

1. Очаг КВЭ на территории крупного промышленного центра Среднего Урала характеризуется высокой степенью активности и в анализируемом отрезке времени не проявляет значимой тенденции к снижению заболеваемости;

2. «Эпидемиологический портрет» КВЭ определяют взрослые, доля которых и интенсивность вовлечения в эпидемический процесс значительно превышают аналогичные показатели у детей до 14 лет и подростков 15-17 лет;

3. В решении проблемы КВЭ необходим комплексный подход, включающий мероприятия по специфической (вакцинация) и неспецифической (индивидуальная и коллективная защита от клещей) профилактике.

Список литературы:

1. Брико Н. И. Эпидемиология: учебник в 2-х томах / Н.И. Брико – изд. МИА, 2013. - Т.2. - С.102-117.

2. Дорогина Ю.В. Рационализация системы эпидемиологического надзора за клещевыми инфекциями в мегаполисе / Ю.В. Дорогина, А.А. Голубкова// Здоровье населения и среда обитания. 2010. - №9(210). - С. 12-15.

3. Окунева И.А. Особенности эпидемиологии клещевого вирусного энцефалита у детей / И.А. Окунева // Пермский медицинский журнал. – 2017. - Т.34. - №4. - С.5-9.

УДК 578.2

Курбанова В.Ю., Дук А.А., Устюжанин А.В. СРАВНИТЕЛЬНЫЙ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ШТАММОВ ВИРУСА ЕСНО30, ВЫДЕЛЕННЫХ В 2007-2017 ГГ. НА ТЕРРИТОРИИ УРФО

Кафедра микробиологии, вирусологии и иммунологии
Уральский государственный медицинский университет
Екатеринбург, Российская Федерация

Kurbanova V.Yu., Duk A. A., Ustyuzhanin A. V. COMPARATIVE ANALYSIS OF THE ECHO VIRUS STRAINS, ISOLATED IN 2007-2017. IN THE TERRITORY OF THE URAL FEDERAL DISTRICT

Department of microbiology, virology and immunology
Ural state medical university
Ekaterinburg, Russian Federation

E-mail: viktoriakurbanowa@yandex.ru

Аннотация. В статье представлены результаты филогенетического анализа вируса ЕСНО30. Установлено, что в течение 11 лет на территории г. Екатеринбурга происходила последовательная смена трех циркулирующих геновариантов вируса ЕСНО30: а, е и h.

Annotation. The article presents the results of phylogenetic analysis of the ЕСНО30 virus. It has been established that there was a consecutive change of three

circulating viral genovariants ECHO30: a, e и h on the territory of Yekaterinburg in 11 years long

Ключевые слова: ECHO30, филогенетический анализ

Key words: ECHO30, phylogenetic analysis

Введение

Неполиомиелитные энтеровирусы (НПЭВ) – преобладающие возбудители асептического энтеровирусного менингита. Они являются причиной от 85 до 95% случаев указанного заболевания с лабораторно подтвержденным этиологическим агентом. Подавляющее большинство вспышек менингита энтеровирусной этиологии (ЭВМ) за последние несколько лет во всем мире связано с вирусами группы ECHO различных серотипов [2].

В течение последних лет ECHO30 преобладал среди возбудителей ЭВМ в г. Екатеринбурге, городах Свердловской и сопредельных областей в периоды эпидемического подъема уровня заболеваемости с четырехлетним интервалом: в 2004 г., 2008-2009г.г., 2013-2014 и 2017 годах. В остальные годы периода наблюдения указанный серотип регистрировался эпизодически [1,3].

Цель исследования – проведение сравнительного молекулярно-генетического анализа нуклеотидных последовательностей штаммов вируса ECHO30, выделенных с 2007 г. по 2017г.г. от больных ЭВМ и здоровых лиц, проживающих на территории г. Екатеринбурга и Свердловской области.

Материалы и методы исследования

Для проведения молекулярно-генетического анализа путем сравнения 34 нуклеотидных последовательностей был использован участок генома вируса ECHO30, кодирующий белок VP1.

С целью выявления филогенетических связей штаммов, выделенных на территории УрФО с зарегистрированными на других территориях, были использованы нуклеотидные последовательности вируса ECHO30, депонированные в базу данных генетической информации GenBank (KP842510, KP842511, KP842518, KP842516, KP842515, KP842514, KP842517, KP842512, KP842508, KP842509, KP842513).

Для выравнивания нуклеотидных последовательностей и филогенетического анализа использовали программное обеспечение MEGA 5.05 [4].

При построении филограмм были проанализированы нуклеотидные последовательности вирусов ECHO30 (n=182), выявленных в таком биологическом материале, как спинномозговая жидкость, пробы фекалий и смывы с носоглотки в промежутки времени с 2007 по 2014 год. Всего было обследовано 177 больных с диагнозом ЭВИ из Екатеринбурга, городов Свердловской, Челябинской, Тюменской и Курганской областей, а также трех детей без клинических проявлений (бессимптомная форма инфекции) из г. Екатеринбурга и двух проб, предоставленных из г. Тюмени, отобранных при исследовании сточных вод.

Исследуемые нуклеотидные последовательности выравнивали по последовательностям штаммов вирусов ECHO30 Bastianni и ECHO21 Farina,

которые являются прототипными и имеют наиболее близкое генетическое родство к энтеровирусам.

На рисунке 1 изображена филограмма, отражающая степень генетического родства 34 штаммов вируса ЕСНО30, выделенных на территории УрФО, и штаммов из базы данных GenBank.

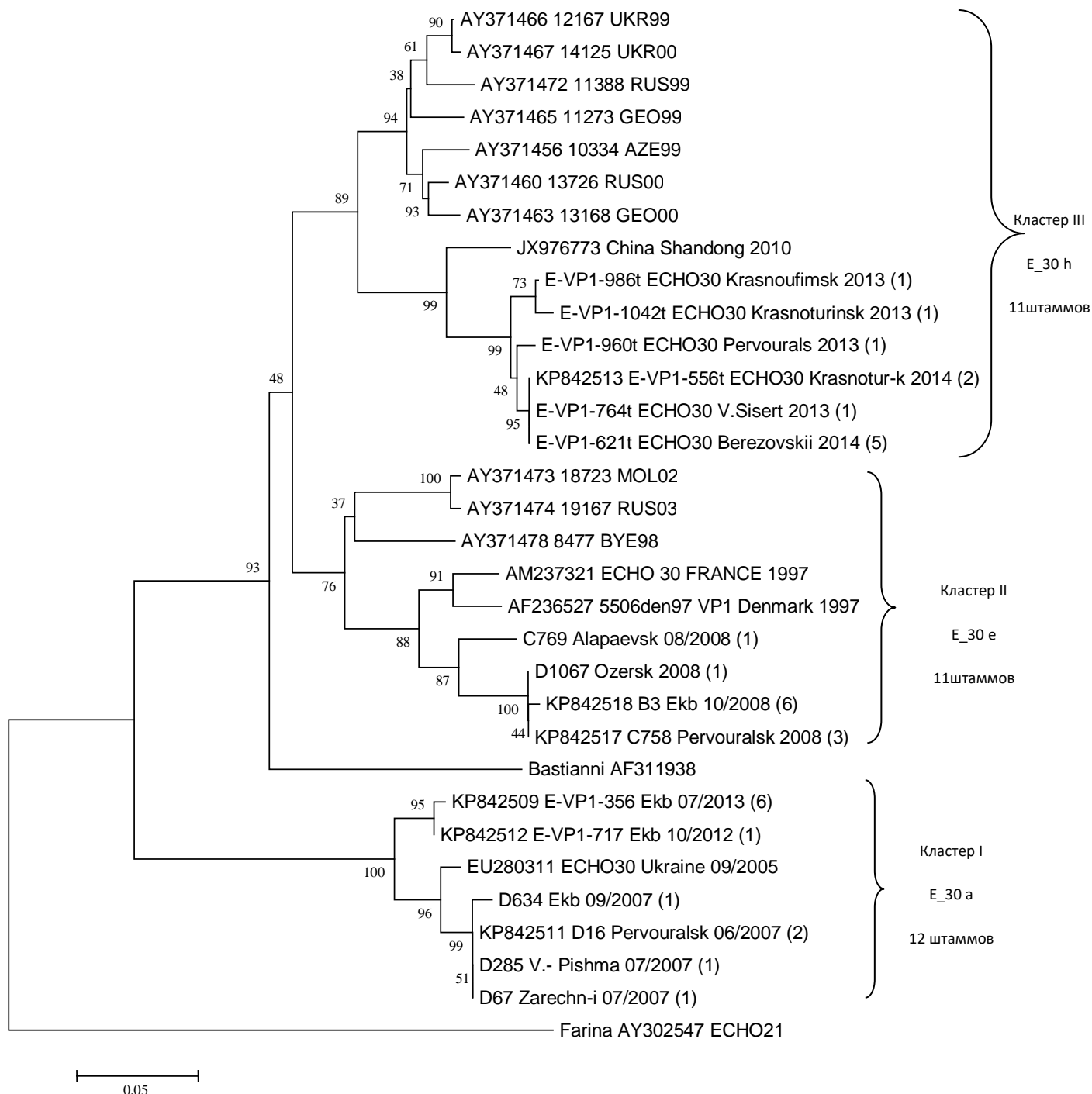


Рисунок 1. Филограмма штаммов вируса ЕСНО30, выделенных на территории УрФО с 2007 по 2014 год.

* - в скобках указано количество идентичных представленному в филограмме штамму более чем на 99,8%.

На представленном филогенетическом древе отчетливо выделяется три кластера, которые объединяют штаммы ЕСНО30, относящиеся к трем геновариантам: а, е и h (кластеры I, II и III, соответственно).

В кластере I, объединяющем геноварианты ЕСНО30_а, представлены штаммы из Екатеринбурга и населенных пунктов Свердловской области, циркулировавшие в 2007 и 2012-2013 г.г. Штаммы данного кластера генетически наиболее близки штамму с идентификационным номером EU28031, выделенному в 2005 г. (Украина).

Кластер II представляют штаммы ЕСНО30 геноварианта е, циркулировавшие в г. Екатеринбурге, Свердловской и Челябинской областях (2008г.). Их нуклеотидные последовательности отличаются генетическим сходством с последовательностями штаммов из Западной Европы (1997 г.) и России, Молдавии и Белоруссии (1998-2003 г.г.).

Большинство штаммов III-го кластера выделены в 2013-2014 г. на территории г. Екатеринбурга и Свердловской области. Они достоверно группируются с изолятом JX976773 (Китай, 2010) геноварианта ЕСНО30_h, однако достоверно отличаются от штаммов из России, Грузии, Азербайджана и Украины в 1999-2000 г.г. этого же генетического варианта.

Описанная кластеризация штаммов свидетельствует о достаточно высокой скорости их распространения среди населения УрФО в 2008-2009 г.г. и 2012-2017 г.г.

Вывод

Представленные результаты исследовательской работы демонстрируют, что в течение 11 лет на территории г. Екатеринбурга происходила смена трех генетических вариантов вируса ЕСНО30 (а, е и h), которые вызывали эпидемические подъемы заболеваемости ЭВМ с интервалами в четыре года (2007, 2008, 2013-2014 и 2017 г.г.).

Список литературы:

1. Резайкин А. В. Энтеровирусная инфекция в Уральском федеральном округе и Западной Сибири в 2017 году (Информационный бюллетень за 2017 год) / А. В. Резайкин, Ю. Ю. Бурцева, П. С. Усольцева, С. В. Шарабрин, А. В. Алимов. // Екатеринбург. - 2018. – 51 с.
2. Устюжанин А. В. Молекулярно-генетический мониторинг носительства неполиомиелитных энтеровирусов в анализе и прогнозе уровня заболеваемости энтеровирусным менингитом в условиях мегаполиса: Автореф... дис. кан. мед. наук. Санкт-Петербург.: 2017. – 23 с.
3. Устюжанин А.В. Анализ филогенетических связей энтеровирусов, выделенных от больных серозным менингитом в г. Екатеринбурге и Свердловской области в 2008 г. А.В. Устюжанин, А.В. Резайкин, Т.Э. Снитковская и др. // Уральский медицинский журнал. - 2011. - № 13. - С. 19-24.
4. Kumar S., Tamura K., Nei M. / MEGA3: Integrated software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and sequence alignment // Briefings in Bioinformatics. - 2004. - Vol.5 - P.150-163.