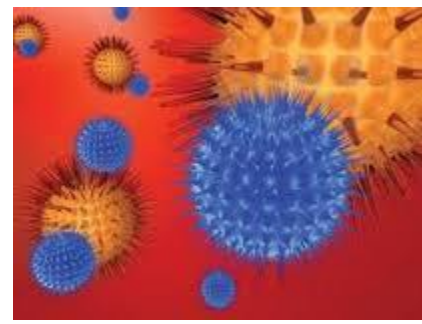


СОВРЕМЕННЫЙ ПЕЙЗАЖ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ГАСТРОЭНТЕРИТОВ НА ЮГЕ УКРАИНЫ

Е.В. Козишкурт, к. мед. н., доц.

Одесский национальный медицинский университет
Кафедра общей и клинической эпидемиологии и
биобезопасности



ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ

изучение этиологической структуры
острых диарейных заболеваний в Северо-
Западном Причерноморье

Материалы и методы

Основными материалами послужили статистические формы ДУ «ЛЦ МОЗ Украины в Одесской области», ДУ «ЛЦ МОЗ Украины в Николаевской области», ДУ «ЛЦ МОЗ Украины в Херсонской области» («Годовые и месячные отчеты об инфекционной и паразитарной заболеваемости» формы №1, №2, статистические формы 066/у «Карта стационарного больного»).

Результаты бактериологических исследований больных, госпитализированных с острыми диареями в период с июля по сентябрь 2018 г. в инфекционный стационар КУ «Одесская клиническая инфекционная больница», КУ «Николаевская областная инфекционная больница»

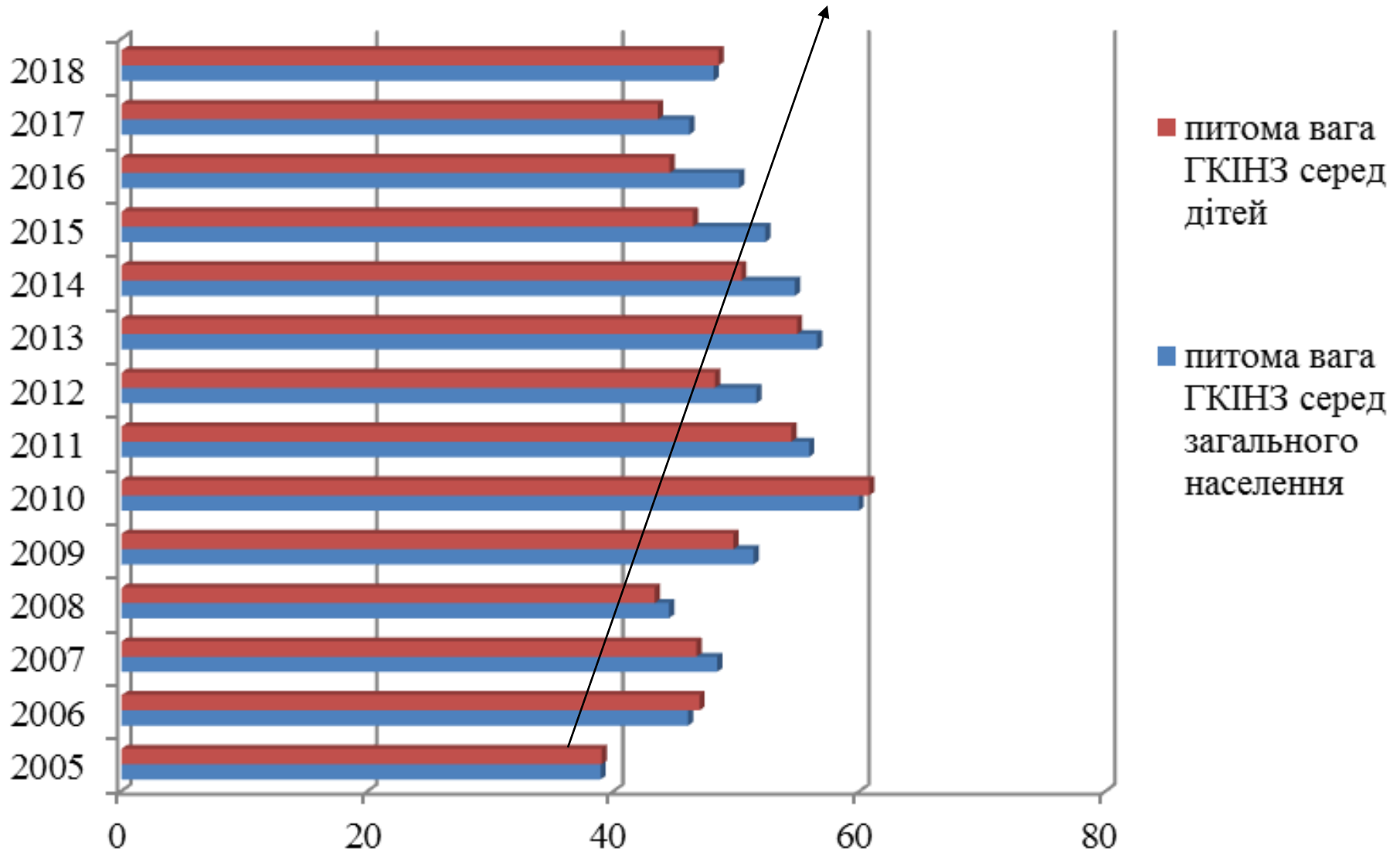
Материалы и методы

- ▶ Методом ПЦР проведено исследование 193 образцов фекалий (тест-системы для лабораторной диагностики производства ГУ «РНПЦ эпидемиологии и микробиологии», г. Минск, Республика Беларусь).
- ▶ В каждой пробе было проведено исследование на обнаружение генетического материала 6 вирусных возбудителей (*Rotavirus*, *Norovirus II*, *Adenovirus*, *Astrovirus*, *Enterovirus*, *Sapovirus*), дополнительно 2 разновидности норо- и аденовирусов (*Norovirus I*, *Adenovirus resp.*) и 3 бактериальных возбудителей (*Salmonella*, *Shigella*, *Campylobacter*).

Обсуждение результатов исследований

- ▶ В указанный период в кишечное отделение Николаевской областной инфекционной больницы с диагнозом «острая диарея» поступило 98 больных, у которых были забраны пробы фекалий. Все образцы исследованы бактериологически, в 64 (65,31%) из которых обнаружены возбудители бактериальной природы, в 34 – не обнаружены (34,69%).

Удельный вес ОКИНВ в структуре ОКИ среди населения Николаевской области



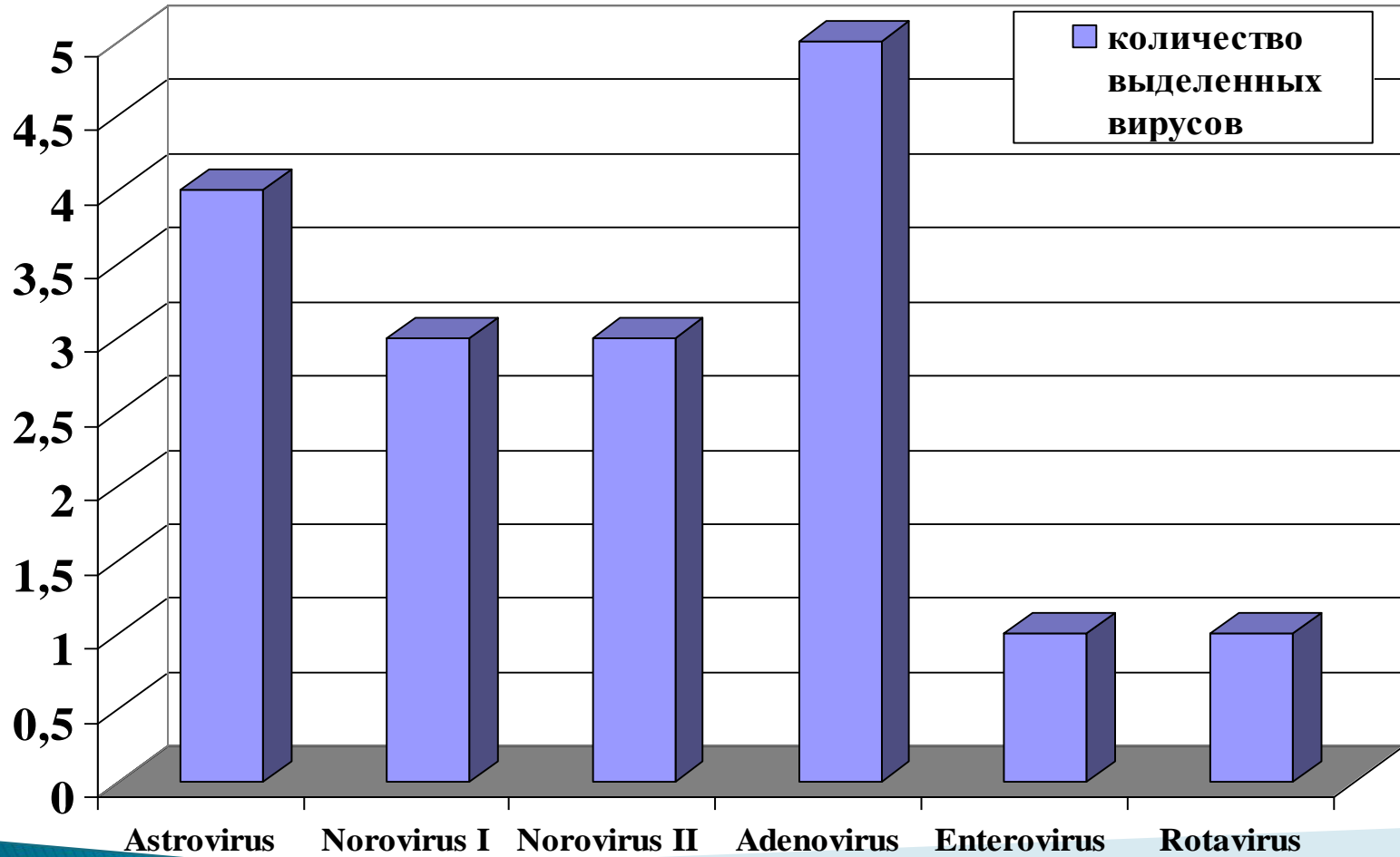
- ▶ **Пейзаж выделенных бактериальных возбудителей имел значительное разнообразие: *Salmonella typhimurium* – в 4 образцах (6,25%)**
- ▶ (в 2 с *Kl. pneumoniae*, в 1 – со *St. aureus*).
- ▶ *Shigella sonnei* – в 3 образцах (4,69%).
- ▶ *Escherichia coli* – в 1 образце (1,56%).
- ▶ *Vibrio cholerae* – в 1 образце (1,56%).
- ▶ *Klebsiella pneumoniae* выделена из 26 образцов (в 4 – в сочетании) (40,63%).
- ▶ *Staphylococcus aureus* – из 16 образцов (25,0%) (в 7 – в сочетании: 3 – с *Enterobacter aerogenes*, 3 – с *Citrobacter freundii*). *Enterobacter aerogenes* – в 14 образцах (в 6 – в сочетаниях с другими возбудителями) (17,19%).
- ▶ *Pseudomonas aeruginosa* выделен из 2 образцов стула (3,12%).

**9 типичных
Возбудителей
14,06% проб**

**55 маловероятных
85,94% проб**

- ▶ В тех 34 пробах, где не были обнаружены бактериальные возбудители проведено исследование с помощью ПЦР. В 13 пробах обнаружены 17 вирусных агента:
- ▶ *Astrovirus* – в 4 пробах (в 1 с *Adenovirus resp.*, в 1 с *Norovirus I*),
- ▶ *Norovirus I* – в 3 образцах (в 2 с *Adenovirus resp.*), *Norovirus II* – в 3 образцах (в 2 с *Adenovirus resp.*), *Enterovirus* – в 1 образце,
- ▶ *Adenovirus resp.* – в 5 образцах (в 3 – в сочетаниях), *Rotavirus* – в 1 образце.
- ▶ В 2 пробах обнаружен генетический материал *Salmonella*.

Этиологическая структура острых диарей (Николаев)



выделенные вирусы

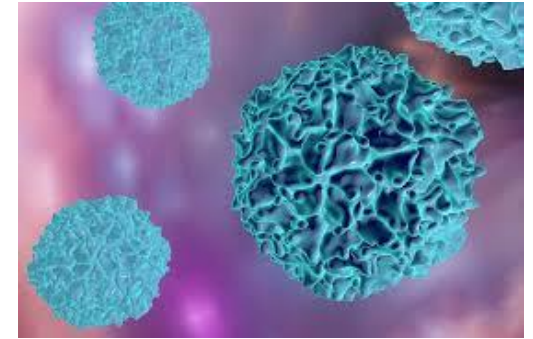
Обсуждение полученных результатов (Николаев)

- ▶ Из 34 больных, которым поставлен предварительный диагноз ОКИ с неустановленным возбудителем, у 13 удалось установить вирусную природу диареи, причем в 4 (11,76%) случаях было выделено по 2 вирусных возбудителя; у 2 – установлена бактериальная природа диареи (*Salmonella*), когда возбудитель был выделен при помощи ПЦР



Обсуждение полученных результатов

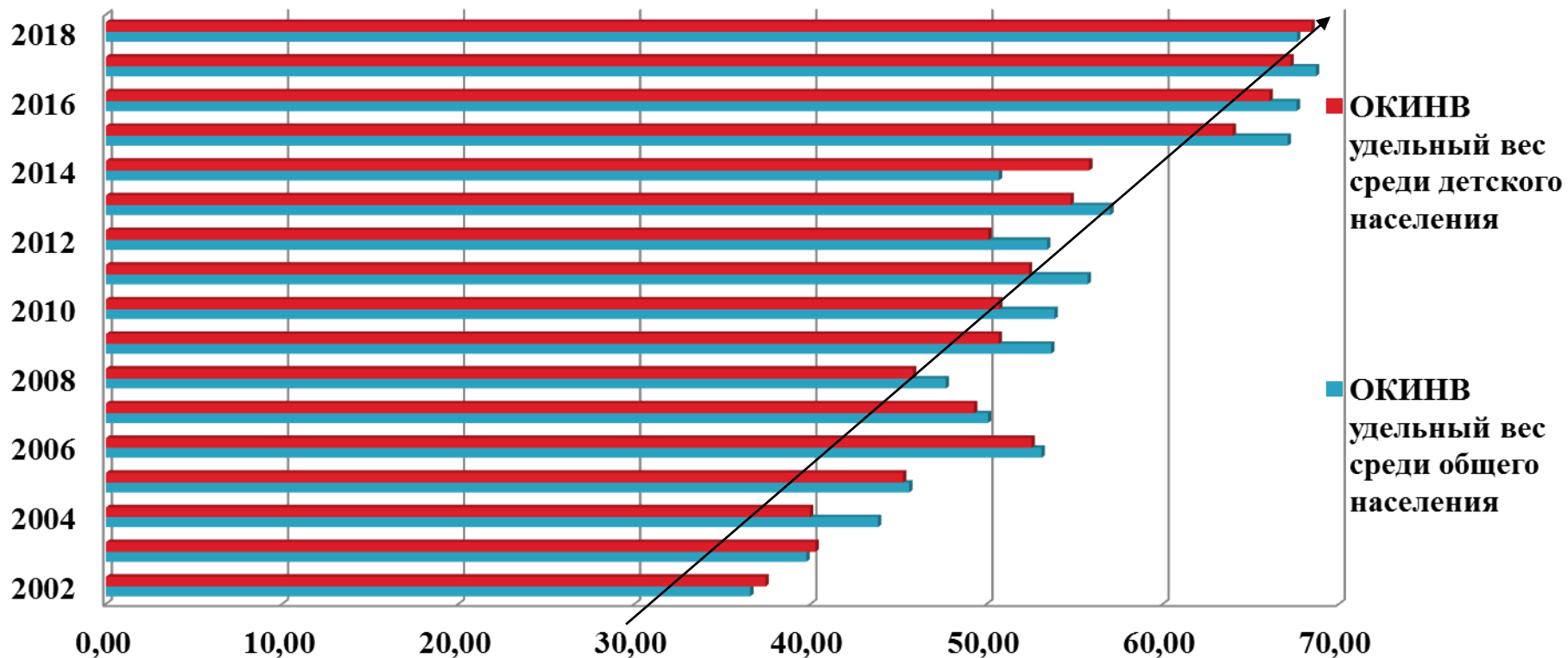
- ▶ Из выделенных вирусов:
- ▶ Норовирусы 1 и 2 генотипов
- ▶ выделены в 6 случаях (35,29%),
- ▶ аденовирусы (респираторный тип) – в 5 случаях (29,41%),
- ▶ астровирусы – в 4 случаях (23,54%),
- ▶ Энтеровирусы – в 1 пробе (5,88%),
- ▶ Ротавирусы – в 1 пробе (5,88%).



Обсуждение полученных результатов (Одесса)

- ▶ В указанный период в кишечное отделение Одесской областной инфекционной больницы с диагнозом «острая диарея» поступило 225 больных, у которых были забраны пробы фекалий. На местной лабораторной базе все образцы исследованы бактериологически, в 91 (40,44%) из которых обнаружены возбудители бактериальной природы, в 134 – не обнаружены (59,56%).

Удельный вес ОКИНВ в структуре ОКИ среди населения Одесской области



- ▶ **Пейзаж выделенных бактериальных возбудителей имел значительное разнообразие: *Salmonella enteritidis* – в 15 образцах (16,48%)**
- ▶ (в 2 с *Kl. pneumoniae*, в 1 – со *St. aureus*, в 1 с *Pseudomonas aeruginosa*),
- ▶ ***Shigella sonnei* – в 1 образце (1,02%),**
- ▶ ***Staphylococcus aureus* – из 32 образцах (в 10 – в сочетании *Klebsiella pneumoniae*; в 3 – с другими) (35,16%).**
- ▶ ***Klebsiella pneumoniae* выделена из 29 образцов (в 13 – в сочетании) (31,87%).**
- ▶ ***Pseudomonas aeruginosa* выделен из 8 образцов стула (в 1 в сочетании) (8,79%).**
- ▶ ***Enterobacter cloacae* – в 5 образцах в 1 *E. aerogenes* (5,49%)**
- ▶ ***Enterobacter aerogenes*– 1 проба (1,11%).**

**16 типичных
17,58%**

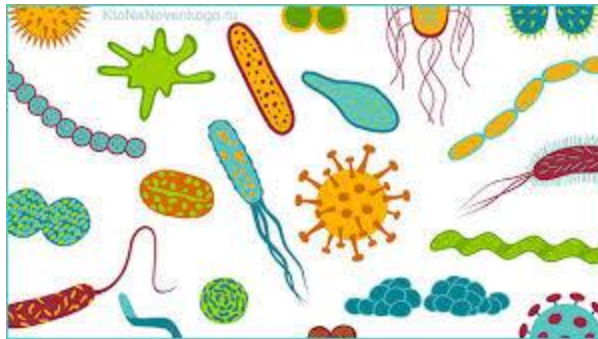
**75 нетипичных возбудителя
82,42%**

Обсуждение полученных результатов

- ▶ В 134 пробах проводили ПЦР исследование:
- ▶ В 98 (**74,13%**) пробах обнаружены 115 вирусных агента:
- ▶ *Norovirus II* – в 43 образцах (в 11 в сочетаниях с вирусами, в 2 с бактериями),
- ▶ *Rotavirus* – в 34 образцах (в 11 в сочетаниях),
- ▶ *Adenovirus* – в 8 пробах (в 5 в сочетаниях с вирусами, в 2 с кампилобактер), *Adenovirus resp.* – в 3 пробах,
- ▶ *Enterovirus* – в 11 образцах (в 8 в сочетаниях),
- ▶ *Astrovirus* – в 14 пробах (в 4 в сочетаниях),
- ▶ *Sapovirus* – в 2 пробах,

Обсуждение полученных результатов

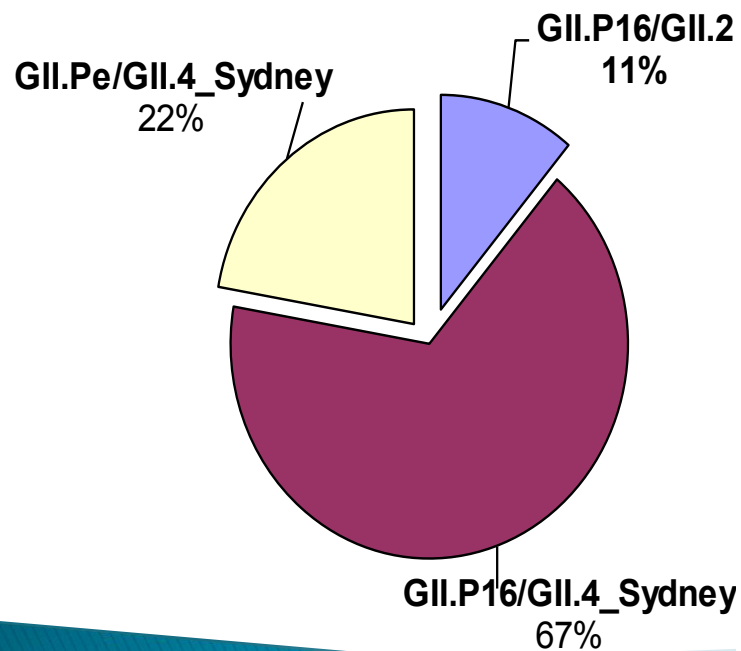
- ▶ В 12 пробах обнаружен генетический материал *Salmonella* – 2, *Shigella* – 3, *Campylobacter* – 7



Удельный вес выделенных вирусов

- ▶ Таким образом, чаще всего обнаружены норовирусы 2 геногруппы – **37,39%**
- ▶ Ротавирусы – **29,57%**,
- ▶ Астровирусы – **12,17%**,
- ▶ Энтеровирусы – 9,57%,
- ▶ Аденовирусы – 6,95%,
- ▶ Аденовирусы респ. – 2,61%,
- ▶ Саповирусы – 1,74%

Генотипический состав популяции норовирусов, выявленных в ходе анализа проб от пациентов с ГЭК (Юг Украины)



- Среди выявленных норовирусов большинство относилось к рекомбинантному генотипу GII.P16/GII.4. Вирусы того же геноварианта выявлялись в России, Японии, Китае, Великобритании и США в 2016-2019 гг. (степень сходства 99-100%)

- Вирусы данного генотипа преобладают в заболеваемости норовирусной инфекцией во всем мире с 2016 года [Christopher Ruis, 2017]

- Генотип GII.P16/GII.4, содержит ген капсидного белка пандемического геноварианта GII.4 Sydney 2012 и полимеразу широко распространившегося последние годы генотипа GII.16

Генотипическое разнообразие аденовирусов, выявленных в ходе анализа проб от пациентов с ГЭК (Юг Украины)



0.050

- ▶ Типовой пейзаж АдВ, выявленных в пробах фекалий (n = 8), был представлен 2, 5 и 41 серотипами (12.5%, 12,5%, 75,%, соответственно)
- ▶ Изоляты №145, 146, 162 входили в генетический кластер №2, имели 100 % сходство между собой и 99% сходство со штаммом, циркулировавшем в Швеции (2018 г.), Беларуси (2017–2019г.) и т.д.
- ▶ Изоляты, которые относились к первому кластеру имели различия между собой не превышающие 2%, при этом все изоляты имели 99% сходство со штаммами, зафиксированными в Ираке (№31), Китае (изолят № 13), Японии (изолят № 35) в 2018 г. Данные штаммы также циркулировали и на территории Республики Беларусь в 2016–2019 гг., исключение составляет Японский изолят, ранее не регистрировавшийся на территории Республики Беларусь.

Генотипическое разнообразие энтеровирусов, выявленных в пробах от пациентов с ГЭК (ОДЕССА)

Коксаки В5 (Украина) – достоверно принадлежали к одному геноварианту. Вирусы того же геноварианта циркулировали в 2017–2018 гг. в Беларуси, Италии, Японии, Австралии (степень сходства 97–99%).

Коксаки А9 – принадлежали к 2 различным геновариантам, один из которых циркулировал также в 2018 г. в Беларуси (98,5% сходства), а до этого – в Греции 2015–2016 (97% сходства), в США 2016 – (96% сходства). Второй геновариант обладал максимальной степенью сходства 90% с вирусами, циркулировавшими в Индии в 2011 г., в Беларуси циркуляция этого геноварианта не регистрировалась.

ЕСНО25 – принадлежал к геноварианту, циркулировавшему в Японии в 2016 (97% сходства), в Беларуси циркуляция этого геноварианта не регистрировалась.

Выводы

- ▶ 1. При бактериологическом исследовании проб стула больных с острыми диареями типичные возбудители высевались в 14,06% (Николаев) и 16,58% случаев (Одесса).
- ▶ 2. В подавляющем большинстве проб стула с расшифрованным бактериальным возбудителем выделяют нетипичных, как этиологический фактор острых диарей, возбудителей.
- ▶ 3. В таком случае можно предположить наличие вирусных агентов.
- ▶ 4. Причиной острых диарей у больных с невыясненным бактериальным возбудителем, проживающих в Николаевской области, чаще всего были норовирусы I и II типа (35,29%) и аденовирусы (29,41%).
- ▶ 5. Причиной острых диарей у больных, проживающих на территории Одесской области, чаще всего были Норовирусы 2 типа – 37,39%, Ротавирусы – 29,57%, Астровирусы – 12,17%

Выводы

- ▶ 6. Среди выявленных норовирусов большинство относилось к рекомбинантному генотипу GII.P16/GII.4, циркулирующему с 2016 г. во всем мире.
- ▶ 7. Типовой пейзаж АдВ, выявленных в пробах фекалий (n = 8), был представлен 2, 5 и 41 серотипами (75,%, последний)
- ▶ 8. Коксаки В5 (Украина) – достоверно принадлежали к одному геноварианту. Коксаки А9 – принадлежали к 2 различным геновариантам. ЕСНО25 – принадлежал к геноварианту, циркулировавшему в Японии в 2016

- ▶ **Резюме.** В результате проведенных исследований установлено, что в более чем половине случаев, когда не выделен бактериальный возбудитель, в пробах фекалий выделяют вирусный агент, в 11,76% микст-инфекция: вирус-вирус, вирус-бактерия. Отмечено широкое разнообразие циркулирующих вирусов, представленное комбинированными геновариантами, циркулирующими в настоящее время как на территориях, граничащих с Украиной, так и на достаточно отдаленных, что свидетельствует о постоянном процессе заноса и завоза возбудителей на территорию страны, как следствие глобализации, безусловно, имеющее влияние на биобезопасность.
- ▶ Генотипирование циркулирующих штаммов кишечных вирусов позволяет изучить современный эпидемический процесс острых кишечных инфекций вирусной этиологии с позиций медицинской географии, возможности предупреждения у больных тяжелых осложнений, которые возникают при инфицировании отдельными штаммами и получать своевременную информацию о смене доминирующих генотипов и формировании «новых» геновариантов в процессе взаимодействия с другими штаммами в организме больного.
- ▶ Клиническое течение заболевания, вызванного «новым» геновариантом у отдельных пациентов или у группы лиц, напрямую зависело от морфологических особенностей возбудителя.

Спасибо за внимание!

