JOURNAL OF MICROBIOLOGY, EPIDEMIOLOGY AND IMMUNOBIOLOGY. 2025; 102(4)
DOI: https://doi.org/10.36233/0372-9311-722
ORIGINAL RESEARCHES

Оригинальное исследование
https://doi.org/10.36233/0372-9311-722

Этиологическая структура острых кишечных инфекций по результатам экстерриториального мониторинга

Макарова М.А.[1,2]✉, Бальдэ Р.[3], Кафтырева Л.А.[1,2], Матвеева З.Н.[1], Жамборова С.Х.[1]

[1]Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия;
[2]Северо-Западная медицинская академия имени И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия;
[3]Научно-исследовательский институт прикладной биологии Гвинеи, Киндия, Республика Гвинея

Аннотация

Введение. Острые кишечные инфекции (ОКИ) вызывают высокую заболеваемость и смертность, особенно в Африке и Юго-Восточной Азии, где каждый год умирают миллионы детей младше 5 лет. Республика Гвинея остро нуждается в проведении широкомасштабных исследований, направленных на изучение причин диарейных заболеваний, необходимых для разработки эффективных мер профилактики, обеспечивающих сохранение здоровья её населения.

Цель — провести анализ этиологической структуры ОКИ в Гвинейской Республике.

Материалы и методы. Пробы испражнений ($n = 724$) жителей Гвинейской Республики с диарейным синдромом изучали методом ПЦР в реальном времени с двумя наборами реагентов: 1) «АмплиСенс ОКИ скрин-FL» для выявления ДНК (РНК) микроорганизмов *Shigella* spp./EIEC, *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Adenovirus*, *Rotavirus*, *Norovirus* и *Astrovirus*; 2) «АмплиСенс Эшерихиозы-FL» для выявления ДНК диареегенных *Escherichia coli* (DEC) 5 патогрупп: EPEC, EHEC, ETEC, EIEC, EAgEC.

Результаты. В 2019–2022 гг. у 66,2% обследованных детей и взрослых обнаружены генетические детерминанты ОКИ, преимущественно бактериальной этиологии (74,1%), среди которых доминировали диареегенные *E. coli* (62,4%). Генетические маркеры вирусных патогенов выявлялись значительно реже — 25,9% ($p < 0,05$). Дети раннего возраста наиболее уязвимы перед инфекцией, вызванной DEC. Бактериальные возбудители доминируют как в случаях моноинфекций, так и при сочетанном заражении двумя и более видами патогенов.

Заключение. Исследование показало, что DEC являются основной причиной ОКИ в Гвинее. Полученные данные станут основой для разработки эффективной программы профилактики и лечения ОКИ в республике.

Ключевые слова: *диарейный синдром, острые кишечные инфекции, генетические детерминанты, полимеразная цепная реакция, Африка, Гвинейская Республика*

Этическое утверждение. Исследование проводилось при добровольном информированном согласии пациентов или их законных представителей. Протокол исследования одобрен Этическим комитетом Санкт-Петербургского НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера (протокол № 27 от 02.07.2019).

Источник финансирования. Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования при проведении исследования.

Конфликт интересов. Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

Для цитирования: Макарова М.А., Бальдэ Р., Кафтырева Л.А., Матвеева З.Н., Жамборова С.Х. Этиологическая структура острых кишечных инфекций по результатам экстерриториального мониторинга. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии.* 2025;102(4):436–444.
DOI: https://doi.org/10.36233/0372-9311-722
EDN: https://www.elibrary.ru/XSKWOC

© Макарова М.А., Бальдэ Р., Кафтырева Л.А., Матвеева З.Н., Жамборова С.Х., 2025

Original Study Article
https://doi.org/10.36233/0372-9311-722

Etiological structure of acute intestinal infections based on the results of exterritorial monitoring

Maria A. Makarova[1,2]✉, Ramatoulay Balde[3], Lidiya A. Kaftyreva[1,2], Zoya N. Matveeva[1], Samida Kh. Zhamborova[1]

[1]St. Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia;
[2]I.I. Mechnikov North-Western State Medical University, St. Petersburg, Russia;
[3]Research Institute of Applied Biology of Guinea, Kindia, Republic of Guinea

Abstract

Introduction. Acute intestinal infections cause high morbidity and mortality, especially in Africa and Southeast Asia, where millions of children under the age of five die every year. The Republic of Guinea urgently requires large-scale research aimed at studying the causes of diarrheal diseases, necessary for the development of effective preventive measures to ensure the preservation of the health of its population.

Aim. To conduct a analysis of the etiological structure of acute intestinal infections in the Republic of Guinea.

Materials and methods. Stool samples (n = 724) from residents of the Republic of Guinea with diarrheal syndrome were studied by real-time PCR with two reagent kits: 1) AmpliSens OKI screen-FL for the detection of DNA (RNA) of microorganisms *Shigella* spp./EIEC, *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Adenovirus*, *Rotavirus*, *Norovirus* and *Astrovirus*; 2) AmpliSens Escherichiosis-FL for the detection of DNA of diarrheagenic *Escherichia coli* (DEC) of five pathogroups: EPEC, EHEC, ETEC, EIEC, EAgEC.

Results. In the period 2019-2022, 66.2% of the examined children and adults revealed the presence of genetic markers of acute intestinal infections, mainly of bacterial etiology (74.1%), among which diarrheagenic *E. coli* dominated (62.4%). Genetic markers of viral pathogens were detected significantly less frequently by 25.9%, $p < 0.05$. Young children are most vulnerable to infection caused by *E. coli*. Bacterial pathogens dominate both in cases of monoinfections and in cases of mixed infection with two or more types of pathogens.

Conclusion. A study has shown that DEC is the main cause of intestinal infections in Guinea. The data obtained will become the basis for the development of an effective program for the prevention and treatment of acute intestinal infections in the republic.

Keywords: *diarrhea, acute intestinal infections, genetic determinants, PCR, Africa, Republic of Guinea*

Ethics approval. The study was conducted with the informed consent of the patients or their legal representatives. The study protocol was approved by the Ethics Committee of the Pasteur St. Petersburg Research Institute of Epidemiology and Microbiology (protocol No. 27 dated 02.07.2019).

Funding source. This study was not supported by any external sources of funding.

Conflict of interest. The authors declare no apparent or potential conflicts of interest related to the publication of this article.

For citation: Makarova M.A., Balde R., Kaftyreva L.A., Matveeva Z.N., Zhamborova S.Kh. Etiological structure of acute intestinal infections based on the results of exterritorial monitoring. *Journal of microbiology, epidemiology and immunobiology.* 2025;102(4):436–444.
DOI: https://doi.org/10.36233/0372-9311-722
EDN: https://www.elibrary.ru/XSKWOC

Введение

Острые кишечные инфекции (ОКИ) представляют собой глобальную проблему здравоохранения и приводят к высоким показателям заболеваемости и смертности во многих странах [1]. Ежегодно во всём мире от диареи умирают около 1,6 млн человек, причём подавляющее большинство случаев фиксируется в развивающихся странах [2]. Диарейные заболевания являются причиной 15% смертей детей раннего и младшего возрастов, из которых около 80% приходится на регионы Африки и Юго-Восточной Азии [3, 4]. Несмотря на то что за последние четверть века смертность от диареи существенно сократилась в мировом масштабе, большинство африканских стран продолжают сталкиваться с высоким уровнем распространённости тяжёлых форм ОКИ [5]. По оценкам экспертов, к 2030 г. 4,4 млн детей в возрасте до 5 лет будут ежегодно умирать от инфекционных заболеваний, при этом 60% случаев будут регистрироваться в странах Африки [6, 7].

Для Африканского континента диарейные болезни остаются актуальной угрозой, особенно остро проявляясь в условиях глубокой бедности [8, 9]. В рамках Декларации тысячелетия ООН, принятой

© Makarova M.A., Balde R., Kaftyreva L.A., Matveeva Z.N., Zhamborova S.Kh., 2025

JOURNAL OF MICROBIOLOGY, EPIDEMIOLOGY AND IMMUNOBIOLOGY. 2025; 102(4)
DOI: https://doi.org/10.36233/0372-9311-722

в 2000 г., были поставлены важные цели, направленные на борьбу с бедностью, недоеданием, на обеспечение всеобщего доступа к чистой питьевой воде, а также значительное сокращение детской смертности[1]. Однако современные реалии показывают, что многие африканские страны не смогут достичь этих ориентиров вовремя, учитывая, что лишь треть населения обладает регулярным доступом к чистой воде [10–12]. Этот факт создаёт дополнительные риски распространения диарейных заболеваний среди значительной части населения региона[2].

Согласно данным международного проекта Global Enterics Multi-center Study (GEMES), в нескольких африканских государствах — Кении, Мали, Мозамбике и Гамбии, диареегенные *Escherichia coli* (DEC) и *Cryptosporidium* признаны наиболее опасными возбудителями смертельных случаев от диареи детей до 5 лет. Исследовательские работы, проведённые в 18 странах Африки, посвящённые бремени диарейных заболеваний эшерихиозной этиологии, показали, что энтероагрегативные *E. coli* (EAgEC) являются более распространённой патогруппой DEC (69% случаев), чем энтеротоксигенные *E. coli* (ETEC), энтеропатогенные *E. coli* (EPEC), шигатоксин-продуцирующие *E. coli* (STEC) и энтероинвазивные (EIEC), с различиями распространённости в диапазоне 6,6–18,6% [2].

В отличие от развитых регионов, таких как США и Европа, располагающих хорошо организованными системами мониторинга кишечных инфекций, включая DEC[3], большинство стран Африканского континента испытывают серьёзные трудности в формировании эффективной инфраструктуры здравоохранения и полноценного контроля за ОКИ.

Этиология возбудителей ОКИ разнообразна, что обусловливает различия эпидемического процесса в странах, различающихся уровнем экономического развития. Именно поэтому определение ключевых патогенов, вызывающих инфекционные заболевания желудочно-кишечного тракта, имеет решающее значение в организации микробиологического мониторинга в системе эпидемиологического надзора и профилактики инфекционных угроз в странах Африки. Сегодня Гвинея испытывает особую потребность в масштабных исследованиях, нацеленных на изучение этиологии ОКИ для создания региональной стратегии профилактики диарейных заболеваний, необходимой для сохранения здоровья жителей республики.

Цель работы — провести анализ этиологической структуры ОКИ в Гвинейской Республике.

Материалы и методы

В исследование были включены пациенты, обратившиеся в медицинские центры с признаками ОКИ (диарея, тошнота, рвота, боли в животе, симптомы общей интоксикации). Исследование проводилось при добровольном информированном согласии пациентов или их законных представителей. Протокол исследования одобрен Этическим комитетом Санкт-Петербургского НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера (протокол № 27 от 02.07.2019).

Пробы испражнений 724 пациентов, из них детей в возрасте 1–5 лет — 73 (10,1%), в возрасте 6–17 лет — 130 (18,0%), взрослых 18–76 лет — 521 (72,0%), исследовали методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с гибридизационно-флуоресцентной детекцией с двумя наборами реагентов:

1) «АмплиСенс ОКИ скрин-FL» для выявления и дифференциации ДНК (РНК) микроорганизмов рода *Shigella* spp./EIEC, *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp. (термофильных), *Adenovirus* (группы F), *Rotavirus* (группы A), *Norovirus* (2-го генотипа) и *Astrovirus*;

2) «АмплиСенс Эшерихиозы-FL» для выявления DEC 5 патогрупп: EPEC, EHEC, ETEC, EIEC, EAgEC (ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, Россия).

Тотальную ДНК/РНК выделяли с использованием комплекта реагентов «РИБО-преп» (ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, Россия). ПЦР проводили с помощью амплификатора с системой детекции флуоресцентного сигнала в режиме реального времени (ПЦР-РВ) CXT-1000 («Bio-Rad»). Все процедуры выделения нуклеиновых кислот и ПЦР-РВ, использованные в данном исследовании, были проведены с применением соответствующих положительных, отрицательных и внутренних контрольных образцов, включённых в диагностические наборы. Использование контролей на всех этапах позволило подтвердить правильность и точность полученных результатов, исключить возможность ложноположительных или ложноотрицательных выводов.

В пробах испражнений, в которых был получен флуоресцентный сигнал присутствия *Shigella* spp./EIEC («АмплиСенс ОКИ скрин-FL») и EIEC («АмплиСенс Эшерихиозы-FL»), был проведён целенаправленный поиск штаммов *Shigella* spp. и EIEC. Культуральным методом с использованием

---

[1] Декларация тысячелетия Организации Объединенных Наций. URL: https://www.un.org/ru/documents/decl_conv/declarations/summitdecl.shtml

[2] ВОЗ. Диарея; 2024. URL: https://who.int/ru/news-room/fact-sheets/detail/diarrhoeal-disease WHO. Diarrhoeal disease; 2024. URL: https://who.int/news-room/fact-sheets/detail/diarrhoeal-disease

[3] National Surveillance of Bacterial Foodborne Illness (Enteric Diseases).
URL: https://www.cdc.gov/nationalsurveillance/index.html;
Surveillance and disease data for *Escherichia coli.*
URL: https://www.ecdc.europa.eu/en/escherichia-coli-ecoli/surveillance-and-disease-data

селективных сред Эндо и Hektoen агар (ГНЦ прикладной микробиологии и биотехнологии) были выделены *E. coli.*

Для оценки статистической значимости различий средних величин применяли точный критерий Фишера. Достоверность различий между изучаемыми показателями определяли в тесте Манна–Уитни. Значимыми считали различия при доверительном интервале 95% ($p \leq 0{,}05$).

Исследования проводили в лаборатории Российско-Гвинейского научно-исследовательского центра эпидемиологии и профилактики инфекционных болезней в рамках научно-исследовательской работы «Изучение этиологической структуры и молекулярно-генетическая характеристика возбудителей диарейных заболеваний в Гвинейской Республике».

Результаты

По суммарным данным, в 2019–2022 гг. генетические маркеры вирусных и бактериальных возбудителей ОКИ были выявлены в пробах испражнений 479 (66,2%) обследованных лиц: у 238 (49,7%; 95% ДИ 45,2–54,2%) мужчин и 241 (50,3%; 95% ДИ 45,9–54,8%) женщин ($p > 0{,}05$). Чаще детерминанты искомых патогенов обнаруживали в возрастной группе пациентов 18 лет и старше — 331 (69,1%; 95% ДИ 64,8–73,1%; $p \leq 0{,}05$). Достоверных различий в частоте детекции ДНК/РНК возбудителей ОКИ в пробах детей раннего (n = 59; 12,3%; 95% ДИ 9,7–15,6%) и школьного (n = 89; 18,6%; 95% ДИ 15,5–22,3%) возрастов не выявлено (критерий Манна–Уитни). Достоверных различий ($p \leq 0{,}05$) в частоте детекции генетических маркеров ОКИ установленной этиологии в зависимости от пола и возраста по суммарным данным и отдельно по годам не выявлено (**рис. 1**).

В пробах 245 обследованных пациентов с диарейным синдромом генетические детерминанты указанных возбудителей не обнаружены, таким образом, на долю инфекций неясной этиологии в среднемноголетний период приходилось 33,8%.

Результаты молекулярного исследования отдельно по годам и по суммарным данным представлены в **табл. 1** и **табл. 2**. Во все годы наблюдения в этиологической структуре ОКИ значительно преобладали бактериальные патогены по сравнению с вирусными ($p \leq 0{,}05$).

ДНК возбудителей бактериальной природы выявлены в 355 (74,1%; 95% ДИ 70,1–77,8%) пробах, из них на долю *Campylobacter* spp. приходилось 9,8% (95% ДИ 7,5–12,9%), *Salmonella* spp. — 1,9% (95% ДИ 1,0–3,5%), DEC — 62,4% (95% ДИ 57,9–66,7%). На долю возбудителей вирусных инфекций приходилось 25,1% (95% ДИ 22,2–30,0%), из них *Adenovirus* — 10,2% (95% ДИ 7,8–13,3%), *Rotavirus* — 6,9% (95% ДИ 4,9–9,5%), *Norovirus* — 6,7% (95% ДИ 4,8–9,3%), *Astrovirus* — 2,1% (95% ДИ 1,1–3,8%).

Ведущими возбудителями во все годы наблюдения были DEC. В возрастной структуре значимо чаще они встречались у детей раннего возраста 0–5 лет (91,7%; 95% ДИ 82,7–96,9%; $p \leq 0{,}05$) по сравнению с группой детей школьного возраста 6–17 лет (53,9%; 95% ДИ 44,9–62,8%) и взрослыми (45,6%; 95% ДИ 41,3–50,0%). По суммарным данным выявлено значимое преобладание патогруппы EAgEC как в структуре эшерихиозов (46,8%; 95% ДИ 41,2–52,5%), так и в общей структуре ОКИ (29,3%; 95% ДИ 25,3–33,5%; $p \leq 0{,}05$). В среднемноголетней структуре эшерихиозов на долю других патогрупп DEC: EPEC, ETEC и EIEC, приходилось 20,1, 13,0 и 13,7% соответственно. Находки генетических детерминант STEC были реже по сравнению с другими патогруппами DEC, по суммарным данным их доля составляла 6,4%.

Генетические маркеры бактериальных патогенов при моно- и сочетанных инфекциях как во все годы мониторинга, так и суммарно в период проведённого исследования выявлялись значимо чаще по сравнению с возбудителями вирусной этиологии ($p \leq 0{,}05$).

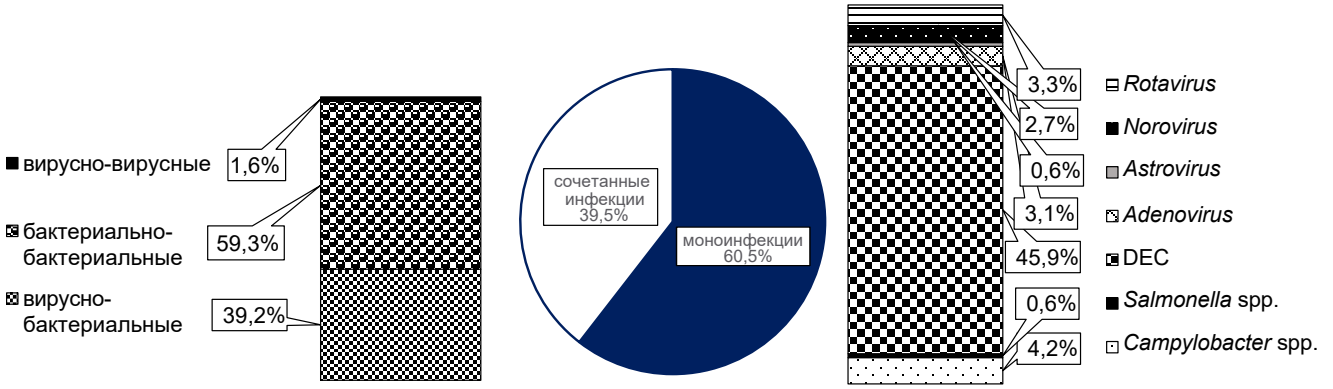

Рис. 1. Частота выделения генетических детерминант возбудителей ОКИ у жителей Гвинейской Республики в 2019–2022 гг.

JOURNAL OF MICROBIOLOGY, EPIDEMIOLOGY AND IMMUNOBIOLOGY. 2025; 102(4)
DOI: https://doi.org/10.36233/0372-9311-722

Таблица 1. Частота выделения генетических детерминант возбудителей ОКИ у жителей Гвинейской Республики в 2019, 2020, 2021, 2022 гг.

Год	Возбудитель	Всего		Моноинфекция		Сочетанные инфекции	
		n	%	*n*	%	*n*	%
2019	**Бактериальные**						
	Campylobacter spp.	6	7,3	5	6,1	1	1,2
	Salmonella spp.	0	0,0	0	0,0	0	0,0
	DEC	38	46,3	36	43,9	2	2,4
	Всего бактериальных	44	53,7	41	50,0	3	3,7
	Вирусные						
	Adenovirus	30	36,6	8	9,8	22	26,8
	Astrovirus	2	2,4	1	1,2	1	1,2
	Norovirus	3	3,7	2	2,4	1	1,2
	Rotavirus	3	3,7	2	2,4	1	1,2
	Всего вирусных	38	46,3	13	15,9	25	30,5
	Итого возбудителей ОКИ	82	100,0	54	65,9	28	34,1
2020	**Бактериальные**						
	Campylobacter spp.	6	5,1	1	0,8	5	4,2
	Salmonella spp.	6	5,1	1	0,8	5	4,2
	DEC	72	61,0	51	43,2	21	17,8
	Всего бактериальных	84	71,2	53	44,9	31	26,3
	Вирусные						
	Adenovirus	0	0,0	0	0,0	0	0,0
	Astrovirus	2	1,7	2	1,7	0	0,0
	Norovirus	9	7,6	4	3,4	5	4,2
	Rotavirus	23	19,5	10	8,5	13	11,0
	Всего вирусных	34	28,8	16	13,6	18	15,3
	Итого возбудителей ОКИ	118	100	69	58,5	49	41,5
2021	**Бактериальные**						
	Campylobacter spp.	32	14,7	14	6,5	18	8,3
	Salmonella spp.	1	0,5	1	0,5	0	0
	DEC	142	65,4	98	45,2	44	20,3
	Всего бактериальных	175	80,6	113	52,1	62	28,6
	Вирусные						
	Adenovirus	19	8,8	7	3,2	12	5,5
	Astrovirus	2	0,9	0	0,0	2	0,9
	Norovirus	19	8,8	6	2,8	13	6,0
	Rotavirus	2	0,9	1	0,5	1	0,5
	Всего вирусных	42	19,4	14	6,5	28	12,9
	Итого возбудителей ОКИ	217	100	127	58,5	90	41,5
2022	**Бактериальные**						
	Campylobacter spp.	3	4,8	0	0,0	3	4,8
	Salmonella spp.	2	3,2	1	1,6	1	1,6
	DEC	47	75,8	35	56,5	12	19,4
	Всего бактериальных	52	83,9	36	58,1	16	30,8
	Вирусные						
	Adenovirus	0	0,0	0	0,0	0	0,0
	Astrovirus	4	6,5	0	0,0	4	6,5
	Norovirus	1	1,6	1	1,6	0	0,0
	Rotavirus	5	8,1	3	4,8	2	3,2
	Всего вирусных	10	16,1	4	6,5	6	9,7
	Итого возбудителей ОКИ	62	100,0	40	64,5	22	35,5

Таблица 2. Частота выделения генетических детерминант возбудителей ОКИ от жителей Гвинейской Республики с диарейным синдромом в 2019–2022 гг.

Возбудитель	Всего		Моноинфекция		Сочетанные инфекции	
	n	%	*n*	%	*n*	%
Бактериальные						
Campylobacter spp.	47	9,8	20	4,2	27	5,6
Salmonella spp.	9	1,9	3	0,6	6	1,3
DEC, из них:	299	62,4	220	45,9	79	16,5
EAgEC	140	46,8	83	27,8	57	19,1
EPEC	60	20,1	35	19,7	6	0,3
ETEC	39	13,0	32	10,7	7	2,3
EIEC	41	13,7	59	11,7	1	2,0
STEC	19	6,4	11	3,7	8	2,7
Всего бактериальных	355	74,1	243	50,7	112	23,4
Вирусные						
Adenovirus	49	10,2	15	3,1	34	7,1
Astrovirus	10	2,1	3	0,6	7	1,5
Norovirus	32	6,7	13	2,7	19	4,0
Rotavirus	33	6,9	16	3,3	17	3,5
Всего вирусных	124	25,9	47	9,8	77	16,1
Итого возбудителей ОКИ	479	100,0	290	60,5	189	39,5

Моноинфекции, обусловленные одним видом возбудителя ОКИ, во все годы наблюдения превалировали над ОКИ сочетанной этиологии (**рис. 2**). В 290 (60,5%; 95% ДИ 56,1–64,8%) положительных пробах выявлены генетические маркеры одного возбудителя, из них DEC значимо чаще — 45,9% (95% ДИ 43,2–56,5%) по сравнению с другими возбудителями бактериальной природы (*Campylobacter* spp. — 4,2%; 95% ДИ 0–6,5%; *Salmonella* spp. — 0,6%; 95% ДИ 0–1,6%) и вирусной природы 47 (9,8%) (*Adenovirus* — 3,1%; 95% ДИ 0–9,8%; *Astrovirus* — 0,6%; 95% ДИ 0–1,7%; *Norovirus* — 2,7%; 95% ДИ

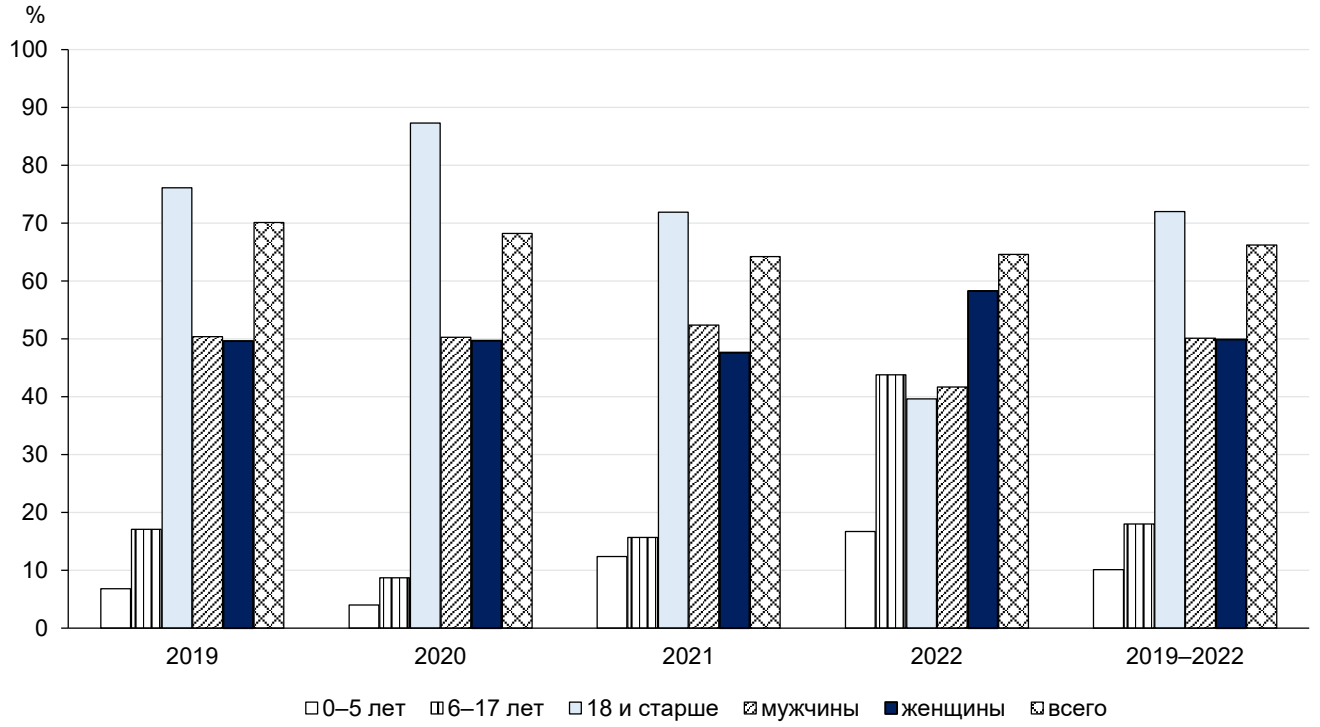

Рис. 2. Характеристика ОКИ в Гвинейской Республике в 2019–2020 гг.

JOURNAL OF MICROBIOLOGY, EPIDEMIOLOGY AND IMMUNOBIOLOGY. 2025; 102(4)
DOI: https://doi.org/10.36233/0372-9311-722

1,6–3,4%; *Rotavirus* — 3,3%; 95% ДИ 0,5–8,5%). Анализ молекулярных исследований показал в 189 (39,5%; 95% ДИ 35,2–43,9%) пробах присутствие двух и более генетических маркеров исследуемых возбудителей ОКИ, из них вирусно-бактериальных — 74 (39,2%), бактериально-бактериальных — 112 (59,3%), вирусно-вирусных — 3 (1,6%).

Обсуждение

Диарейные заболевания детей и взрослых являются актуальной проблемой в Гвинейской Республике. Установлено, что основными возбудителями являются представители антропонозных инфекций — 363 (75,8%), из них на долю вирусной природы (*Adenovirus, Astrovirus, Norovirus, Rotavirus*) приходится 25,9% (95% ДИ 22,2–30,0%), на долю бактериальных (EAgEC, EPEC, ETEC, EIEC) — 58,5% (95% ДИ 54,0–62,8%). Полученные результаты подтверждают, что возбудители антропонозных инфекций преобладают в развивающихся странах по сравнению с возбудителями, передающимися, как правило, с пищевыми продуктами: *Salmonella*, *Campylobacter* и STEC в промышленно развитых странах [13–15]. Генетические маркеры бактерий рода *Salmonella* были выявлены в 9 (1,9%) случаях, рода *Campylobacter* — в 47 (9,8%), STEC — в 19 (6,4%). Это позволяет сделать предположение о том, что в рационе питания жителей Гвинеи (детей и взрослых) мясные и молочные продукты присутствуют в недостаточном количестве, однако этот вопрос нуждается в дальнейшем изучении.

В проведённом исследовании генетические детерминанты *Rotavirus* были выявлен только у 33 (6,9%) пациентов, несмотря на то что этот возбудитель является наиболее частой причиной тяжёлого гастроэнтерита у детей во многих экономически развитых странах, составляя 30–72% госпитализированных пациентов и 4–24% пациентов при остром гастроэнтерите лёгкой степени, не требующим госпитализации. Возможно, отсутствие этого возбудителя в этиологической структуре ОКИ связано с проведением вакцинации против ротавирусной инфекции [16].

Мониторинг позволил установить, что DEC были основной причиной ОКИ (62,4%). Использование молекулярных методов позволило оценить структуру эшерихиозов и установить циркуляцию всех известных патогрупп DEC на территории Гвинейской Республики. По суммарным данным, в структуре эшерихиозов во все годы наблюдения преобладали штаммы патогруппы EAgEC, на долю которых приходилось 46,8%. Исследования, проведённые в Латинской Америке, Азии, Африке и странах Восточной Европы, показали, что EAgEC чаще, чем другие бактериальные патогены, являются причиной диарей у детей [17–19]. Данные, полученные в США, Европе и Израиле, также свидетельствуют о том, что EAgEC часто вызывают диарейные заболевания у детей [20]. В США показатели заболеваемости эшерихиозами, обусловленными EAgEC, у детей раннего возраста выше, чем при кампилобактериозах и сальмонеллёзах [21].

В ходе эпидемиологических исследований в странах Западной Африки (Мали, Гамбия, Буркина-Фасо) обнаружено наличие DEC в питьевой воде колодцев и в расфасованных пакетах («water sachets», «пакетированная вода»), что указывает на возможность заражения человека этими микроорганизмами. Полученные результаты имеют важное значение для понимания эпидемиологии эшерихиозов и представляют интерес для изучения аналогичных проблем в соседних странах Африки, включая Гвинейскую Республику [18, 22].

В целом у 290 (60,5%) жителей Гвинейской Республики были выявлены генетические детерминанты одного возбудителя ОКИ, и по результатам лабораторного исследования была идентифицирована моноинфекция. У 189 (39,5%) обследованных установлена ассоциация энтеропатогенов (сочетанная ОКИ). Высокая распространённость сочетанных ОКИ (25–53%) описана в развивающихся странах [23, 24]. Во всех сочетанных инфекциях преобладали DEC, что согласуется с данными литературы [18, 19].

Использование комплексного мультиплексного формата при лабораторной диагностике ОКИ на сегодняшний день является единственным высокочувствительным методом, позволяющими установить этиологию ОКИ не только в остром периоде заболевания, но и при бессимптомном бактерионосительстве. Широкомасштабное исследование, проведённое в Эфиопии с использованием современных методов лабораторной диагностики, показало, что в 56,3% случаях диарейный синдром обусловлен возбудителями ОКИ бактериальной, вирусной и/или паразитарной природы и, что немаловажно, позволило выявить сочетанные инфекции в 35% случаев [25–27].

Проведённое исследование подтвердило актуальность DEC для населения Гвинейской Республики, как и для других стран Африки [2, 3, 7, 9, 18]. Лабораторная диагностика этих возбудителей возможна только с использованием молекулярно-генетических методов [28].

Заключение

Этиология возбудителей ОКИ у жителей Гвинейской Республики включает бактериальные и вирусные возбудители. Проведённое исследование показало, что практически у каждого второго пациента причиной диарейного заболевания являлись DEC, что подтвердило их актуальность в структуре ОКИ. Для снижения бремени диарейных заболеваний в Гвинее необходимо проведение целенаправленных эпидемиологических и микробиологических иссле-

дований по выявлению DEC, изучению контаминации объектов окружающей среды, в том числе воды и пищевых продуктов, определению факторов риска. Учитывая тот факт, что диарея — это полиэтиологичное заболевание, необходимо внедрять комплексный, быстрый, надёжный и доступный метод идентификации широкого спектра возбудителей.

Впервые детально выполненный анализ этиологической структуры ОКИ в Гвинейской Республике создаёт основу для разработки научно обоснованной политики профилактики и лечения инфекционных заболеваний желудочно-кишечного тракта. Подобные исследования позволят реагировать на новые угрозы, снизить заболеваемость и эффективнее использовать ресурсы здравоохранения. Для успешного предупреждения диарейных инфекций необходимы такие меры, как анализ путей передачи возбудителей, обеспечение качественной питьевой водой, повышение уровня санитарной грамотности населения, создание системы эпидемиологического мониторинга. Внедрение ПЦР-диагностики в рутинную медицинскую практику Республики Гвинея станет значительным вкладом в улучшение здоровья населения и сокращение заболеваемости инфекционными заболеваниями желудочно-кишечного тракта.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ | REFERENCES

1. Hartman R.M., Cohen A.L., Antoni S., et al. Risk factors for mortality among children younger than age 5 years with severe diarrhea in low- and middle-income countries: findings from the World Health Organization-coordinated Global Rotavirus and Pediatric Diarrhea Surveillance Networks. *Clin. Infect. Dis*. 2023;76(3):e1047–53.
DOI: https://doi.org/10.1093/cid/ciac561
2. Kalule J.B., Bester L.A., Banda D.L., et al. Molecular epidemiology and AMR perspective of diarrhoeagenic *Escherichia coli* in Africa: a systematic review and meta-analysis. *J. Epidemiol. Glob. Health*. 2024;14(4):1381–96.
DOI: https://doi.org/10.1007/s44197-024-00301-w
3. Manhique-Coutinho L., Chiani P., Michelacci V., et al. Molecular characterization of diarrheagenic *Escherichia coli* isolates from children with diarrhea: a cross-sectional study in four provinces of Mozambique: diarrheagenic *Escherichia coli* in Mozambique. *Int. J. Infect. Dis*. 2022;121:190–4.
DOI: https://doi.org/10.1016/j.ijid.2022.04.054
4. Vorlasane L., Luu M.N., Tiwari R., et al. The clinical characteristics, etiologic pathogens and the risk factors associated with dehydration status among under-five children hospitalized with acute diarrhea in Savannakhet Province, Lao PDR. *PLoS One*. 2023;18(3):e0281650.
DOI: https://doi.org/10.1371/journal.pone.0281650
5. Khairy R.M.M., Fathy Z.A., Mahrous D.M., et al. Prevalence, phylogeny, and antimicrobial resistance of *Escherichia coli* pathotypes isolated from children less than 5 years old with community acquired- diarrhea in Upper Egypt. *BMC Infect. Dis.* 2020;20(1):908.
DOI: https://doi.org/10.1186/s12879-020-05664-6
6. Tang X., Oyetoran A., Jones T., Bray C. Aeromonas caviae-associated severe bloody diarrhea. *Case Rep. Gastrointest. Med*. 2023;2023:4966879.
DOI: https://doi.org/10.1155/2023/4966879
7. Wolde D., Tilahun G.A., Kotiso K.S., et al. The Burden of diarrheal diseases and its associated factors among under-five children in Welkite Town: a community based cross-sectional study. *Int. J. Public Health*. 2022;67:1604960.
DOI: https://doi.org/10.3389/ijph.2022.1604960
8. Kemajou D.N. Climate variability, water supply, sanitation and diarrhea among children under five in Sub-Saharan Africa: a multilevel analysis. *J. Water Health*. 2022;20(4):589–600.
DOI: https://doi.org/10.2166/wh.2022.199
9. Grenov B., Lanyero B., Nabukeera-Barungi N., et al. Diarrhea, dehydration, and the associated mortality in children with complicated severe acute malnutrition: a prospective cohort study in Uganda. *J. Pediatr*. 2019;210:26–33.e3.
DOI: https://doi.org/10.1016/j.jpeds.2019.03.014
10. Adane M., Mengistie B., Medhin G., et al. Piped water supply interruptions and acute diarrhea among under-five children in Addis Ababa slums, Ethiopia: a matched case-control study. *PLoS One*. 2017;12(7):e0181516.
DOI: https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181516
11. Gavhi F., Kuonza L., Musekiwa A., Motaze N.V. Factors associated with mortality in children under five years old hospitalized for severe acute malnutrition in Limpopo province, South Africa, 2014–2018: a cross-sectional analytic study. *PLoS One*. 2020;15(5):e0232838.
DOI: https://doi.org/10.1371/journal.pone.0232838
12. Ellis S.J., Crossman L.C., McGrath C.J., et al. Identification and characterisation of enteroaggregative *Escherichia coli* subtypes associated with human disease. *Sci. Rep*. 2020;10(1):7475.
DOI: https://doi.org/10.1038/s41598-020-64424-3
13. Getahun W., Adane M. Prevalence of acute diarrhea and water, sanitation, and hygiene (WASH) associated factors among children under five in Woldia Town, Amhara Region, northeastern Ethiopia. *BMC Pediatr*. 2021;21(1):227.
DOI: https://doi.org/10.1186/s12887-021-02668-2
14. Hlashwayo D.F., Sigaúque B., Noormahomed E.V., et al. A systematic review and meta-analysis reveal that *Campylobacter* spp. and antibiotic resistance are widespread in humans in sub-Saharan Africa. *PLoS One*. 2021;16(1):e0245951.
DOI: https://doi.org/10.1371/journal.pone.0245951
15. Kotloff K.L. Bacterial diarrhoea. *Curr. Opin. Pediatr*. 2022;34(2):147–55.
DOI: https://doi.org/10.1097/MOP.0000000000001107
16. GBD 2019 Under-5 Mortality Collaborators. Global, regional, and national progress towards Sustainable Development Goal 3.2 for neonatal and child health: all-cause and cause-specific mortality findings from the Global Burden of Disease Study 2019. *Lancet*. 2021;398(10303):870–905.
DOI: https://doi.org/10.1016/S0140-6736(21)01207-1
17. Boisen N., Østerlund M.T., Joensen K.G., et al. Redefining enteroaggregative *Escherichia coli* (EAEC): genomic characterization of epidemiological EAEC strains. *PLoS Negl. Trop. Dis*. 2020;14(9):e0008613.
DOI: https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0008613
18. Ochieng J.B., Powell H., Sugerman C.E., et al. Epidemiology of enteroaggregative, enteropathogenic, and Shiga toxin-producing *Escherichia coli* among children aged <5 years in 3 countries in Africa, 2015–2018: Vaccine Impact on Diarrhea in Africa (VIDA) study. *Clin. Infect. Dis*. 2023;76(76 Suppl. 1): S77–86.
DOI: https://doi.org/10.1093/cid/ciad035
19. Modgil V., Mahindroo J., Narayan C., et al. Comparative analysis of virulence determinants, phylogroups, and antibiotic susceptibility patterns of typical versus atypical enteroaggregative *E. coli* in India. *PLoS Negl. Trop. Dis*. 2020;14(11):e0008769.
DOI: https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0008769
20. Van Nederveen V., Melton-Celsa A.R. Enteroaggregative *Escherichia coli* (EAEC). *EcoSal Plus*. 2025;eesp00112024.
DOI: https://doi.org/10.1128/ecosalplus.esp-0011-2024

21. Wikswo M.E., Roberts V., Marsh Z., et al. Enteric illness outbreaks reported through the national outbreak reporting system — United States, 2009–2019. *Clin. Infect. Dis*. 2022;74(11):1906–13. DOI: https://doi.org/10.1093/cid/ciab771
22. Bonkoungou I.J.O., Somda N.S., Traoré O., et al. Detection of diarrheagenic *Escherichia coli* in human diarrheic stool and drinking water samples in Ouagadougou, Burkina Faso. *Afr. J. Infect. Dis*. 2020;15(1):53–8. DOI: https://doi.org/10.21010/ajid.v15i1.7
23. Poeta M., Del Bene M., Lo Vecchio A., Guarino A. Acute infectious diarrhea. *Adv. Exp. Med. Biol*. 2024;1449:143–56. DOI: https://doi.org/10.1007/978-3-031-58572-2_9
24. Meisenheimer E.S., Epstein C.D.O., Thiel D. Acute diarrhea in adults. *Am. Fam. Physician*. 2022;106(1):72–80.
25. Lääveri T., Antikainen J., Mero S., et al. Bacterial, viral and parasitic pathogens analysed by qPCR: findings from a prospective study of travellers' diarrhoea. *Travel Med. Infect. Dis*. 2021;40:101957. DOI: https://doi.org/10.1016/j.tmaid.2020.101957
26. Çimen B., Aktaş O. Distribution of bacterial, viral and parasitic gastroenteritis agents in children under 18 years of age in Erzurum, Turkey, 2010–2020. *Germs*. 2022;12(4):444–51. DOI: https://doi.org/10.18683/germs.2022.1350
27. Bhat A., Rao S.S., Bhat S., et al. Molecular diagnosis of bacterial and viral diarrhoea using multiplex-PCR assays: an observational prospective study among paediatric patients from India. *Indian J. Med. Microbiol*. 2023;41:64–70. DOI: https://doi.org/10.1016/j.ijmmb.2023.01.002
28. Макарова М.А. Современное представление о диареегенных *Escherichia coli* — возбудителях острых кишечных инфекций. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2023;100(4):333–44. Makarova M.A. A modern view of diarrheagenic *Escherichia coli* – a causative agent of acute intestinal infections. *Journal of Microbiology, Epidemiology and Immunobiology*. 2023;100(4):333–44. DOI: https://doi.org/https://doi.org/10.36233/0372-9311-410 EDN: https://elibrary.ru/rnmhnb

Информация об авторах

Макарова Мария Александровна✉ — д-р мед. наук, доцент, в. н. с., зав. лаб. кишечных инфекций Санкт-Петербургского НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Санкт-Петербург, Россия; профессор каф. медицинской микробиологии Северо-Западного государственного медицинского университета им. И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия, makmaria@mail.ru, https://orcid.org/0000-0003-3600-2377

Бальдэ Раматулай — н. с. отдела бактериологии НИИ прикладной биологии Гвинеи, Киндия, Гвинея, balderamatoulaye025@gmail.com, https://orcid.org/0009-0005-7945-3807

Кафтырева Лидия Алексеевна — д-р мед. наук, зав. микробиологическим отделом Санкт-Петербургского НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Санкт-Петербург, Россия; профессор каф. медицинской микробиологии Северо-Западного государственного медицинского университета им. И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия, kaflidia@mail.ru, https://orcid.org/0000-0003-0989-1404

Матвеева Зоя Николаевна — канд. мед. наук, в. н. с. лаб. кишечных инфекций Санкт-Петербургского НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Санкт-Петербург, Россия, z_matveeva56@mail.ru, https://orcid.org/0000-0002-7173-2255

Жамборова Самида Хасанбиевна — м. н. с. лаб. кишечных инфекций Санкт-Петербургского НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Санкт-Петербург, Россия, zhamborova.m@mail.ru, https://orcid.org/0009-0009-9620-9784

Участие авторов: *Макарова М.А.* — методология и дизайн исследования, анализ полученных данных, проведение исследований, написание и редактирование рукописи; *Бальдэ Р.* — организация и проведение исследований, обработка материала, интерпретация и анализ полученных данных; *Кафтырева Л.А.* — методология и дизайн исследования, редактирование рукописи; *Матвеева З.Н.* — редактирование рукописи; *Жамборова С.Х.* — проведение исследования, интерпретация полученных данных. Все авторы подтверждают соответствие своего авторства критериям Международного комитета редакторов медицинских журналов, внесли существенный вклад в проведение поисково-аналитической работы и подготовку статьи, прочли и одобрили финальную версию до публикации.

Статья поступила в редакцию 08.06.2025;
принята к публикации 15.08.2025;
опубликована 28.08.2025

Information about the authors

Maria A. Makarova✉ — Dr. Sci. (Med.), Assistant Professor, senior researcher, Head, Laboratory of enteric infection, St. Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia; Professor, Department of medical microbiology, I.I. Mechnikov North-Western State Medical University, St. Petersburg, Russia, makmaria@mail.ru, https://orcid.org/0000-0003-3600-2377

Ramatoulay Balde — researcher, Department of bacteriology, Research Institute of Applied Biology of Guinea, Kindia, Republic of Guinea, balderamatoulaye025@gmail.com, https://orcid.org/0009-0005-7945-3807

Lidiya A. Kaftyreva — Dr. Sci. (Med.), Head, Microbiological department, St. Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia; Professor, Department of medical microbiology, I.I. Mechnikov North-Western State Medical University, St. Petersburg, Russia, kaflidia@mail.ru, https://orcid.org/0000-0003-0989-1404

Zoya N. Matveeva — Cand. Sci. (Med.), leading researcher, Laboratory of enteric infection, St. Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia, z_matveeva56@mail.ru, https://orcid.org/0000-0002-7173-2255

Samida Kh. Zhamborova — researcher, Laboratory of enteric infection, St. Pasteur Institute, St. Petersburg, Russia, zhamborova.m@mail, https://orcid.org/0009-0009-9620-9784

Authors' contribution: *Makarova M.A.* — methodology and design of research, analysis of the data obtained, conducting research, writing and editing the manuscript; *Balde R.* — organization and conduct of research, interpretation and analysis of the data obtained; *Kaftyreva L.A.* — methodology and design of research, editing the manuscript; *Matveeva Z.N.* — editing the manuscript; *Zhamborova S.H.* — conducting research, interpreting the data obtained. All authors confirm that they meet the International Committee of Medical Journal Editors criteria for authorship, made a substantial contribution to the conception of the article, acquisition, analysis, interpretation of data for the article, drafting and revising the article, final approval of the version to be published.

The article was submitted 08.06.2025;
accepted for publication 15.08.2025;
published 28.08.2025