

ОРИГИНАЛЬНЫЕ СТАТЬИ

© КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2016

*Н.А.Селянская, И.В.Архангельская, А.С.Водопьянов, С.О.Водопьянов,
В.Д.Кругликов, С.Ю.Водяницкая, Л.М.Веркина, Н.Б.Непомнящая*

ТИПИРОВАНИЕ ШТАММОВ *VIBRIO CHOLERAЕ* НЕ O1/НЕ O139, ИЗОЛИРОВАННЫХ В РОСТОВСКОЙ ОБЛАСТИ В 2014 ГОДУ

Ростовский-на-Дону противочумный институт

Цель. Сравнительное изучение антибиотикорезистентности и VNTR-типирование штаммов *Vibrio cholerae* не O1/не O139, выделенных на территории Ростовской области в 2014 г. *Материалы и методы.* Антибиотикограммы штаммов определяли методом серийных разведений в плотной питательной среде в соответствии с МУК 4.2.2495-09 (2009). Общепринятыми методами проводили фено-, серо-, VNTR-типирование. *Результаты.* Изученные штаммы принадлежали к виду *V.cholerae*, не агглютинировались сыворотками O1 и O139, являлись атоксигенными, гемолизположительными, не содержали генов холерного токсина и токсинорегулируемых пилей адгезии, содержали гены гемагглютинин/протеазы, протеазы PrtV, коллагеназы, цитотонического фактора Cef, белка наружной мембраны OmpW, tol- и vps-кластеров, регуляторные гены toxR и hapR. Антибиотикограммы штаммов показали наличие культур, устойчивых к ампициллину, цефтазидиму, фуразолидону, триметоприму/сульфаметоксазолу с промежуточной резистентностью к стрептомицину, канамицину, гентамицину, амикацину, нетилмицину. Около 20% изолятов обладали множественной лекарственной устойчивостью. Данные VNTR- и генотипирования подтвердили вероятность водного пути передачи инфекции. *Заключение.* Для своевременного выявления изменений генетических характеристик, антибиотикорезистентности необходимо проведение мониторинга свойств культур из объектов окружающей среды.

Журн. микробиол., 2016, № 1, С. 3—9

Ключевые слова: холерные вибрионы не O1/не O139 серогрупп, антибиотикорезистентность, VNTR-генотип

*N.A.Selyanskaya, I.V.Arkhangel'skaya, A.S.Vodopianov, S.O.Vodopianov,
V.D.Kruglikov, S.Yu.Vodyanitskaya, L.M.Verkina, N.B.Nepomnyaschaya*

TYPING OF *VIBRIO CHOLERAЕ* NON O1/NON O139 STRAINS, ISOLATED IN ROSTOV REGION IN 2014

Rostov-on-Don Institute for Plague Control, Russia

Aim. Comparative study of antibiotics resistance and VNTR-typing of *Vibrio cholerae* non O1/non O139 strains, isolated on the territory of Rostov region in 2014. *Materials and methods.* Antibiotograms of strains were determined by serial dilution method in dense nutrient medium according to MG 4.2.2495-09 (2009). Pheno-, sero- and VNTR-typing was carried out by conventional methods. *Results.* The studied strains belonged to *V. cholerae* species, did not agglutinate with O1 and O139 sera, were atoxigenic, hemolysis-positive, did not contain genes of cholera toxin and toxin-coregulating pili of adhesion, contained genes of hemagglutinin/tease, protease PrtV, collagenase, cytotonic factor Cef, outer membrane protein OmpW, tol- and vps-clusters, regulatory genes toxR and hapR. Antibiotograms of the strains have shown the presence of cultures, resistant to ampicillin, ceftazidime, furazolidone, trimethoprim/sulfamethoxazole with intermediate resistance to streptomycin, kanamycin, gentamycin, amikacin, netilmicin. Approximately 20% of isolates had multiple drug resistance. Data of VNTR- and geno-typing

confirmed a possibility of water transmission route of the infection. *Conclusion.* Execution of monitoring of cultures from environmental samples is necessary for timely detection of genetic characteristics, antibiotics resistance.

Zh. Mikrobiol. (Moscow), 2016, No. 1, P. 3—9

Key words: non O1/non O139 serogroup cholera vibrios, antibiotics resistance, VNTR-genotype

ВВЕДЕНИЕ

Заболевания, вызываемые холерными вибрионами не O1/не O139 серогрупп, регистрируются ежегодно как на различных территориях Российской Федерации, так и в других странах мира. Чаще всего это гастроэнтериты различной степени тяжести, реже заболевания с внекишечной локализацией у лиц с ослабленным иммунитетом. Больные с диагнозом «острые кишечные инфекции» выявляются, как правило среди лиц, проживающих на побережьях различных водоемов. На территории Ростовской области только в 2014 г. от госпитализированных больных с диагнозом «гастроэнтерит» было выделено 11 штаммов *Vibrio cholerae* не O1/не O139. Ранее нами было показано, что клинические штаммы *V. cholerae* не O1/не O139, выделенные в Ростовской области с 2000 по 2014 гг., лишены генов холерного токсина и имеют генетическую неоднородность. В то же время, представляется интересным сравнение этих штаммов с холерными вибрионами, изолированными из морской воды Азовского моря и балластных вод судов в это же время для выяснения родственных связей между ними, что возможно с помощью применения VNTR-генотипирования.

Настораживает факт появления в последнее время штаммов *V. cholerae* не O1/не O139, устойчивых к ряду антибиотиков, во многих странах. Так, среди клинических изолятов, выделенных в 1968 — 2009 гг. в России и за рубежом, выявлено расширение спектра антибиотикорезистентности штаммов *V. cholerae* не O1/не O139, присутствие у возбудителя одновременно до 5 различных маркеров резистентности и разнообразие их сочетаний [5]. В странах Юго-Восточной Азии среди штаммов холерных вибрионов, выделенных от госпитализированных больных в Калькутте (Индия) в 1989 — 1991 гг., ни один не обладал устойчивостью к налидиксовой кислоте [10], а среди *V. cholerae*, выделенных там же с 2002 по 2010 гг., резистентность к этому антибиотику уже составила 57,6% [6]. В Таиланде (1993 — 1995) 58% клинических штаммов холерных вибрионов были резистентны к тому или иному антибиотику, а 41% обладали множественной устойчивостью к 4 и более антибиотикам [7].

Целью настоящего исследования явилось сравнительное изучение антибиотикорезистентности и VNTR-типирование штаммов *V. cholerae* не O1/не O139, выделенных из различных объектов на территории Ростовской области в 2014 г.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В работе использованы штаммы *V. cholerae* не O1/не O139, изолированные в июле и августе 2014 г. Из них 11 — от больных, госпитализированных в инфекционное отделение г. Таганрог, 8 — из воды Таганрогского залива Азовского моря и 10 — из балластных вод судов. Антибиотикочувствительные штаммы *V. cholerae* O1 P-5879 $ctx^+tcpA^+toxR^+$ (1972 г., г. Таганрог) и *V. cholerae* не O1/не O139 P-9741 (KM 162) (ctx^-tcp^-) служили в качестве контроля.

Чувствительность/устойчивость штаммов холерных вибрионов к 11 антибактериальным препаратам изучали методом серийных разведений в плотной питательной среде (агар Мюллера-Хинтона, pH 7,5, HIMEDIA, Индия). Посевная доза взвесей 16 — 18-часовых агаровых культур составляла 10^6 м.к.

по отраслевому стандарту мутности ГИСК им. Л.А.Тарасевича (ОСО-42-25-59-86 П).

Интерпретацию результатов проводили в соответствии с [4].

Доверительные интервалы для частот и долей рассчитывали по методу Вальда с коррекцией по Агрести-Коуллу с вероятностью 95% [1].

Фенотипические свойства определяли общепринятыми методами. Серотипирование проводили с помощью набора сывороток к 80 серогруппам, полученных в Ростовском противочумном институте, VNTR-типирование — по [2] с использованием специфических праймеров.

РЕЗУЛЬТАТЫ

В 1960 — 1970-е годы в Ростовской области наблюдались вспышки острых кишечных инфекций (ОКИ), вызванные холерными вибрионами не O1/не O139 серогрупп, после чего в тех же районах периодически регистрировались спорадические заболевания. С 2000 по 2014 гг. в инфекционные отделения стационаров Ростовской области поступили 30 больных, зараженных *V.cholerae* не O1/не O139, из которых 11 были выявлены в 2014 году. Среди заболевших с 2000 г. преобладали дети от 1 до 9 лет — 63,4% (19 из 30), а в 2014 году их было 90,1% (10 из 11).

Для сравнения с 11 клиническими изолятами 2014 года были отобраны культуры холерных вибрионов не O1/не O139 серогрупп, выделенные при мониторинговых исследованиях на этой же территории в этот же промежуток времени.

По фенотипическим и генотипическим свойствам все изученные штаммы принадлежали к виду *V.cholerae*, но не агглютинировались сыворотками O1 и O139 в реакции слайд-агглютинации, являлись атоксигенными, гемолиз-позитивными и не содержали генов холерного токсина и токсинкорректируемых пилей адгезии. При серотипировании клинических штаммов серогруппа установлена у 5 (45,5%), выявлено по одному штамму O2 и O8 серогрупп и 3 штамма O39 серогруппы.

Для выяснения родственных связей между исследуемыми штаммами были проведены VNTR-анализ и ПЦР-типирование штаммов *V. cholerae* не O1/не O139, выделенных из балластных вод, воды Азовского моря и от больных (рис.).

Все штаммы содержали гены гемагглютинин/протеазы, протеазы PrtV, кол-



Дендрограмма, построенная на основе кластерного анализа распределения VNTR-штаммов *V. cholerae* не O1/не O139.

лагеназы, цитотонического фактора Cef, белка наружной мембраны OmpW, tol- и vps-кластеров (кодирующих факторы персистенции), регуляторные гены toxR и harR, структурные гены T6SS и не содержали генов холерного токсина, профага RS1, регулятора ToxT (входящего в состав VPI), термостабильного, шигаподобного токсинов, прямого термостабильного и родственного ему гемолизина, использованных в качестве мишеней гена острова патогенности VPI — ген токсинорегулируемых пилей tcrA классического типа, а также tagA, tor и acfB при отсутствии toxT и aldA. Остальные гены содержались в различных сочетаниях. Выявить коррелятивные связи между разными методами не удалось, однако данные VNTR- и гено-типирования подтверждают, что, несмотря на то, что основная масса водных изолятов отличалась от клинических, в то же время, в один кластер попали некоторые штаммы с разным источником выделения: по данным VNTR: 23 и 94; 96 и 11; 148 и 92, а по набору генов: 93; 94 с 3 и 11. Это еще раз свидетельствует о вероятном водном пути передачи инфекции и диктует необходимость дальнейшего мониторинга свойств культур из объектов окружающей среды для своевременного выявления изменений как генетических характеристик, так и антибиотикорезистентности.

Антибиотикограммы штаммов *V. cholerae* не O1/не O139, выделенных в Ростовской области в 2014 г., показали наличие культур, устойчивых к ампициллину (МПК=16,0 — 64,0 мг/л), цефтазидиму (МПК=8,0 мг/л), фуразолидону (МПК=16,0 мг/л), триметоприму/сульфаметоксазолу (МПК=64,0/320,0 мг/л), с промежуточной резистентностью к стрептомицину (МПК=32,0 мг/л), канамицину (МПК=32,0 мг/л), гентамицину (МПК=8,0 мг/л), амикацину (МПК=16,0 мг/л), при сохранении чувствительности к тетрациклинам (МПК=0,25 — 1,0 мг/л), левомицетину (МПК=0,5 — 1,0 мг/л), рифампицину (МПК=1,0 — 2,0 мг/л), налидиксовой кислоте (МПК=0,5 — 1,0 мг/л), нетилмицину (МПК=2,0 — 4,0 мг/л) и фторхинолонам (МПК=0,001 мг/л) (табл. 1).

Наибольшее количество холерных вибрионов проявляло устойчивость к ампициллину: 45,5 (21,2 — 72)% штаммов, выделенных от людей, и 57,9 (36,2 — 76,9)%,

Таблица 1. Антибиотикограммы штаммов *V.cholerae* не O1/не O139, выделенных в Ростовской области в 2014 г.

Антибактериальный препарат	Пограничные значения МПК, мг/л		Значения МПК для контрольных штаммов, мг/л		Диапазон значений МПК	
	S	R	P-9741	P-5879	От людей (11)	Из внешней среды (18)
Доксициклин	≤2,0	>8,0	0,25	0,25	0,25—0,5	0,25—0,5
Тетрациклин	≤4,0	>8,0	1,0	1,0	0,5—1,0	0,5—1,0
Левомецетин	≤4,0	≥16,0	2,0	2,0	0,5—1,0	0,5—1,0
Налидиксовая кислота	≤4,0	≥16,0	2,0	1,0	0,5—1,0	0,5—1,0
Ципрофлоксацин	<0,1	≥1,0	0,002	0,001	0,001	0,001
Стрептомицин	≤16,0	>32,0	4,0	2,0	4,0—16,0	8,0—32,0
Гентамицин	≤4,0	>8,0	2,0	0,5	2,0—8,0	2,0—8,0
Канамицин	≤16,0	>32,0	4,0	2,0	4,0—32,0	8,0—32,0
Амикацин	≤8,0	>16,0	4,0	2,0	2,0—16,0	4,0—16,0
Нетилмицин	≤4,0	>8,0	4,0	2,0	2,0—4,0	2,0—4,0
Ампициллин	≤4,0	≥16,0	4,0	2,0	4,0—16,0	4,0—64,0
Цефтазидим	<1,0	≥8,0	0,04	0,01	1,0—8,0	1,0—4,0
Рифампицин	≤4,0	≥16,0	2,0	1,0	1,0—4,0	1,0—2,0
Фуразолидон	≤4,0	≥16,0	2,0	2,0	2,0—16,0	2,0—16,0
Триметоприм/сульфаметоксазол	≤2,0/38,0	≥8,0/152,0	1,0/5,0	2,0/10,0	1,0/5,0—64,0/320,0	0,5/2,5—64,0/320,0

Примечание. S — чувствительный; R — устойчивый.

Таблица 2. Антибиотикорезистентные фенотипы штаммов *V.cholerae* не O1/не O139, выделенных в Ростовской области в 2014 г.

Объект выделения	Число маркеров устойчивости	Km	Ap	Gm	Am	Sm	Tmp/Smz	Fur	Cz	Число выявленных фенотипов	
										абс.	% (ДИ)
Люди	0	+	+	+	+	+	+	+	+	5	45,5 (21,2—72)
	2	—	+	+	+	+	—	+	+	1	9 (<0,01—39,9)
	2	+	—	+	—	+	+	+	+	1	9 (<0,01—39,9)
	2	+	—	+	+	+	+	—	+	1	9 (<0,01—39,9)
	3	+	—	—	—	+	+	+	+	1	9 (<0,01—39,9)
	3	+	—	+	—	+	+	+	—	2	18,2 (4—48,9)
Внешняя среда	0	+	+	+	+	+	+	+	+	5	26,3 (11,5—49,1)
	1	+	—	+	+	+	+	+	+	4	21 (7,9—43,9)
	1	+	+	+	+	+	—	+	+	4	21 (7,9—43,9)
	2	+	—	+	+	+	—	+	+	1	5,2 (<0,01—26,5)
	2	+	—	+	+	+	+	—	+	1	5,2 (<0,01—26,5)
	3	—	—	+	+	+	+	—	+	1	5,2 (<0,01—26,5)
	3	+	—	+	+	+	—	—	+	1	5,2 (<0,01—26,5)
	4	—	—	—	—	+	+	+	+	1	5,2 (<0,01—26,5)
	5	—	—	—	—	—	+	+	+	1	5,2 (<0,01—26,5)

Примечание. Km — канамицин, Tmp/Smz — триметоприм/сульфаметоксазол, Ap — ампициллин, Am — амикацин, Fur — фуразолидон, Gm — гентамицин, Cz — цефтазидим, Sm — стрептомицин; + чувствительность, — устойчивость к антибактериальным препаратам; ДИ — доверительный интервал.

выделенных из объектов окружающей среды. К представителям аминогликозидов (амикацину, канамицину, гентамицину, стрептомицину) оказалось устойчиво до 31,6 (15,2 — 54,2) % культур, выделенных от людей, и до 10,5 (1,7 — 32,6)%, выделенных из объектов окружающей среды. Среди *V.cholerae* не O1/не O139, выделенных от людей, 9 (<0,01 — 39,9)% имели устойчивость к триметоприму/сульфаметоксазолу (МПК=16,0/80,0 мг/л) и фуразолидону, 18,2 (4 — 48,9)% — к цефтазидиму. Устойчивость к этим препаратам у культур, выделенных из объектов внешней среды, составляла соответственно 31,6 (15,2 — 54,2)%, 15,8 (4,7 — 38,4)% и 0%. Таким образом, из объектов внешней среды чаще выделялись штаммы, устойчивые к ампициллину, триметоприму/сульфаметоксазолу, фуразолидону.

Фенотипы антибиотикорезистентности и распределение штаммов по количеству маркеров устойчивости отражены в табл. 2.

Так, менее половины штаммов, выделенных от людей, и всего 26,3% штаммов из объектов окружающей среды оказались чувствительными к взятым в исследование антибактериальным препаратам. При этом около 27% клинических изолятов были устойчивы к двум антибактериальным препаратам и столько же обладали множественной лекарственной устойчивостью.

Антибиотикорезистентный фенотип холерных вибрионов, выделенных из объектов окружающей среды, был более разнообразен и включал одновременно до 5 маркеров (5,2%), а число штаммов с множественной устойчивостью к антибактериальным препаратам составило 20,8%.

ОБСУЖДЕНИЕ

Результаты проведенных исследований свидетельствуют о чрезвычайном разнообразии биологических свойств холерных вибрионов как изолированных от людей, так и из водных объектов окружающей среды. Генетическая неоднородность популяции вибрионов не O1/не O139 серогрупп, циркулирующих на одной территории, свидетельствует, с одной стороны, о наличии огромного числа клонов микроорганизмов с разным набором генетической информации, а с другой сто-

роны, о высокой скорости изменчивости вибрионов. Разнообразие генетических характеристик, пластичность генома, присутствие важнейших факторов вирулентности в различных штаммах *V. cholerae* не O1/не O139 позволили некоторым исследователям сделать вывод о том, что холерные вибрионы являются резервуаром генов вирулентности во внешней среде [9] и существует реальная возможность появления новых серогрупп этих возбудителей, способных вызывать тяжелую диарею [11]. Так, В.Ж. Halty et al. [8], изучив токсигенные штаммы *V. cholerae* O75 и O141 серогрупп, выделенные от больных в США в 2010 — 2011 гг. и ранее, сделали предположение о существовании некой неизученной ветви штаммов, вызывающих холеру с высоким уровнем заболеваемости.

При сравнительном анализе полученных данных нами не было выявлено существенных коррелятивных связей между серогрупповой принадлежностью *V. cholerae* не O1/не O139, VNTR- и ПЦР-генотипами. У одних штаммов наблюдался больший, у других — меньший набор генов факторов патогенности. Тем не менее, даже содержащие минимальный набор генов штаммы оказались способными вызвать заболевания. На сегодняшний день у холерных вибрионов выявлен целый ряд токсических субстанций, и полидетерминантный характер патогенности вида *Vibrio cholerae* уже не вызывает сомнений [3].

Продолжающаяся на протяжении нескольких десятилетий регистрация ОКИ, вызванных вибрионами не O1/не O139 серогрупп, и постоянное выделение их из объектов окружающей среды позволяют сделать вывод о том, что на территории Ростовской области сложились благоприятные условия, способствующие циркуляции возбудителя и (в определенных случаях) проявлению им патогенных свойств.

Выявление среди штаммов, выделенных в Ростовской области в 2014 гг., множественной антибиотикоустойчивости говорит о необходимости постоянного контроля изменений их чувствительности/устойчивости к антибактериальным препаратам. С одной стороны, основой выбора средств этиотропной терапии должна быть антибиотикограмма (резистограмма) выделенного от больного возбудителя с учетом клинических проявлений инфекции (кишечная или внекишечная локализация возбудителя). С другой стороны, результаты антибиотикочувствительности штаммов, циркулирующих в водных объектах окружающей среды на определенной территории, должны быть учтены при рекомендации основных и дополнительных антибактериальных препаратов для лечения заболеваний, вызываемых *V.cholerae* не O1/не O139.

ЛИТЕРАТУРА

1. Гржибовский А.М. Доверительные интервалы для частот и долей. Экология человека. 2008, 5: 57-60.
2. Водопьянов А.С., Водопьянов С.О., Сучков И.Ю., Мишанькин Б.Н. Свидетельство о государственной регистрации базы данных № 2007620389. Холера. Штаммы-VNTR. 2007.
3. Монахова Е.В. Стратегия вирулентности холерных вибрионов и пути ее реализации (обзор). Проблемы особо опасных инфекций. 2013, 4: 60-68.
4. Определение чувствительности возбудителей опасных бактериальных инфекций (чума, сибирская язва, холера, туляремия, бруцеллез, сап, мелиоидоз) к антибактериальным препаратам. Метод.указ. МУ 4.2.2495-09. М., 2009.
5. Селянская Н.А., Рыжко И.В., Веркина Л.М., Тришина А.В., Миронова А.В., Акулова М.В. Антибиотикограммы штаммов *Vibrio cholerae* не O1/O139, выделенных от людей в 1968-2009 гг. Антибиотики и химиотерапия. 2011, 1-2: 18-21.
6. Dalsgaard A., Forslund A., Boddhidatta L. et al. A high proportion of *Vibrio cholerae* strains isolated from children with diarrhoea in Bangkok, Thailand are multiple antibiotic resistant and belong to heterogenous не-O1, не-O139 O-serotypes. Epidemiol. Infect. 1999, 122: 217-226.

7. Dutta D. , Chowdhury G., Pazhani G. P. et al. Vibrio cholerae не-O1, не-O139 serogroups and cholera-like diarrhea, Calcutta, India. *Emerg. Infect. Dis.* 2013, 19: 464-467.
8. Halty B.J., Choi S.Y., Grim C.J. et al. Genomic and phenotypic characterization of V. cholerae не-O1 isolates from a US Gulf Coast cholera outbreak. *PLoS One.* 2014, 9 (4): 86264.
9. Jagadeeshan S., Kumar P., Ambraham W.P., Thomas S. Multiresistant Vibrio cholerae не O1/не O139 from waters in South India: resistance patterns and virulence-associated gene profiles. *J. Basic Microbiol.* 2009, 49 (6): 538-544.
10. Ramamurthy T., Bag P.K., Pal A. et al. Virulence patterns of Vibrio cholerae не-O1 strains isolated from hospitalised patients with acute diarrhea in Calcutta, India. *J. Med. Microbiol.* 1993, 39 (4): 310-317.
11. Tobin-D'Angelo M., Smith A.R., Bulens S. et al. Severe diarrhea caused by cholera toxin-producing Vibrio cholerae serogroup O75 infections acquired in the Southeastern United States. *Clin. Infect. Dis.* 2008, 47 (8): 1035-1040.

Поступила 12.05.15

Контактная информация: Селянская Надежда Александровна, к.м.н.,
344002, Ростов-на-Дону, ул. М.Горького, 117/40, р.т. (863)234-23-11

© КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2016

*Е.Д.Савилов^{1,2}, С.И.Малов³, И.В.Малов³, D.Gantulga⁵, И.А.Мирошниченко⁴,
N.Erdenebayar⁶, Л.С.Орлова³, P.Nyamadawa⁷, B.Dulguun³*

ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЕ ПРОЯВЛЕНИЯ ВИРУСНОГО ГЕПАТИТА С У ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ ЕВРОПЕОИДНОЙ И МОНГОЛОИДНОЙ РАС

¹НЦ проблем здоровья семьи и репродукции человека, ²Иркутская государственная медицинская академия последипломного образования; ³Государственный медицинский университет; ⁴Областной клинический консультативно-диагностический центр, Иркутск; ⁵National Centre Communicable Diseases, ⁶National Centre for Transfusion Medicine, ⁷Mongolian Academy of Medical Sciences, Ulaanbaatar, Mongolia

Цель. Дать сравнительную эпидемиологическую характеристику вирусного гепатита С в Монголии и Иркутской области с учетом расовой принадлежности населения в изучаемых популяциях. *Материалы и методы.* Исследования проводились с 2009 по 2014 гг. на территории Иркутской области и Монголии. Изучена распространенность вирусного гепатита С на основании серологического мониторинга, выявления РНК вируса, факторов риска, изменения структуры циркулирующих генотипов, заболеваемость гепатоцеллюлярной карциномой. *Результаты.* Эпидемиологические проявления вирусного гепатита С в Монголии, в отличие от Иркутской области, характеризуются более широкой распространенностью заболевания, преобладанием доли серопозитивных лиц в возрастной категории старше 50 лет и преобладанием в циркуляции 1 генотипа вируса. В течение последних лет произошла эволюция разнообразия циркулирующих генотипов вируса в сторону уменьшения доли 1 генотипа в Монголии и в России за счет увеличения доли 3 генотипа. Выявлены выраженные различия в среднемноголетних значениях заболеваемости гепатоцеллюлярной карциномой, которые более чем в 10 раз были выше среди монголоидов по сравнению с европеоидами. *Заключение.* Выявлены выраженные различия в проявлениях эпидемического процесса вирусного гепатита С в Монголии и азиатской части России, представленной Восточной Сибирью, которые связаны с этническими, социальными и культурными условиями проживания коренного населения.

Журн. микробиол., 2016, № 1, С. 9—17

Ключевые слова: гепатит С, гепатоцеллюлярная карцинома, европеоиды, монголоиды