

УДК 578.835.1Enterovirus:616.327.3-002(001.8):(571.6)

DOI: 10.36604/1998-5029-2025-97-57-68

ЭНТЕРОВИРУСЫ – ВОЗБУДИТЕЛИ ГЕРПАНГИНЫ У НАСЕЛЕНИЯ ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА РОССИИ

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

Федеральное бюджетное учреждение науки «Хабаровский научно-исследовательский институт
эпидемиологии и микробиологии» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и
благополучия человека, 680000, г. Хабаровск, ул. Шевченко, д.2

РЕЗЮМЕ. Введение. Энтеровирусная инфекция (ЭВИ) имеет глобальное распространение и широкий спектр клинических проявлений. Одной из наиболее часто регистрируемых специфических форм ЭВИ является герпангина. **Цель.** Оценить вклад герпангины в структуру клинических форм энтеровирусной инфекции в Дальневосточном федеральном округе (ДФО) и установить вызывающие её типы энтеровирусов. **Материалы и методы.** Для анализа заболеваемости герпангиной использовали статистические отчеты управлений Роспотребнадзора Дальневосточного федерального округа. Тип энтеровируса определяли с помощью секвенирования фрагмента гена капсидного белка VP1. Филогенетический анализ проведен для частичных нуклеотидных последовательностей штамма КВ-А2. **Результаты.** Анализ структуры клинических форм ЭВИ у населения ДФО за период с 2015 по 2024 гг. показал, что герпангина является одним из ведущих проявлений инфекции со средним удельным весом 33,4%. При обследовании 398 человек с герпангиной заболевание было выявлено в 92,5% случаев у детей до 6 лет. Были установлены 24 типа энтеровирусов, среди которых преобладали КВ-А10 (25,1%), КВ-А6 (24,6%), КВ-А5 (12,6%) и КВ-А2 (7,5%). При этом в разные годы доминировали разные энтеровирусы: в 2015-2016 гг., 2019 и 2023 гг. герпангину на Дальнем Востоке вызывал в основном КВ-А6; в 2017 и 2024 гг. – КВ-А10; в 2018 г. – КВ-А16; в 2021 г. – КВ-А5. В некоторых случаях вирус выявляли в респираторных образцах, взятых с 5 по 12 день от начала заболевания, что свидетельствовало о возможности длительного присутствия энтеровирусов в носоглотке и могло способствовать высокой заразности герпангины. Филогенетический анализ показал генетическое разнообразие популяции КВ-А2 и циркуляцию в ДФО генетических линий С и Е в один и тот же период. **Заключение.** Герпангина занимает значительную долю среди всех регистрируемых форм ЭВИ в ДФО. Возбудителями заболевания в большинстве случаев являются энтеровирусы вида *Enterovirus alphacoxsackie*. Для предотвращения распространения инфекции и возникновения вспышек заболевания необходимо уделять особое внимание профилактическим мероприятиям.

Ключевые слова: энтеровирусная инфекция, энтеровирусы, герпангина, молекулярное типирование, филогенетический анализ.

ENTEROVIRUSES AS CAUSATIVE AGENTS OF HERPANGINA IN THE POPULATION OF THE RUSSIAN FAR EAST

L.V.Butakova, E.Yu.Sapega, O.E.Trotsenko

Federal Budgetary Institution of Science "Khabarovsk Scientific Research Institute of Epidemiology and Microbiology"
of the Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Well-being, 2 Shevchenko Str.,
Khabarovsk, 680000, Russian Federation

Контактная информация

Людмила Васильевна Бутакова, научный сотрудник, Дальневосточный региональный научно-методический центр по изучению энтеровирусных инфекций, Федеральное бюджетное учреждение науки «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, 680610, Россия, г. Хабаровск, ул. Шевченко, 2. E-mail: evi.khv@mail.ru:

Correspondence should be addressed to

Liudmila V. Butakova, Staff Scientist, Far Eastern Regional Scientific and Methodological Center for the Study of Enterovirus Infections, Federal Budgetary Institution of Science "Khabarovsk Scientific Research Institute of Epidemiology and Microbiology" of the Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Well-being, 2 Shevchenko Str., Khabarovsk, 680000, Russian Federation. E-mail: evi.khv@mail.ru

Для цитирования:

Бутакова Л.В., Сапега Е.Ю., Троценко О.Е. Энтеровирусы – возбудители герпангины у населения Дальнего Востока России // Бюллетень физиологии и патологии дыхания. 2025. Вып.97. С.57–68. DOI: 10.36604/1998-5029-2025-97-57-68

For citation:

Butakova L.V., Sapega E.Yu., Trotsenko O.E. Enteroviruses as causative agents of herpangina in the population of the Russian Far East. *Bulleten' fiziologii i patologii dyhaniâ* = *Bulletin Physiology and Pathology of Respiration* 2025; (97):57–68 (in Russian). DOI: 10.36604/1998-5029-2025-97-57-68

SUMMARY. Introduction. Enterovirus infection (EVI) is globally distributed and manifests in a wide range of clinical forms. Herpangina is one of the most frequently recorded specific manifestations of EVI. **Aim.** To evaluate the contribution of herpangina to the overall clinical spectrum of EVI in the Far Eastern Federal District (FEFD) and to identify the enterovirus types responsible for the disease. **Materials and methods.** Morbidity data for herpangina were obtained from statistical reports of Rosпотребнадзор offices in the FEFD. Enterovirus typing was performed by sequencing a fragment of the VP1 capsid-protein gene. Phylogenetic analysis was conducted using partial nucleotide sequences of Coxsackievirus A2 (CV-A2). **Results.** Analysis of EVI clinical forms in the FEFD from 2015 to 2024 revealed that herpangina was one of the leading manifestations, with an average proportion of 33.4%. Among 398 patients with herpangina, 92.5% were children under six years of age. Twenty-four enterovirus types were detected, predominantly CV-A10 (25.1%), CV-A6 (24.6%), CV-A5 (12.6%) and CV-A2 (7.5%). Dominant types varied by year: CV-A6 in 2015–2016, 2019 and 2023; CV-A10 in 2017 and 2024; CV-A16 in 2018; CV-A5 in 2021. In several cases the virus was found in respiratory samples collected on days 5–12 of illness, indicating possible prolonged persistence of enteroviruses in the nasopharynx and contributing to the high transmissibility of herpangina. Phylogenetic analysis demonstrated genetic diversity within the CV-A2 population and concurrent circulation of lineages C and E in the FEFD during the same period. **Conclusion.** Herpangina constitutes a significant proportion of all recorded EVI forms in the FEFD. In most cases the causative agents are enteroviruses of species *Enterovirus alphacoxsackie*. Strengthened preventive measures are essential to limit transmission and prevent outbreaks.

Key words: enterovirus infection, enteroviruses, herpangina, molecular typing, phylogenetic analysis.

Энтеровирусная инфекция (ЭВИ) имеет глобальное распространение и широкий спектр клинических проявлений: от бессимптомного течения и кратковременной лихорадки до тяжелого поражения нервной системы и полиорганной недостаточности с летальным исходом [1]. В странах с умеренным климатом ЭВИ имеет четкую сезонность: количество регистрируемых случаев резко возрастает в летне-осенний период [2]. ЭВИ болеют люди любого возраста, но чаще всего дети до 5 лет, что связано с незрелостью их иммунной системы [3]. Основным механизмом передачи энтеровирусной инфекции является фекально-оральный, однако, так как репликация энтеровирусов происходит не только в слизистой оболочке кишечника, но и ротоглотки, возможен аэрозольный путь передачи при наличии катарального синдрома [4].

Известно более 100 различных типов энтеровирусов, которые могут вызывать инфекцию у человека. В соответствии с новой классификацией Международного комитета по таксономии вирусов (<https://ictv.global>) 4 вида энтеровирусов, ранее обозначавшиеся как *Enterovirus A*, *B*, *C* и *D*, теперь называются *Enterovirus alphacoxsackie*, *Enterovirus betacoxsackie*, *Enterovirus coxsackiepol* и *Enterovirus deconjuncti*, соответственно.

Герпангина (B08.5 энтеровирусный везикулярный фарингит согласно МКБ-10) – одна из часто выявляемых специфических форм энтеровирусной инфекции. Заболевание имеет средний инкубационный период от 3 до 5 дней, обычно проявляется внезапной болью в горле и лихорадкой, а также множественными везикулярными или язвенными поражениями на задней поверхности глотки, включая глоточно-небную дужку, мягкое небо, язычок и миндалины, и, как правило, имеет благоприятное течение. В редких случаях, особенно у детей до 3 лет, могут наблюдаться постоянная и трудно купируемая лихорадка, нервозность, тремор конечностей, учащенное дыхание и сердцебиение, а также другие осложнения: фебрильные судороги, эн-

цефалит, острый вялый паралич, тяжелое поражение легких. Дифференциальную диагностику герпангины проводят с гингивостоматитами при инфицировании вирусом простого герпеса 1 типа; язвенным стоматитом, вызванным грамположительными бактериями; ветряной оспой; кандидозом полости рта и др. [5-8]. Герпангину часто регистрируют в странах Восточной Азии: Китае, Южной Корее, Японии, Тайване [9-13]. Заболевание вызывают преимущественно вирусы вида *Enterovirus alphacoxsackie* [14].

Цель исследования: оценить вклад герпангины в структуру клинических форм энтеровирусной инфекции в Дальневосточном федеральном округе и установить вызывающие её типы энтеровирусов.

Материалы и методы исследования

Для оценки структуры заболеваемости энтеровирусными инфекциями в Дальневосточном федеральном округе (ДФО) в 2015-2024 гг. использовали материалы, предоставленные территориальными органами Роспотребнадзора в рамках взаимодействия с Дальневосточным региональным научно-методическим центром по изучению энтеровирусных инфекций, государственные формы статистического наблюдения «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях». Из анализа исключен 2020 г. в связи с резким снижением регистрации случаев ЭВИ на фоне жестких противоэпидемических мероприятий по предотвращению распространения коронавируса SARS-CoV-2.

Амплификацию фрагмента гена капсидного белка VP1, необходимого для определения типа энтеровирусов у лиц с диагнозом «Энтеровирусная инфекция» и положительным результатом на наличие РНК энтеровирусов в клинических образцах методом полимеразной цепной реакции, проводили в соответствии с руководством ВОЗ [15], используя отечественные реагенты (ЗАО Евrogen). Постановку секвенирующей реакции проводили с помощью набора BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (Thermo Fisher Scientific;

США) в соответствии с протоколом производителя. Нуклеотидные последовательности вирусов получали на генетическом анализаторе Applied Biosystems 3500 (Thermo Scientific, США). Идентификацию типа энтеровируса осуществляли с помощью онлайн-инструмента BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), служащего для быстрого поиска последовательностей в банках данных по гомологии (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>).

Для анализа этиологической структуры герпангины сопоставляли сведения, предоставленные в направлении на исследование (диагноз «герпангина» или «энтеровирусный везикулярный фарингит»), и результаты секвенирования образца. Кроме того, для работы использовали такие данные из направлений, как возраст и пол обследованного, дата заболевания, вид и дата взятия клинического материала.

Филогенетический анализ частичных нуклеотидных последовательностей участка VP1 коксакивируса A2 (KB-A2) проводили с использованием алгоритма Монте-Карло с марковскими цепями (Markov chain Monte Carlo – MCMC), реализованного в программном пакете BEAST2 [16]. Для построения филогенетического дерева использовали модель нуклеотидных замен HKY+G и модель расслабленных молекулярных часов с логнормальным распределением скоростей эволюции. Запуск состоял из 6×10^7 генераций для 168 нуклеотидных последовательностей. Выходные данные BEAST анализировали с помощью Tracer v1.7.2. [17], значение эффективного размера выборки составило больше 200. Суммирование выборки филогенетических деревьев, созданных BEAST, в дерево с максимальным доверием к кладам проводили посредством программы TreeAnnotator с дальнейшей визуализацией в программе FigTree v1.4.4 (<https://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>). В качестве референсных последовательностей использовали сиквенсы из баз данных GenBank

и VGARus.

Статистическую обработку проводили в программе Excel (Microsoft Office 2016), вычисляя интенсивные (0/0000) и экстенсивные показатели (%), доверительные границы относительных величин (95%ДИ), коэффициент ранговой корреляции Спирмена для установления связи между изучаемыми признаками (ρ). Коэффициент корреляции считали достоверным при $t \geq 3$. Для оценки достоверности различий между полученными показателями рассчитывали критерий соответствия χ^2 (хи-квадрат). Критический уровень значимости $p < 0,05$.

Результаты исследования и их обсуждение

Дальневосточный федеральный округ является одним из лидеров по заболеваемости энтеровирусными инфекциями среди других территорий Российской Федерации. Показатели заболеваемости ЭВИ в ДФО в среднем более чем в 3 раза превышают общероссийские [18]. Как представлено на рисунке 1, динамика заболеваемости герпангиной в целом повторяет динамику общей заболеваемости ЭВИ в ДФО, демонстрируя тенденцию к росту. Вычисление коэффициента корреляции Спирмена показало, что рост заболеваемости ЭВИ в ДФО оказывает положительное влияние на уровень заболеваемости герпангиной ($\rho = 0,817$, $t > 3$, $p = 0,7$), в то же время взаимосвязь между ростом общей заболеваемости ЭВИ и, например, энтеровирусным менингитом не является достоверной ($\rho = 0,217$, $t < 1$). В этиологической структуре ЭВИ на Дальнем Востоке с 2015 по 2024 гг. преобладали энтеровирусы вида *Enterovirus alphacoxsackie*, в среднем составляя 60,3% (95%ДИ: 58,6-62,0) от общего количества типированных вирусов. Энтеровирусы этого вида являются основными возбудителями герпангины и экзантемных форм ЭВИ [14].

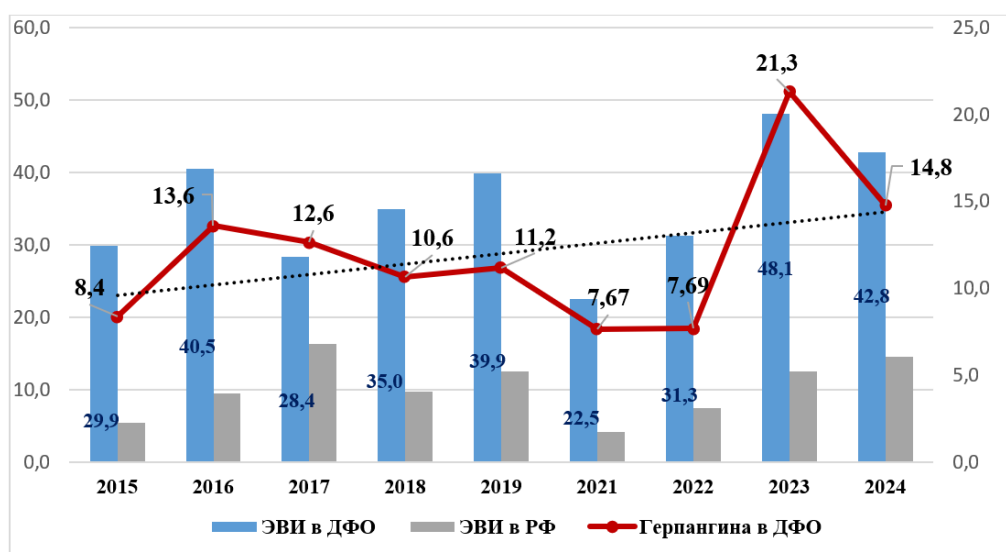


Рис. 1. Динамика заболеваемости энтеровирусными инфекциями и герпангиной в Дальневосточном федеральном округе (‰/0000).

Анализ структуры клинических форм энтеровирусной инфекции у населения ДФО за период с 2015 по 2024 гг. (рис. 2) показал, что герпангина является одним из ведущих проявлений инфекции со средним удельным весом 33,4% (95%ДИ: 32,9-34,1). В отдельные годы в ДФО лидирующую позицию занимали другие формы ЭВИ, что, вероятнее всего, было связано со сменой доминирующих типов или появлением новых

геновариантов энтеровирусов. Так, в 2015 г. среди установленных форм ЭВИ преобладал менингит, когда экзавирус 30 типа вызвал вспышку заболевания на территории Хабаровского края. Существенный рост заболеваемости экзантемными формами ЭВИ в 2019 и 2022 гг. был обусловлен активной циркуляцией в нескольких субъектах округа KB-A6 и KB-A16, соответственно.

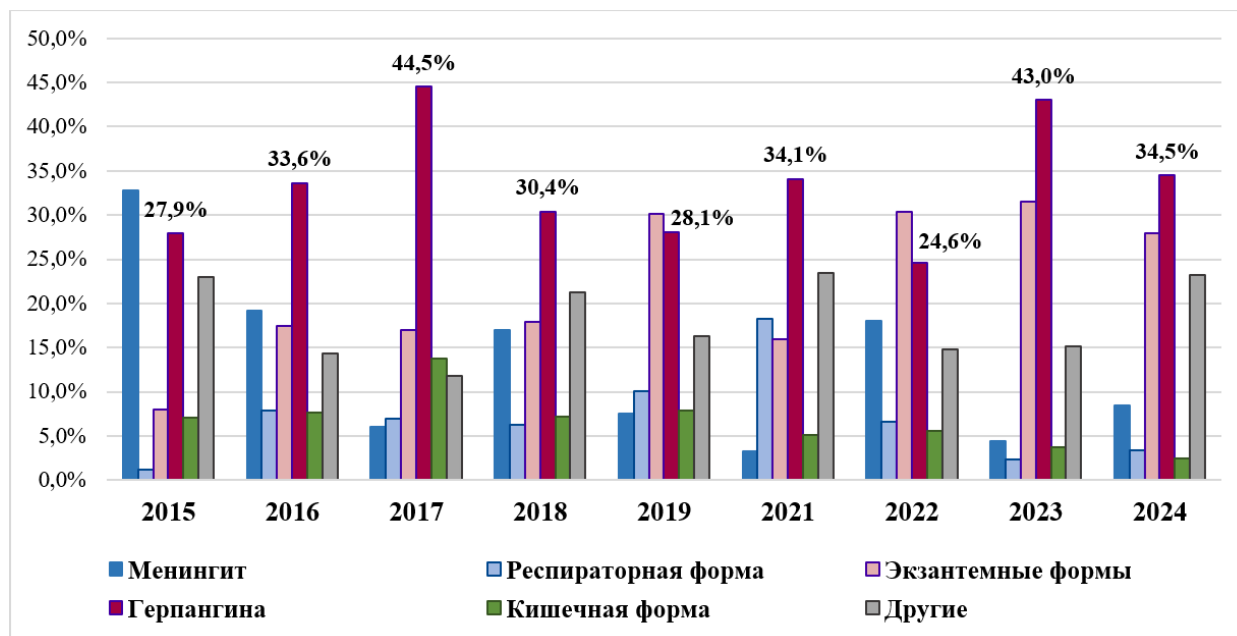


Рис. 2. Структура клинических форм энтеровирусной инфекции в Дальневосточном федеральном округе (%).

Учет только общего количества зарегистрированных случаев ЭВИ и энтеровирусного менингита в государственных формах статистического наблюдения не позволяет провести сравнительный анализ заболеваемости герпангиной в ДФО с другими округами Российской Федерации. В целом по стране согласно ежегодным Государственным докладам «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения Российской Федерации» (<https://www.rospotrebnadzor.ru>) основной клинической формой ЭВИ до 2017 г. являлся серозный менингит. В последующие годы доминирующую позицию заняли формы ЭВИ без неврологической симптоматики, что связано с увеличением интенсивности циркуляции энтеровирусов вида *Enterovirus alphacoxsackie* [19]. В 2022-2024 гг. в Российской Федерации преобладали экзантемные формы энтеровирусной инфекции [20-22].

Анализ направлений на исследование клинических образцов, поступавших из субъектов ДФО в Дальневосточный региональный научно-методический центр по изучению энтеровирусных инфекций с 2015 по 2024 гг. с целью молекулярно-генетического мониторинга энтеровирусов, и результатов секвенирования позволил выявить 398 человек с диагнозом «герпангина» или «везикулярный фарингит», у которых был установлен тип вируса. Такое небольшое число пациентов свя-

зано с тем, что в направлениях часто указывался общий диагноз «энтеровирусная инфекция» без уточнения клинической формы заболевания.

Среди обследованных 398 человек с герпангиной на долю детей до 6 лет пришлось 92,5% (368/398; 95%ДИ: 89,7-94,9). Внутри этой категории удельный вес детей до года оказался минимальным и составил $4,8 \pm 1,1\%$ (19/398). Доли детей возрастных групп 1-2 года и 3-6 лет оказались практически одинаковыми: 42,2% (168/398) и 45,5% (181/398) соответственно ($\chi^2 = 0,862$; $p = 0,354$). Преобладание детей с 1 года до 6 лет среди заболевших герпангиной можно связать с незрелостью иммунной системы, ростом числа социальных контактов в связи с посещением игровых площадок и детских образовательных организаций, а также легкой передачей возбудителя контактно-бытовым и, вероятно, воздушно-капельным, путями с носоглоточными выделениями из-за неразвитых в этом возрасте гигиенических навыков. На долю детей 7-17 лет и взрослых пришлось 6,3% (25/398) и 1,2% (5/398), соответственно.

Гендерное соотношение (м/ж) составило 1,3:1, что соответствует общей тенденции к преобладанию ЭВИ среди лиц мужского пола [23].

Большинство обследованных пациентов заболело герпангиной в самые теплые месяцы года, в июле и ав-

густе, – 283 человека (71,1%; 95%ДИ: 66,6–75,4). Пробы были представлены носоглоточными мазками/смывами (46,0%; 95%ДИ: 40,9–51,4) и образцами фекалий (54,0%; 95%ДИ: 48,6–59,1). Анализ направлений на исследование, в которых были указаны и дата заболевания, и дата взятия респираторного образца ($n = 71$), показал, что у $18,3 \pm 4,6\%$ детей пробы были взяты не ранее 5 дня от начала заболевания, из которых у 1 ребенка тип энтеровируса удалось установить в образце, взятом на 12 день от начала заболевания. Данный факт обращает на себя внимание тем, что длительное присутствие вируса в носоглотке в сочетании с недиагностированной ЭВИ и несвоевременной изоляцией заболевшего способствуют распространению инфекции.

За анализируемый период времени у 398 пациентов с герпангиной в ДФО выявлено 24 типа неполиомиелитных энтеровирусов (табл.). Большинство типированных вирусов принадлежало виду *Enterovirus alphacoxsackie* – 85,9% (342/398; 95%ДИ: 82,3–89,1). Второе место заняли представители вида *Enterovirus betacoxsackie* (51/398; 12,8%), показавшие наибольшее типовое разнообразие, среди которых преобладал KB-B5 (16/51; 31,4%). У двух человек были выявлены энтеровирусы вида *Enterovirus coxsackiepol*: KB-A1 и KB-A19. В трех случаях герпангины был обнаружен энтеровирус D68, хотя обычно этот вирус ассоциируется с респираторными заболеваниями, нередко сопровождающимися неврологическими осложнениями [24].

Несмотря на то, что среди возбудителей герпангины в ДФО в 2015–2024 гг. практически в равных долях преобладали KB-A10 (25,1%; 100/398) и KB-A6 (24,6%; 98/398), стоит отметить, что большинство KB-A10 были обнаружены в 2017 г. (31 штамм) и 2024 г. (47 штаммов), по всей видимости за счет увеличения активности этого вируса на территории региона в указанные годы. В то же время KB-A6 постоянно циркулирует на Дальнем Востоке, вызывая как вспышечную, так и спорадическую заболеваемость ЭВИ. Наше исследование штаммов KB-A6, выделенных в 2014–2019 гг., показало циркуляцию различных рекомбинантных форм вируса в субъектах ДФО [25]. Кроме того, KB-A6 с 2014 г. доминирует среди энтеровирусов, выявляемых у больных экзантемными формами ЭВИ и герпангиной в России, в том числе в очагах групповой заболеваемости [26].

Исследования, выполненные в Японии и Китае, продемонстрировали, что доминирующие генотипы энтеровирусов у пациентов с герпангиной меняются

ежегодно [13, 27]. Результаты молекулярно-генетического мониторинга энтеровирусов, проводимого Урало-Сибирским региональным научно-методическим центром по изучению ЭВИ, показали, что в 2022 г. среди возбудителей герпангины в Уральском федеральном округе и Западной Сибири преобладали KB-A6 и KB-A10 [28], а в 2023 г. – KB-A2 [29]. Анализ данных нашего исследования выявил похожую тенденцию к смене типа вируса: в 2015–2016 гг., 2019 и 2023 гг. герпангину в ДФО вызывал преимущественно KB-A6; в 2017, 2024 гг. – KB-A10; в 2018 г. лидировал KB-A16; в 2021 г. – KB-A5. В 2022 г. всего в 5 случаях в направлениях на исследование был указан диагноз «герпангина», поэтому выявить лидирующий тип вируса не представилось возможным.

Так же, как и KB-A6, коксакивирус A2 в отличие от других выявленных *Enterovirus alphacoxsackie* ежегодно обнаруживался среди возбудителей герпангины на Дальнем Востоке в 2015–2024 гг. Филогенетический анализ показал, что штаммы KB-A2 можно разделить на 5 генетических линий, которые, опираясь на исследования Yang Q. и соавт. [30, 31], мы условно обозначили А–Е (рис. 3). Среднее расстояние между линиями составило 23,1%. Линия А была представлена прототипным штаммом NC038306_Fleetwood (1947 г.), линия В – китайскими штаммами 2008–2009 гг. Большинство российских штаммов KB-A2 (в том числе дальневосточных), выделенных с 2005 по 2024 г., принадлежали наиболее географически разнообразной генетической линии С. В группу D вошли в основном восточноазиатские KB-A2 2009–2023 гг. и четыре российских штамма (три – дальневосточных 2015–2019 гг. и один нижегородский KB-A2 2022 г.). Генетическая линия Е была представлена российскими штаммами KB-A2 2017–2024 гг., а также европейскими штаммами 2016–2022 гг. и штаммами, циркулировавшими в Японии в 2017 г. и в Китае в 2024 г. Штаммы KB-A2, выделенные нами от пациентов с герпангиной в ДФО в 2015–2024 гг., принадлежали генетическим линиям С и Е. Обращает на себя внимание то, что в одни и те же годы (2018, 2023–2024 гг.) в округе была отмечена одновременная циркуляция KB-A2 обеих линий. Проведенный нами ранее филогенетический анализ дальневосточных штаммов KB-A10 [32] и KB-A6 [25] также показал циркуляцию разных геновариантов этих вирусов в один и тот же временной период. В основе этой особенности скорее всего лежат миграционные процессы, обеспечивающие разные и независимые пути импортации энтеровирусов на территорию Дальнего Востока.

Таблица

Типы энтеровирусов, выявленные у пациентов с герпангиной в Дальневосточном федеральном округе в
2015-2024 гг. (n = 398)

Тип энтеровируса		Абс.	%
<i>Enterovirus alphacoxsackie</i>			
1	Коксакивирус А10	100	25,1%
2	Коксакивирус А6	98	24,6%
3	Коксакивирус А5	50	12,6%
4	Коксакивирус А2	30	7,5%
5	Коксакивирус А16	27	6,8%
6	Коксакивирус А4	19	4,8%
7	Коксакивирус А8	16	4,0%
8	Энтеровирус А71	2	0,5%
Всего		342	85,9% (95%ДИ: 82,3–89,1)
<i>Enterovirus betacoxsackie</i>			
1	Коксакивирус В5	16	4,0%
2	Е7	9	2,3%
3	Коксакивирус В4	6	1,5%
4	Е30	5	1,3%
5	Коксакивирус В2	3	0,75%
6	Коксакивирус В3	2	0,5%
7	Е6	2	0,5%
8	Е9	2	0,5%
9	Е11	2	0,5%
10	Коксакивирус А9	1	0,25%
11	Е3	1	0,25%
12	Е16	1	0,25%
13	Е18	1	0,25%
Всего		51	12,8% (95%ДИ: 9,7–16,3)
<i>Enterovirus coxsackiepol</i>			
1	Коксакивирус А1	1	0,25%
2	Коксакивирус А19	1	0,25%
Всего		2	0,5% (95%ДИ: 0,05–1,4)
<i>Enterovirus deconjuncti</i>			
1	Энтеровирус D68	3	0,8%
Всего		3	0,8% (95%ДИ: 0,2–1,9)

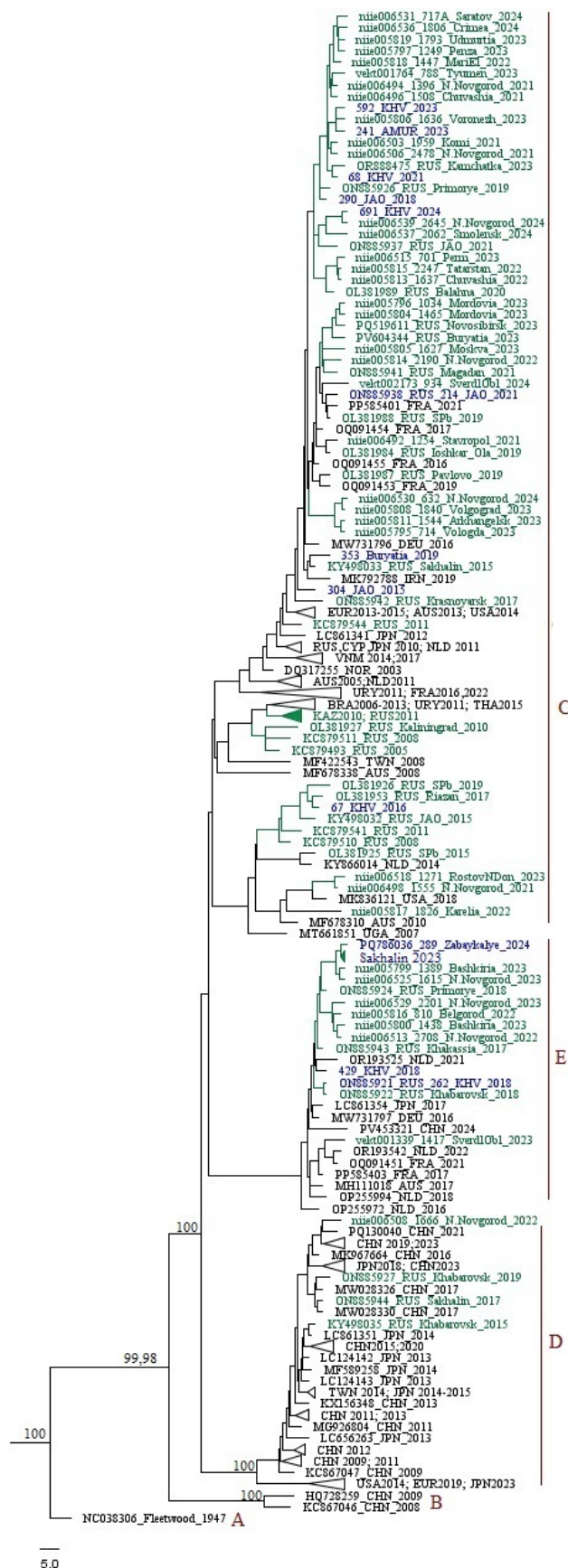


Рис. 2. Филогенетическое дерево, построенное на основе анализа частичных нуклеотидных последовательностей гена VP1 KB-A2. Зеленым цветом выделены штаммы KB-A2, выявленные в России (в т. ч. в ДФО) при разных формах ЭВИ, синим – штаммы KB-A2 – у пациентов с герпангиной на Дальнем Востоке.

Заключение

Таким образом, преобладание среди циркулирующих энтеровирусов в Дальневосточном федеральном округе в 2015–2024 гг. представителей вида *Enterovirus alphacoxsackie* оказало влияние на структуру клинических проявлений ЭВИ на современном этапе. Герпангина занимает значительную долю среди всех регистрируемых форм инфекции. Доминирующими возбудителями герпангины на Дальнем Востоке являются КВ-А10, КВ-А6, КВ-А5 и КВ-А2. Филогенетический анализ показал генетическое разнообразие популяции КВ-А2 и циркуляцию в ДФО генетических линий С и Е в один и тот же период.

С учетом того, что заболевание преимущественно диагностируют в наиболее уязвимой к ЭВИ возрастной группе детей до 6 лет и, в некоторых случаях возможно длительное присутствие энтеровирусов в носоглотке, в период сезонного подъема заболеваемости ЭВИ, когда имеется высокий риск возникновения вспышек

в организованных коллективах, особое значение имеют профилактические мероприятия. Необходимо вводить утренний осмотр в детских учреждениях (образовательных и оздоровительных) для отстранения от посещения или временной изоляции детей с признаками инфекционного заболевания, регулярно проводить дезинфекционные мероприятия, обучать детей правилам личной гигиены и создавать условия для их соблюдения.

Конфликт интересов

Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest

Источники финансирования

Исследование проводилось без участия спонсоров

Funding Sources

This study was not sponsored

ЛИТЕРАТУРА

1. Pallansch M.A., Roos R.P. Enteroviruses: polioviruses, coxsackieviruses, echoviruses, and newer enteroviruses // Field's Virology / Knipe D.M., Howley P.M. (Eds.). Philadelphia: Lippincott Williams & Wilkins, 2007. P. 840–893.
2. Khetsuriani N., LaMonte-Fowlkes A., Oberste M.S., Pallansch M.A. Enterovirus surveillance – United States, 1970–2005 // MMWR Surveill. Summ. 2006. Vol.55, №8. P.1–20.
3. Li P., Rui J., Niu Y., Xie F., Wang Y., Li Z., Liu C., Yu S., Huang J., Luo L., Deng B., Liu W., Yang T., Li Q., Chen T. Analysis of HFMD transmissibility among the whole population and age groups in a large city of China // Front. Public Health. 2022. Vol.10. Article number:850369. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2022.850369>
4. Tapparel C., Siegrist F., Petty T.J., Kaiser L. Picornavirus and enterovirus diversity with associated human diseases // Infect. Genet. Evol. 2013. Vol.14. P.282–293. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2012.10.016>
5. Yu H., Li X.W., Liu Q.B., Deng H.L., Liu G., Jiang R.M., Deng J.K., Ye Y.Z., Hao J.H., Chen Y.H., Nong G.M., Shen Z.B., Liu C.S., Zou Y.X., Wu J.Z., Wu X.D., Chen B.Q., Luo R.P., Lin A.W., Chen Y., Liu X.D. Diagnosis and treatment of herpangina: Chinese expert consensus // World J. Pediatr. 2020. Vol.16, №2. P.129–134. <https://doi.org/10.1007/s12519-019-00277-9>
6. Takechi M., Fukushima W., Nakano T., Inui M., Ohfuji S., Kase T., Ito K., Kondo K., Maeda A., Shimizu H., Hirota Y. Nationwide survey of pediatric inpatients with hand, foot, and mouth disease, herpangina, and associated complications during an epidemic period in Japan: estimated number of hospitalized patients and factors associated with severe cases // J. Epidemiol. 2019. Vol.29, №9. P.354–362. <https://doi.org/10.2188/jea.JE20180060>
7. Zhang X., Jia W., Li P., Song C. Severe pulmonary hemorrhage in herpangina // Pediatr. Infect. Dis. J. 2023. Vol.42, №4. P.e135–e136. <https://doi.org/10.1097/INF.0000000000003836>
8. Légeret C., Furlano R. Oral ulcers in children – a clinical narrative overview // Ital. J. Pediatr. 2021. Vol.47, №1. Article number:144. <https://doi.org/10.1186/s13052-021-01097-2>
9. Li W., Gao H.H., Zhang Q., Liu Y.J., Tao R., Cheng Y.P., Shu Q., Shang S.Q. Large outbreak of herpangina in children caused by enterovirus in summer of 2015 in Hangzhou, China // Sci. Rep. 2016. Vol.6. Article number:35388. <https://doi.org/10.1038/srep35388>
10. Chen Y., Sun W., Ren X., Gu X., Song K., Wang P., Cao Y., Jiang J., Miao Z. Characteristics and timeliness of intervention in 47 school-based enterovirus outbreaks in Zhejiang Province, China // Front. Public Health. 2025. Vol.13. Article number:1559637. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2025.1559637>
11. Kim M.J., Lee J.E., Kim K.G., Park D.W., Cho S.J., Kim T.S., Kee H.Y., Kim S.H., Park H.J., Seo M.H., Chung J.K., Seo J.J. Long-term sentinel surveillance of enteroviruses in Gwangju, South Korea, 2011–2020 // Sci. Rep. 2023. Vol.13, №1. Article number:2798. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-29461-8>
12. Yang T.O., Arthur Huang K.Y., Chen M.H., Chen P.C., Huang W.T. Comparison of nonpolio enteroviruses in children with herpangina and hand, foot and mouth disease in Taiwan // Pediatr. Infect. Dis. J. 2019. Vol.38, №9. P.887–893. <https://doi.org/10.1097/INF.0000000000002351>
13. Ujiie M., Nakamoto T., Iwamoto N., Tsuzuki S. Large-scale resurgence of herpangina in Japan, following the easing of COVID-19 measures // IJID Reg. 2023. Vol. 10. P.15–17. <https://doi.org/10.1016/j.ijregi.2023.11.008>

14. Xie Z., Khamrin P., Maneekarn N., Kumthip K. Epidemiology of enterovirus genotypes in association with human diseases // *Viruses*. 2024. Vol.16, №7. Article number:1165. <https://doi.org/10.3390/v16071165>
15. Enterovirus surveillance guidelines. World Health Organization. URL: https://stacks.cdc.gov/view/cdc/82809/cdc_82809_DS1.pdf
16. Bouckaert R., Heled J., Kühnert D., Vaughan T., Wu C.H., Xie D., Suchard M.A., Rambaut A., Drummond A.J. BEAST 2: a software platform for Bayesian evolutionary analysis // *PLoS Comput. Biol.* 2014. Vol.10, №4. Article number:e1003537. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1003537>
17. Rambaut A., Drummond A.J., Xie D., Baele G., Suchard M.A. Posterior summarization in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7. // *Syst. Biol.* 2018. Vol.67, №5. P.901–904. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syy032>
18. Сапега Е. Ю., Бутакова Л. В., Троценко О. Е., Зайцева Т.А., Курганова О.П., Игнатъева М.Е., Фунтусова О.А., Копылов П.В., Семенихин А.В., Детковская Т.Н., Господарик Я.Н., Корсунская С.А., Лапа С.Э., Савиных Д.Ф., Ханхареєв С.С., Романова Т.Г., Горяев Д.В., Щучинов Л.В., Салчак Л.К. Специфика проявлений энтеровирусной инфекции в Дальневосточном и Сибирском федеральных округах. Молекулярно-генетические особенности актуальных типов энтеровирусов // *Дальневосточный журнал инфекционной патологии*. 2020. №39. С.50–59. EDN: ANWCXZ.
19. Голицына Л. Н., Зверев В. В., Селиванова-Фомина С. Г., Пономарева Н.В., Кашников А.Ю., Созонов Д.В., Сашина Т.А., Елифанова Н.В., Евплова И.А., Резайкин А.В., Сапега Е.Ю., Новикова Н.А., Ефимов Е.И. Этиологическая структура энтеровирусных инфекций в Российской Федерации в 2017-2018 гг. // *Здоровье населения и среда обитания - ЗНиСО*. 2019. Т.317, №8. С.30–38. <https://doi.org/10.35627/2219-5238/2019-317-8-30-38>
20. Михайлова Ю.М., Черепанова Е.А. Энтеровирусная (неполио) инфекция в Российской Федерации в 2022 г. // *Заболеваемость, этиологическая структура энтеровирусной (неполио) инфекции. Информационный бюллетень Референс-центра по мониторингу энтеровирусных инфекций*. Нижний Новгород: Нижегородский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. акад. И.Н. Блохиной, 2023. Вып.10. С.3–5.
21. Голицына Л.Н., Кашникова А.Д., Полянина А.В., Зайцева Н.Н., Михайлова Ю.М., Черепанова Е.А. Энтеровирусная (неполио) инфекция в Российской Федерации в 2023 г. // *Заболеваемость, этиологическая структура энтеровирусной (неполио) инфекции. Информационный бюллетень Референс-центра по мониторингу энтеровирусных инфекций*. Нижний Новгород: Нижегородский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. акад. И.Н. Блохиной, 2024. Вып.11. С.3–8. EDN: QTYIZZ.
22. Голицына Л.Н., Кашникова А.Д., Полянина А.В., Зайцева Н.Н., Михайлова Ю.М., Черепанова Е.А. Энтеровирусная (неполио) инфекция в Российской Федерации в 2024 г. // *Заболеваемость, этиологическая структура энтеровирусной (неполио) инфекции. Информационный бюллетень Референс-центра по мониторингу энтеровирусных инфекций*. Нижний Новгород: Нижегородский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. акад. И.Н. Блохиной, 2025. Вып.12. С.3–10.
23. Jubelt B., Lipton H.L. Enterovirus/picornavirus infections // *Handb. Clin. Neurol.* 2014. Vol.123. P.379–416. <https://doi.org/10.1016/B978-0-444-53488-0.00018-3>
24. Esposito S., Bosis S., Niesters H., Principi N. Enterovirus D68 infection // *Viruses*. 2015. Vol.7, №11. P.6043–6050. <https://doi.org/10.3390/v7112925>
25. Бутакова Л.В., Сапега Е.Ю., Троценко О.Е. Анализ циркуляции коксакивируса А6 в субъектах Дальневосточного федерального округа Российской Федерации в 2014-2019 годах // *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2023. Т.100, №5. С.358–368. <https://doi.org/10.36233/0372-9311-366>
26. Романенкова Н.И., Бичурина М.А., Голицына Л.Н., Розаева Н.Р., Канаева О.И., Черкасская И.В., Кириллова Л.П., Батаева А.Ю., Барышникова А.С., Новикова Н.А. Неполиомиелитные энтеровирусы, обусловившие подъем заболеваемости энтеровирусной инфекцией на ряде территорий России в 2016 г. // *Журнал инфектологии*. 2017. Т.9, №3. С.98–108. <https://doi.org/10.22625/2072-6732-2017-9-3-98-108>
27. Xie M.Z., Chen L.Y., Yang Y.N., Cui Y., Zhang S.H., Zhao T.S. Molecular epidemiology of herpangina children in Tongzhou District, Beijing, China, during 2019-2020 // *Front. Med. (Lausanne)*. 2022. №9. Article number:822796. <https://doi.org/10.3389/fmed.2022.822796>
28. Itani T.M., Chalapa V.I., Slautin V.N., Bykov R.O., Imangaliev B.S., Starikova P.K., Sergeev A.G., Semenov A.V. Non-polio enterovirus surveillance in the Ural Federal District and Western Siberia, 2022: Is there a need for a vaccine? // *Vaccines (Basel)*. 2023. Vol.11, №10. Article number:1588. <https://doi.org/10.3390/vaccines11101588>
29. Itani T.M., Chalapa V.I., Slautin V.N., Imangaliev B.S., Kungurtseva M.S., Patrusheva A.K., Sergeev A.G., Semenov A.V. Circulation of non-polio enteroviruses in the Ural Federal District and Western Siberia in 2023: the return of an old foe? // *Arch. Virol.* 2025. Vol.170, №5. Article number:110. <https://doi.org/10.1007/s00705-025-06284-8>
30. Yang Q., Zhang Y., Yan D., Zhu S., Wang D., Ji T., Li X., Song Y., Gu X., Xu W. Two genotypes of coxsackievirus A2 associated with hand, foot, and mouth disease circulating in China since 2008 // *PLoS One*. 2016. Vol.11, №12. Article number:e0169021. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0169021>
31. Yang Q., Gu X., Zhang Y., Wei H., Li Q., Fan H., Xu Y., Li J., Tan Z., Song Y., Yan D., Ji T., Zhu S., Xu W. Persistent

circulation of genotype D coxsackievirus A2 in mainland of China since 2008 // PLoS One. 2018. Vol.13, №9. Article number: e0204359. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0204359>

32. Бутакова Л.В., Сапега Е.Ю., Троценко О.Е. Молекулярно-эпидемиологические особенности циркуляции энтеровируса Коксаки А10 в Дальневосточном федеральном округе // Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2020. Т. 97, № 4. С. 324–330. <https://doi.org/10.36233/0372-9311-2020-97-4-4>

REFERENCES

1. Pallansch M.A., Roos R.P. Enteroviruses: polioviruses, coxsackieviruses, echoviruses, and newer enteroviruses. In: Knipe D.M., Howley P.M., editors. *Field's Virology*. Philadelphia: Lippincott Williams & Wilkins; 2007: 840–893.
2. Khetsuriani N., LaMonte-Fowlkes A., Oberste M.S., Pallansch M.A. Enterovirus Surveillance – United States, 1970–2005. *MMWR Surveill. Summ.* 2006; 55(8):1–20.
3. Li P., Rui J., Niu Y., Xie F., Wang Y., Li Z., Liu C., Yu S., Huang J., Luo L., Deng B., Liu W., Yang T., Li Q., Chen T. Analysis of HFMD transmissibility among the whole population and age groups in a large city of China. *Front. Public Health.* 2022; 10:850369. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2022.850369>
4. Tapparel C., Siegrist F., Petty T.J., Kaiser L. Picornavirus and enterovirus diversity with associated human diseases. *Infect. Genet. Evol.* 2013; 14:282–293. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2012.10.016>
5. Yu H., Li X.W., Liu Q.B., Deng H.L., Liu G., Jiang R.M., Deng J.K., Ye Y.Z., Hao J.H., Chen Y.H., Nong G.M., Shen Z.B., Liu C.S., Zou Y.X., Wu J.Z., Wu X.D., Chen B.Q., Luo R.P., Lin A.W., Chen Y., Liu X.D. Diagnosis and treatment of herpangina: Chinese expert consensus. *World J. Pediatr.* 2020; 16(2):129–134. <https://doi.org/10.1007/s12519-019-00277-9>
6. Takechi M., Fukushima W., Nakano T., Inui M., Ohfuji S., Kase T., Ito K., Kondo K., Maeda A., Shimizu H., Hirota Y. Nationwide survey of pediatric inpatients with hand, foot, and mouth disease, herpangina, and associated complications during an epidemic period in Japan: estimated number of hospitalized patients and factors associated with severe cases. *J. Epidemiol.* 2019; 29(9):354–362. <https://doi.org/10.2188/jea.JE20180060>
7. Zhang X., Jia W., Li P., Song C. Severe pulmonary hemorrhage in Herpangina. *Pediatr. Infect. Dis. J.* 2023; 42(4):e135–e136. <https://doi.org/10.1097/INF.00000000000003836>
8. Légeret C., Furlano R. Oral ulcers in children – a clinical narrative overview. *Ital. J. Pediatr.* 2021; 47(1):144. <https://doi.org/10.1186/s13052-021-01097-2>
9. Li W., Gao H.H., Zhang Q., Liu Y.J., Tao R., Cheng Y.P., Shu Q., Shang S.Q. Large outbreak of herpangina in children caused by enterovirus in summer of 2015 in Hangzhou, China. *Sci. Rep.* 2016; 6:35388. <https://doi.org/10.1038/srep35388>
10. Chen Y., Sun W., Ren X., Gu X., Song K., Wang P., Cao Y., Jiang J., Miao Z. Characteristics and timeliness of intervention in 47 school-based enterovirus outbreaks in Zhejiang Province, China. *Front. Public Health.* 2025; 13:1559637. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2025.1559637>
11. Kim M.J., Lee J.E., Kim K.G., Park D.W., Cho S.J., Kim T.S., Kee H.Y., Kim S.H., Park H.J., Seo M.H., Chung J.K., Seo J.J. Long-term sentinel surveillance of enteroviruses in Gwangju, South Korea, 2011–2020. *Sci. Rep.* 2023; 13(1):2798. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-29461-8>
12. Yang T.O., Arthur Huang K.Y., Chen M.H., Chen P.C., Huang W.T. Comparison of nonpolio enteroviruses in children with herpangina and hand, foot and mouth disease in Taiwan. *Pediatr. Infect. Dis. J.* 2019; 38(9):887–893. <https://doi.org/10.1097/INF.00000000000002351>
13. Ujiie M., Nakamoto T., Iwamoto N., Tsuzuki S. Large-scale resurgence of herpangina in Japan, following the easing of COVID-19 measures. *IJID Reg.* 2023; 10:15–17. <https://doi.org/10.1016/j.ijregi.2023.11.008>
14. Xie Z., Khamrin P., Maneekarn N., Kumthip K. Epidemiology of enterovirus genotypes in association with human diseases. *Viruses* 2024; 16(7):1165. <https://doi.org/10.3390/v16071165>
15. Enterovirus surveillance guidelines. World Health Organization. Available at: https://stacks.cdc.gov/view/cdc/82809/cdc_82809_DS1.pdf
16. Bouckaert R., Heled J., Kühnert D., Vaughan T., Wu C.H., Xie D., Suchard M.A., Rambaut A., Drummond A.J. BEAST 2: a software platform for Bayesian evolutionary analysis. *PLoS Comput. Biol.* 2014; 10(4):e1003537. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1003537>
17. Rambaut A., Drummond A.J., Xie D., Baele G., Suchard M.A. Posterior summarization in Bayesian phylogenetic using tracer 1.7. *Syst. Biol.* 2018; 67(5):901–904. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syy032>
18. Сапега Е.Ю., Бутакова Л.В., Троценко О.Е., Зайтсева Т.А., Курганова О.П., Игнатьева М.Е., Фунтусова О.А., Копилов П.В., Семенikhин А.В., Детковская Т.Н., Господарик Я.Н., Косунская С.А., Лапа С.Е., Савинikh Д.Ф., Ханк-hareev С.С., Романова Т.Г., Горияев Д.В., Шучинов Л.В., Салчак Л.К. [Special nature of enterovirus infection in the Far Eastern and Siberian federal districts. Molecular-genetic peculiarities of relevant enterovirus types]. *Dal'nevostochnyy zhurnal infektsionnoy patologii = The Far Eastern Journal of Infectious Pathology* 2020. 39:50–59 (in Russian).
19. Golitsyna L.N., Zverev V.V., Selivanova S.G., Ponomareva N.V., Kashnikov A.Yu., Sozonov D.V., Sashina T.A.,

- Epifanova N.V., Evplova I.A., Rezaykin A.V., Sapega E.Yu., Novikova N.A., Efimov E.I. [Etiological structure of enterovirus infections in the Russian Federation in 2017-2018]. *Public Health and Life Environment - PH&LE* 2019; 317(8):30–38 (in Russian). <https://doi.org/10.35627/2219-5238/2019-317-8-30-38>
20. Mikhaylova Yu. M., Cherepanova E.A. [Enterovirus (non-polio) infection in the Russian Federation in 2022. In: Morbidity, etiologic structure of enterovirus (non-polio) infection (Vol.10)]. Nizhny Novgorod; 2023 (in Russian).
21. Golitsyna L.N., Kashnikova A.D., Polyanina A.V., Zaytseva N.N., Mikhaylova Yu. M., Cherepanova E.A. [Enterovirus (non-polio) infection in the Russian Federation in 2023. In: Morbidity, etiologic structure of enterovirus (non-polio) infection: information bulletin (Vol.11)]. Nizhny Novgorod; 2024 (in Russian).
22. Golitsyna L.N., Kashnikova A.D., Polyanina A.V., Zaytseva N.N., Mikhaylova Yu. M., Cherepanova E.A. [Enterovirus (non-polio) infection in the Russian Federation in 2024. In: Morbidity, etiologic structure of enterovirus (non-polio) infection: information bulletin (Vol.12)]. Nizhny Novgorod; 2025 (in Russian).
23. Jubelt B., Lipton H.L. Enterovirus/picornavirus infections. *Handb. Clin. Neurol.* 2014; 123:379–416. <https://doi.org/10.1016/B978-0-444-53488-0.00018-3>
24. Esposito S., Bosis S., Niesters H., Principi N. Enterovirus D68 infection. *Viruses* 2015; 7 (11):6043–6050. <https://doi.org/10.3390/v7112925>
25. Butakova L.V., Sapega E.Yu., Trotsenko O.E. [Analysis of coxsackievirus A6 circulation in the territories of the Far Eastern Federal district of the Russian Federation during years 2014-2019]. *Journal of Microbiology, Epidemiology and Immunobiology* 2023; 100(5):358–368 (in Russian). <https://doi.org/10.36233/0372-9311-366>
26. Romanenkova N.I., Bichurina M.A., Golitsyna L.N., Rozaeva N.R., Kanaeva O.I., Cherkasskaya I.V., Kirillova L.P., Bataeva A.Yu., Baryshnikova A.S., Novikova N.A. [Non-polio enteroviruses which caused the rise of enterovirus infection on some territories of Russia in 2016]. *Jurnal infektologii = Journal Infectology* 2017; 9(3):98–108 (in Russian). <https://doi.org/10.22625/2072-6732-2017-9-3-98-108>
27. Xie M.Z., Chen L.Y., Yang Y.N., Cui Y., Zhang S.H., Zhao T.S. Molecular epidemiology of herpangina children in Tongzhou District, Beijing, China, during 2019-2020. *Front. Med. (Lausanne)* 2022; 9:822796. <https://doi.org/10.3389/fmed.2022.822796>
28. Itani T.M., Chalapa V.I., Slautin V.N., Bykov R.O., Imangaliev B.S., Starikova P.K., Sergeev A.G., Semenov A.V. Non-polio enterovirus surveillance in the Ural Federal District and Western Siberia, 2022: Is there a need for a vaccine? *Vaccines (Basel)* 2023; 11(10):1588. <https://doi.org/10.3390/vaccines11101588>
29. Itani T.M., Chalapa V.I., Slautin V.N., Imangaliev B.S., Kungurtseva M.S., Patrusheva A.K., Sergeev A.G., Semenov A.V. Circulation of non-polio enteroviruses in the Ural Federal District and Western Siberia in 2023: the return of an old foe? *Arch. Virol.* 2025; 170(5):110. <https://doi.org/10.1007/s00705-025-06284-8>
30. Yang Q., Zhang Y., Yan D., Zhu S., Wang D., Ji T., Li X., Song Y., Gu X., Xu W. Two genotypes of coxsackievirus A2 associated with hand, foot, and mouth disease circulating in China since 2008. *PLoS One* 2016; 11(12):e0169021. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0169021>
31. Yang Q., Gu X., Zhang Y., Wei H., Li Q., Fan H., Xu Y., Li J., Tan Z., Song Y., Yan D., Ji T., Zhu S., Xu W. Persistent circulation of genotype D coxsackievirus A2 in mainland of China since 2008. *PLoS One* 2018; 13(9):e0204359. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0204359>
32. Butakova L.V., Sapega E.Yu., Trotsenko O.E. [Molecular epidemiological features of the Coxsackievirus A10 circulation in the Far Eastern Federal District of Russia]. *Journal of Microbiology, Epidemiology and Immunobiology* 2020; 97(4): 324–330 (In Russian). <https://doi.org/10.36233/0372-9311-2020-97-4-4>

Информация об авторах:

Людмила Васильевна Бутакова, научный сотрудник, Дальневосточный региональный научно-методический центр по изучению энтеровирусных инфекций, Федеральное бюджетное учреждение науки «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека; ORCID: <http://orcid.org/0000-0002-7238-3691>; e-mail: evi.khv@mail.ru

Елена Юрьевна Сапега, канд. мед. наук, руководитель Дальневосточного регионального научно-методического центра по изучению энтеровирусных инфекций, Федеральное бюджетное учреждение науки «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека; ORCID: <http://orcid.org/0000-0003-4438-6913>; e-mail: evi.khv@mail.ru

Author information:

Liudmila V. Butakova, Staff Scientist, Far Eastern Regional Scientific and Methodological Center for the Study of Enterovirus Infections, Federal Budgetary Institution of Science "Khabarovsk Scientific Research Institute of Epidemiology and Microbiology" of the Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Well-being; ORCID: <http://orcid.org/0000-0002-7238-3691>; e-mail: evi.khv@mail.ru

Elena Yu. Sapega, MD, PhD (Med.), Head of Far Eastern Regional Scientific and Methodological Center for the Study of Enterovirus Infections, Federal Budgetary Institution of Science "Khabarovsk Scientific Research Institute of Epidemiology and Microbiology" of the Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Well-being; ORCID: <http://orcid.org/0000-0003-4438-6913>; e-mail: evi.khv@mail.ru

Ольга Евгеньевна Троценко, д-р мед. наук, директор Федерального бюджетного учреждения науки «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека; ORCID: <http://orcid.org/0000-0003-3050-4472>; e-mail: trotsenko_oe@hniiem.ru

Olga E. Trotsenko, MD, PhD, DSc (Med.), Director of the Federal Budgetary Institution of Science "Khabarovsk Scientific Research Institute of Epidemiology and Microbiology" of the Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Well-being; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3050-4472>; e-mail: adm@hniiem.ru

*Поступила 24.06.2025
Принята к печати 31.07.2025*

*Received June 24, 2025
Accepted July 31, 2025*
