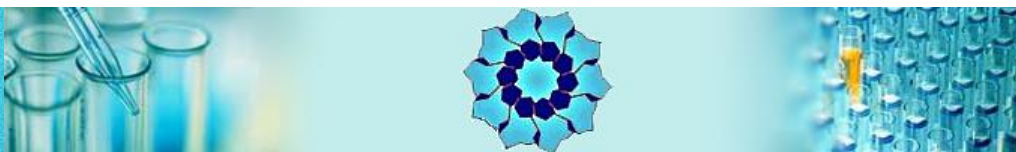




Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав
потребителей и благополучия человека



ФБУН «Нижегородский научно-исследовательский институт
эпидемиологии и микробиологии им. академика И.Н. Блохиной»

Информационный бюллетень

Заболеваемость и этиологическая структура энтеровирусной (неполио) инфекции

№12 , май 2025

СОДЕРЖАНИЕ

- *Энтеровирусная (неполио) инфекция в Российской Федерации в 2024 г.*
- *Эпидемиологическая характеристика энтеровирусной инфекции в Уральском федеральном округе и Западной Сибири в 2023 г.*
- *Анализ эпидемической ситуации по заболеваемости энтеровирусной инфекцией в субъектах Дальневосточного и Сибирского федеральных округов в 2024 г.*
- *Молекулярный мониторинг циркуляции неполиомиелитных энтеровирусов в Российской Федерации в 2024 г.*
- *Краткосрочный прогноз заболеваемости ЭВИ в Российской Федерации на 2025 г.*

*Референс-центр по мониторингу за
энтеровирусными инфекциями*

www.nniiem.ru

Заболеваемость, этиологическая структура и вопросы профилактики энтеровирусной (неполио) инфекции // Информационный бюллетень Референс-центра по мониторингу за энтеровирусными инфекциями. ФБУН ННИИЭМ им. академика И.Н. Блохиной Роспотребнадзора, май 2025 года, г. Нижний Новгород, 39 с.

Авторы: Голицына Л.Н.
Селиванова С.Г.
Зверев В.В.
Пономарева Н.В.
Новикова Н.А.
Кашникова А.Д.
Полянина А.В.
Зайцева Н.Н.
Михайлова Ю.М.
Черепанова Е.А.
Чалапа В.И.
Итани Т.М.
Патрушева А.К.
Сапега Е.Ю.
Бутакова Л.В.
Троценко О.Е.

Рецензенты: к.м.н., Кузоватова Е.Е.
к.м.н., Залесских А.А.

Информационный бюллетень посвящен характеристике особенностей проявлений эпидемического процесса энтеровирусной инфекции в сезон 2024 г. и прогнозу на 2025 г.

Тел. (831) 469 79 12

Факс (831) 469 79 20

Е-mail: mevirfc@mail.ru

Разрешается использование материалов бюллетеня со ссылкой на авторов.

Энтеровирусная (неполио) инфекция в Российской Федерации в 2024 г.

Голицына Л.Н.¹, Кашникова А.Д.¹, Полянина А.В.¹, Зайцева Н.Н.¹, Михайлова Ю.М.²,
Черепанова Е.А.²

Референс-центр по мониторингу за энтеровирусными инфекциями

¹ФБУН Нижегородский НИИЭМ им. академика И.Н. Блохиной Роспотребнадзора

Координационный центр профилактики полиомиелита

и энтеровирусной (неполио) инфекции

²ФБУЗ «Федеральный центр гигиены и эпидемиологии» Роспотребнадзора, г. Москва

Заболеваемость. Согласно данным официальной статистической отчетности (форма федерального статистического наблюдения №2 «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях») в целом по России в 2024 г. зарегистрирован 21491 случай ЭВИ, из них 1436 случаев ЭВМ.

Показатель заболеваемости **ЭВИ** составил 14,69⁰/₀₀₀₀, что на 16,0 % выше аналогичного показателя 2023 г. и в 1,44 раза выше среднесноголетнего значения (10,20⁰/₀₀₀₀ за период 2013-2019, 2022-2023 гг.) (Рисунок 1).

Показатель заболеваемости **ЭВМ** (0,98⁰/₀₀₀₀) был в 1,95 раза ниже, чем в 2023 г. и в 2,6 раза ниже среднесноголетнего уровня (2,55⁰/₀₀₀₀ за период 2013-2019, 2022-2023 гг.).

Темп прироста числа случаев ЭВИ в 2024 г. составил +14,02 % и по сравнению с 2023 г. (+69,36 %) снизился на 55,34 %.

Начало очередного сезонного подъема заболеваемости ЭВИ/ЭВМ в 2024 г. в субъектах РФ пришлось на июль, наибольшее число случаев ЭВИ зарегистрировано в августе (4299 случаев/20,07 %), сентябре (4522 случая/21,11 %) и, что нетипично, в октябре (4091 случай/19,10 %). Пик заболеваемости ЭВМ, как обычно, пришелся на август (408 случаев/28,61 %) и сентябрь (783 случая/28,22 %) (Рисунок 2А, Б).

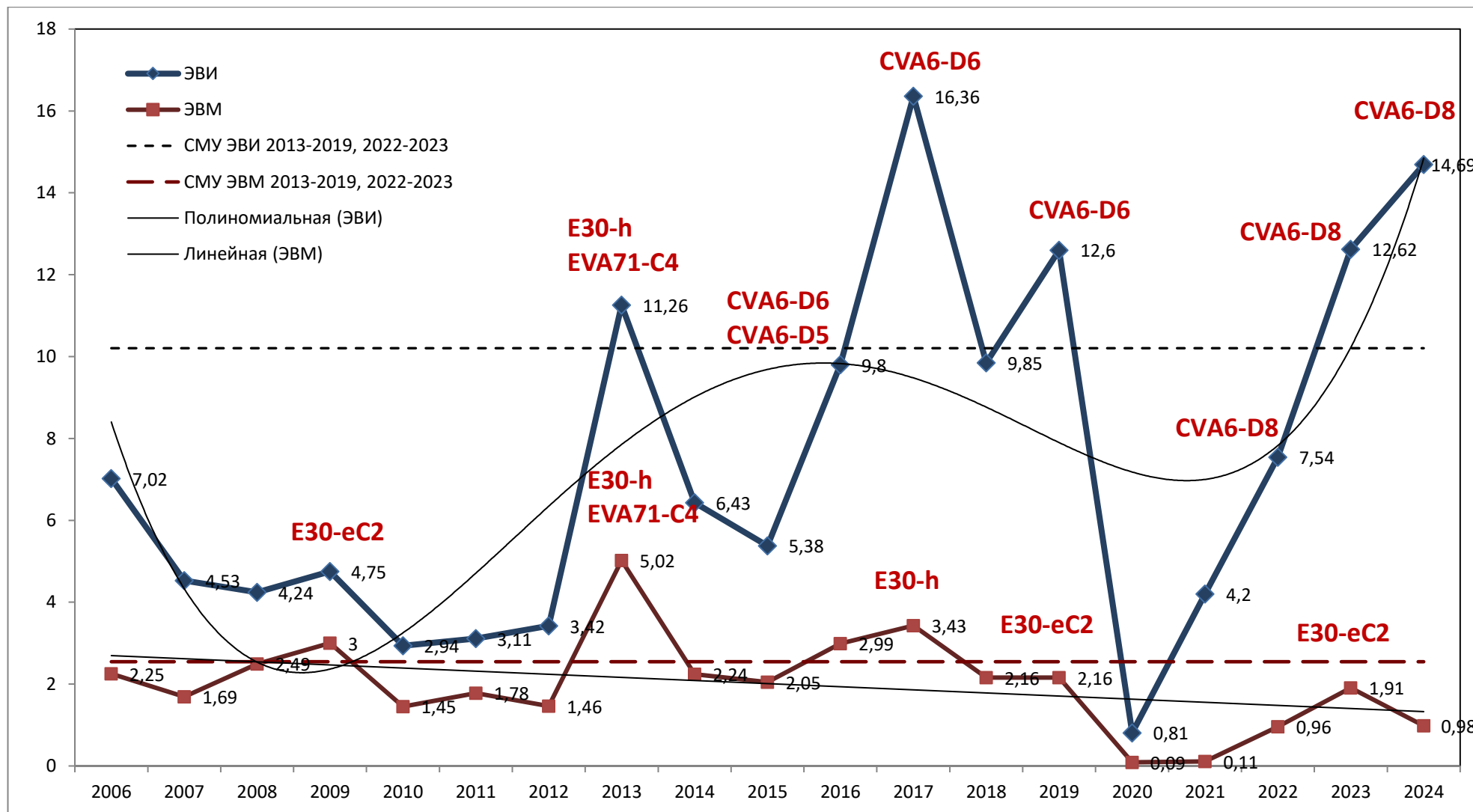


Рисунок 1 – Многолетняя динамика заболеваемости ЭВИ и ЭВМ в Российской Федерации, ⁰/0000

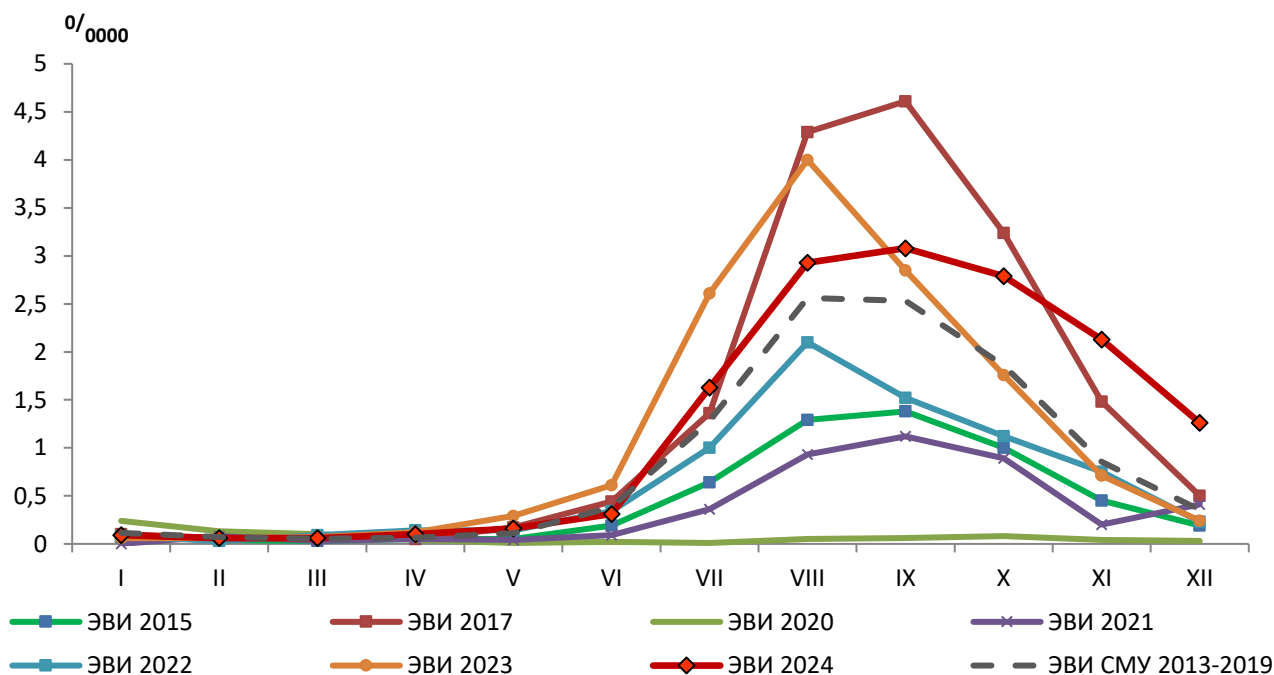


Рисунок 2 А – Помесячная динамика заболеваемости ЭВИ в РФ в 2013-2024 гг., ‰

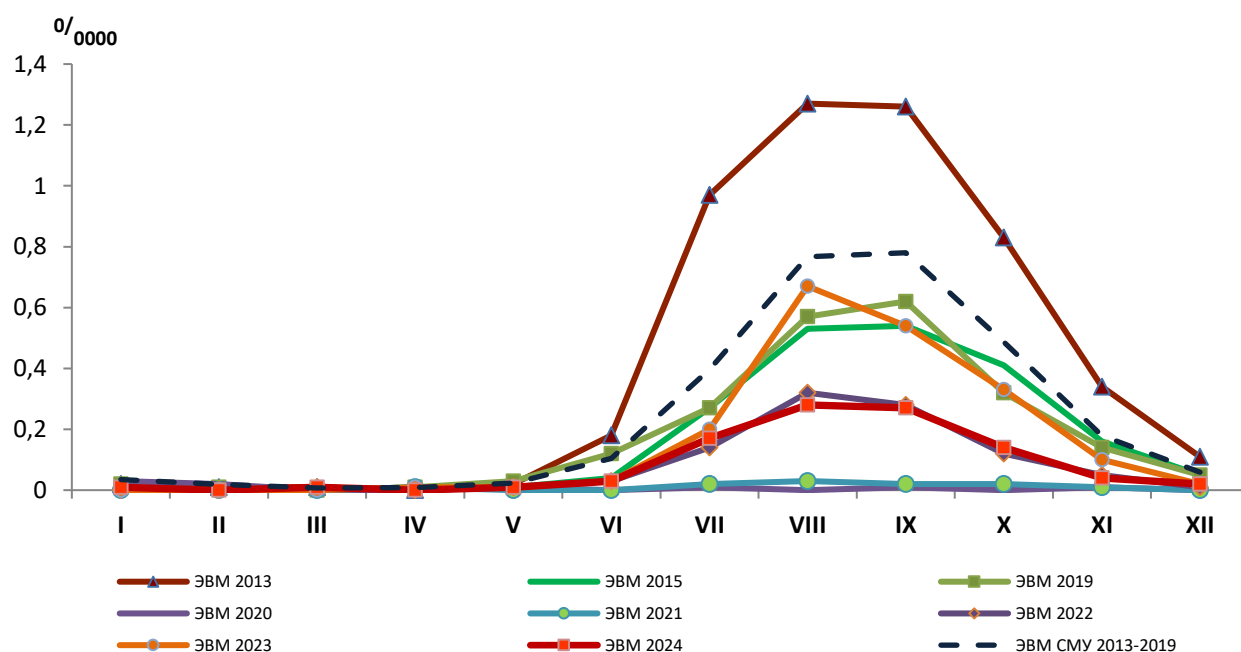


Рисунок 2 Б – Помесячная динамика регистрации заболеваемости ЭВМ в РФ в 2013-2024 гг., ‰

Помесячная динамика заболеваемости ЭВИ в ФО РФ в 2024 г. показана на рисунке 3. В Дальневосточном, Уральском и Приволжском ФО сезонность была типичной для ЭВИ – самые высокие показатели заболеваемости были зарегистрированы в августе-сентябре. В Центральном и Северо-Западном ФО пик заболеваемости сместился на октябрь, в Южном ФО – на ноябрь; в Северо-Кавказском ФО самая высокая заболеваемость была зафиксирована в октябре-ноябре.

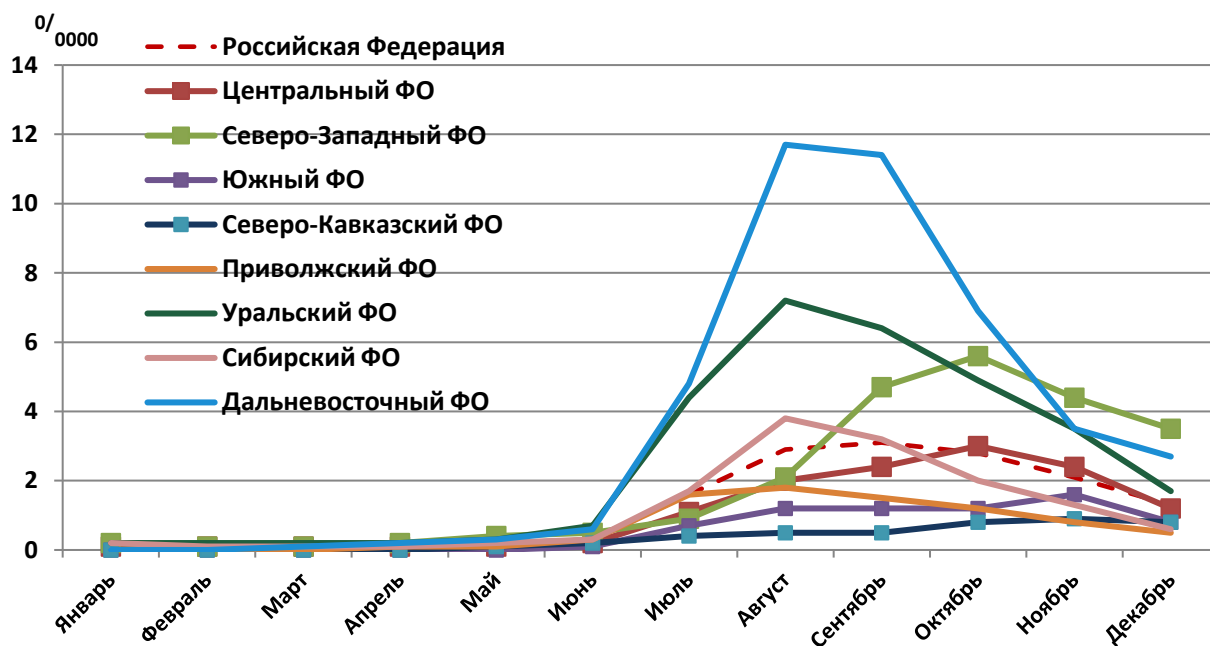


Рисунок 3 – Помесячная динамика регистрации заболеваемости ЭВИ в ФО РФ в 2024 г., ‰/0000

Случаи ЭВИ в 2024 г. были зарегистрированы во всех ФО, на территориях всех субъектов РФ, за исключением Чеченской Республики. Наиболее высокие показатели зафиксированы в Дальневосточном ФО (3361 случай/42,62 ‰/0000), Уральском ФО (3685 случаев/30,06 ‰/0000) и Северо-Западном ФО (3151 случай/22,74 ‰/0000). Самая низкая заболеваемость ЭВИ зарегистрирована в Северо-Кавказском ФО (433 случая/4,23 ‰/0000) и Южном ФО (1139 случаев/6,85 ‰/0000) (Рисунок 4).

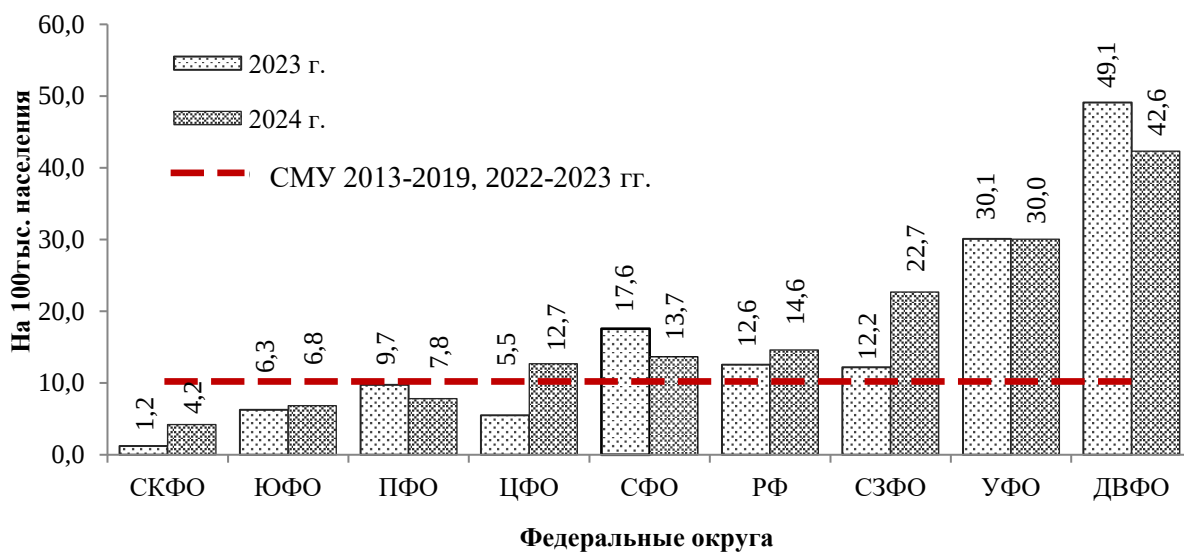


Рисунок 4 - Заболеваемость ЭВИ по федеральным округам РФ в 2023–2024 гг., ‰/0000

Рост заболеваемости ЭВИ был отмечен в Северо-Западном ФО (1,9 раза), Северо-Кавказском ФО (3,4 раза), Южном ФО (7,5 %), Центральном ФО (2,49 раза), в 37 (42,7 %) субъектах РФ.

В 33 субъектах показатели заболеваемости ЭВИ превышали средние по России.

Самая высокая заболеваемость ЭВИ в РФ в 2024 г. зарегистрирована в Сахалинской области ($165,12^{0/0000}$), Мурманской области ($160,59^{0/0000}$), Республике Тыва ($106,40^{0/0000}$), Хабаровском крае ($86,80^{0/0000}$), Амурской области ($68,78^{0/0000}$), Тюменской области ($55,40^{0/0000}$), Республике Алтай ($48,87^{0/0000}$), Ямало-Ненецком АО ($46,87^{0/0000}$), Свердловской области ($44,34^{0/0000}$), Республике Коми ($41,46^{0/0000}$), Калининградской области ($40,65^{0/0000}$), Вологодской области ($39,55^{0/0000}$), Ненецком АО ($33,49^{0/0000}$), Забайкальском крае ($31,67^{0/0000}$), Чукотском АО ($31,29^{0/0000}$), Ханты-Мансийском АО ($30,95^{0/0000}$), Архангельской области ($30,94^{0/0000}$), Красноярском крае ($29,55^{0/0000}$), Еврейской АО ($27,28^{0/0000}$), г. Москва ($25,87^{0/0000}$) (Рисунок 5).



Б

Рисунок 5 – Заболеваемость ЭВИ в субъектах РФ в 2024 году, $^{0/0000}$

В 2024 г. случаи **ЭВМ** регистрировались в 60 субъектах РФ (64,4%). По итогам 2024 г. средний по России показатель заболеваемости ЭВМ ($0,98^{0/0000}$) был превышен в 24 субъектах: г. Севастополь ($6,25^{0/0000}$), Томской области ($4,58^{0/0000}$), Красноярском крае ($4,18^{0/0000}$), Ярославской области ($4,03^{0/0000}$), Республике Северная Осетия-Алания ($3,68^{0/0000}$), Удмуртской Республике ($3,62^{0/0000}$), Курганской области ($3,57^{0/0000}$), Нижегородской области ($3,33^{0/0000}$), Республике Тыва ($2,96^{0/0000}$), Ханты-Мансийском АО ($2,75^{0/0000}$), Астраханской области ($2,53^{0/0000}$), Новосибирской области ($2,26^{0/0000}$), Свердловской области ($1,94^{0/0000}$), Омской области ($1,53^{0/0000}$), Рязанской области ($1,57^{0/0000}$), Сахалинской области ($1,31^{0/0000}$), Иркутской области ($1,28^{0/0000}$), Калининградской области ($1,26^{0/0000}$), Алтайском крае ($1,18^{0/0000}$),

Липецкой области ($1,16^0/0000$), Республике Карелия ($1,14^0/0000$), Самарской области ($1,02^0/0000$). Самая высокая заболеваемость ЭВМ зафиксирована в Хабаровском крае ($19,83^0/0000$).

Наибольшее эпидемиологическое неблагополучие по ЭВМ и по ЭВИ в целом наблюдалось в Дальневосточном ФО.

В структуре клинических форм ЭВИ в 2024 г. преобладали заболевания без поражения ЦНС, которые составляли 93,22% от всех зарегистрированных случаев. На долю экзантемных форм пришлось 36,16%, герпангины – 22,72% (Рисунок 6).

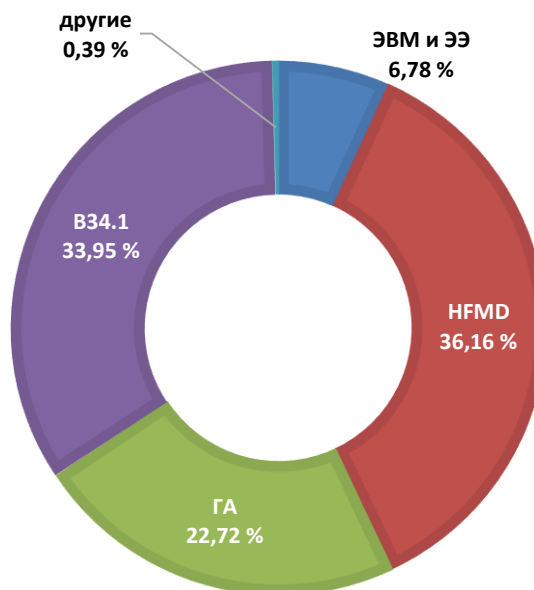


Рисунок 6 – Структура клинических форм ЭВИ в РФ в 2024 г.

Отмечена тенденция к снижению доли ЭВМ в структуре ЭВИ в целом за период 2008-2024 гг. (Рисунок 7).

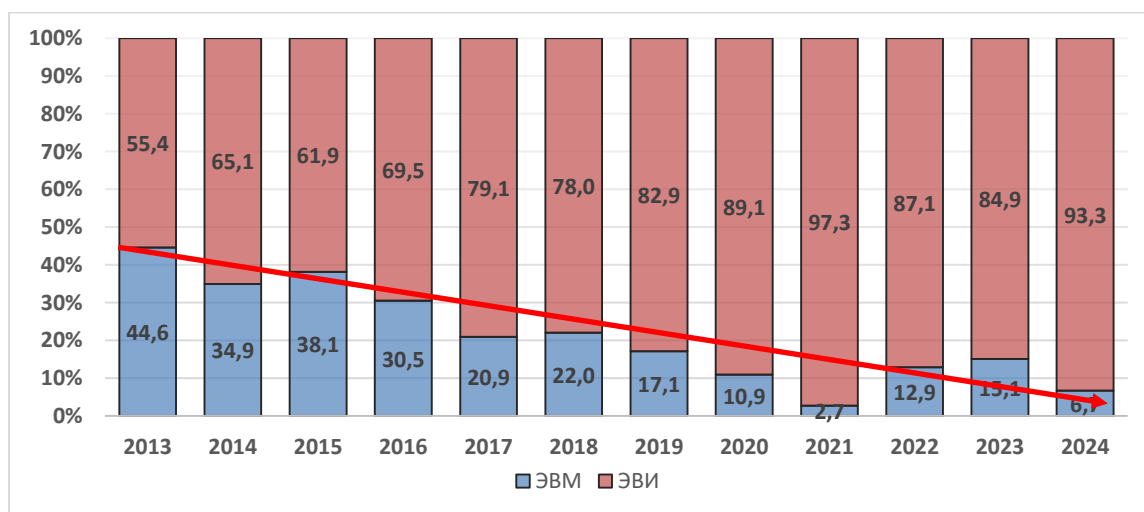


Рисунок 7 – Доля ЭВМ в структуре ЭВИ в РФ в 2013-2024 гг., %

По данным формы федерального статистического наблюдения №2 «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях» в 2024 г. в РФ зарегистрировано 3 летальных случая от ЭВИ: 2 случая – в Республике Чувашия (в обоих случаях идентифицирован *E. alphacoxsackie* 71 генотипа С1), 1 случай – в Красноярском крае (идентифицирован *E. betacoxsackie* ЕСНО30). Смертность составила 0,0021⁰/0000, летальность – 0,014%.

Возрастная структура заболевших ЭВИ. Случаи ЭВИ в 2024 г. регистрировались во всех возрастных группах со значительным преобладанием доли детского населения. В среднем по РФ, в возрастной структуре заболевших всеми формами ЭВИ доля детей до 17 лет составила 96,3%, что незначительно ниже, чем в 2021 гг. (96,83%), но выше уровня 2018, 2019, 2022 и 2023 гг. (92,6%, 87,29%, 95,35% и 94,97%, соответственно) (Рисунок 8).

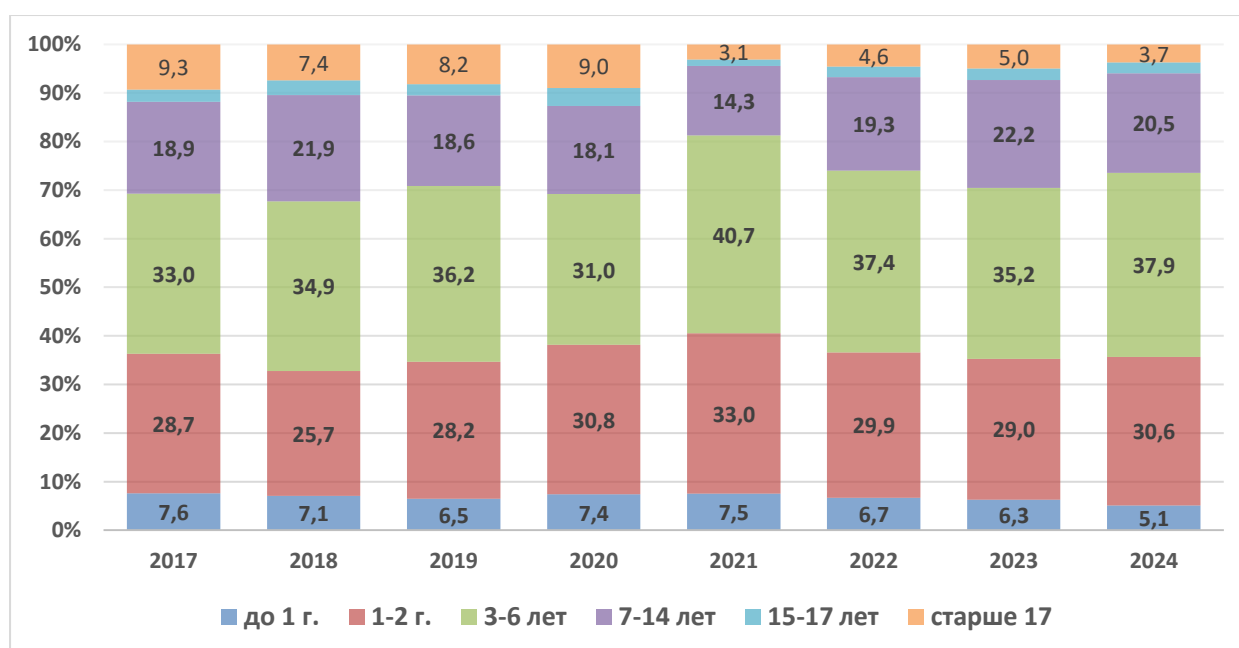


Рисунок 8 – Возрастная структура заболевших ЭВИ в РФ в 2017-2024 гг. по данным форм официальной отчетности (форма №2), %

В 2024 г. среди детского населения отмечено увеличение показателя заболеваемости ЭВИ в группах 1-2 г. и 3-6 лет (Рисунок 9). Самый высокий уровень заболеваемости всеми формами ЭВИ зарегистрирован в группе детей 1-2 года (238,73⁰/0000), что в 1,3 раза выше, чем в 2023 г. Среди детей в возрастных группах до 1 года и 3 - 6 лет показатель заболеваемости составил 85,87⁰/0000 и 126,55⁰/0000, соответственно. Несколько реже случаи ЭВИ регистрировались среди школьников 7-14 лет – 29,60⁰/0000 и подростков 15-17 лет – 10,10⁰/0000.

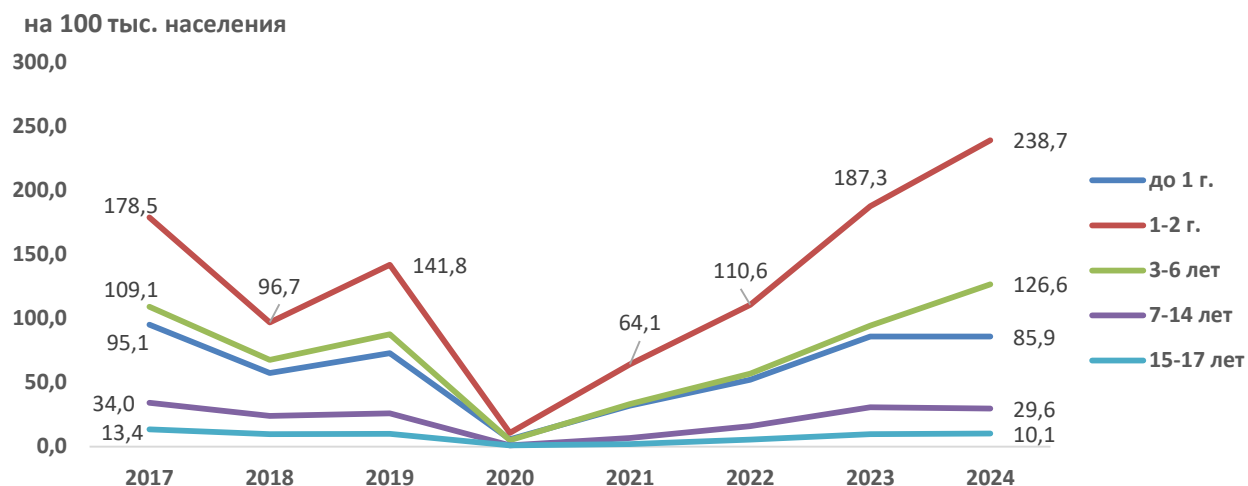


Рисунок 9 – Многолетняя динамика заболеваемости ЭВИ среди детского населения, ‰

В возрастной структуре заболевших ЭВМ доля детского населения составила 92,1%, что незначительно выше, чем в 2023 г. (91,2%). Наиболее высокие показатели заболеваемости были зафиксированы среди организованных детей дошкольного и школьного возраста (в среднем $5,44\text{‰}$), в том числе в возрастных группах 3-6 лет ($5,71\text{‰}$) и 7-14 лет ($5,17\text{‰}$), превышая в 4,2 раза таковые среди детей до 1 года и 1-2 лет, что характерно для возрастной структуры заболевших ЭВМ (Рисунок 10).

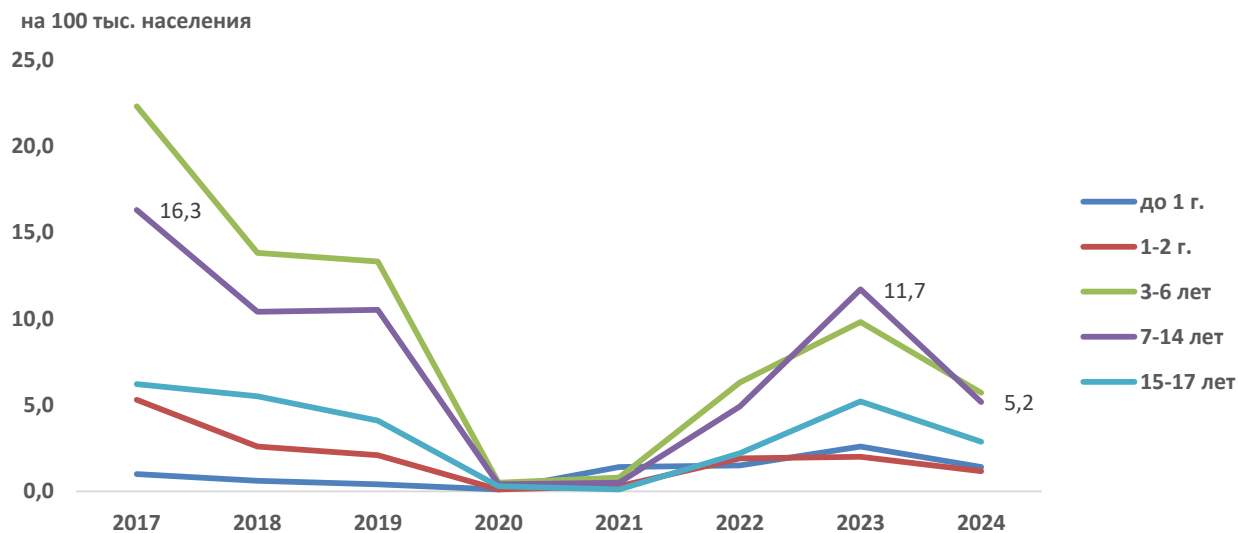


Рисунок 10 – Многолетняя динамика заболеваемости ЭВМ в РФ среди детского населения, ‰

Эпидемическая ситуация по заболеваемости энтеровирусной инфекцией в субъектах Дальневосточного и Сибирского федеральных округов в 2024 г.

Сапега Е.Ю., Бутакова Л.В., Троценко О.Е.

Дальневосточный региональный научно-методический центр по изучению ЭВИ
ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, г. Хабаровск

В 2024 г. случаи энтеровирусной инфекции зарегистрированы во всех 16 курируемых региональным центром субъектах Дальневосточного и Сибирского федеральных округов (таблица). При этом превышение среднесноголетнего показателя заболеваемости (СМПЗ) отмечено в 5 субъектах Дальнего Востока (Амурской и Сахалинской областях, Приморском, Забайкальском и Хабаровском краях) и 4 субъектах Восточной Сибири (республиках Тыва и Алтай, Красноярском крае и Иркутской области). Случаи ЭВИ в Чукотском автономном округе в 2024 г. зарегистрированы только в одном населенном пункте, г. Певек, где выявлены 2 очага групповой заболеваемости среди воспитанников детского сада и учащихся Центра образования, что указывает на вероятный завозной характер заболеваемости.

Таблица
Заболеваемость ЭВИ в субъектах Дальневосточного и Сибирского ФО в 2024 г.

Субъекты	2023		2024		Рост/ снижение	СМПЗ
	Абс.	на 100 тыс.	Абс.	на 100 тыс.		
Республика Саха (Якутия)	58	5,9	117	11,7	↑ в 2,0 раза	16,8
Приморский край	293	15,7	303	17,3	+ 10,2%	8,1
Хабаровский край	947	72,8	1112	87,0	+ 19,5%	71,5
Амурская область	492	63,3	518	69,1	+ 9,2%	23,4
Сахалинская область	1269	261,7	758	165,7	↓ в 1,6 раза	112,9
Еврейская авт. область	53	34,2	40	27,4	– 19,9%	45,2
Камчатский край	28	8,9	27	9,4	- 1 случай	14,4
Магаданская область	17	12,3	24	17,5	+ 42,3%	24,2
Чукотский авт. округ	0	0	15	31,4	+ 100%	-
Забайкальский край	627	59,8	313	31,8	↓ в 1,9 раза	18,5
Республика Бурятия	114	11,6	134	14,3	+ 23,3%	15,1
ДФО	3898	48,1	3361	42,8	- 11,0%	33,0
Иркутская область	572	24,2	477	20,5	- 15,3%	14,4
Красноярский край	1039	36,4	841	31,1	- 14,6%	14,5
Республика Алтай	74	33,4	103	48,9	↑ в 1,5 раза	17,6
Республика Хакасия	51	9,6	24	4,5	↓ в 2,1 раза	9,5
Республика Тыва	383	115,5	359	106,3	- 8,0%	50,9
СФО (курируемые субъекты)	2119	33,9	1804	29,0	- 14,5%	16,0

В структуре клинических форм ЭВИ в целом по Дальнему Востоку преобладала герпангина (34,5%), в курируемых субъектах Восточной Сибири – экзантемные формы

(50,2%). На долю энтеровирусного менингита (ЭВМ) пришлось 8,4% и 8,8% соответственно (рисунок).

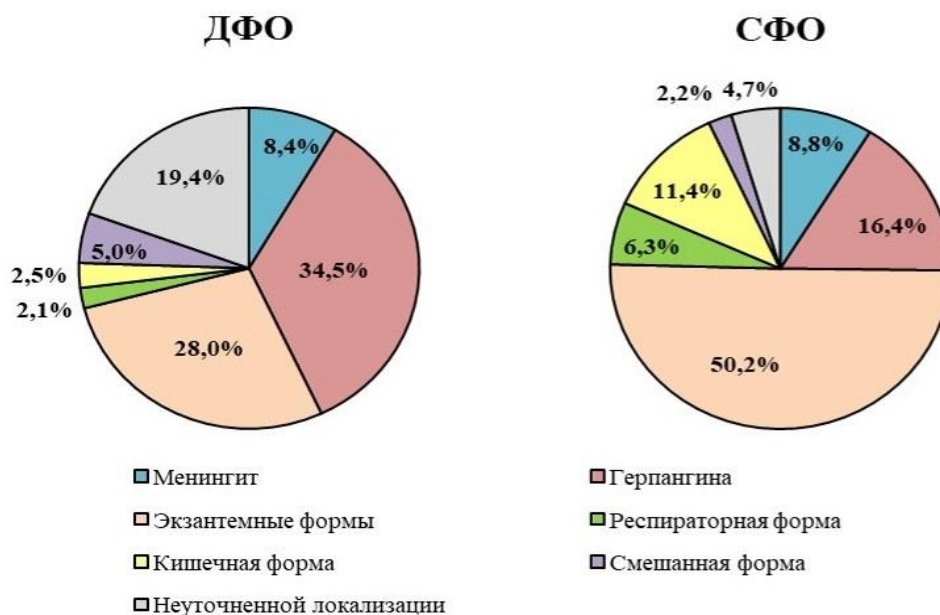


Рисунок – Удельный вес клинических форм ЭВИ в субъектах Дальневосточного и Сибирского федеральных округов в 2024 г.

Энтеровирусный менингит в 2024 г. зарегистрирован в 6 субъектах Дальнего Востока (Хабаровском, Приморском и Забайкальском краях, республиках Бурятия и Саха (Якутия), Сахалинской области) и 3 субъектах Сибирского округа (Красноярском крае, Иркутской области и Республике Тыва). По сравнению с предыдущим годом значительно выросла заболеваемость ЭВМ в Хабаровском крае (2023 г. – 96 случаев / 7,5 на 100 тыс. населения; 2024 г. – 254 случая / 20,0 на 100 тыс. населения). Однако превышение среднесноголетнего показателя заболеваемости ЭВМ отмечено только в Иркутской области (2024 г. – 1,3 на 100 тыс. населения; СМПЗ ЭВМ – 1,05 на 100 тыс. населения).

В возрастной структуре заболевших ЭВИ в 2024 г. преобладали дети 3-6 лет: доля этой группы в Дальневосточном ФО составила 43,0%, в курируемых субъектах Сибирского ФО – 37,1%.

В 2024 г. на Дальнем Востоке и части Восточной Сибири зарегистрированы суммарно 66 очагов групповой заболеваемости ЭВИ: в Хабаровском (21 очаг), Забайкальском (7) и Приморском (1) краях, Сахалинской (22) и Амурской (10) областях, Чукотском автономном округе (2), республиках Бурятия (1), Саха (1), Алтай (1). Основными путями передачи инфекции в очагах явились контактно-бытовой и воздушно-капельный. Среди возбудителей преобладали энтеровирусы КВ-А10, КВ-А6 и КВ-А16. В Чукотском АО выявлен ЭВ-А71.

В результате молекулярно-генетического мониторинга в 2024 г. получены 760 нуклеотидных последовательностей неполиомиелитных энтеровирусов (НПЭВ) из клинических образцов и 69 – из объектов окружающей среды.

Видовая структура НПЭВ, выделенных от людей, имела отличия: в субъектах Дальневосточного ФО преобладали вирусы вида *Enterovirus alphacoxsackie* – 60,1%; в курируемых субъектах Сибирского ФО доминировали вирусы вида *Enterovirus betacoxsackie*

– 58,9%. В целом как в Дальневосточном ФО, так и в Восточной Сибири чаще всего выявляли КВ-А10, КВ-А6, КВ-А16, Е30 и Е25.

У пациентов с энтеровирусным менингитом преобладали вирусы вида *Enterovirus betacoxsackie*. Наибольшее типовое разнообразие энтеровирусов-возбудителей ЭВМ отмечено в Хабаровском крае: Е30, Е25, Е6, Е7, КВ-В2, Е3, Е17, КВ-А10, КВ-А16. В Красноярском крае менингит вызывали энтеровирусы Е30, Е25, Е6, Е7, КВ-В2, Е3, Е17, КВ-А10, в Иркутской области – Е30, Е9, Е11 КВ-А10, в Республике Бурятия – Е30.

Таким образом, неблагоприятная эпидемическая ситуация по заболеваемости энтеровирусной инфекцией в 2024 г. в Забайкальском, Приморском, Красноярском и Хабаровском краях, республиках Алтай и Тыва, Сахалинской, Амурской и Иркутской областях с превышением среднегодового показателя и регистрацией очагов групповой заболеваемости преимущественно связана с активной циркуляцией энтеровирусов КВ-А6, КВ-А10, КВ-А16, Е25, Е30. Возникновению случаев заболеваний в Чукотском АО, где редко регистрируют ЭВИ, способствовал занос *E. alphacoxsackie* 71, который ранее в округе не обнаруживали.

Результаты молекулярно-генетического мониторинга циркуляции неполиомиелитных энтеровирусов в Уральском федеральном округе и Западной Сибири в 2024 г.

Чалапа В. И., Игани Т. М., Патрушева А.К.

*Урало-Сибирский региональный научно-методический центр по изучению ЭВИ
ФБУН Федеральный НИИВИ «Виром» Роспотребнадзора, г. Екатеринбург*

Урало-Сибирский региональный научно-методический центр по изучению энтеровирусных инфекций (ЕНМЦ ЭВИ) курирует субъекты Уральского федерального округа (УФО) (Свердловскую, Челябинскую, Тюменскую, Курганскую области, Ханты-Мансийский автономный округ – Югру (ХМАО), Ямало-Ненецкий автономный округ (ЯНАО)) и Западной Сибири (Омскую, Томскую, Новосибирскую, Кемеровскую области, Алтайский край).

За 2024 г. на базе ЕНМЦ ЭВИ было исследовано 448 образцов биоматериала от пациентов (бесповторная выборка), из числа которых в 339 образцах (75,7%) были успешно генотипированы неполиомиелитные энтеровирусы (НПЭВ). Большинство обследованных принадлежали к возрастной группе детей 3-6 лет (37,5%) и детей до 2 лет (30,1%). Преобладающим видом биоматериала были мазки из глотки (53,6%), а также фекалии (39,1%). Наиболее результативным генотипирование было при исследовании мазков из глотки (81,5%) и ликвора (73,9%), меньшая доля положительных результатов была получена при исследовании образцов фекалий (68,5%).

Наибольшее число образцов поступило из ХМАО-Югры (33,9%), Свердловской области (23,0%), ЯНАО (7,8%). Наименьшее число образцов поступило из-за пределов курируемых регионов в рамках скрининга мигрантов (2,5%).

Среди пациентов с успешным результатом генотипирования НПЭВ преобладающими клиническими формами были везикулярный стоматит с экзантемой (25,2%) и герпангина (15,4%), реже регистрировались энтеровирусный менингит (ЭВМ, 8,9%), лихорадочные формы (2,5%) и гастроэнтерит (1,5%). Помимо пациентов с клинически выраженным заболеванием, выборка обследованных включала 7,7% бессимптомных носителей.

Преобладающим видом обнаруживаемых возбудителей был *Enterovirus alphacoxsackie* (ЭВА) (67,6% от числа успешно типированных изолятов), что соответствует предшествующим наблюдениям. Реже обнаруживались НПЭВ вида *Enterovirus betacoxsackie* (ЭВВ) (30,7%) и *Enterovirus coxsackiepol* (ЭВС) (1,5%). Кроме того, на территории Свердловской области в рамках скрининга пациентов с тяжелыми формами респираторной инфекции был выявлен один случай, вызванный энтеровирусом D68.

Среди представителей вида ЭВА наиболее распространенными возбудителями были Коксаки А16 (23,3%) и Коксаки А6 (21,5%), реже из числа НПЭВ данного вида обнаруживался Коксаки А10 (12,4%, рисунок 1). В отличие от наблюдаемого в 2023 г., доля Коксаки А16 практически удвоилась (с 12,1% в 2023 г.), в то время как Коксаки А5 был обнаружен лишь в одном случае. Обнаружение ЭВА было ассоциировано исключительно с легкими экзантемными формами, при этом Коксаки А10 вдвое чаще обнаруживался у пациентов с герпангиной в сравнении с пациентами с везикулярным стоматитом.

Из числа ЭВВ преобладали ЕСНО30 (5,0% от общего числа типированных), ЕСНО25 (4,4%), ЕСНО6 (4,1%) и Коксаки В4 (4,1%). Эти возбудители вызывали главным образом

ЭВМ, что соответствует предшествующим наблюдениям и данным литературы. Типовой состав преобладающих возбудителей был относительно равномерным для изучаемых регионов, однако субъекты Западной Сибири характеризовались большей долей ЭВВ (47,5%) в сравнении с УФО (25,8%). В сравнении с 2023 г., доля ЕСНО30 снизилась с 13,0% до 5%.

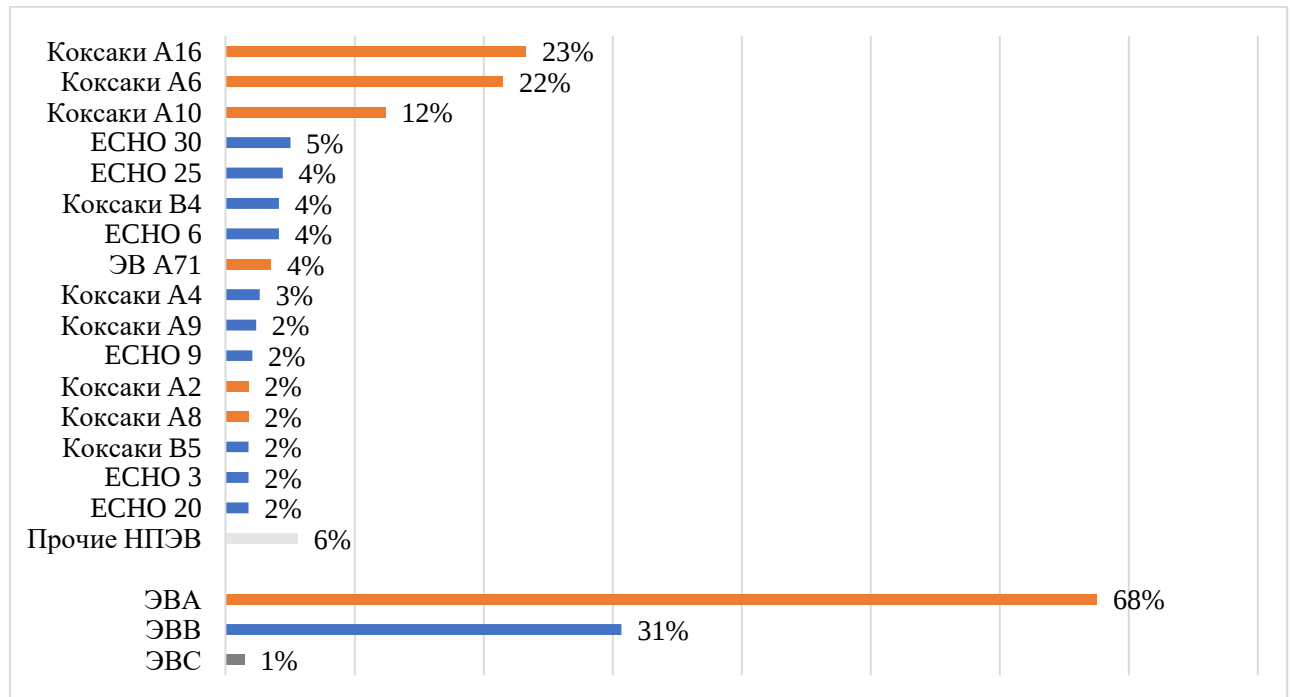


Рисунок 1. Распределение обнаруженных НПЭВ по генотипам (УФО и Западная Сибирь, 2024 г.)

Помесячное распределение числа успешно типированных изолятов (по дате отбора образца от пациента) соответствовало сезонному подъему в июле-сентябре, что согласуется с предшествующими наблюдениями. Вместе с тем, в отличие от 2023 г. не было обнаружено смещение сезонности выделения ЭВВ относительно ЭВА.

Наряду с жителями курируемых регионов, на базе ЕНМЦ ЭВИ в 2024 г. исследовался биоматериал от мигрантов (n=16) в рамках программы скрининга. Все обследованные прибыли из Таджикистана. Было генотипировано 12 изолятов НПЭВ, преобладающим возбудителем был Коксаки В4 (n=5), реже встречался Коксаки А13 (n=2). Большинство обследованных мигрантов прибыли на территории Омской области (n=5) и Пермского края (n=4).

Таким образом, в 2024 г. в субъектах УФО и Западной Сибири циркулировали преимущественно энтеровирусы вида *Enterovirus alphacoxsackie*, главным образом Коксаки А16 и Коксаки А6. Увеличившаяся доля Коксаки А16 требует дальнейшего наблюдения. Одновременно произошло снижение доли ЕСНО30 и Коксаки А5 в структуре положительных находок. Остальные результаты мониторинга в целом соответствуют ранним наблюдениям и данным научной литературы.

Молекулярный мониторинг циркуляции неполиомиелитных энтеровирусов в Российской Федерации в 2024 году

**Голицына Л.Н.¹, Сапега Е.Ю.², Итани Т.М.³, Зверев В.В.¹, Селиванова С.Г.¹,
Пономарева Н.В.¹, Бутакова Л.В.², Чалапа В.И.³, Новикова Н.А.¹**

Референс-центр по мониторингу за энтеровирусными инфекциями

¹ФБУН Нижегородский НИИЭМ им. академика И.Н. Блохиной Роспотребнадзора,

²ФБУН Хабаровский НИИЭМ Роспотребнадзора,

³ФБУН Федеральный НИИ вирусных инфекций «Виром» Роспотребнадзора

Этиологическая структура ЭВИ. В 2024 г. в Референс-центр по мониторингу ЭВИ, региональные Урало-Сибирский и Дальневосточный научно-методические центры по изучению ЭВИ (Центры) поступал биоматериал от пациентов с ЭВИ (резидентов РФ); мигрантов из Республики Таджикистан, пробы объектов окружающей среды (ООС), собранные на территории 85 субъектов восьми ФО РФ.

Всего в 2024 году в Центрах был исследован биоматериал от 3052 пациентов с ЭВИ и 432 пробы ООС (Таблица 1). Наибольшее количество материала от пациентов поступило из субъектов ДФО (893), образцов ООС – из субъектов ЦФО (141). Всего исследовано 3484 единицы биологического материала; методом секвенирования фрагмента области VP1 генома, тип вируса был установлен в 2728 случаях (78,3 %).

Таблица 1

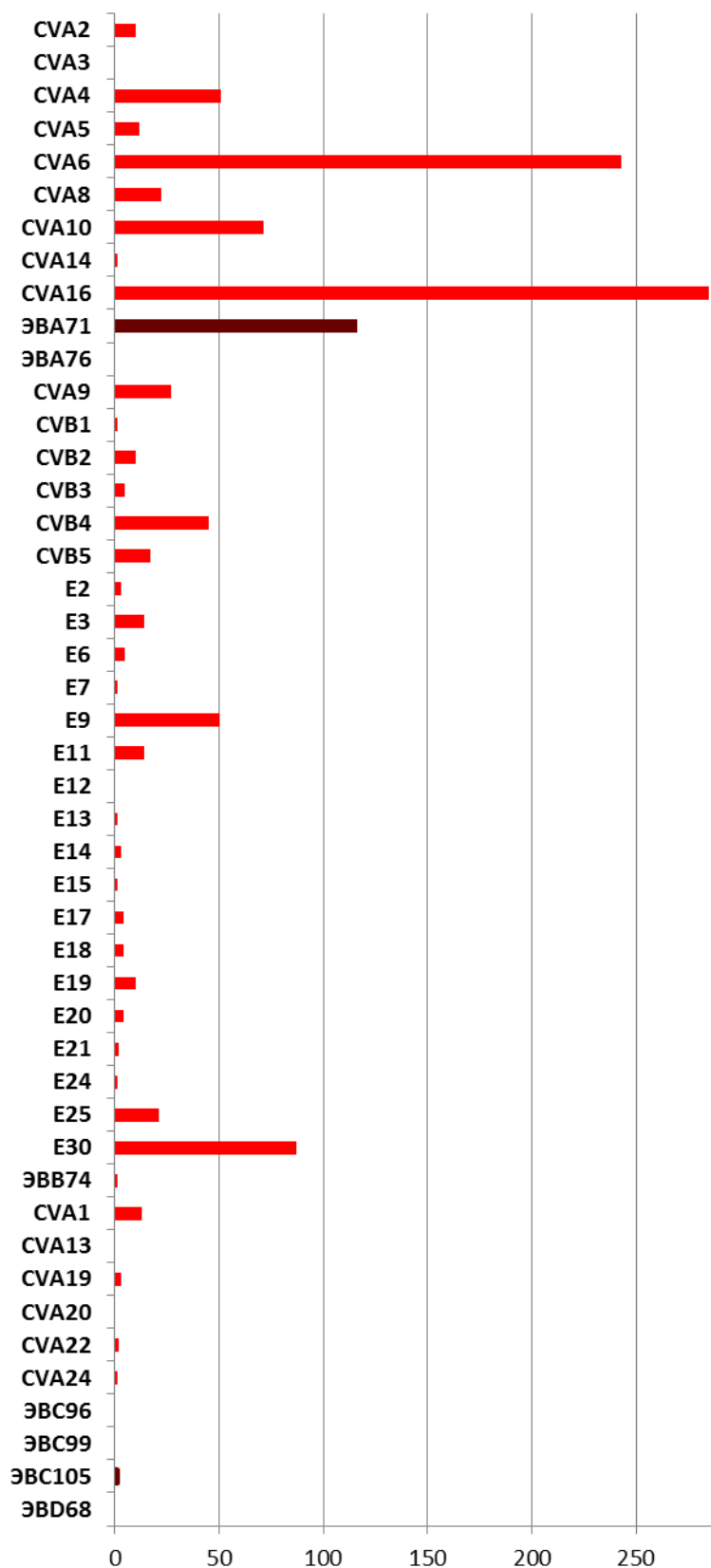
Исследование материалов, поступивших в Центры в 2024 г. по ФО РФ

№ п/ п	Федеральный округ	Материалы от больных		Материалы из ООС		Всего	
		Обследо- вано	Тип определен	Исследо- вано	Тип определен	Исследо- вано	Тип определен
1	ЦФО	356	342	141	123	497	465
2	СЗФО	233	219	33	20	266	239
3	ПФО	500	481	44	44	544	525
4	ЮФО	144	141	69	45	213	186
5	СКФО	129	117	13	4	142	130
6	УФО	353	274	12	10	365	284
7	СФО	444	300	11	5	455	305
8	ДФО	893	548	109	77	1002	644
Всего:		3052	2400/78,6%	432	328/75,9%	3484	2728/78,3%

У пациентов с ЭВИ (резидентов РФ) тип вируса установлен в 2244 случаях. Идентифицировано 46 типов НПЭВ (Рисунок 1), 2 типа парэховирусов и 2 типа риновирусов.

Пейзаж энтеровирусов, идентифицированных у пациентов с ЭВИ на территории Европейской части России и Северного Кавказа в 2023 г., имел некоторые отличия от пейзажа энтеровирусов, выявленных на территории Урала, Сибири и Дальнего Востока: ЭВ-А71 чаще выявлялся в субъектах ЦФО, СЗФО, ЮФО, ПФО, вирус ЕСНО25 – в субъектах УФО, СФО и ДФО. Вирус Коксаки А10 в 2024 г. вошел в число доминирующих энтеровирусов по всей России; значительную долю в числе штаммов этого вируса составили штаммы, идентифицированные во множественных очагах ЭВИ в Сахалинской области

А



Б

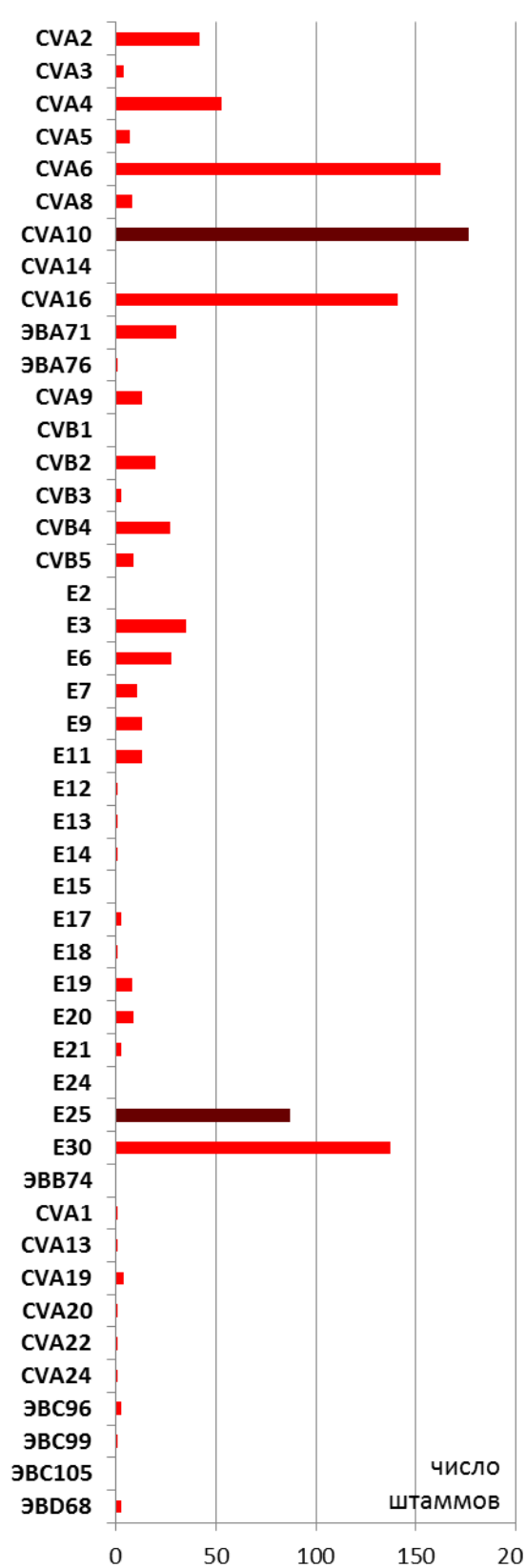


Рисунок 1 – Энтеровирусы, идентифицированные у пациентов с ЭВИ в 2024 г.: А – на территории Европейской части России и Северного Кавказа; Б – на территории Урала, Сибири и Дальнего Востока

Соотношение вирусов видов ЭВА:ЭВВ:ЭВС:ЭВД в 2024 г. не отличалось от такового в 2023 г. и составило 64,67%/33,72%/1,47% и 0,13%, соответственно (Рисунок 2).

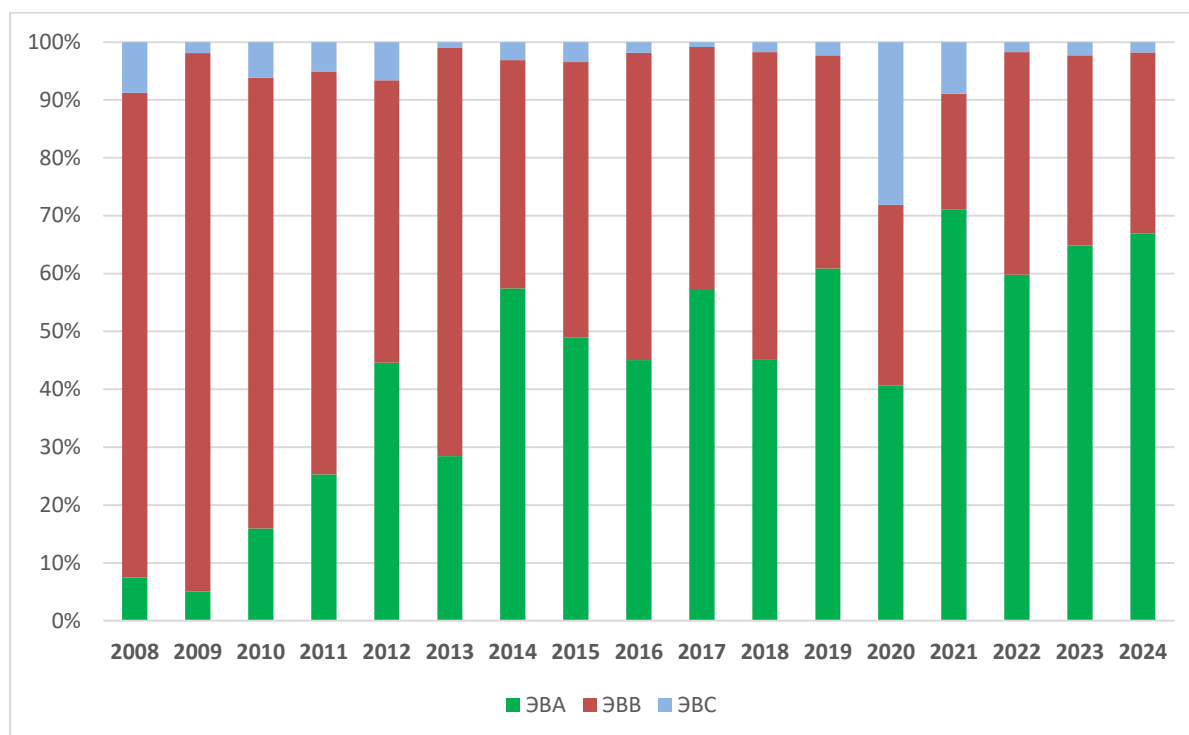


Рисунок 2 – Видовая структура НПЭВ, идентифицированных у больных ЭВИ в РФ в 2008-2024гг., %

У 4 туристов, вернувшихся из Турции в Саратовскую (2 чел.), Оренбургскую (1 чел.) области и Красноярский край (1 чел.), выявлен вирус Коксаки А6. У всех зарегистрирована экзантемная форма ЭВИ. У туриста, прибывшего из Китая в Красноярский край и заболевшего ЭВМ – выявлен вирус ЕСНО25. У туриста, вернувшегося из Египта в Нижегородскую область, идентифицирован вирус ЕСНО7.

В 2024 г. у «здорового» мигранта, прибывшего из Палестины, был идентифицирован вирус Коксаки А21 (Р. Дагестан), не имеющий эпидемически значимого потенциала для последующего распространения на территории РФ.

У мигрантов из Таджикистана было идентифицировано 85 штаммов НПЭВ 28 типов (Рисунок 3), один из которых – вирус ЕСНО29 не обнаруживался у резидентов РФ в 2024 г. Следует отметить, что вирусы ЕСНО12, Коксаки А13 и ЭВ-С99, которые у мигрантов обнаруживались достаточно часто, у резидентов в 2024 г. идентифицировались редко – по 1 случаю каждый.

В образцах из ООС было идентифицировано 313 штаммов НПЭВ 27-ти типов, ПЭВ1 и ПЭВ4, (Рисунок 4). ПЭВ4 не выявлялся у пациентов с ЭВИ.

В целом, в результате молекулярно-генетических исследований, проведенных Центрами в 2024 г., в РФ были идентифицированы НПЭВ 48 типов, риновирусы 2 типов и парэховирусы 3 типов.

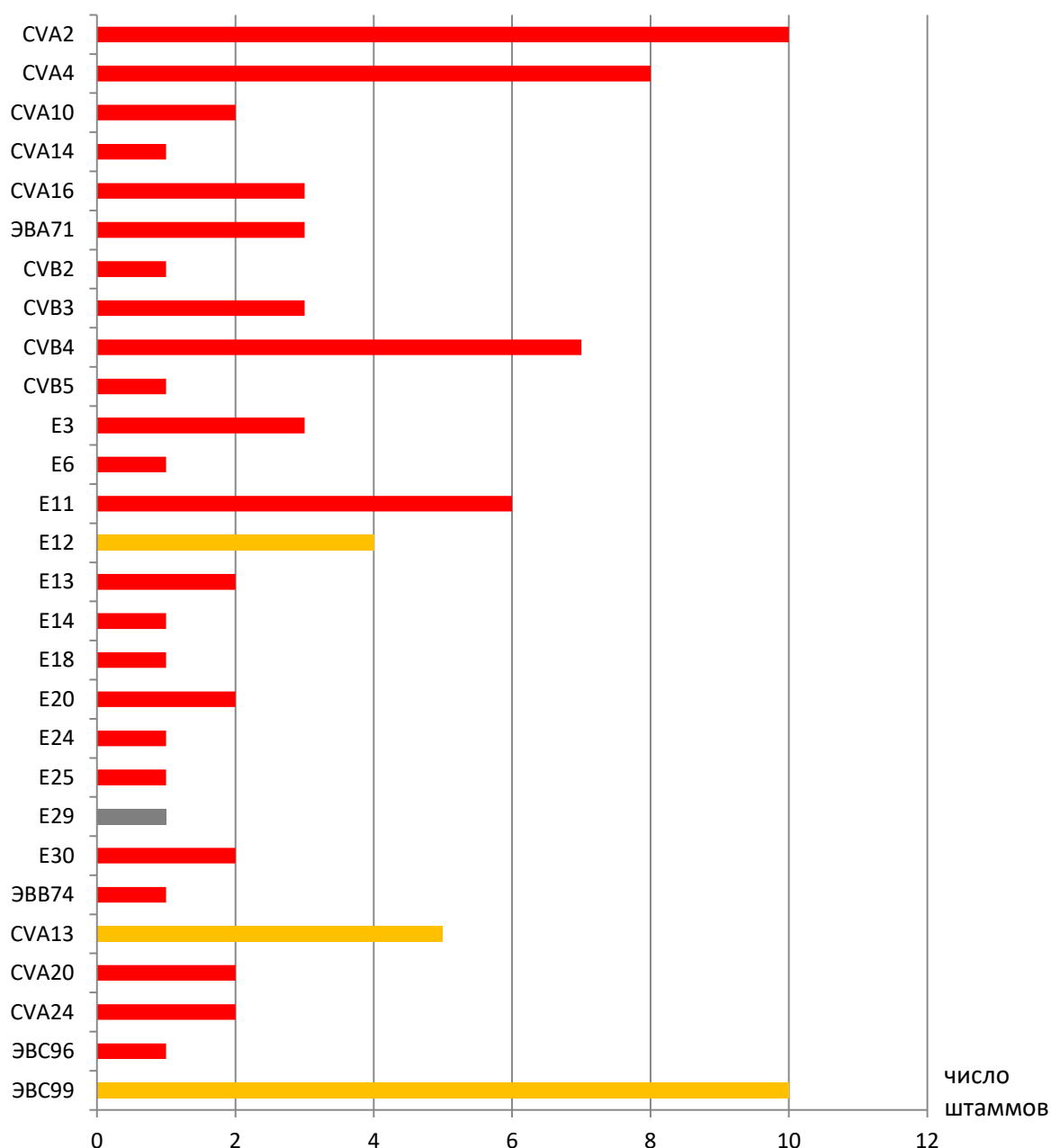


Рисунок 3 – Энтеровирусы, идентифицированные в РФ у мигрантов из Таджикистана в 2024 г. (n=85).

В 2024 г. Центрами была оказана научно-методическая и практическая помощь Управлениям Роспотребнадзора по субъектам РФ в этиологической расшифровке 155 групповых заболеваний, зарегистрированных на территории 44 субъектов РФ (Рисунок 5). ЭВИ проявлялась преимущественно в форме экзантемы, герпангины и «малых» форм. В 48 очагах был выявлен вирус Коксаки А16, в 43 – вирус Коксаки А6, в 31 – вирус Коксаки А10, в 8 очагах – ЭВА71, в 6 очагах – вирус Коксаки А4, в 3 очагах – вирус Коксаки А9, в 2 очагах – вирус Коксаки А5. Коксаки А8, Коксаки В4, ЕСНО11, ЕСНО30 – в одном очаге каждый.

Вирусы Коксаки А6, Коксаки А10, Коксаки А16 выявлялись при расследовании групповой заболеваемости во всех федеральных округах РФ. При этом, большинство очагов, связанных с вирусом Коксаки А10 (19 из 31) регистрировалось на территории

Дальневосточного ФО, большинство очагов, связанных с вирусом Коксаки А16 сформировалось на территории Европейской части России и Северного Кавказа.

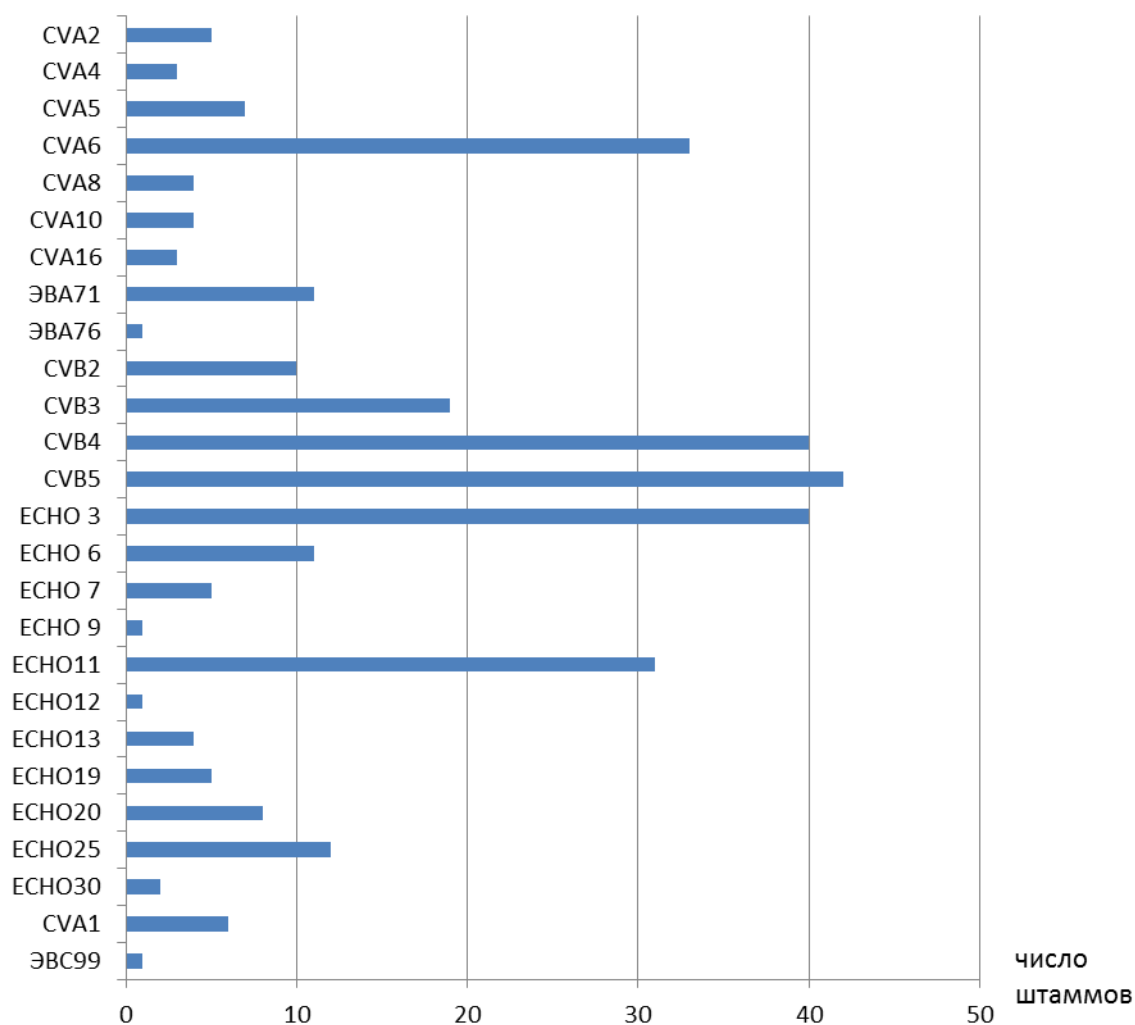


Рисунок 4 – Непوليوмиелитные энтеровирусы, идентифицированные в ООС в 2024 г.

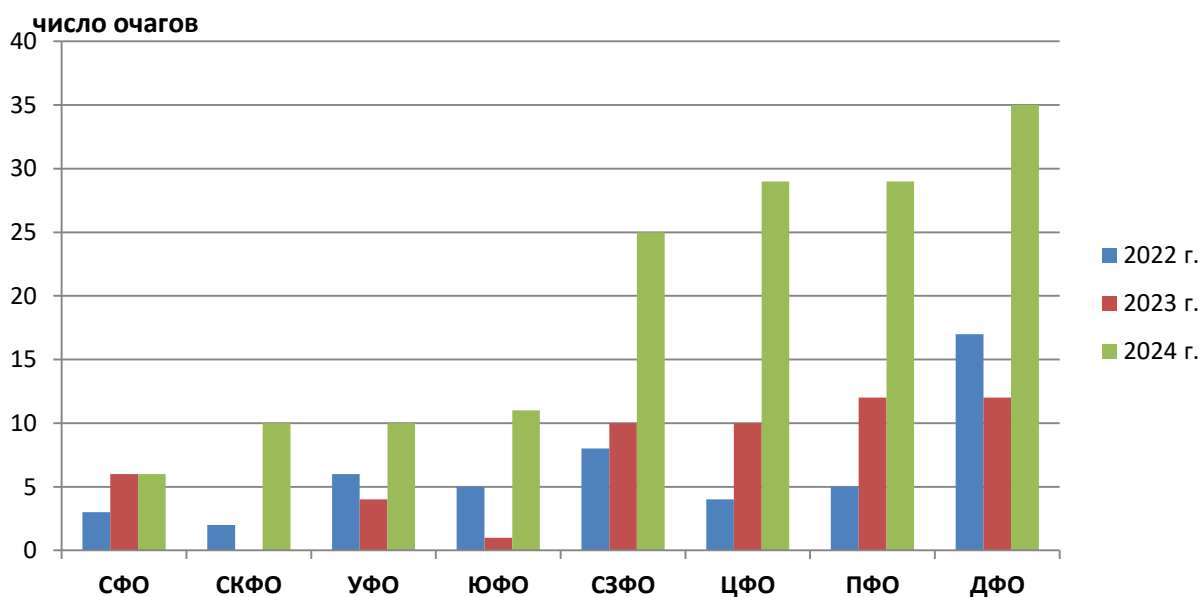


Рисунок 5 - Очаги групповой заболеваемости ЭВИ в 2022–2024 гг. в федеральных округах РФ.

При расследовании случаев групповых заболеваний ЭВМ были идентифицированы вирус ЕСНО9 (Нижегородская область), вирусы ЕСНО25 и ЕСНО3 (Красноярский край).

В 2024 г., также как и в 2021-2023 гг., в структуре этиологических агентов ЭВИ преобладали ЭВА (64,67% от всех типированных штаммов НПЭВ), которые являются основными возбудителями экзантемных форм ЭВИ и герпангины. В свою очередь, на долю четырех вирусов: Коксаки А6, Коксаки А10, Коксаки А16 и ЭВА71, пришлось 84,53% от всех идентифицированных штаммов ЭВА. Пики обнаружения данных вирусов в течение сезона различались. Наибольшее число штаммов вируса Коксаки А6 было выявлено в июле и октябре, вируса Коксаки А16 – в июле и октябре-ноябре, вируса Коксаки А10 – в августе, ЭВА71 – в августе-сентябре (Рисунок 6). На основе полученных данных можно сделать вывод, что атипичное смещение сезонности ЭВИ в 2024 г. в сторону осенне-зимнего периода было обусловлено вторым пиком активности вирусов Коксаки А6 и, в большей степени, Коксаки А16.

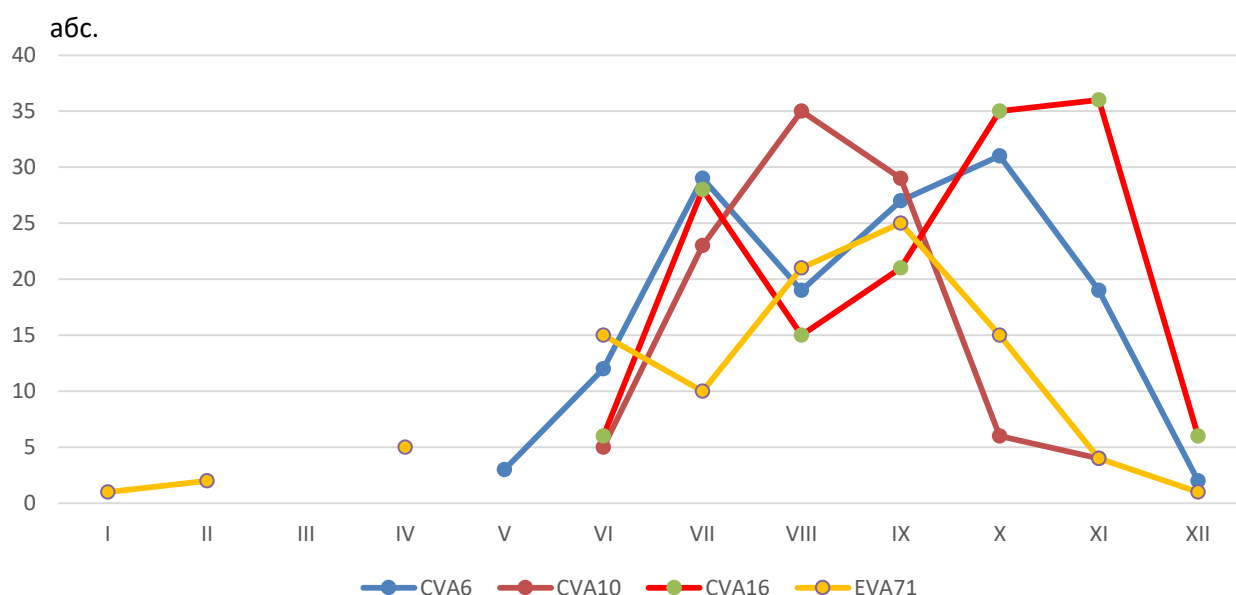


Рисунок 6 – Помесячная динамика выявления вирусов Коксаки А6, Коксаки А10, Коксаки А16 и ЭВА71 в 2024 г., абс.

Наибольшее распространение в 2024 г. получили: вирус Коксаки А6, циркуляция которого была зафиксирована на территории 55 субъектов РФ, вирус Коксаки А10 – на территории 47 субъектов, вирус Коксаки А16 – на территории 45 субъектов, ЭВА71 – на территории 35 субъектов. Следует отметить, что в 2024 г. число субъектов, в которых были идентифицированы вирусы Коксаки А10 и ЭВА71, было наибольшим за 17-летний период наблюдения.

Наиболее высокие показатели заболеваемости ЭВИ, многократно превысившие средний по РФ, были зафиксированы в тех субъектах, где выявлялись в значительном количестве один или несколько из данных возбудителей: в Сахалинской области – Коксаки А10, в Мурманской области – Коксаки А6 и ЭВА71, в Республике Тыва – Коксаки А16, в Хабаровском крае – Коксаки А16, Коксаки А10, Коксаки А6 и ЭВА71, в Амурской области –

Коксаки А10. В большинстве других субъектов, где регистрировалась высокая заболеваемость ЭВИ, также фиксировалась циркуляция этих четырех энтеровирусов.

На рисунке 7, иллюстрирующем многолетнюю динамику выявления ЭВА разных типов показано, что в 2024 г. сохранилась активность циркуляции вируса Коксаки А6, увеличилась активность циркуляции вирусов Коксаки А10, Коксаки А16 и ЭВА71.

Таким образом, можно заключить, что в 2024 г. в целом по России рост заболеваемости всеми формами ЭВИ, относительно уровня 2023 г., был связан с дальнейшим распространением вируса Коксаки А6, активизацией циркуляции и распространением вирусов Коксаки А10, Коксаки А16 и ЭВА71, что обусловило формирование очагов групповой заболеваемости в большем количестве, чем в 2023 г. и преобладание экзантемных заболеваний и герпангины в структуре клинических форм ЭВИ.

У больных ЭВМ в 2024 г. были идентифицированы ЭВ 24 типов 2-х видов, ЭВВ: ЕСНО30, ЕСНО25, ЕСНО9, Коксаки А9, Коксаки В4, ЕСНО6, ЕСНО11, Коксаки В2, Коксаки В5, ЕСНО3, ЕСНО17, ЕСНО19, Коксаки В3, ЕСНО2, ЕСНО7, ЕСНО14, ЕСНО18, ЕСНО20, ЕСНО15, ЕСНО 21; ЭВА: ЭВА71, Коксаки А6, Коксаки А10, Коксаки А4; всего 274 штамма (Рисунок 8).

Как и в предыдущие годы, наибольшее число штаммов, выделенных от больных ЭВМ, пришлось на долю вирусов вида *Enterovirus B*. Чаще других у больных ЭВМ обнаруживались вирусы ЕСНО30 (33,98 %), ЕСНО25 (12,11 %), Коксаки А9 (5,08%). Большая часть штаммов вируса ЕСНО9 была выявлена при расшифровке вспышки ЭВМ в Краснобаковском районе Нижегородской области.

Циркуляция вируса ЕСНО30 – возобновилась в РФ в 2023 г., после 3-х летнего перерыва, включающего период пандемии COVID-19. За период 2023-2024 гг. вирус выявлялся в 46 субъектах РФ (Таблица 2).

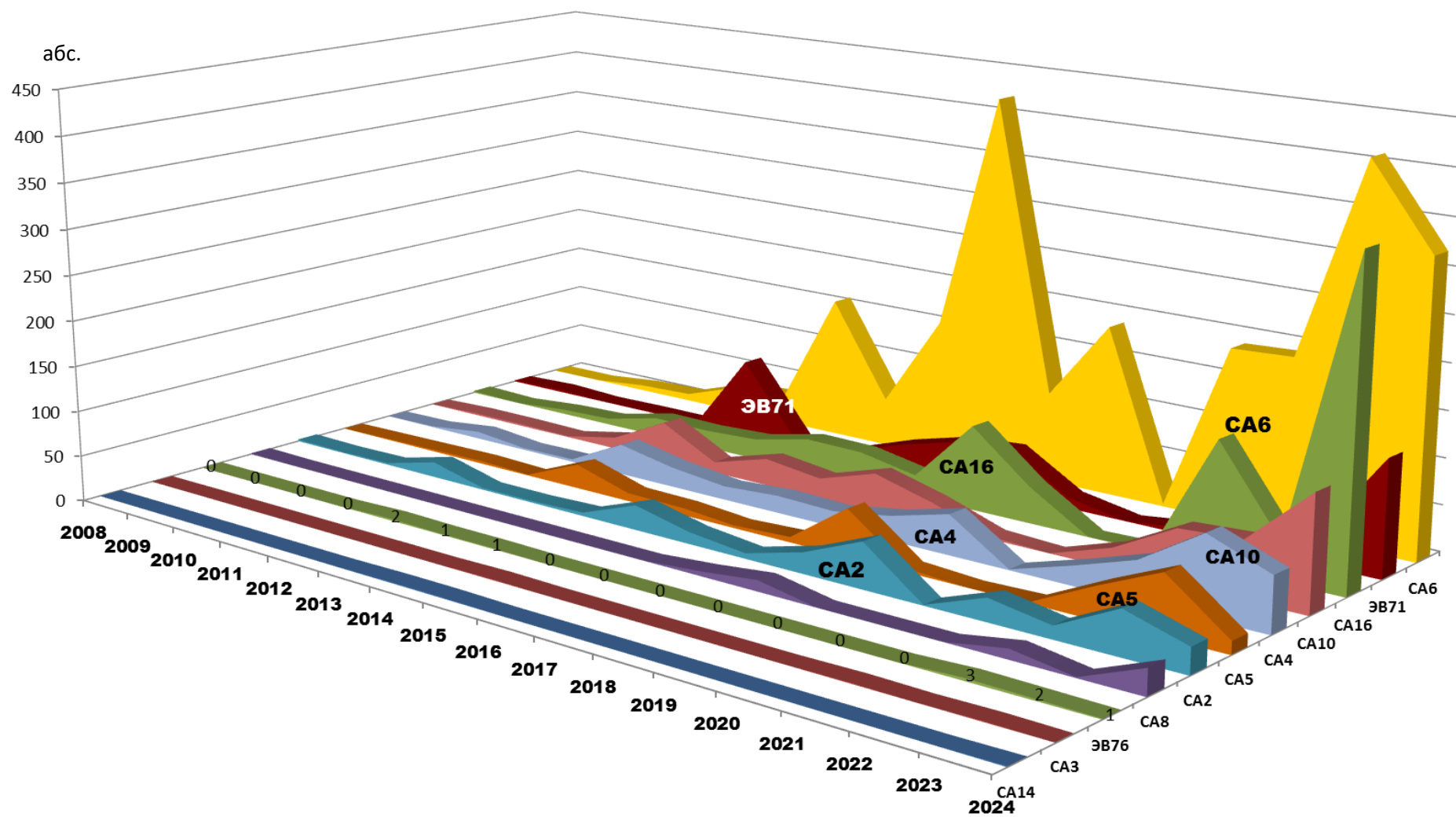


Рисунок 7 – Многолетняя динамика выявления ЭВА в РФ

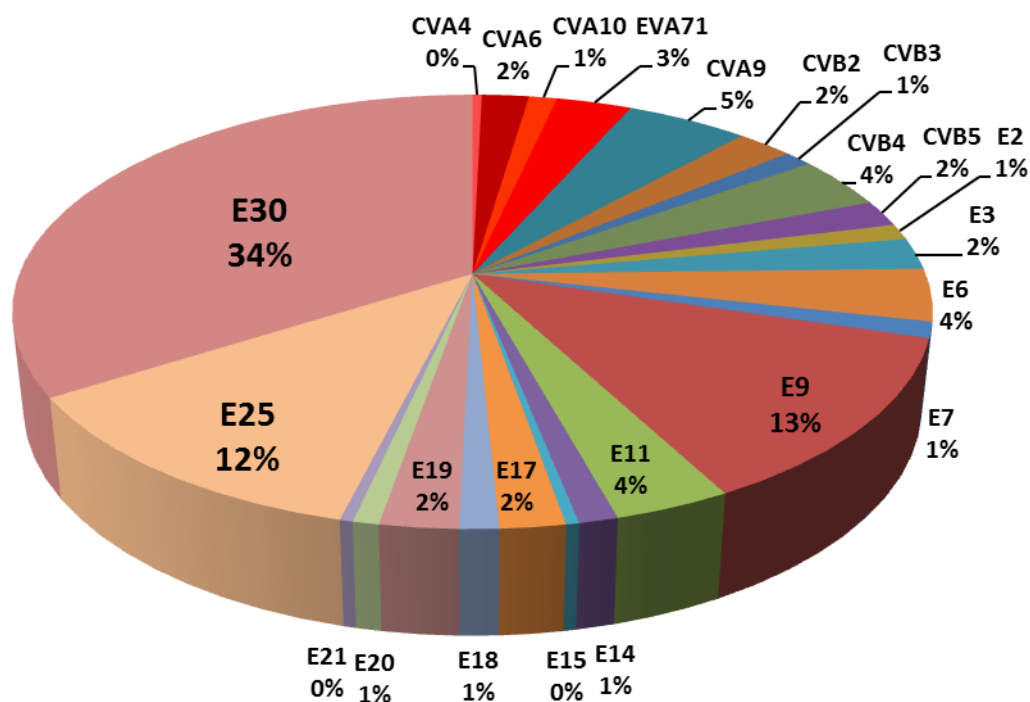


Рисунок 8 – Типовое разнообразие ЭВ, идентифицированных у больных ЭВМ в РФ в 2024 г., (n=274), %

В 2024 г. вирус ЕСНО30 был обнаружен на территории 37 субъектов РФ: в республиках Бурятия, Калмыкия, Коми, Крым, Марий Эл, Мордовия, Северная Осетия, Чувашской и Кабардино-Балкарской республиках; Забайкальском, Красноярском, Пермском, Ставропольском, и Хабаровском крае; Астраханской, Амурской, Владимирской, Воронежской, Иркутской, Калининградской, Кемеровской, Курганской, Ленинградской, Московской, Нижегородской, Новгородской, Ростовской, Рязанской, Самарской, Свердловской, Смоленской, Тульской, Ульяновской и Ярославской областях; г. Москва, г. Санкт-Петербург, ХМАО-Югре.

В 11 субъектах: республиках Бурятия, Мордовия, Красноярском крае, Владимирской, Воронежской, Иркутской, Курганской, Нижегородской, Самарской, Свердловской областях, ХМАО-Югре, вирус ЕСНО30 выявлялся и в 2023 г., и в 2024 г.

В большинстве регионов, где вирус ЕСНО30 обнаруживался на протяжении двух последних лет, была зарегистрирована заболеваемость ЭВМ, превышающая среднюю по РФ, включая субъекты с самым высоким показателем: в 2023 г – г. Севастополь, Саратовская область, ХМАО-Югра, Свердловская, Нижегородская, Пензенская, Новосибирская, Курганская, Сахалинская области, Красноярский край; в 2024 г. – Хабаровский край, республики Бурятия, Северная Осетия-Алания, Иркутская, Калининградская, Рязанская, Ярославская области, ХМАО-Югра,

Следует отметить, что дальнейшее распространение вируса ЕСНО30 в 2024 г. по территории РФ и связанный с этим рост заболеваемости ЭВМ в отдельных субъектах прогнозировались

Таблица 2

**Субъекты РФ, на территории которых фиксировалась циркуляция
вируса ЕСНО30 в 2023-2024 гг.**

№	Субъект РФ	2023 г.		2024 г	
		+/-*	Заболеваемость ЭВМ, 0/0000	+/-*	Заболеваемость ЭВМ, 0/0000
1	Р. Бурятия	+	0,81	+	1,95
2	Кабардино-Балкарская Р.	-	0,00	+	0,00
3	Р. Калмыкия	-	0,37	+	0,00
4	Р. Коми	-	0,74	+	0,55
5	Р. Крым	-	0,05	+	0,00
6	Р. Марий Эл	-	0,00	+	0,00
7	Р. Мордовия	+	1,16	+	0,13
8	Р. Северная Осетия	-	0,87	+	3,68
9	Р. Чувашия	-	0,25	+	0,09
10	Забайкальский край	-	0,29	+	0,10
11	Камчатский край	+	0,00	-	0,00
12	Красноярский край	+	4,42	+	4,18
13	Пермский край	-	1,05	+	0,44
14	Ставропольский край	-	0,25	+	0,45
15	Хабаровский край	-	7,38	+	19,83
16	Амурская область	-	0,77	+	0,00
17	Астраханская область	-	8,15	+	2,53
18	Белгородская область	+	0,33	-	0,20
19	Владимирская область	+	0,30	+	0,15
20	Воронежская область	+	1,13	+	0,83
21	Иркутская область	+	0,59	+	1,28
22	Калининградская область	-	0,10	+	1,26
23	Кемеровская область	-	0,50	+	0,12
24	Курганская область	+	5,91	+	3,57
25	Ленинградская область	-	0,26	+	0,15
26	Московская область	-	0,09	+	0,16
27	Нижегородская область	+	2,53	+	3,13
28	Новгородская область	-	0,85	+	0,87
29	Оренбургская область	+	0,21	-	0,00
30	Пензенская область	+	2,18	-	0,48
31	Ростовская область	-	0,50	+	0,38
32	Рязанская область	-	0,82	+	1,57
33	Сахалинская область	+	9,69	-	1,31
34	Самарская область	+	1,08	+	1,02
35	Саратовская область	+	29,90	-	0,42
36	Свердловская область	+	7,39	+	1,94
37	Смоленская область	-	0,22	+	0,35
38	Тверская область	+	0,00	-	0,08
39	Тульская область	-	0,07	+	0,41
40	Челябинская область	+	0,90	-	0,03
41	Ульяновская область	-	0,74	+	0,59
42	Ярославская область	-	1,62	+	4,03
43	г. Москва	-	0,58	+	0,61
44	г. Санкт-Петербург	-	1,28	+	0,48
45	г. Севастополь	+	50,97	-	6,25
46	ХМАО-Югра	+	7,61	+	2,75

* «+»- циркуляция вируса фиксировалась в субъекте, «-» - не фиксировалась

Учитывая тот факт, что вирус ЕСНО30 за прошедшие 2 года был выявлен на территории 46 субъектов РФ, можно предположить, что существует вероятность реализации эпидемического потенциала данного вируса в 43 других субъектах страны. В тех субъектах, где в 2023-2024 гг. регистрировался рост заболеваемости ЭВМ, связанный с ЕСНО30, риск осложнения эпидситуации по ЕСНО30-инфекции в 2025 г. низкий (20 субъектов, в таблице 6 отмечены зеленой заливкой). Те субъекты, где в данный период времени отмечалась циркуляция ЕСНО30, но показатели заболеваемости ЭВМ были невысокими, можно обозначить как территории среднего риска осложнения эпидемиологической ситуации, связанной с вирусом ЕСНО30.

В 2024 г. активизировался вирус ЕСНО25 (Рисунок 9), который в ряде регионов выявлялся у больных ЭВМ: Р. Татарстан, Красноярский и Хабаровский край, Воронежская, Калининградская, Курганская, Новгородская, Новосибирская, Рязанская и Самарская области, г. Москва, ХМАО. За прошедший год данный вирус был обнаружен на территории 28 субъектов РФ.

Следует отметить, что во многих субъектах с показателем заболеваемости ЭВМ, превышавшим средний по РФ, в течение года была отмечена циркуляция нескольких возбудителей данной формы ЭВИ: ЕСНО30 и ЕСНО25 – Р. Бурятия, Красноярский и Хабаровский край (самый высокий показатель в РФ в 2024 г., 19,83⁰/₀₀₀₀), Иркутская, Калининградская, Курганская и Рязанская области, г. Москва, ХМАО-Югра; ЕСНО30, ЕСНО9 и ЭВА71 – в Ярославской области; ЕСНО30, ЕСНО25, ЕСНО19, ЕСНО11 и ЕСНО9 – в Самарской области; ЕСНО25 и ЕСНО19 – в Новосибирской области, ЕСНО25 и ЭВА71 в Республике Карелия. В г. Севастополь в 2024 г. заболеваемость ЭВМ многократно снизилась относительно уровня 2023 г. (50,97⁰/₀₀₀₀, в 2023 г. доминировал вирус ЕСНО30); эпидемический процесс ЭВМ поддерживался циркуляцией вирусов Коксаки А9, Коксаки В4, Коксаки В5, показатель заболеваемости составил 6,25⁰/₀₀₀₀ – второй по величине в России в прошедшем году.

В Нижегородской области среди возбудителей ЭВМ преобладал вирус ЕСНО9, который стал причиной вспышки ЭВИ в Краснобаковском районе, в течение которой заболело ЭВМ 25 человек, что составило 26,0% от случаев ЭВМ, зарегистрированных в субъекте за год. Помимо вируса ЕСНО9 в Нижнем Новгороде и области у больных ЭВМ в 2024 г. выявлялись вирусы ЕСНО30, ЭВА71, Коксаки А6, Коксаки В4, ЕСНО17, Коксаки А9, ЕСНО3, Коксаки В3 и ЕСНО15.

Таким образом, эпидемический процесс ЭВМ в РФ поддерживается циркуляцией энтеровирусов многих типов (преимущественно вирусами вида *Enterovirus betacoxsackie*). Пики активности различных возбудителей ЭВМ на разных территориях не совпадают. В связи с этим, риск развития эпидемического подъема заболеваемости ЭВМ в 2025 г. существует в любом из субъектов РФ.

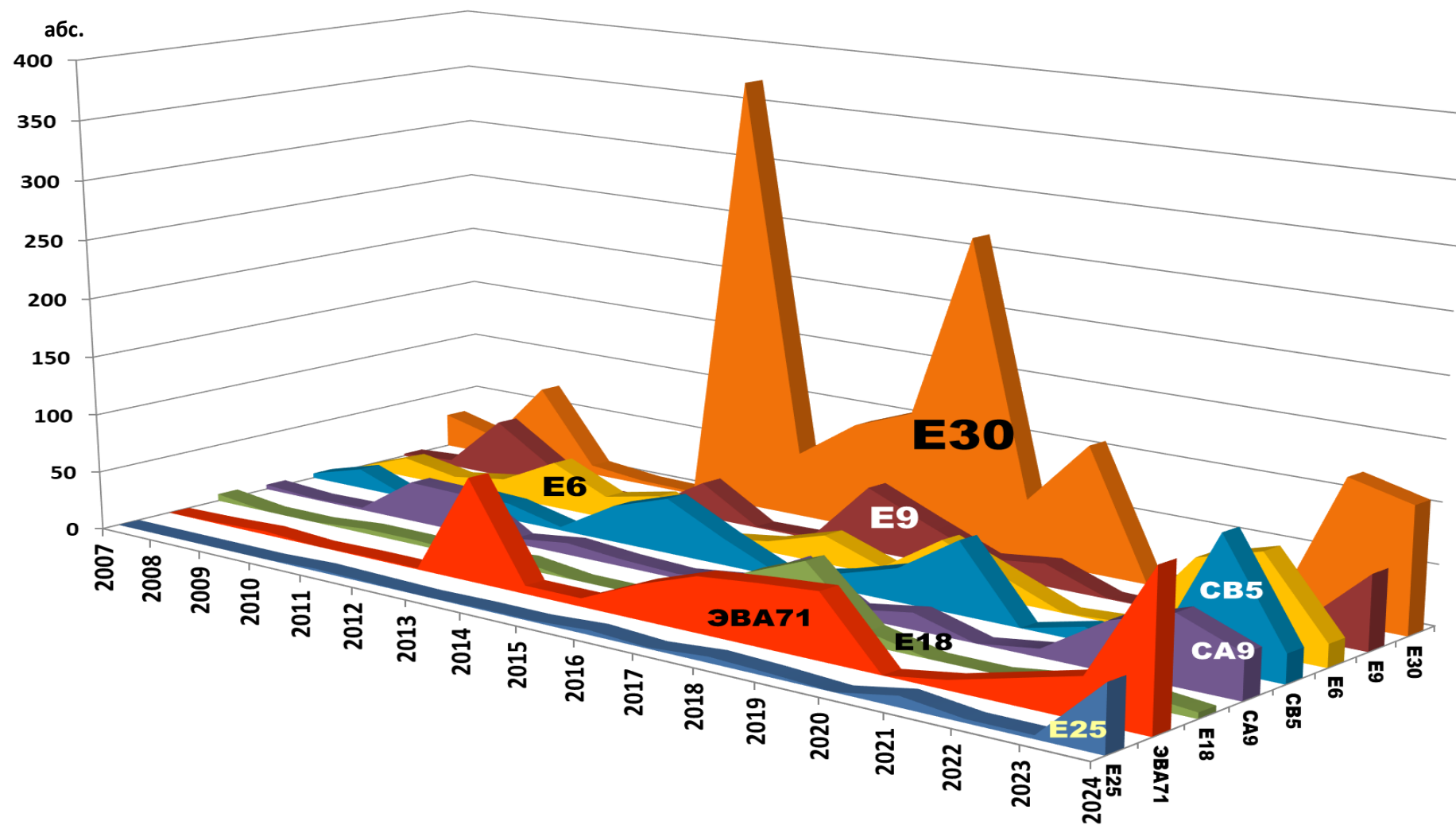


Рисунок 9 – Многолетняя динамика выявления ЭВВ в РФ

Филогенетический анализ Проведен филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей генома российских штаммов вирусов Коксаки А6, Коксаки А10, Коксаки А16, ЭВ-А71 и ЕСНО30, идентифицированных в 2024 г.

Вирус Коксаки А6. В результате филогенетического анализа нуклеотидных последовательностей фрагмента области VP1 генома штаммов вируса Коксаки А6, полученных в наших исследованиях и представленных в международных базах данных, было установлено, что вирусы Коксаки А6, идентифицированные в России в 2010-2024 гг., можно отнести к двум разным генотипам.

До 2008 г. в мире идентифицировались вирусы Коксаки А6 только «старых» генотипов А и В. В 2008 г. вирус «нового» генотипа, который в ряде публикаций обозначается как D, одновременно был выявлен в Испании (полифилетичная вспышка HFMD с онихомадезисом), Финляндии, Великобритании и Китае, в 2009 г. – в Индии. В дальнейшем вирус этого генотипа получил пандемическое распространение. В России вирус Коксаки А6 «нового» генотипа появился в 2010 г. В 2014 г. среди российских штаммов вируса Коксаки А6 генотипа 3, идентифицированных в 2012-2014 гг., было дифференцировано 8 субгенотипов (Рисунок 10). В 2024 г. среди штаммов вируса Коксаки А6 идентифицирован только субгенотип D-8.

Следует отметить, что внутри субгенотипов штаммы вируса Коксаки А6 гетерогенны и проявляют родство к различным зарубежным штаммам. При этом штаммы, выделенные в разные годы, часто образуют отдельные филогенетические кластеры, характеризующиеся значительным уровнем дивергенции нуклеотидных последовательностей. Такая закономерность характерна не только для вируса Коксаки А6, но и для других энтеровирусов. Это может свидетельствовать в пользу того, что ежегодно происходят заносы эпидемических вариантов энтеровирусов на территорию РФ из-за рубежа.

Все штаммы вируса Коксаки А6, выделенные в 2021-2023 гг., дифференцировались от штаммов, идентифицированных до пандемии COVID-19, что указывает на множественные заносы этого вируса в РФ из-за рубежа после 2020 г. В 2024 г. получены генетические характеристики штаммов вируса Коксаки А6, идентифицированных в двух случаях завоза вируса из Турции: в г. Саратов и г. Оренбург (дети заболели во время пребывания в Турции). «Завозные» штаммы имели близкое генетическое родство со штаммами, выявленными у больных ЭВИ, не выезжавших в прошедшем году с территории РФ, выделенными как в начале, так и в конце эпидемического сезона.

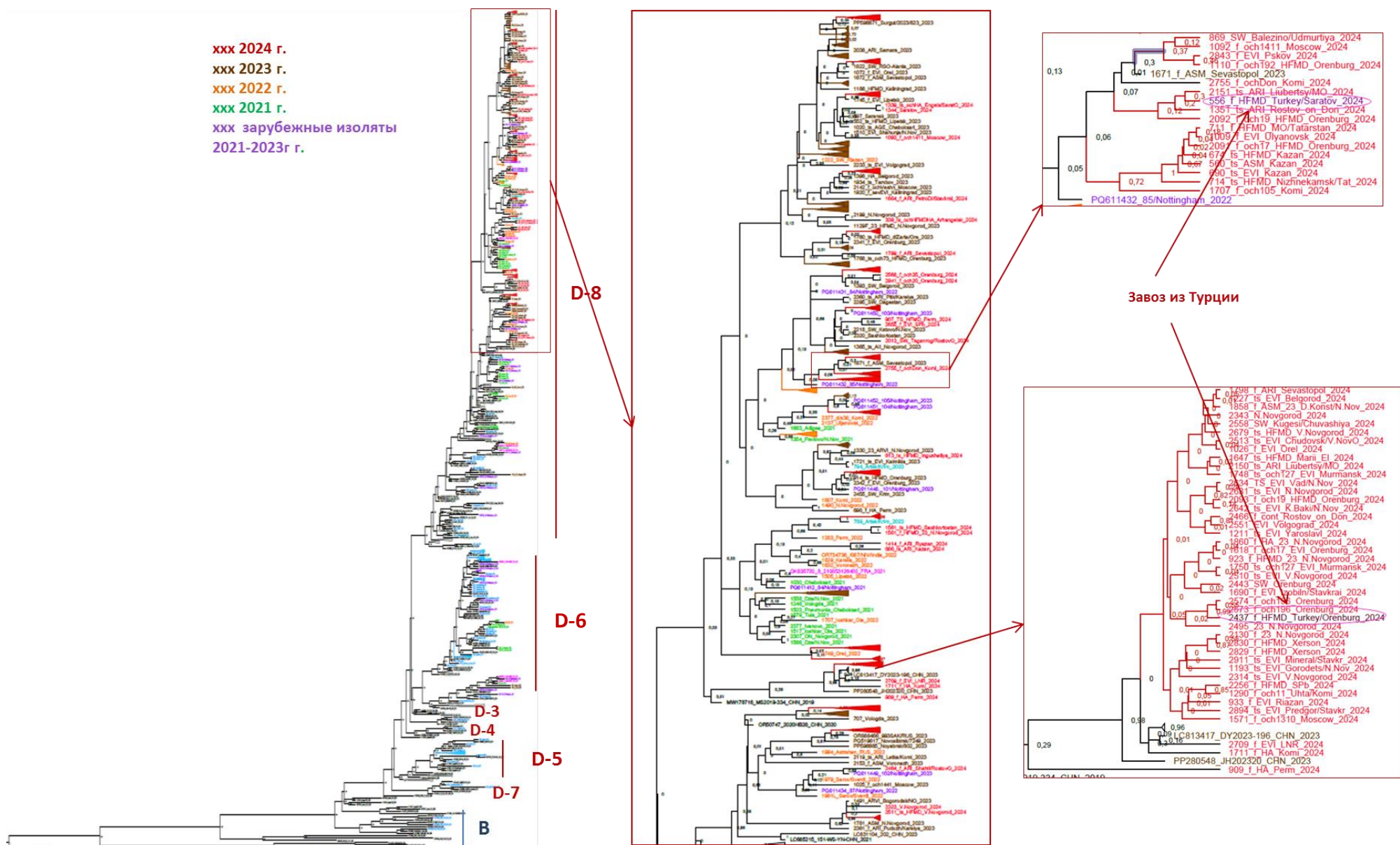


Рисунок 10 – Филогенетическое дерево, построенное по алгоритму MCMC в версии BEAST v1.8.4 на основе анализа частичной (282 н.о.) последовательности области VP1 генома штаммов вируса Коксаки А6, идентифицированного в РФ в 2006-2024 гг.

Вирус Коксаки А16. В результате филогенетического анализа последовательностей фрагмента области VP1 генома штаммов вируса Коксаки А16, идентифицированных в 2023-2024 гг., было дифференцировано 8 геновариантов вируса генотипа В1 (Рисунок 11). Вирусы геновариантов 1, 2, 4, 6, 7, 8 группировались отдельно от штаммов, выделенных в России ранее, в том числе и в 2021-2022 гг., что указывает на разное происхождение и отсутствие эпидемиологической связи вирусов, циркулировавших в разное время. Геноварианты 3 и 5 были представлены близкородственными вирусами, выделенными в 2022-2024 гг. Самый большой кластер 8 сформировали штаммы Коксаки А16, выделявшиеся в течение всего эпидсезона 2024 г. от больных ЭВИ (в том числе в очагах) и в объектах окружающей в разных регионах России. В этот же кластер вошел и штамм от ребёнка мигрантов из Таджикистана, прибывших в Липецкую область.

Вариант 2 был представлен штаммами, идентифицированными в 2024 г. не только в России (Астрахани и Карелии), но и в Южном Вьетнаме (в результате совместных исследований). В эту же группу вошли вирусы, выявлявшиеся на протяжении 2017-2023 гг. в Таиланде, Вьетнаме, Китае, что указывает на то, что появление вируса данного геноварианта в РФ является результатом заноса из эндемичного региона.

Таким образом, результаты филогенетического анализа вируса Коксаки А16 свидетельствуют о множественных заносах из-за рубежа на территорию РФ, произошедших в 2023-2024 гг., и указывают на ведущую роль миграции населения (как внешней, так и внутренней) в распространении вируса по территории РФ.

Вирус Коксаки А10. В результате филогенетического анализа нуклеотидных последовательностей фрагмента области VP1 генома было установлено, что в период 2013-24 гг. на территории РФ циркулировали штаммы CV-A10, относящиеся к двум генотипам: С и F3 (Рисунок 12). Штаммы CV-A10 генотипа С выявлялись ежегодно, за исключением 2020 г. Циркуляция штаммов CV-A10 генотипа F3 на территории РФ наблюдалась ежегодно до 2018 г, возобновилась в 2022 г. и продолжилась в 2023-2024 гг.

Внутри генотипов С и F изученные штаммы были генетически неоднородны. Среди российских штаммов генотипа F, идентифицированных в 2024 г. дифференцируются 4 геноварианта, генотипа С – 5 геновариантов. Штаммы геновариантов F3-1, F3-4, С-1, С-2, С-3, С-4 группировались отдельно от штаммов 2023 года, что может свидетельствовать о заносах вирусов, относящихся к этим геновариантам на территорию России в 2024 г. Штаммы генотипов С-1 и С-2 проявили генетическое родство со штаммами, циркулировавшими в разных европейских странах в 2022 г.

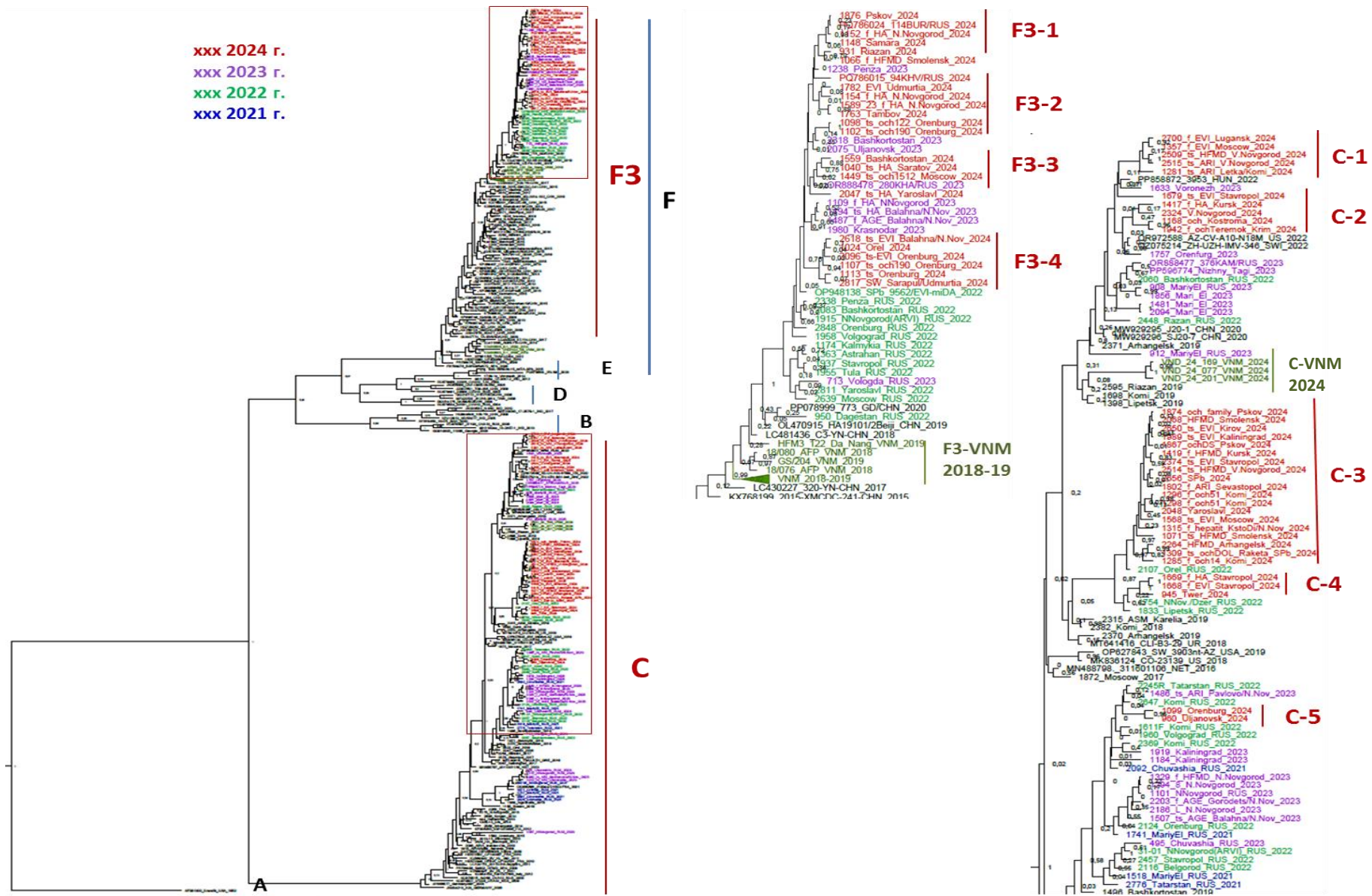


Рисунок 12 – Филогенетическое дерево, построенное по алгоритму MCMC в версии BEAST v1.8.4 на основе анализа частичной (279 н.о.) последовательности области VP1 генома штаммов вируса Коксаки A10, идентифицированного в РФ в 2004-2024 гг.

Энтеровирус А71. В период 2008-2024 гг. в РФ регистрировалась циркуляция ЭВА71 трех генотипов: С2, С4 и С1.

Генотип С2 выявлялся с 2008 по 2016 гг., кроме 2010 и 2013 гг.

ЭВА71 генотипа С4 был выявлен в РФ в 2012 г., а в 2013 г. с данным вирусом, в значительной степени, был связан рост заболеваемости ЭВИ с регистрацией значительного числа тяжелых случаев.

В 2016 г. в РФ зафиксировано возобновление циркуляции ЭВА генотипа С1. Начиная с 2017 г., в России обнаруживаются ЭВА71 только этого генотипа. На основе дивергенции нуклеотидных последовательностей генома не менее 2,5% среди штаммов ЭВА71 2023-2024 гг. можно дифференцировать, как минимум, 16 геновариантов (Рисунок 13). Установленный уровень генетических различий указывает на отсутствие прямых эпидемиологических взаимосвязей между очагами, в которых были обнаружены вирусы разных геновариантов. С российскими штаммами, циркулировавшими в 2022 г. и ранее, различия были еще более значительными. Среди зарубежных изолятов родство современным российским штаммам ЭВА71-С1 проявили вирусы, циркулировавшие в 2019-2023 гг. в Германии, Франции и в США, что в совокупности с чрезвычайной генетической гетерогенностью новых штаммов свидетельствует о том, что в 2023-2024 гг. произошли новые множественные заносы ЭВА71 из-за рубежа на территорию РФ. По опубликованным данным, штаммы ЭВА71 генотипа С1 до 2020 г. циркулировали преимущественно в европейских странах. В последние годы циркуляция ЭВА71 этого генотипа часто фиксируется и в странах Юго-Восточной Азии, где в настоящее время преобладает эндемичный для этого региона ЭВА71 генотипа В5.

Вирус ЕСНО30. За период 2007-2019 гг. в РФ была зафиксирована циркуляция вируса ЕСНО30 6-ти генотипов, включая два эпидемических генотипа – е и h (Рисунок 14).

По итогам молекулярного мониторинга циркуляции ЭВ в 2023 г. среди российских штаммов вируса ЕСНО30 было дифференцировано 2 новых геноварианта (1 и 2), относящихся к генотипу еС2, генетически отличавшихся от вирусов, циркулировавших на территории РФ до пандемии COVID-19. Геновариант 1 был более распространенным. Штаммы ЕСНО30, относящиеся к геноварианту 1, были в 2023 г. идентифицированы на территории 7 субъектов РФ. Циркуляция ЕСНО30 еС2 геноварианта 2 была зафиксирована на территории 5-ти субъектов (Белгородская, Владимирская, Воронежская области, Р. Крым, г. Севастополь).

В 2024 г. большинство идентифицированных штаммов вируса ЕСНО30, также как и в 2023 г., относилось к геноварианту 1 генотипа еС2. Вирусы этого геноварианта были выявлены на территориях с высокими показателями заболеваемости ЭВМ (Ярославская область, Северная Осетия). Также как и в 2023 г., для данных штаммов характерна генетическая гетерогенность, свидетельствующая об отсутствии эпидемиологической взаимосвязи между случаями ЭВМ из разных очагов.

Геновариант 2 в 2024 г. был представлен 1 штаммом, выделенным из сточной воды в г. Евпатория (Р. Крым).

Штамм вируса ЕСНО30, выделенный от больного ЭВМ из г. Арзамас (Нижегородская область) в июле 2024 г., группировался вместе с вирусами, выделенными позднее также у больных ЭВМ в областном центре, Ярославской и Калининградской областях, отдельно от всех других российских и зарубежных изолятов (геновариант 3), то указывало на то, что в 2024 г. произошел, как минимум, еще один занос варианта вируса ЕСНО30 на территорию РФ из-за рубежа.

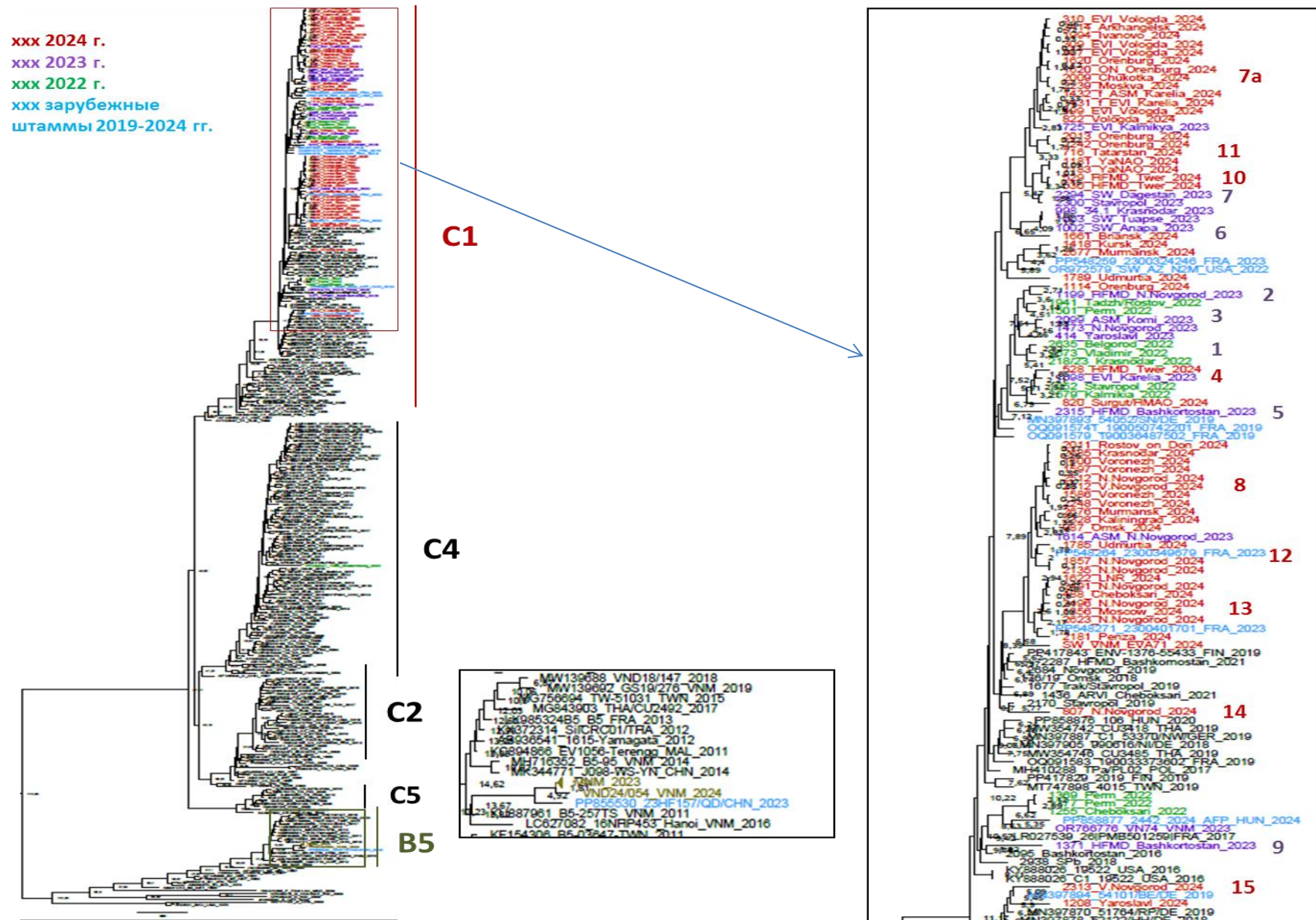


Рисунок 13 – Филогенетическое дерево, построенное по алгоритму MCMC в версии BEAST v1.8.4 на основе анализа полной (891 н.о.) последовательности области VP1 генома штаммов Энтеровируса A71, идентифицированного в РФ в 2006-2024 гг.

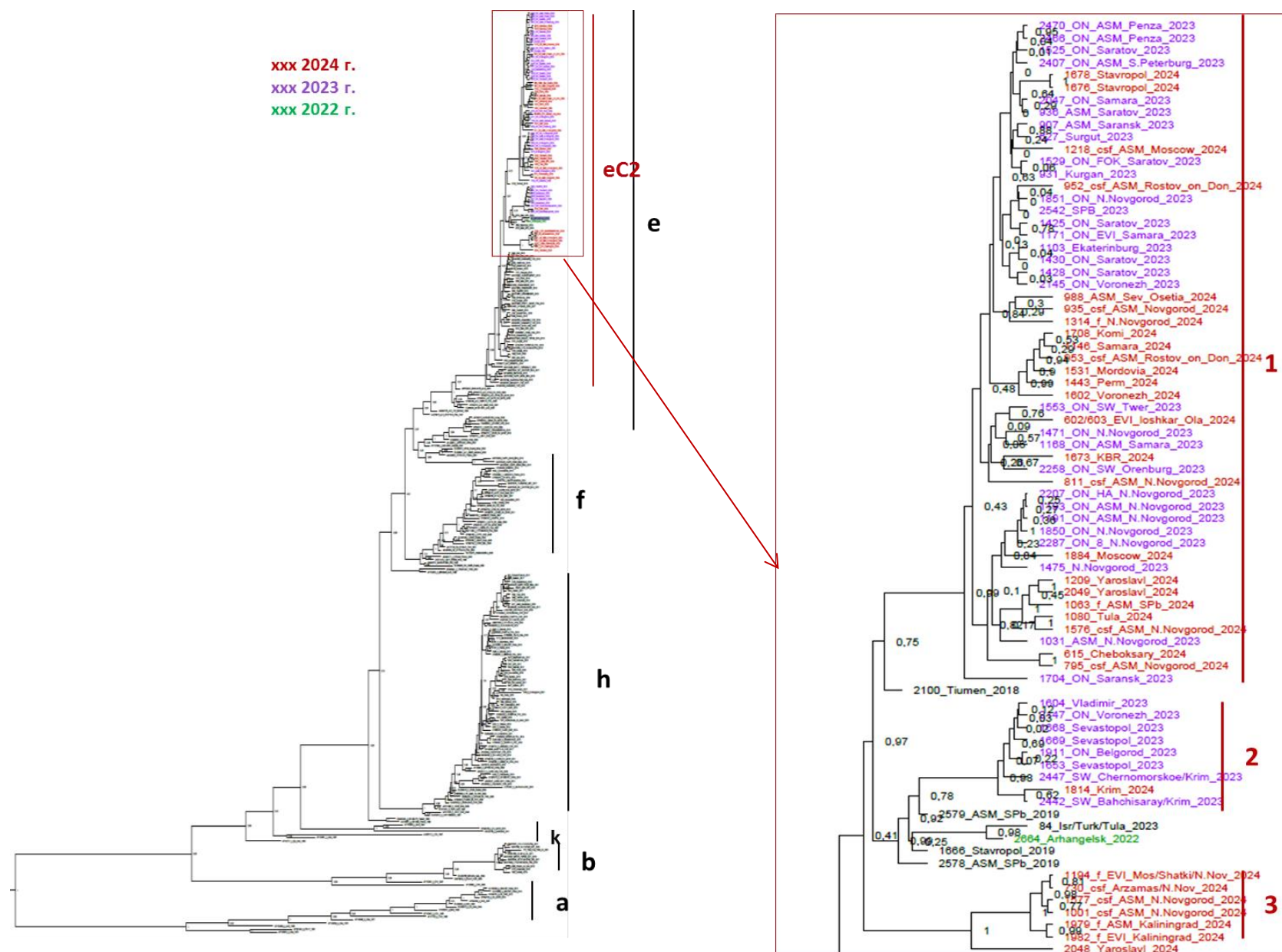


Рисунок 14 – Филогенетическое дерево, построенное по алгоритму МСМС в версии BEAST v1.8.4 на основе анализа полной (876 н.о.) последовательности области VP1 генома штаммов вируса ЕСНО30, идентифицированного в РФ в 2007-2024 гг.

Вирус ECHO9. Для вируса ECHO9 нет общепринятой классификации генотипов. На основе дивергенции нуклеотидных последовательностей, представленных в международных базах данных, с учетом временного фактора, среди штаммов вируса ECHO9 можно дифференцировать 7 генотипов (A-G), внутри генотипов C и D выделяются по 3 субгенотипа (Рисунок 15).

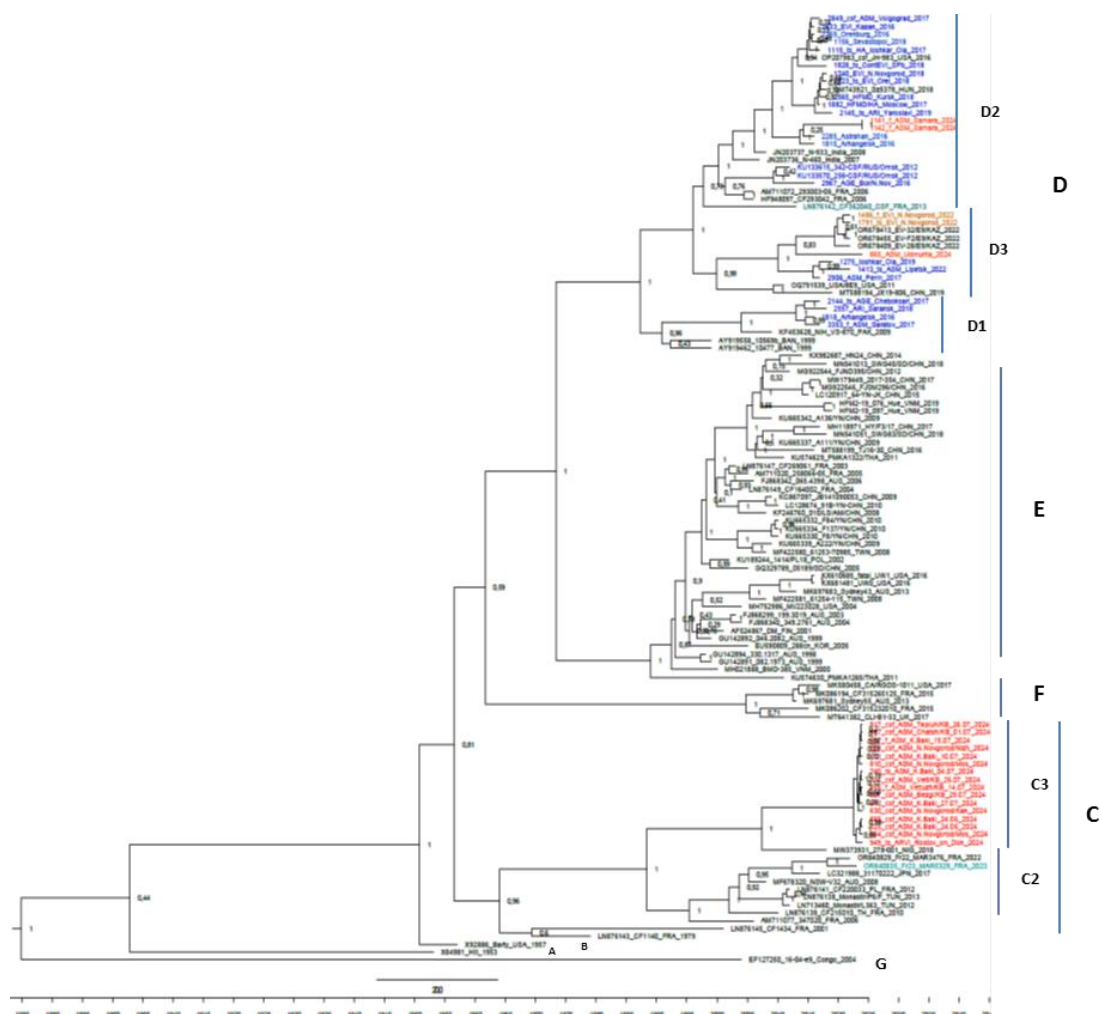
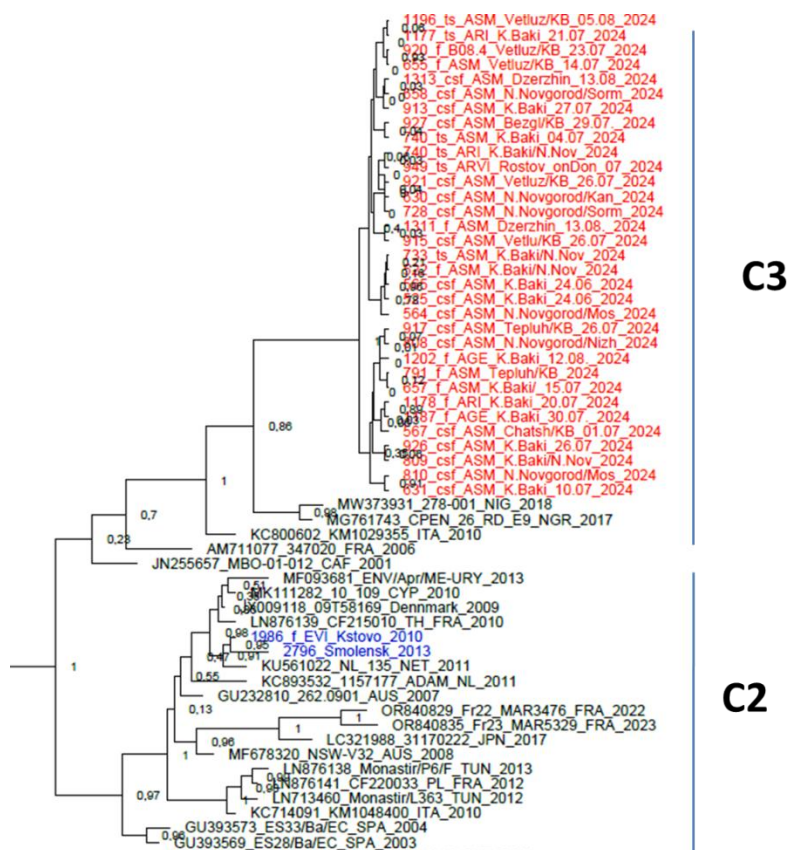


Рисунок 15 – Генотипы вируса ECHO9. Филогенетическое дерево построено по алгоритму MCMC в версии BEAST v1.8.4 на основе анализа полной (918 н.о.) последовательности области VP1 генома штаммов вируса ECHO9

В 2024 г. с вирусом ECHO9 связан значительный рост заболеваемости ЭВМ в Нижегородской области: 26 штаммов этого вируса были идентифицированы у больных ЭВМ и ОРВИ из Краснобаковского района, 7 – у заболевших ЭВМ жителей Нижнего Новгорода, 2 – у жителей г. Дзержинска. В результате филогенетического анализа установлено, что штаммы вируса ECHO9, выявленные в 2024 г. в Нижегородской области у больных ЭВМ и в Ростовской области у больного ОРВИ, относятся к субгенотипу C3 и не имеют близкого родства со штаммами, циркулировавшими ранее как на территории этих регионов, так и России в целом (Рисунок 16А).

А



Б

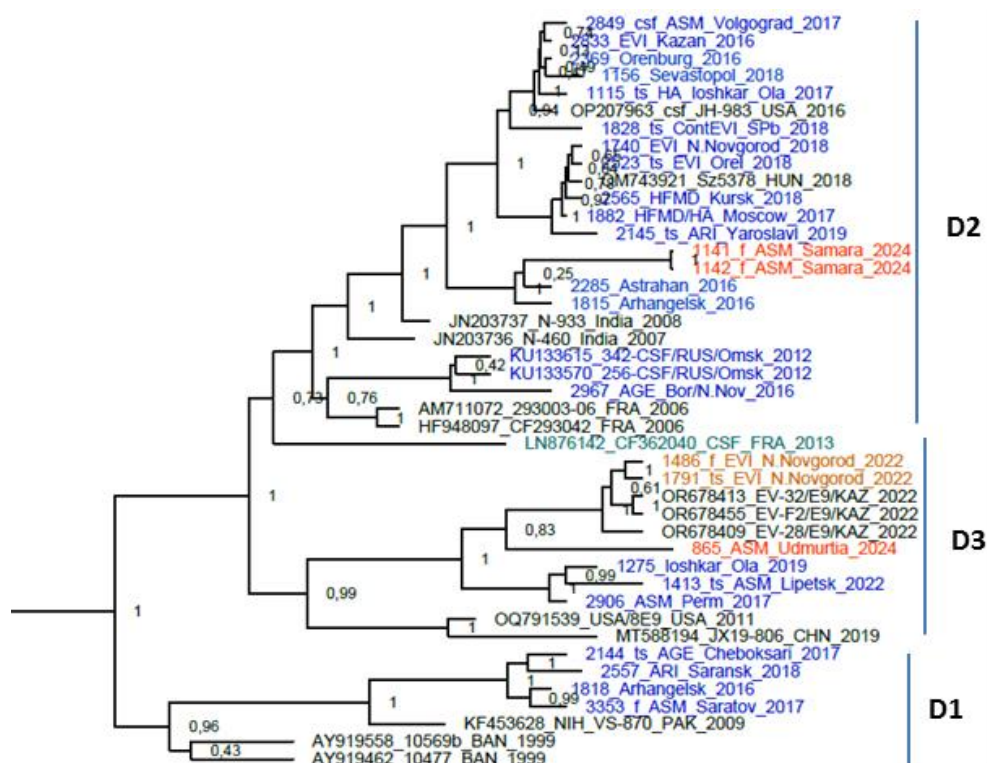


Рисунок 16 – Филогенетические взаимоотношения штаммов вируса ЕСНО9 генотипа С (А), и генотипа D (Б), идентифицированных в РФ в 2024 г.

Этот факт свидетельствует о новом, произошедшем в начале эпидсезона, заносе вируса из зарубежных стран. Установленное близкое родство штаммов ЕСНО9, обнаруженных у больных ЭВМ/ЭВИ из Краснобаковского района и г. Нижнего Новгорода, может указывать на возможные эпидемиологические связи между данными случаями заболеваний.

Штаммы, выделенные от больных ЭВМ из Самарской области и Удмуртской Республики, относились к субгенотипам D2 и D3, соответственно (Рисунок 16Б).

Таким образом, результаты филогенетического анализа последовательностей генома энтеровирусов указывают на генетическую гетерогенность штаммов внутри (серо)типа. Наибольшее количество геновариантов среди штаммов, циркулировавших на территории России в 2024 г., было дифференцировано у энтеровирусов альфакоксаки: Коксаки А16 (не менее 5 геновариантов), Коксаки А10 (не менее 9 геновариантов), ЭВА71 (не менее 11 геновариантов), Коксаки А6 (не менее 17 геновариантов). Для охарактеризованных энтеровирусов бетакоксаки в 2024 г. было характерно меньшее генетическое разнообразие: ЕСНО30 (не менее 3 геновариантов), ЕСНО9 (3 геноварианта). Среди всех ЭВ и в 2023 г. и в 2024 г. дифференцировались новые геноварианты, не циркулировавшие на территории России ранее. Этот факт указывает на то, что ежегодно на территорию РФ происходят множественные заносы энтеровирусов разных типов из-за рубежа.

Краткосрочный прогноз заболеваемости ЭВИ в Российской Федерации на 2025 г.

В РФ в 2025 г. прогнозируется незначительное снижение заболеваемости ($I_{\text{средн.прогн.}} = 11,46^{0/0000}$, $I_{\text{max.прогн.}} = 14,99^{0/0000}$, $I_{\text{min.прогн.}} = 9,20^{0/0000}$). Средний расчетный прогностический показатель заболеваемости ЭВМ на 2025 г. в целом по РФ составил $1,56^{0/0000}$ [$I_{\text{max.прогн.}} = 2,47^{0/0000}$, $I_{\text{min.прогн.}} = 0,90^{0/0000}$], что выше, чем фактическая заболеваемость в 2024 г. ($0,98^{0/0000}$) но ниже среднегодового показателя (2013-2019, 2022-2023 гг., $2,55^{0/0000}$).

Вместе с тем, на основе анализа заболеваемости и спектра циркулировавших в субъектах РФ в 2021-2024 гг. энтеровирусов можно сделать вывод, что в 2025 г. заболеваемость экзантемными и малыми формами ЭВИ будет поддерживаться циркуляцией и распространением эпидемических вариантов вирусов Коксаки А6, Коксаки А16, и других вирусов вида *Enterovirus alphacoxsackie*. Не исключена вероятность активизации и распространения Энтеровируса А71. С вирусами вида Энтеровирус А связаны риски формирования очагов групповой заболеваемости в детских летних лагерях отдыха и дошкольных учреждениях. Риск осложнения эпидемиологической ситуации по ЭВИ в 2026 г. существует в любом из субъектов РФ.

Риски роста заболеваемости ЭВМ в 2025 г. связаны с заносом и распространением ряда вирусов вида *Enterovirus betacoxsackie*, давно не появлявшихся на той или иной отдельной территории и в РФ в целом (ЕСНО9, ЕСНО6, ЕСНО18, ЕСНО25 и др.). В ряде регионов существует вероятность реализации эпидемического потенциала вируса ЕСНО30, связанная с риском дальнейшего распространения ЕСНО30 генотипа еС2 и возобновления циркуляции ЕСНО30 генотипа h. Следует отметить, что риск эпидемического роста заболеваемости ЭВМ особенно высок на тех территориях, где пик заболеваемости этой формой ЭВИ, обусловленный вирусом ЕСНО30, последний раз наблюдался до 2020 г.

В целях обеспечения санитарно-эпидемиологического благополучия населения рекомендуется строгое соблюдение мероприятий, включенных в комплекс санитарно-противоэпидемических (профилактических) мер, изложенных в письме Роспотребнадзора от 18.07.2023, № 02/11900-2023-27; МУ 3.3.3. 4015-24 «Эпидемиологический надзор за энтеровирусной (неполио) инфекцией», глава VII.; СанПиН 3.3686-21 «Санитарно-эпидемиологические требования по профилактике инфекционных болезней», раздел XXXIII.

www.nniiem.ru

Информационный бюллетень «Заболеваемость, этиологическая структура и вопросы профилактики энтеровирусной (неполио) инфекции»

Основан в 2014 г. Периодичность издания 1 раз в год

Верстка электронного варианта: Голицына Л.Н. Дизайн оформления: Новикова Н.А.