journal of Medical Virology. 2006; 78(12): 1624–1634.

5. Nix W. A., Oberste M. S., Pallansch M. A. Sensitive, seminested PCR amplification of VP1 sequences for direct identification of all enterovirus serotypes from original clinical specimens. Journal of Clinical Microbiology. 2006; 44(8): 2698–2704.

References

1. Amvroseva T. V., Bogush Z. F., Poklonskaya N. V. i dr. Monitoring cirkuliruyushih nepoliomielitnyh enterovirusov – kak instrument kontrolya i prognoza epidemiologicheskoy situacii po enterovirusnoj infekcii v Respublike Belarus. Voennaya medicina. – 2023. – № 4. – С. 70–79.

2. Altschul S. F., Gish W., Miller W. et al. Basic local alignment search tool. Journal of Molecular Bioogyl. – 1990; 215(3): 403–410.

3. Kumar S., Stecher G., Tamura K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. Molecular Biology Evolution. – 2016; 33(7): 1870–1874.

4. Mirand A., Archimbaud C., Henquell C. et al. Prospective identification of HEV-B enteroviruses during the 2005 outbreak. Journal of Medical Virology. 2006; 78(12): 1624–1634.

5. Nix W. A., Oberste M. S., Pallansch M. A. Sensitive, seminested PCR amplification of VP1 sequences for direct identification of all enterovirus serotypes from original clinical specimens. Journal of Clinical Microbiology. 2006; 44(8): 2698–2704.

Поступила 22.05.2024 г.