

## **ПЕРВЫЙ ОПЫТ ВЫЯВЛЕНИЯ САПОВИРУСОВ У ДЕТЕЙ С ОСТРЫМИ КИШЕЧНЫМИ ИНФЕКЦИЯМИ В МОСКВЕ В 2002-2003 гг.**

*Подколзин А.Т.<sup>1</sup>, Мухина А.А.<sup>1</sup>, Шипулин Г.А.<sup>1</sup>, Кузьмина В.Н.<sup>1</sup>  
Браславская С.И.<sup>1</sup>, Малеев В.В.<sup>1</sup>, Горелов А.В.<sup>2</sup>, Белова Н.В.<sup>3</sup>  
Боковой А.Г.<sup>4</sup>, Танина Н.Б.<sup>4</sup>, Новокшионов А.А.<sup>5</sup>, Соколова Н.В.<sup>5</sup>  
Мазанкова Л.Н.<sup>6</sup>, Ильина Н.О.<sup>6</sup>, Шишкина С.В.<sup>7</sup>, Яковлева Г.Ю.<sup>7</sup>*  
1 – Центральный НИИ Эпидемиологии МЗ РФ  
2 – Московская медицинская академия им И.М. Сеченова  
3 – Детская инфекционная больница № 5  
4 – Центральная клиническая больница УПДП РФ  
5 – Российский государственный медицинский университет  
6 – Российская медицинская академия постдипломного образования  
7 – Тушинская детская клиническая больница  
Москва

В работе исследовались образцы фекалий от 435 госпитализированных детей с острой кишечной инфекцией неясной этиологии. Эта группа была сформирована при обследовании 2080 пациентов на наличие ротавирусов групп А и С, норовирусов 1 и 2 генотипов, астровирусов, аденовирусов, микроорганизмов рода сальмонелла, шигелла, кампилобактер и *Y. enterocolitica*. Сбор материала происходил на базе четырех детских больниц г Москвы с октября 2002 по октябрь 2003 г. Выявление саповирусов проводилось методом ОТ-ПЦР с амплификацией участка гена капсида размером 560 п.н.о. Саповирусы были обнаружены в 11 пробах, полученных от 10 детей, при этом у одного пациента материал был собран в динамике на 2 и 4 дни заболевания. Клинические данные были доступны по 9 пациентам. Четверо были в возрасте до 1 года, двое в возрасте 2 лет и по одному ребенку четырех, девяти и тринадцати лет. У 7 пациентов заболевание развилось в октябре 2002, у одного в мае 2003 и у двоих в августе 2003 г. При этом имелись данные об отсутствии эпидемиологической связи этих случаев, что не позволяло расценивать их как вспышечную заболеваемость. Все обнаруженные штаммы были исследованы методом прямого секвенирования по указанному участку генома.

Для оценки точности проведения филогенетического анализа по использовавшемуся в работе участку капсида саповирусов (1735 – 1850 а.к. AF182760 (PEC/Cowden)), предварительно было проведено сравнение воспроизводимости его результатов с результатами, полученными при анализе полной аминокислотной последовательности капсида референтных штаммов. Данное сравнение показало высокую корреляцию между результатами анализа полной последовательности гена капсида и его участка в 148 а.к. и возможность полностью воспроизвести распределение референтных штаммов по генетическим кластерам и генотипам.

Среди выявленных изолятов 6 (60%) относились к 1 и 4 (40%) ко 2 генотипу.

Среди штаммов саповирусов 2 генотипа отмечался высокий процент гомологии по аминокислотной и нуклеотидной последовательностям. Так, по нуклеотидному элайменту полиморфизм отмечался в 8 из 444 положений, а по аминокислотному только в 1 из 148. Выделенные изоляты были наиболее близки к штаммам саповирусов (SVI412795 и SVI412820), выделенных Okada M et al в Японии 1999 и 2000 годах от детей в возрасте 2 и 11 лет. Штаммы, отнесенные к первому генотипу, напротив, отличались значительной вариабельностью. Различия между ними по аминокислотным последовательностям доходили до 17%. Наибольшая гомология выявленных изолятов отмечалась с референтными штаммами первого и второго генетических кластеров. Один из изолятов имел на исследуемом участке полную идентичность по аминокислотной последовательности с такими референтными штаммами как Plymouth/92 и Lyon/30388/98.

Два других штамма, выделенные в октябре 2002 и мае 2003 гг, имели максимальную гомологию со штаммами SVI412807 и SVI412808 выделенными от детей в Японии в 2000, и могли быть отнесены ко второму генетическому кластеру первого генотипа. В сравнении с ними, наши изоляты имели 8 нуклеотидных и 1 аминокислотную замену на участке 139 а.к.

Два штамма имели максимальные отличия по нуклеотидным и аминокислотным последовательностям от исследованных в работе и представленных в базе данных Gen Bank. Эти изоляты были получены от детей 4-х и 9 лет, в октябре 2002 и августе 2003гг. Наибольшая гомология указанных изолятов отмечалась со штаммами, относимыми к первому генетическому кластеру первого генотипа, но не превышала 83% по аминокислотной последовательности.

Таким образом в ходе проведенной работы нами впервые был установлен факт циркуляции саповирусов у детей с острыми гастроэнтеритами в г Москве. Генетический анализ выявленных изолятов позволил отнести их к 1 и 2 генотипам. В результате работы были также описаны группы саповирусов, имевших значительные отличия от штаммов, представленных в настоящее время в банке генетических последовательностей (Gen Bank NCBI).