

4. Заднова С.П., Челдышова Н.Б., Крицкий А.А., Адамов А.К., Девдариани З.Л., Кутырев В.В. Сравнительный анализ метаболизма глюкозы в штаммах *Vibrio cholerae* биовара Эль Тор. Молекул. генетика, микробиол. и вирусол. 2017, 2:64-69.
5. Ленгелер Й., Дреус Г., Шлегель Г. Современная микробиология: Прокариоты. М., Мир, 2005.
6. Смирнова Н.И., Агафонов Д.А., Кулышань Т.А., Краснов Я.М., Кутырев В.В. Микроэволюция возбудителя холеры в современный период. Вестник Российской академии медицинских наук. 2014,7-8:46-53.
7. Freter R., O'Brien P.C., Maccsai M.S. Role of chemotaxis in the association of motile bacteria with intestinal mucosa: in vivo studies. Infect. Immun. 1981, 34(1):234-240.
8. Livak K.J., Schmittgen T.D. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ method. Methods. 2001, 25(4):402-408.
9. Nair G.B., Faruque S.M., Bhuiyan N.A. et al. New variants of *Vibrio cholerae* O1 biotype El Tor with attributes of the classical biotype from hospitalized patients with acute diarrhea in Bangladesh. J. Clin. Microbiol. 2002, 40(9):3296-3299.
10. Pradhan S., Mallick S.K., Chowdhury R. *Vibrio cholerae* classical biotype is converted to the viable non-culturable state when cultured with the El Tor biotype. PLOS ONE. 2013, 8: e53504.
11. Reimer A.R., Domselaar G.V., Stroika S. et al. Comparative Genomics of *Vibrio cholerae* from Haiti, Asia, and Africa Emerg. Infect. Dis. 2011, 17(11): 2113-2121.
12. Son M.S., Megli C.J., Kovacicova G. et al. Characterization of *Vibrio cholerae* O1 El Tor biotype variant clinical isolates from Bangladesh and Haiti, including a molecular genetic analysis of virulence genes. Infect. Immun. 2011, 49:3739-49.
13. Yildiz F.H., Schoolnik G.K. Role of *rpoS* in stress survival and virulence of *Vibrio cholerae*. J. Bacteriol. 1998, 180:773-784.

Поступила 15.07.18

Контактная информация: Заднова Светлана Петровна, д.б.н.,
410005, Саратов, Университетская, 46, р.т. (8452)26-47-23

© КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2019

В.Г.Акимкин¹, А.В.Горелов¹, А.Т.Подколзин¹, Н.Б.Денисюк²

ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЙ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ РОТАВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИИ В ОРЕНБУРГСКОМ РЕГИОНЕ В ПРЕДВАКЦИНАЛЬНЫЙ ПЕРИОД

¹Центральный НИИ эпидемиологии, Москва; ²Оренбургский государственный медицинский университет

Цель. Провести анализ эпидемиологической ситуации по ротавирусной инфекции в Оренбургской области с учетом проявлений эпидемического процесса и молекулярно-генетических характеристик ротавирусов группы А. *Материалы и методы.* Представлены результаты эпидемиологического и молекулярно генетического мониторинга ротавирусной инфекции в период 2013-2017гг. Молекулярно-генетическое типирование проведено на 232 образцах фекалий пациентов возраста до 3 лет с клиникой РВИ. Использовались методы ретроспективного эпидемиологического анализа, ИФА, ПЦР. *Результаты.* Показатели заболеваемости РВИ — высокие и имели тенденцию к росту. Наиболее поражаемым контингентом были дети возраста до 14 лет. Генетический потенциал популяции ротавирусов в регионе представлен десятью основными генотипами. Ведущее значение в эпидемическом процессе имели генотипы с наиболее высокой частотой встречаемости: G4[P]8 (56,9%), G9[P]8 (12,9%), Mixt (8,6%), G2[P]4 (7,7%), G1[P]8 (6,5%). *Заключение.* Выявлен значительный рост заболеваемости РВИ среди детского населения. Определены доминирующие генотипы ротавирусов, показано их региональное многообразие и смена в течение нескольких сезонов.

Журн. микробиол., 2019, № 2, С. 30—36

Ключевые слова: генотипы, дети, заболеваемость, ротавирусная инфекция

EPIDEMIOLOGICAL AND MOLECULAR-GENETIC MONITORING OF ROTAVIRUS INFECTION IN THE ORENBURG REGION IN THE PERIOD PREDICTIVELY

¹Central Research Institute of Epidemiology, Moscow; ²Orenburg State Medical University, Russia

Aim. To analyze the epidemiological situation of rotavirus infection in the Orenburg region, taking into account the manifestations of the epidemic process and the molecular genetic characteristics of rotavirus group. *Materials and methods.* We presented the results of epidemiological and molecular genetic monitoring of rotavirus infection in the period 2013-2017. Molecular genetic typing was performed in 232 fecal samples of patients under 3 years of age with rotavirus infection. Were used methods of retrospective epidemiological analysis, ELISA, PCR. *Results.* The incidence of high tear and had a tendency to increase. The most affected were children under 14 years of age. The genetic potential of the rotavirus population in the region was represented by ten main genotypes. The leading significance in the epidemic process were genotypes with the highest frequency of occurrence: G4[P]8 (56,9%), G9[P]8 (12,9%), Mixt (8,6%), G2[P]4 (7,7%), G1[P]8 (6,5%). *Conclusion.* Were revealed a significant increase in the incidence of rotavirus infection among children. Were revealed the dominant genotypes of rotaviruses, their regional diversity and change during several seasons.

Zh. Mikrobiol. (Moscow), 2019, No. 2, P. 30—36

Key words: genotypes, children, morbidity, rotavirus infection

ВВЕДЕНИЕ

Актуальность проблемы острых кишечных инфекций (ОКИ) у детей обусловлена устойчивым сохранением ведущих мест в структуре детской заболеваемости и смертности. Диарейные заболевания занимают второе место в структуре смертности от инфекций детей младше 5 лет по всему миру. В 2011 году инфекционная диарея стала причиной 9,9% из 6,9 млн смертей в этой возрастной группе, причем более 70% умерших были младше 2 лет. По данным экспертов ВОЗ, среди 1-1,2 млрд диарейных заболеваний, регистрируемых ежегодно, от 49-67% приходится на вирусные инфекции. Выбор мер, необходимых для эффективного снижения заболеваемости и контроля за распространением вирусных диарей, является одной из важнейших проблем, стоящих перед системой здравоохранения как в развивающихся, так и в развитых странах [7, 12].

В настоящее время ротавирусы рассматривают как основной этиологический фактор ОКИ вирусного происхождения, особенно у детей возраста до 5 лет. Ежегодно во всем мире отмечается более 110 млн случаев ротавирусного гастроэнтерита, при этом лишь 25 млн заболевших обращаются за медицинской помощью, из них 2 млн детей госпитализируются в стационар. Количество летальных исходов в последние годы при ротавирусной инфекции достигает 352-611 тыс. случаев, из которых более 80% регистрируется в странах Азии и Африки [8]. На сегодняшний день ротавирусная инфекция (РВИ) самая массовая кишечная инфекция практически на всех территориях Земного Шара и является глобальной актуальной проблемой [12].

В Российской Федерации этиологическое подтверждение находит ротавирусный гастроэнтерит, частота которого, по данным отечественных авторов, в структуре ОКИ колеблется от 7 до 35%, а среди детей в возрасте до 3 лет превышает 60% [6]. Нозокомиальной инфекцией можно считать 20-50% случаев вирусного гастроэнтерита в детских соматических стационарах и родильных домах, при этом самые жесткие противоэпидемические мероприятия особо не улучшают ситуацию. Внутрибольничному инфицированию способствуют холодный сезон, длительное пребывание детей в стационаре и скученность в палатах [4,5]. Ротавирусная инфекция является серьезным экономическим бременем для системы здравоохранения.

Для создания поливалентной вакцины и оценки уже разработанных вакцин необходимо проведение мониторинга за циркуляцией ротавирусов различных геноти-

пов, распространенных на определенной территории. Более 95% случаев РВИ в мире вызываются пятью основными серотипами: G1[P]8, G2[P]4, G3[P]8, G4[P]8 и G9[P]8. В регионах РФ циркулируют различные генотипы ротавирусов группы А, но наиболее часто встречаются G1[P]8 и G4[P]8. Многочисленные исследования показали существование географических различий в распространенности различных генотипов ротавирусов [6, 9]. Установлен факт их временного перераспределения, зафиксировано появление большого количества нетипируемых штаммов, и постоянно сообщается о находках новых, эпидемически значимых вариантов ротавирусов [1,2].

Таким образом, в условиях планирования вакцинации от ротавирусной инфекции на регулярной основе приоритетным направлением повышения эффективности эпидемиологического надзора за ротавирусной инфекцией следует рассматривать совершенствование подходов к организации и проведению молекулярно-генетического типирования циркулирующих генотипов в отдельно взятом регионе.

Цель исследования: проанализировать эпидемиологическую ситуацию по ротавирусной инфекции в Оренбургской области в предвакцинальный период с учетом проявлений эпидемического процесса и молекулярно-генетических характеристик ротавирусов группы А.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Проанализированы данные материалов официальной статистики, представленные в документах государственного статистического учета заболеваемости по всем случаям РВИ за 2007-2016 гг. Использованы описательно-оценочные методы, методы ретроспективного эпидемиологического анализа. Сезонность РВИ оценивалась на основании помесячного распределения пациентов в период наблюдения 2007-2016 гг. Для прогнозирования заболеваемости РВИ использовалась методика экстраполяции. Генетическая структура ротавирусов представлена в 232 образцах фекалий от пациентов возраста до 3 лет с клиникой РВИ, проходивших стационарное лечение в Оренбургской областной клинической инфекционной больнице в период 2013-2017 гг. Молекулярно-генетические исследования с применением наборов реагентов и лабораторных методик на основе ПЦР проводились в лаборатории отдела молекулярной диагностики ЦНИИ эпидемиологии. Статистическую обработку полученных данных проводили методами вариационной статистики.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

За последние десять лет показатели заболеваемости ОКИ в Оренбургской области — высокие и имели тенденцию к росту (рис.1). Структура заболеваемости населения ОКИ на территории области за период 2007-2016 гг. характеризовалась снижением удельного веса доли кишечных инфекций неустановленной

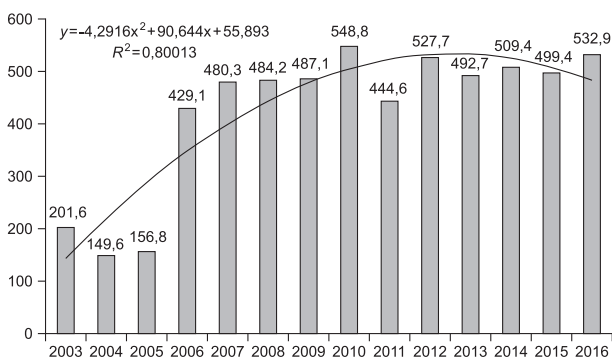


Рис. 1. Динамика уровня заболеваемости ОКИ у населения Оренбургской области в 2003-2016 гг. (на 100 тыс. населения).

etiологии. На фоне внедрения новых лабораторных методик и увеличения охвата населения лабораторным обследованием доля вирусных диарей в структуре ОКИ установленной этиологии увеличилась к концу периода наблюдения до 48,9%, определив ведущее значение ротавирусных гастроэнтеритов.

Многолетняя динамика уровня заболеваемости РВИ населения Оренбургской области показала значительный рост показателей с 2007 года (в 26,8 раза, с 2,7 на 100 тыс. населения в 2007 г. до 74,9

на 100 тыс. населения в 2016 г.), при этом более чем в 2 раза рост показателя заболеваемости РВИ произошел за последние 4 года ($p < 0,001$) (рис.2). Прогнозируемый рост показателя заболеваемости РВИ по Оренбургской области на ближайшие 5 лет с использованием метода экстраполяции составил как минимум в 2 раза. Во внутригодовой динамике заболеваемости РВИ была выявлена зимне-весенняя сезонность, отмечена одна сезонная волна заболеваемости с максимально выраженными пиковыми месячными значениями в феврале, марте.

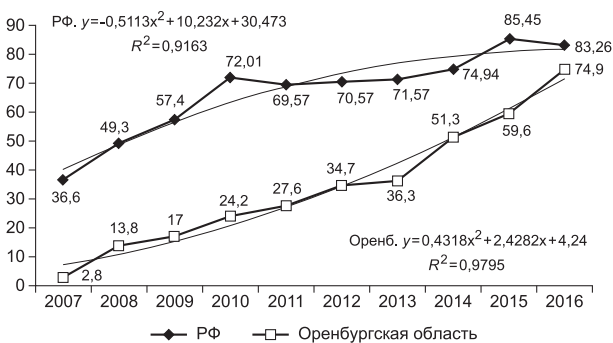


Рис. 2. Динамика уровня заболеваемости РВИ у населения Оренбургской области в 2007-2016 гг. в сравнении с показателями заболеваемости по РФ (на 100 тыс. населения).

Наиболее поражаемым контингентом были дети до 14 лет, составляющие 98% от общего числа зарегистрированных случаев, при этом определяли возрастную структуру дети возраста до двух лет. Эпидемический процесс РВИ на территории Оренбургской области определялся спорадической заболеваемостью. Официальные данные по вспышечной заболеваемости с участием ротавирусов представлены в Государственных докладах по Оренбургской области, начиная с 2015 года. По итогам двух лет (2015-2016 гг.) ротавирусы группы А в 11-19% случаев являлись причиной вспышечной заболеваемости, занимали третье ранговое место в структуре вспышечной заболеваемости (уступая норовирусам и энтеровирусам), что указывает на высокую эпидемиологическую значимость ротавирусов в реализации вспышечной заболеваемости в Оренбургской области, как и в целом по РФ. Вспышечная заболеваемость РВИ регистрировалась преимущественно у детей в организованных коллективах с высокой долей детей (92,3% в 2015 году и 100% в 2016 году), с фекально-оральным механизмом передачи (с реализацией контактно-бытового и пищевого путей), что определяло комплекс необходимых противоэпидемических мероприятий (О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Оренбургской области в 2016 году. Государственный доклад).

Была определена общая генетическая структура популяции ротавирусов группы А, выраженная частотами аллелей G/P, были установлены основные и доминирующие генотипы ротавирусов, их межсезонные колебания. Генетический потенциал ротавирусов за весь период исследования был представлен десятью основными вариантами генотипов по G/P аллелям: G4[P]8, G3[P]8, G3[P]9, G2[P]4, G1[P]8, G9[P]8, G12[P]8, Mixt, ведущее значение в эпидемическом процессе имели генотипы с наиболее высокой частотой встречаемости: G4[P]8 (56,9%), G9[P]8 (12,9%), Mixt (8,6%), G2[P]4 (7,7%), G1[P]8 (6,5%) (табл.).

Частота выявления различных генотипов ротавирусов группы А на территории Оренбургской области в разные эпидемические сезоны

Генотипы	Эпидемический сезон (гг.)									
	2013-2014 n=69		2014-2015 n=57		2015-2016 n=54		2016-2017 n=52		Всего n=232	
	абс.	%	абс.	%	абс.	%	абс.	%	абс.	%
G4[P]8	41	59,4**	48	84,3**	29	53,7*	14	26,9	132	56,9
G3[P]8	11	15,9	1	1,7	0	0	1	1,9	13	5,6
Mixt	8	11,6	1	1,7	11	20,4	0	0	20	8,6
G2[P]4	7	10,1	0	0	6	11,1	5	9,6	18	7,7
G1[P]8	1	1,5	7	12,3	4	7,5	3	5,8	15	6,5
G3[P]9	1	1,5	0	0	1	1,8	0	0	2	0,9
G9[P]8	0	0	0	0	1	1,8	29	55,8*	30	12,9
G12[P]8	0	0	0	0	2	3,7	0	0	2	0,9

Примечание. * $p < 0,05$, χ^2 ; ** $p < 0,001$, χ^2 .

Генотип G4[P]8 стабильно и достоверно чаще ($p < 0,001$, χ^2) других генотипов доминировал в трех эпидемических сезонах 2014–2016 гг., в сезон 2016–2017 гг. произошла смена доминирующего G4[P]8 генотипа на G9[P]8 генотип. Генотип G9[P]8 отсутствовал в двух сезонах начала исследования (сезон 2013–2014 гг., сезон 2014–2015 гг.), определялся в единичных случаях в сезоне 2015–2016 гг. и занимал лидирующую позицию в сезон 2016–2017 гг. с достоверным отличием от генотипов G4[P]8, G2[P]4 ($p = 0,006$; $p < 0,001$, χ^2), переместив на вторую позицию генотип G4[P]8 и подтверждая теорию сезонной смены и изменчивости генотипов. Штаммы генотипов Mixt (8,6%), G2[P]4 (7,7%), G1[P]8 (6,5%) присутствовали в популяции эпизодически с неустойчивыми показателями в течение всех сезонов. Генотипы G3[P]9 (0,9%), G12[P]8 (0,9%) регистрировались в популяции в единичных случаях, что позволило отнести их к числу редких, не оказывающих заметного влияния на генофонд популяции ротавирусов в регионе в целом.

Полученные данные по циркуляции ротавирусов подтвердили их неоднородность и сравнимы с данными мониторинга за циркуляцией ротавирусов группы А в РФ в указанные эпидемические сезоны. Отмечалась выраженная географическая неоднородность в распределении различных генотипов ротавирусов в пределах каждого сезона, при которой генотип, имеющий максимальную распространенность в целом по стране, оказывался минорным на отдельных территориях [1, 3]. В 2016 году сохранялось превалирование G4[P]8 генотипа, отмечена тенденция к снижению частоты выявления G3[P]8 и увеличению G9[P]8 генотипов (Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2016 году»). По данным Европейской сети надзора за ротавирусами, в период 2011–2014 гг. в 14 странах Евросоюза, на территории которых проводился мониторинг антигенных типов ротавирусов, отмечалось доминирование G1[P]8 генотипа, составляющего 40–42% от всех выявленных изолятов. На территории Китая в 2012–2013 гг. отмечалось превалирование генотипа G9[P]8, в более ранние периоды превалировал G3[P]8 генотип. Таким образом, генотип G4[P]8 не являлся превалирующим ни для стран Евросоюза, ни для восточных соседей Российской Федерации [9].

Были определены частотные характеристики G/P аллелей в популяции ротавирусов в регионе. По выявляемым вариантам на протяжении всего периода исследования по аллели G наибольшую распространенность достоверно чаще имела аллель G4 ($p < 0,001$, χ^2). Имели стабильный уровень, но несколько меньшую распространенность аллели G1 и G2. Аллель G3 лишь в начале исследования (сезон 2013–2014 гг.) имела достаточно высокую частоту встречаемости, принимая единичные случаи в конечном периоде исследования. Аллель G9 показала высокую активность в конечном периоде исследования (сезон 2016–2017 гг.), достоверно чаще других аллелей этого сезона ($p = 0,005$, χ^2), в остальные периоды аллели G3 и G9 имели в популяции низкую частоту встречаемости с нестабильными позициями, периодически сменяя друг друга и снижая свою численность вплоть до полного отсутствия. По аллели [P] доминирующие позиции за весь период исследования имела аллель [P]8 с достоверными отличиями по сравнению с другими аллелями ($p < 0,001$, χ^2), аллель [P]4 имела незначительные колебания по частоте встречаемости в разные сезоны, но занимала постоянные позиции с более низким уровнем. Аллель [P]9 за весь период наблюдений была выявлена однократно в двух разных сезонах, что позволило отнести данный вариант в число редко встречаемых, не оказывающих заметного влияния на генофонд популяции ротавирусов в регионе в целом.

В представленных для исследования образцах была получена высокая частота сочетанного выявления одновременно различных генотипов ротавирусов (20 образцов), которые составили группу сочетанных (Mixt) форм. Частота выявления сочетанных форм различных генотипов (ротавирус-ротавирусных) также варьировала в разные эпидемические сезоны. Так, в сезон 2013–2014 гг. на долю генотипа G4,3[P]8 приходилось 62,5%, при этом в следующем эпидемическом сезоне 2014–2015 гг. указанный генотип утратил свое эпидемиологическое значение и не циркулировал,

а выявился лишь один случай РВИ вызванной генотипом G2,3[P]8, не циркулировавшего в предыдущем сезоне и не имеющего эпидемиологического значения в популяции ротавирусов в целом. В сезоне 2015-2016 гг. у 54,5% детей выявляли РВИ вызванную генотипом G4,1[P]8, данный генотип не циркулировал в двух предыдущих эпидемических сезонах и утратил свое значение уже в следующем сезоне 2016-2017 гг. На протяжении всего периода исследования по аллели G наибольшую распространенность имели аллели G4(80%) и G3(45%) при одинаковой и достаточно высокой (в 30%) доле аллелей G1 и G2 и очень низкой доле аллели G9 (5,0%). По аллели [P] доминирующие позиции за период исследования имела аллель [P]8 с частотой встречаемости 100%, на долю аллели [P]4 приходилось 25%. Сочетанные формы различных генотипов в образцах регистрировались в течение трех эпидемических сезонов, кроме сезона 2016-2017 гг. с достаточно высокой частотой 11,6% в сезоне 2013-2014 гг. и очень высокой частотой 20,4% в сезон 2015-2016 гг. На протяжении всего периода исследования эпидемиологическое значение имели генотипы G4,3[P]8 и G4,1[P]8, сменяя друг друга в разные сезоны. Средний показатель частоты выявления сочетанных форм различных генотипов за весь период исследования по региону составил 8,6% (20 образцов из 232), что значительно превысило аналогичный показатель по РФ (4,4%).

В исследованиях последних лет по РФ частота выявления в образцах сочетанных форм различных генотипов ротавирусов для периода 2011-2015 гг. составила 4,4%. В период 2006-2013 гг. для стран Евросоюза данный показатель суммарно составил 7%. Для таких стран как США, Япония, ряда стран Европы, характеризующихся относительно умеренной активностью циркуляции ротавирусов среди детей младших возрастных групп, доля случаев сочетанного выявления в образцах нескольких генотипов ротавирусов колеблется в пределах 1-6%, на территориях с высокой активностью циркуляции ротавирусов в популяции она может достигать 10-18%. По заключению ряда исследователей, высокая частота сочетанного выявления в образцах различных генотипов ротавирусов группы А создает условия для реализации рекомбинационной и реассортационной изменчивости и может служить потенциальным критерием активности их эволюции на определенной территории [6, 9, 11].

Таким образом, с учетом высокой частоты выявления сочетанных форм можно сформулировать эпидемиологический прогноз для региона: в условиях отсутствия вакцинации на территории региона в течение нескольких лет высокие изменчивость и скорость накопления мутаций могут привести к появлению новых генетических комбинаций ротавирусов, вызывающих нетипичные, возможно, более тяжелые формы заболеваний. Научные данные подтверждают, что такие события могут сопровождаться периодическим появлением мутантных генотипов штаммов, несущих в себе риск эволюционного скачка, что делает вероятной угрозу возникновения штаммов, способных вызвать пандемии [10]. Территориальная близость Казахстана и Средней Азии, открытость границ и высокий уровень строительной миграции населения (особенно в летний период) являясь неблагоприятными факторами для накопления мутантных генотипов в условиях региона. Усиливают роль неблагоприятных факторов отсутствие лабораторной диагностики РВИ в приграничных районах Оренбургской области (Акбулакском, Первомайском, Светлинском, Соль-Илецком, Ташлинском) и характерный для региона умеренный климатический пояс. В сложившейся ситуации эпидемиологический и молекулярно-генетический мониторинг за циркуляцией ротавирусов на территории Оренбургского региона позволит не только правильно оценить проявления эпидемического процесса РВИ, но и своевременно принять решения по разработке и организации противоэпидемических мероприятий.

ЛИТЕРАТУРА

1. Духовлинов И.В., Богомолова Е.Г., Федорова Е.А., Симбирцев А.С. Генетические и антигенные варианты ротавируса человека, циркулирующие на Европейской территории России. Инфекция и иммунитет. 2014, 4(3):229-234.

2. Жираковская, Е.В., Аксанова Р.Х., Горбунова М.Г. и др. Генетическое разнообразие изолятов ротавирусов группы А, выявленных в Западной Сибири в 2007-2011 гг. Молекулярная генетика, микробиология и вирусология. 2012, 4:33-41.
3. Зайцева Е.В., Ольнева Т.А., Кулешов К.В., Подколзин А.Т., Шипулин Г.А. и др. Результаты мониторинга антигенных типов ротавирусов гр.А на территории Российской Федерации в период 2011-2015 гг. Клиническая лабораторная диагностика. 2016, 61(7) 445-448.
4. Кригер Е.А., Самодова О.В., Назаренко С.Ю. Внутрибольничная ротавирусная инфекция у детей. Инфекционные болезни. 2013, 11(3):62-65.
5. Литвинчук О.А., Коновалова Т.А., Подколзин А.Т., Горелов А.В., Шипулин Г.А. Нозокомиальные кишечные инфекции в инфекционных отделениях детских стационаров. Молекулярная диагностика. 2014, 2(12):413-415.
6. Плоскирева А.А. Острые кишечные инфекции вирусной этиологии у детей: клиника, диагностика и терапия. Автореферат дисс. докт. мед. наук. М, 2016.
7. Подколзин А.Т. Эпидемиологическая и клиническая характеристика острых кишечных инфекций вирусной этиологии в Российской Федерации. Автореф. дисс. докт. мед. наук. М., 2015.
8. Lanata C.F. Child Health Epidemiology Reference Group of the World Health Organization and UNICEF Global causes of diarrheal disease mortality in children younger 5 years of age: a systematic review. PLoS One. 2013, 8(9): e72788.
9. Lozano R., Naghavi M., Foreman K. Global and regional mortality from 235 causes of death for 20 age groups in 1990 and 2010: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2010. Lancet. 2013;380(9859):2095-2128.
10. Mandal S., Mandal M.D. Is Rotavirus Gastroenteritis a Global Emerging. Re-Emerg Probl. Transl. Med. 2014, 4(143):2161-1025.
11. Parashar U.D., Gibson C.J., Bresee J.S. et al. Rotavirus and severe childhood diarrhea. Emerg. Infect. Dis. 2006, 12:304-306.
12. Vesicari T., Hemming M., Huhti L. et al. Rotavirus antigenemia in children is associated with more severe clinical manifestations of acute gastroenteritis. Pediatr. Infect. Dis. J. 2014, 33(4):366-371.

Поступила 29.11.18

Контактная информация: Денисюк Нина Борисовна, к.м.н.,
460000, Оренбург, ул. Советская, 6, р.т. (3532)77-61-03

© КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2019

Е.А.Базыкина^{1,2}, О.Е.Троценко², В.Б.Туркутоков¹, Л.А.Балахонцева², В.О.Котова²

ЭПИДЕМИОЛОГИЯ ВИЧ-АССОЦИИРОВАННОГО ТУБЕРКУЛЕЗА В ДАЛЬНЕВОСТОЧНОМ РЕГИОНЕ

¹Тихоокеанский государственный медицинский институт, Владивосток; ²Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии

Цель. Выявить эпидемиологические проявления сочетанной патологии ВИЧ-инфекции и туберкулеза (ТБ) в Дальневосточном федеральном округе (ДФО). *Материалы и методы.* Проведен ретроспективный эпидемиологический анализ данных официальной статистической формы №61 «Сведения о контингентах больных ВИЧ-инфекцией» в отношении сочетанного инфицирования ВИЧ и ТБ пациентов, состоящих на диспансерном учете. *Результаты.* В ДФО отмечена тенденция роста общей распространенности ТБ на фоне относительной стабилизации частоты ежегодного выявления данного заболевания среди ВИЧ-позитивных лиц (2006-2015 гг.). Показано, что большинство субъектов ДФО (Хабаровский и Приморский края, Амурская и Еврейская автономная области, Чукотский автономный округ и Республика Якутия) являются территориями высокого риска заражения ТБ. Выявлена статистически значимая ($r=0,66$, $p=0,003$) прямая связь между возникновением активной формы ТБ у лиц с ВИЧ-инфекцией и развитием стадии СПИД. Доля пациентов с активным ТБ от общего числа ВИЧ-позитивных в среднем по ДФО за 10 лет составила 65,0%. Превалентность ТБ у ВИЧ-инфицированных лиц из мест лишения свободы на 19,2%