

УДК: 616.9:616.34:578.835.3Calicivirus-002.35-036

DOI:10.14427/jipai.2025.1.87

Оценка групповой заболеваемости норовирусной инфекции на территории Омской области с анализом генотипа

Л.В. Пузырёва¹, К.В. Кулешов², О.Н. Сиволапова³, В.В. Сергеева⁴¹ Омский государственный медицинский университет Министерства здравоохранения Российской Федерации, Омск² Федеральное бюджетное учреждение науки «Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Москва³ Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека. Управление Роспотребнадзора по Омской области, Омск⁴ Инфекционный стационар для детей Городской клинической больницы № 1 им. А.Н. Кабанова, Омск

Assessment of group incidence of noroviral infection in the territory of Omsk region with genotype analysis

L.V. Puzyreva¹, K.V. Kuleshov², O.N. Sivolapova³, V.V. Sergeeva⁴¹ Omsk State Medical University of the Ministry of Health of the Russian Federation, Omsk² Federal Budgetary Scientific Institution Central Research Institute of Epidemiology of the Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, Moscow³ Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing. Rospotrebnadzor Office for Omsk Region, Omsk⁴ Infectious Diseases Hospital for Children of City Clinical Hospital No. 1 named after A.N. Kabanova, Omsk

Аннотация

Норовирус является частой причиной эпидемического и спорадического острого гастроэнтерита во многих регионах России. Было решено оценить вспышечную заболеваемость острыми вирусными кишечными инфекциями с выделением доли норовирусного гастроэнтерита с анализом его генотипирования на территории Омской области. *Материалы и методы.* Использовались результаты основных отчётных форм по заболеваемости острыми кишечными инфекциями в Омской области за период с 2016 по 2023 гг. Результаты генотипирования циркулирующих штаммов норовирусов в Омской области предоставлены референс-центром по мониторингу возбудителей кишечных инфекций в России.

Результаты исследования. Все вспышки острой кишечной инфекции были вирусной этиологии. Большая их часть регистрировалась в детских дошкольных учреждениях. Преобладал контактно-бытовой путь передачи. Норовирусный гастроэнтерит встречался в половине всех случаев. Чаще всего источником был больной человек либо вирусоноситель.

При генотипировании выявлена циркуляция различных штаммов, но с превалированием GII в 81,6%. В течение нескольких лет отмечено доминирование GII.P16. Определялись штаммы норовируса, которые регистрировались в некоторых регионах России.

Заключение. Вирусные диареи остаются ведущей причиной возникновения острой кишечной инфекции у лиц

Summary

Norovirus is a common cause of epidemic and sporadic acute gastroenteritis in many regions of Russia. It was decided to assess the outbreak incidence of acute viral intestinal infections with the isolation of the proportion of norovirus gastroenteritis and an analysis of its genotyping in the Omsk region.

Materials and methods. The study used the results of the main reporting forms on the incidence of acute intestinal infections in the Omsk region for the period between 2016 and 2023. The results of genotyping of circulating strains of noroviruses in the Omsk region were provided by the reference center for monitoring pathogens of intestinal infections in Russia.

Study results. All outbreaks of acute intestinal infection were of viral etiology. Most of them were registered in preschool institutions. The contact and household transmission route prevailed.

Norovirus gastroenteritis was diagnosed in half of all cases. The source was most commonly an infected person or a virus carrier.

Genotyping revealed a circulation of various strains, but with a prevalence of GII in 81.6%. The dominance of GII.P16 was noted for several years. Norovirus strains already recorded in some regions of Russia were determined.

Conclusion. Viral diarrhea remains the leading cause of intestinal infections in individuals under 17 years of age. The circulation of noroviruses in the region leads to the emergence of infection foci in groups of children. Long-term genotyping

до 17 лет. Циркуляция норовирусов в регионе приводит к возникновению очагов инфекции в детских коллективах. Долгосрочное генотипирование норовируса необходимо для контроля циркуляции новых или повторяющихся вариантов, что позволит в дальнейшем сформировать эффективные профилактические специфические мероприятия.

Ключевые слова

Норовирус, норовирусная инфекция, вспышечная заболеваемость, генотип норовируса.

Норовирусная инфекция (НВИ) остаётся частой причиной развития острого гастроэнтерита у детей и взрослых во многих регионах страны и мира. Из всех кишечных инфекционных заболеваний НВИ уступает место только ротавирусной, при этом не всегда её регистрация истинная, что связано с низкой полноценной расшифровкой этиологического агента [1].

Многие учёные, изучая генотип норовируса, объясняют его агрессивность, описывают длительную персистенцию на определённой территории [2] или циркуляцию в различных регионах России [3,4]. Известно о малой инфицирующей дозе (до 10 вирионов) и, следовательно, высокой восприимчивости населения, особенно детей до 6-7 лет и лиц пожилого возраста [5]. НВИ в отличие от ротавирусной гораздо чаще вызывает вспышки заболевания в местах скопления людей. Однако существуют лица менее восприимчивые к норовирусам, например, с III–IV группами крови и при наличии дефекта гена, кодирующего функциональную α -1,2-фукозилтрансферазу, что активно изучается многими научными коллективами [6,7].

Эпидемиологическая ситуация по НВИ усугубляется отсутствием специфических мер профилактики, что обусловлено широким разнообразием и изменчивостью норовирусов. При этом повсеместная распространённость этого вируса требует постоянного контроля для его выявления на определённой территории.

Цель исследования: оценить вспышечную заболеваемость острыми вирусными кишечными инфекциями (ОКИ) с выделением доли норовирусного гастроэнтерита и его генотипирования на территории Омской области за 8 лет.

Материалы и методы

Для работы использовались отчётные формы Роспотребнадзора форма № 1 «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях» (за месяц), форма № 2 «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях», форма № 23 «Сведения о вспышках инфекционных заболеваний».

of norovirus is necessary to control the circulation of new or recurrent variants, which will allow for further development of effective specific preventive measures.

Keywords

Norovirus, norovirus infection, outbreak incidence, norovirus

Анализировались формы № 058/у «Экстренное извещение об инфекционном заболевании, пищевом, остром, профессиональном отравлении, необычной реакции на прививку», № 060/у «Журнал учёта инфекционных заболеваний», № 026/у «Медицинская карта ребёнка для школы» за 2017–2023 гг. Результаты генотипирования циркулирующих штаммов норовирусов в Омской области предоставлены референс-центром по мониторингу возбудителей кишечных инфекций Федерального бюджетного учреждения науки «Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека.

Использовались эпидемиологические методы исследования: описательный метод, эпидемиологическая диагностика, эпидемиологический анализ.

Статистический анализ проводился с использованием программы StatTech v. 4.4.1 (разработчик – ООО «Статтех», Россия). Количественные показатели, имеющие нормальное распределение, описывались с помощью средних арифметических величин (M) и стандартных отклонений (SD) ($M \pm SD$), границ 95% доверительного интервала (95% ДИ). При сравнении средних арифметических показателей использовался t-критерий Стьюдента, при $p < 0,05$ – различия были значимы. Критическое значение t-критерия Стьюдента = 2.179, при уровне значимости $\alpha = 0,05$.

Результаты и их обсуждение

За исследуемый период с 2016 по 2023 гг. в регионе было зарегистрировано 34 вспышки ОКИ. В очагах инфекции были проведены все необходимые мероприятия. Был выявлен источник заболевания, определён круг обследованных лиц, проведены диагностические лабораторные обследования. Всего пострадало 260 человек, среди которых детей, заболевших в очаге до 17 лет, было 91,9% (239). Среднее значение вспышечной заболеваемости за 7 лет составило $0,64 \pm 0,003\%$ от числа всех зарегистрированных случаев ОКИ.

Преимущественный путь передачи инфекционного кишечного заболевания был контактно-бытовой (73,5%). Пищевой путь передачи ОКИ был зарегистрирован в 17,6% (в 2016 и 2017 гг.), водный – 8,8% случаев (в 2016 и 2017 гг.). Большая доля вспышек ОКИ была выявлена в детских дошкольных учреждениях, что составило 73,6%. Гораздо меньше очагов кишечной инфекции было зарегистрировано в общеобразовательных учреждениях (14,7%). В летнем оздоровительном лагере зафиксирована единственная вспышка ОКИ в 2018 г. (2,9%), а среди населения было выявлено 8,8% (3 случая) очагов кишечной инфекции (табл. 1).

Лидирующей причиной возникновения очагов кишечной инфекции явился вирус Норволк (18 очагов), на долю которого пришлось 52,9%. Вспышка изолированной ротавирусной инфекции была установлена в 35,3% (12 очагах), а в сочетании с норовирусом – 2,9% (1 очаг). Энтеновирус явился причиной групповой заболеваемости в 8,8% (3 очага) случаев. Очаги норовирусной инфекции (n=18) в 100% случаев встречались в детских дошкольных учреждениях. Там же была зарегистрирована сочетанная вирусная вспышка в 2023 г. рота- и норовирусное кишечное заболевание. Очаги ротавирусной инфекции (n=12) в 41,6% случаев выявлялись в детских дошкольных, в 25,0% в общеобразовательных учреждениях, в оздоровительном лагере (8,3%) и среди населения (25,0%). Вспышка энтеровирусной инфекции была зарегистрирована среди детского населения

в дошкольных (33,3%) и общеобразовательных учреждениях (66,7%).

Во всех очагах инфекции проводились эпидемиологические расследования. В 91,9% случаев источником инфекции был больной человек или вирусоноситель. В 2016 и 2017 гг. были выявлены очаги ОКИ с водным путём передачи, а именно наличие ротавирусов было обнаружено в централизованных водных источниках и в воде водоёмов I категории. В последующие года водных вспышек вирусных диарей не наблюдалось.

Известно, что НВИ вызывает вспышки в группе скученных людей, не только детей, но и взрослых. Описан случай эпидемиологического расследования НВИ в многопрофильном стационаре г. Москвы, где пострадало 44 пациента. При выявлении причинно-следственных связей установлено наличие нескольких путей передачи: пищевой и контактно-бытовой [8]. В закрытых коллективах выявить путь передачи инфекционного заболевания легче, а при НВИ их может быть несколько. В наших случаях нельзя исключить наличие нескольких путей передачи инфекции в очаге, т.к. были некоторые сложности с обследованием контактных лиц в разобщённых коллективах. При этом качество эпидемиологических мероприятий влияет на распространение инфекции. На территории Омской области все вспышки ОКИ, и в том числе норовирусной, были локализованы. Однозначно, что вспышке НВИ способствовало ненадлежащее соблюдение санитарно-гигиенических навыков источника

Таблица 1. Описание вспышек острых кишечных инфекций на территории Омской области за период с 2016 по 2023 гг.

	2016	2017	2018	2019	2022	2023	Всего
Общее количество вспышек, из них:	9	9	4	5	1	6	34
– ротавирусная инфекция	4	2	2	1	0	3	12 (35,3%)
– норовирусная инфекция	5	6	1	3	1	2	18 (52,9%)
– энтеровирусная инфекция	0	1	1	1	0	0	3 (8,8%)
– рота+норовирусная инфекция	0	0	0	0	0	1	1 (2,9%)
Кол-во пострадавших, из них:	68	76	24	34	5	53	260
– лица до 17 лет (%)	61 (89,7%)	64 (84,2%)	24 (100,0%)	32 (94,1%)	5 (100,0%)	53 (100,0%)	239 (91,9%)
Доля вспышечной заболеваемости (%)	0,65%	0,65%	0,29%	0,39%	0,08%	0,81%	2,87%
Очаги в детских дошкольных учреждениях	7	6	3	4	0	5	25 (73,5%)
Очаги в общеобразовательных учреждениях	1	2	0	1	1	0	5 (14,7%)
Очаги в летнем оздоровительном учреждении	0	0	1	0	0	0	1 (2,9%)
Очаги среди населения	1	1	0	0	0	1	3 (8,8%)

Примечание: в 2020 и 2021 гг. вспышек острой кишечной инфекции зарегистрировано не было.

заболевания, а при создании определённых условий окружающей среды, высокой заразности микроорганизма, сформировался очаг инфекции с заболевшими людьми.

Чаще НВИ заболевают дети, что, вероятно, связано с частотой обращения за медицинской помощью, госпитализацией и обследованием детского населения. С одной стороны, дети являются наиболее восприимчивыми к норовирусному гастроэнтериту, в отличие от взрослых. С другой, – заболеваемость у лиц до 7-летнего возраста является физиологичной в плане проэпидемичивания человека. Это подтверждается частой регистрацией очагов НВИ в детских дошкольных учреждениях [2]. В детских коллективах нельзя исключить нарушение санитарных требований на пищеблоках и достаточный объём дезинфицирующих мероприятий [9], что необходимо контролировать при возникновении вспышечной заболеваемости ОКИ.

Норовирусы генетически делятся на семь различных типов геногрупп, а именно GI, GII, GIII, GIV, GV, GVI и GVII, которые в свою очередь подразделяются на различные генетические кластеры или генотипы. Группа генома II – наиболее распространённая группа для человека и в настоящее время содержит 19 генотипов. Геногруппы I, II и IV патогенны для людей, геногруппа III заражает крупный рогатый скот, а геногруппа V была выделена у мышей [10].

При генотипировании циркулирующих штаммов норовируса в Омской области в 2016 г. из одной вспышки был типирован GII.17/GII.P17. В 2017 г. в 70 пробах клинического материала из 8 очагов групповой заболеваемости был выявлен также возбудитель II геногруппы, а именно GII.2/GII.P16 и GII.4 Osaka_2016/GII.P16 (табл. 2). Идентичные изоляты были выделены при вспышках в 2017 г. в Красноярском крае, Республике Алтай, Иркутской области [2,7].

Таблица 2. Регистрация генотипов норовирусов, циркулирующих в Омской области за период с 2017 по 2023 гг.

Года	Выявленные генотипы	Частота
2017 (n=70)	II.2/II.P16 II.4 Osaka_2016/II.P16	32–45,7% 38–54,3%
2018 (n=41)	II.7/II.P1 GI(GI.5, GI.6)	12–29,3% 29–70,7%
2019 (n=22)	II.6/II. P7 II.4/II. P16	8–36,4% 14–63,6%
2023 (n=24)	II.17/ II.P17 II.4 Sydney/II.P16	9–37,5% 15–62,5%

В 2018 г. регистрировались представители двух геногрупп норовируса: GII.7/GII.P1 и GI. В 2019 г. из 22 проб клинического материала были выявлены генотипы норовируса GII.6/GII.P7 и GII.4/GII.P16. Известно, что GII.6/GII.P7 определялся при вспышке НВИ в Тверской области в июле 2018 г. и в Нидерландах в ноябре 2017 г. Норовирус GII.4/GII.P16 был выделен при вспышке НВИ в сентябре и декабре 2019 в Нидерландах.

В 2020 и 2021 гг. генотипирование норовирусов не проводилось по причине пандемии новой коронавирусной инфекции COVID-19. В 2023 г. из 24 проб клинического материала выявлен циркулирующий штамм НВИ GII.17/GII.P17 и GII.4 Sydney/GII.P16.

На территории области наиболее часто регистрировались две генетические группы норовирусного гастроэнтерита – это GI, GII, при этом известно, что более 50% вспышечной заболеваемости вызывается GII. В Омской области в течение анализируемого периода определялась геногруппа GII в 81,6% от числа всех выявленных изолятов (n=158). Высокая частота мутации геногруппы GII привела к его доминированию среди всей популяции норовирусов [3].

Известно, что на территории России с 2017 по 2019 гг. доминировал генотип GII.P16, который регистрировался в Омской области в 2017, 2019 и 2023 гг. Вероятно, это связано с его закреплением и длительной циркуляцией на изучаемой территории.

Норовирус с генотипом GII.4 доминирует с середины 1990-х гг. в Европе, США и Океании, вызывая до 70-80% вспышек норовирусного гастроэнтерита [11]. В Омской области он начал регистрироваться с 2019 года.

Генотип GII.P17 ранее регистрировался в Хабаровском крае из воды в 2022 г. [2]. В нашем случае в 2023 г. источником инфекции был носитель НВИ – ребёнок, отец которого работал вахтовым методом на Дальнем востоке.

В 2012 г. в Сиднее появился новый пандемический штамм норовируса GII.4 Sydney. Норовирусы GII.4 являются патогенами слизистых оболочек с инкубационным периодом менее 30 часов, клиническим проявлением заболевания через 48 часов и резким ослаблением иммунитета, с возможными повторными вирусными и бактериальными заболеваниями [12]. В Омской области генотип GII.4 Sydney был выявлен во время вспышки НВИ в 62,5% случаев и характеризовался яркой клинической картиной и быстрым развитием дегидратации у пострадавших лиц.

Среди норовируса встречаются и редкие генотипы, такие, например, как штаммы GI. Считается, что данные представители появились раньше других геногрупп, со временем эволюционировали, а организм человека приспособился к ним. Последние случаи НВИ, вызванные геногруппой GI, регистрировались в Екатеринбурге в 2022 г. и в Японии, Корее, Китае, Тайланде с 2014 по 2016 гг. [3]. В Омской области норовирусный гастроэнтерит с генотипом GI(GI.5, GI.6) был идентифицирован в 2018 г., что может свидетельствовать о генетическом сходстве между ними.

В настоящее время геном норовируса продолжает изучаться. За последние годы было выявлено несколько новых генотипов GII и GIV в разных географических точках [13–15]. Зарегистрированы представители второй геногруппы GII.23, GII.24, GII.25, GII.26 и GII.27 наряду с двумя предварительными новыми генотипами GII (GII.NA1 и GII.NA2). Новые варианты GII были идентифицированы в образцах, взятых у людей из Перу, Гватемалы, Эквадора, Бангладеша, Германии, Аргентины и США [13–15]. Генотип GIV был идентифицирован в сточных водах Бразилии и Японии, а также в образцах кала во время вспышки острого гастроэнтерита в ресторане в США [16], что ещё раз подтверждает необходимость контроля, типирования и регистрации норовирусной инфекции среди населения всех стран.

Литература

1. Дмитриева Т.Г., Нестерева М.Е. Анализ инфекционной заболеваемости у детей в республике Саха (Якутия) с 2012 по 2021 гг. Вестник Северо-Восточного федерального университета им. М.К. Аммосова. Серия: Медицинские науки. 2023;1(30):37–46. doi:10.25587/SVFU.2023.30.1.001.
2. Сапега Е.Ю., Бутакова Л.В., Троценко О.Е., и др. Эпидемиологический и молекулярно-генетический анализ групповой заболеваемости острыми кишечными инфекциями в Хабаровском крае в 2022 году. Здоровье населения и среда обитания. 2023;31(11):74–81. doi:10.35627/2219-5238/2023-31-11-74-81.
3. Быков Р.О., Скрыбина С.В., Килячина А.С., и др. Молекулярно-генетическая характеристика и филогенетический анализ возбудителей норовирусной инфекции человека отдельных муниципалитетов в Свердловской области за 2022 год. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2023;100(4):306–313. doi:10.36233/0372-9311-402.
4. Жираковская Е.В., Тикунов А.Ю., Соколов С.Н., и др. Характеристика полногеномной последовательности рекомбинантного норовируса генотипа GII. P16/GII.4_Sydney_2012, выявленного в России. Вавиловский журнал генетики и селекции. 2020;24(1):69–79. doi:10.18699/VJ20.597.
5. Хохлова Н.И., Капустин Д.В., Краснова Е.И., и др. Норовирусная инфекция (обзор литературы). Журнал инфектологии. 2018;10(1):5–14. doi:10.22625/2072-6732-2018-10-1-5-14.
6. Nordgren J., Svensson L. Genetic Susceptibility to Human Norovirus Infection: An Update. *Viruses*. 2019;11(3):226. doi:10.3390/v11030226.
7. Быков Р.О., Семенов А.В., Старикова П.К., и др. Изучение аспектов формирования генетически детерминированной резистентности против возбудителя норовирусной инфекции посредством полиморфизма гена FUT2. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2023;22(6):148–154. doi:10.31631/2073-3046-2023-22-6-148-154.
8. Соломай Т.В., Юрьева Н.В. Расследование вспышки норовирусной инфекции в многопрофильном стационаре с установлением причинно-следственной связи. Санитарный врач. 2016;4:48–52.
9. Lu Y., Ma M., Wang H., et al. An outbreak of norovirus-related gastroenteritis associated with delivery food in Guangzhou, southern China. *BMC Public Health*. 2020;20(1):25. doi:10.1186/s12889-019-8117-y.
10. Khan M.K., Alam M.M. Norovirus Gastroenteritis Outbreaks, Genomic Diversity and Evolution: An Overview. *Mymensingh Med J*. 2021;30(3):863–873.
11. Huhti L., Szakal E.D., Puustinen L., et al. Norovirus GII-4 causes a more severe gastroenteritis than other noroviruses in young children. *J. Infect. Dis*. 2011;203(10):1442–1444. doi:10.1093/infdis/jir039.
12. Ao Y., Lu L., Xu J. Emergence of GII.4 Sydney[P16]-like Norovirus-Associated Gastroenteritis, China, 2020–2022.

Заключение

При анализе вспышек ОКИ на территории Омской области за 8 лет пострадало 260 человек, среди которых доля детей составила 91,9%. Все случаи были вызваны вирусной инфекцией, с превалированием контактно-бытового пути передачи (73,5%), преимущественно в детских дошкольных учреждениях (73,6%). Каждый второй случай вспышки ОКИ был вызван циркуляцией норовирусов.

На территории Омской области регистрировались преимущественно норовирусы II геногруппы (81,5%) с циркуляцией GII.4 в 42,7% случаев.

Циркуляция разнообразных генотипов норовируса говорит о высокой его изменчивости. Появление новых вариантов вируса в неиммунном коллективе способно привести к быстрому распространению и возникновению вспышечной заболеваемости. Данный факт необходимо не просто отслеживать, а регистрировать изменившийся геном в структуре норовирусной популяции. В связи с этим молекулярное типирование вирусов необходимо проводить и при возникновении вспышечной и спорадической заболеваемости ОКИ, что позволит объективно определять генетическую дистанцию и шире понимать изменчивость циркулирующего норовируса на определённой территории.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Emerging infectious diseases. 2023;29:1837-1841. doi:10.3201/eid2909.230383.

13. Pietsch C., Ennuschat N., Härtel S., et al. Within-Host evolution of virus variants during chronic infection with novel GII.P26-GII.26 norovirus. *J Clin Virol.* 2018;108:96–102. doi:10.1016/j.jcv.2018.09.013.

14. Chhabra P., Aswath K., Collins N., et al. Near-Complete genome sequences of several new norovirus genogroup II genotypes. *Genome Announc.* 2018;6:e00007-18. doi:10.1128/genomeA.00007-18.

15. Tohma K., Saito M., Mayta H., et al. Complete genome sequence of a nontypeable GII norovirus detected in Peru. *Genome Announc.* 2018;6:e00095-18. doi:10.1128/genomeA.00095-18.

16. Fioretti J.M., Fumian T.M., Rocha M.S., et al. Surveillance of noroviruses in Rio de Janeiro, Brazil: occurrence of new GIV genotype in clinical and wastewater samples. *Food Environ Virol.* 2018;10:1–6. doi:10.1007/s12560-017-9308-2.

Сведения об авторах

Пузырёва Лариса Владимировна – д.м.н., доцент ВАК, зав. кафедрой детских инфекционных болезней ФГБОУ ВО «Омский государственный медицинский университет» Минздрава России, Омск, Россия. E-mail: puzirevalv@mail.ru. ORCID: 0000-0003-0495-3645.

Кулешов Константин Валерьевич – к.б.н., заведующий лабораторией молекулярной диагностики и эпидемиологии кишечных инфекций Федерального бюджетного учреждения науки «Центральный Научно-Исследовательский Институт Эпидемиологии» Федеральной Службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Москва, Россия. E-mail: konstantinkul@gmail.com. ORCID: 0000-0002-5238-7900.

Сиволапова Ольга Николаевна – ведущий специалист – эксперт эпидемиологического надзора Управления Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по Омской области, Омск, Россия. E-mail: Yason_1970@mail.ru. ORCID: 0009-0007-2502-7372.

Сергеева Виктория Владимировна – врач-педиатр, Инфекционный стационар для детей Городской клинической больницы № 1 им. А.Н. Кабанова, Омск, Россия. E-mail: lupanova2123@mail.ru. ORCID: 0009-0006-6636-073X.

Поступила 5.11.2024.