

© Коллектив авторов, 2019
УДК 579.61:579.25
DOI – <https://doi.org/10.14300/mnnc.2019.14146>
ISSN – 2073-8137

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОЕ ТИПИРОВАНИЕ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ОСТРЫХ КИШЕЧНЫХ ИНФЕКЦИЙ БАКТЕРИАЛЬНОЙ И ВИРУСНОЙ ЭТИОЛОГИИ, ВЫЯВЛЕННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ СТАВРОПОЛЬСКОГО КРАЯ В 2016 ГОДУ

Е. В. Чекрыгина¹, А. С. Волынкина², Е. С. Котенев², О. В. Васильева², А. Н. Куличенко²

¹ Ставропольский государственный медицинский университет,
Российская Федерация

² Ставропольский научно-исследовательский противочумный институт,
Российская Федерация

MOLECULAR-GENETIC TYPING OF THE ACUTE INTESTINAL INFECTIONS BACTERIAL AND VIRAL CAUSATIVE AGENTS, DETECTED IN THE STAVROPOL TERRITORY IN 2016

Chekrygina E. V.¹, Volynkina A. S.², Kotenev E. S.², Vasilieva O. V.², Kulichenko A. N.²

¹ Stavropol State Medical University, Russian Federation

² Stavropol Research Anti-Plague Institute, Russian Federation

Приведены результаты субвидового генетического типирования штаммов и изолятов нуклеиновых кислот возбудителей ОКИ бактериальной и вирусной этиологии, выявленных на территории Ставропольского края в 2016 году. Выполнен MLVA-анализ 36 штаммов *S. enteritidis*, генетическое типирование 16 изолятов РНК ротавирусов, 3 энтеровирусов, 2 норовирусов. Исследуемые штаммы *S. enteritidis* отличались высокой генетической гетерогенностью и относились к 11 MLVA-генотипам. Выявлены ротавирусы, принадлежащие генотипам: G4[P8] (68,7 %), G2[P4] (18,8 %), G9[P8] (12,5 %), норовирусы GII.Pe-GII.4_Sydney_2012 и GII.P16-GII.4_Sydney_2012, энтеровирусы Echovirus 5 и Echovirus 3.

На основании результатов генетической идентификации изолятов возбудителей ОКИ проведена оценка их эпидемиологической значимости и определены особенности региональных штаммов возбудителей ОКИ. Полученные данные могут быть использованы при эпидемиологическом анализе спорадических случаев и эпидемических вспышек ОКИ в Ставропольском крае.

Ключевые слова: генетическое типирование, острые кишечные инфекции, Ставропольский край

The work presents the results of sub-species genetic typing of strains and nucleic acids isolates of acute intestinal infections of bacterial and viral causative agents detected in the Stavropol Territory in 2016. MLVA analysis of 36 strains of *S. enteritidis*, genetic typing of 16 RNA isolates of rotaviruses, 3 – enteroviruses, 2 – noroviruses was performed. The tested strains of *S. enteritidis* were characterized by high genetic heterogeneity and belonged to 11 MLVA genotypes. Rotaviruses belonging to the genotypes: G4[P8] (68.7 %), G2[P4] (18.8 %), G9[P8] (12.5 %) noroviruses: GII.Pe-GII.4_Sydney_2012 and GII.P16-GII.4_Sydney_2012, enteroviruses: Echovirus 5 and Echovirus 3 were identified.

Based on the results of genetic identification of strains of acute intestinal infections causative agents, their epidemiological significance was assessed and specific features of regional strains were determined. The obtained data can be used in epidemiological analysis of sporadic cases and epidemic outbreaks of acute intestinal infections in the Stavropol Territory.

Keywords: genetic typing, acute intestinal infections, Stavropol Territory

Для цитирования: Чекрыгина Е. В., Волынкина А. С., Котенев Е. С., Васильева О. В., Куличенко А. Н. МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОЕ ТИПИРОВАНИЕ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ОСТРЫХ КИШЕЧНЫХ ИНФЕКЦИЙ БАКТЕРИАЛЬНОЙ И ВИРУСНОЙ ЭТИОЛОГИИ, ВЫЯВЛЕННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ СТАВРОПОЛЬСКОГО КРАЯ В 2016 ГОДУ. *Медицинский вестник Северного Кавказа*. 2019;14(4):587-590. DOI – <https://doi.org/10.14300/mnnc.2019.14146>

For citation: Chekrygina E. V., Volynkina A. S., Kotenev E. S., Vasilieva O. V., Kulichenko A. N. MOLECULAR-GENETIC TYPING OF THE ACUTE INTESTINAL INFECTIONS BACTERIAL AND VIRAL CAUSATIVE AGENTS, DETECTED IN THE STAVROPOL TERRITORY IN 2016. *Medical News of North Caucasus*. 2019;14(4):587-590. DOI – <https://doi.org/10.14300/mnnc.2019.14146> (In Russ.)

ДНК – дезоксирибонуклеиновая кислота
ИП – интенсивный показатель заболеваемости
НК – нуклеиновая кислота
ОКИ – острая кишечная инфекция
ПЦР – полимеразная цепная реакция

РНК – рибонуклеиновая кислота
MLVA – Multi-Locus Variable number tandem repeat analysis,
мультилокусный анализ числа переменных тандемных повторов

Качественное проведение эпидемиологического мониторинга возбудителей инфекционных болезней, прогнозирование возможных осложнений эпидемиологической обстановки невозможны без эффективной системы идентификации штаммов. В последние годы широкое практическое применение для субвидовой характеристики микроорганизмов получили методы молекулярно-генетического анализа, обладающие большей дифференцирующей способностью по сравнению с фенотипическими методами типирования. Использование методов генетической идентификации возбудителей для эпидемиологического анализа ограничено рядом условий, в том числе отсутствием в открытом доступе баз данных, содержащих наряду со сведениями о мировом генетическом разнообразии возбудителей информацию о генетических особенностях штаммов, циркулирующих в данный момент в отдельных регионах. Создание баз данных генотипов региональных штаммов и осуществление генетического мониторинга популяций возбудителей актуально, в первую очередь, для патогенов, способных вызывать тяжелые формы заболеваний (возбудители особо опасных и природно-очаговых инфекций) и массовые вспышки инфекционных болезней (возбудители острых кишечных и респираторных инфекций).

Важное значение для Ставропольского края в эпидемическом плане имеют острые кишечные инфекции (ОКИ). В 2016 году доля случаев заболевания ОКИ составила 25,5 % в структуре инфекционной заболеваемости в регионе, интенсивный показатель заболеваемости ОКИ составил 567,1. Одной из проблем эпидемиологического надзора за возбудителями ОКИ на территории Ставропольского края является недостаточный уровень этиологической расшифровки случаев заболевания кишечными инфекциями. Доля ОКИ неустановленной этиологии в 2016 г. составила 73,3 %. В результате этиологической расшифровки случаев ОКИ в Ставропольском крае выявлена заболеваемость сальмонеллезом (ИП 17,68), дизентерией (ИП 7,4), эшерихиозом (ИП 9,82), кишечным иерсиниозом (ИП 3,97), кампилобактериозом (ИП 0,61), ротавирусной (ИП 41,22), норовирусной (ИП 10,36) и энтеровирусной инфекцией (ИП 3,43).

Высокий уровень заболеваемости ОКИ бактериальной и вирусной этиологии регистрируется в регионе Кавказских Минеральных Вод и г. Ставрополе.

Цель работы – проведение субвидового генетического типирования штаммов и изолятов нуклеиновых кислот (НК) возбудителей ОКИ бактериальной и вирусной этиологии, накопление данных о генетических особенностях региональных штаммов возбудителей ОКИ, выявленных на территории Ставропольского края в 2016 г.

Материал и методы. Для определения генетического спектра возбудителей ОКИ выполнено субвидовое типирование 36 штаммов *Salmonella enterica*, серотипа *Enteritidis* (*S. enteritidis*), выделенных от больных ОКИ в Ставропольском крае в период с июля по октябрь 2016 г. и РНК-изоляты возбудителей ОКИ вирусной этиологии от 21 больного, полученных в указанный период. Основными критериями включения материала в исследование было наличие в эпидемиологическом анамнезе данных об инфицировании больных во время пребывания на территории Ставропольского края и достаточное количество целевых НК.

Индикацию нуклеиновых кислот возбудителей ОКИ в клиническом материале осуществляли методом ПЦР с использованием наборов реагентов «Амп-ли Сенса ОКИ-скрин-FL» и «Амп-ли Сенса Enterovirus-FL» («Интерлабсервис», РФ) в соответствии с инструкцией производителя. Экстракцию РНК/ДНК из образцов клинического и полевого материала производили с помощью наборов реагентов «РИБО-преп» («Интерлабсервис», РФ), получение комплементарной ДНК – с помощью набора реагентов «РЕБЕРТА-L-100» («Интерлабсервис», РФ). Пробы фекалий, положительные на наличие возбудителей ОКИ, отбирали для проведения генетической идентификации изолятов в соответствии с протоколом, разработанным Hopkins [1]. Размер амплифицированных локусов определяли методом электрофореза в 3 % агарозном геле, с последующим точным определением размера различающихся по длине аллелей методом капиллярного секвенирования. Индивидуальный MLVA-генотип штамма определяли на основании числа tandemных повторов в локусах: SENTER7, SENTER5, SENTER6, SENTER4, SE3- на основе прямого секвенирования фрагментов генов VP7 и VP4 [2]. Субвидовую характеристику изолятов РНК норовирусов 2 генотипа проводили методом секвенирования фрагментов генов полимеразы и нуклеокапсида вируса [3, 4]. Генотипирование изолятов РНК энтеровирусов осуществляли методом прямого секвенирования участков гена VP1 [5].

Результаты и обсуждение.

MLVA-типирование *Salmonella enterica*. Проведено MLVA-типирование 36 штаммов *S. enterica*, серотипа *Enteritidis*, выделенных от больных ОКИ в Ставропольском крае в 2016 году. Исследуемые штаммы *S. enteritidis* отличались высокой генетической гетерогенностью и относились к 11 MLVA-генотипам. Наибольшее количество разных аллельных вариантов выявлено в локусе SENTER5-6, в локусах SENTER6 и SENTER4 выявлено по 4 разных аллели, в локусах SENTER7 и SE3 – по 2. На территории Ставропольского края в 2016 году преобладали штаммы с MLVA-генотипами 3-10-5-4-1 (9 штаммов, 25 %), 3-9-5-4-1 (9 штаммов 25 %) и 3-11-5-4-1 (6 штаммов, 16,7 %). Также выявлены минорные MLVA-генотипы: 2-10-7-3-2 (3 штамма), 2-10-14-6-1 и 3-11-5-3-1 (по 2 штамма), 3-10-5-5-1, 3-10-6-3-1, 3-12-5-3-1, 3-13-5-4-1 и 3-7-5-4-1 (по 1 штамму).

S. enteritidis – наиболее частый этиологический агент сальмонеллезов у людей в Ставропольском крае. Использование методов молекулярно-генетического типирования необходимо для эффективной расшифровки случаев заболевания, вызванных *S. enteritidis*, подтверждения или опровержения роли определенных источников и факторов передачи возбудителя инфекции при вспышках сальмонеллезов, а также выявления генетических вариантов сальмонелл с повышенной способностью к эпидемическому распространению. Метод MLVA является основным для типирования сальмонелл в странах Европы, что связано с быстротой выполнения анализа и высокой воспроизводимостью результатов. Ретроспективное исследование штаммов *S. enteritidis* показало высокую дискриминирующую способность данного метода и наличие различий в соотношении и распространении MLVA-генотипов в различных регионах мира, также выявлены часто встречающиеся MLVA-генотипы, имеющие космополитное распространение [6]. Среди MLVA-генотипов *S. enteritidis*, выявленных на территории Ставропольского края в 2016 г., пять имеют космополитное распространение в мире и обладают значительным эпи-

демическим потенциалом, так как вызывают большую часть спорадических и групповых случаев заболеваемости сальмонеллезом: 3–10–5–4–1, 3–9–5–4–1, 3–11–5–4–1, 2–10–7–3–2 и 3–11–5–3–1. К настоящему времени накоплены сведения о MLVA-генотипах сальмонелл, встречающихся в некоторых регионах РФ. Так, в регионе Большого Сочи в 2016 г. установлена циркуляция *S. enteritidis* MLVA-генотипа 3–10–5–4–1, вызвавшего эпидемическую вспышку среди работников строителей. Единая база данных MLVA-генотипов *S. enteritidis*, встречающихся на территории РФ, отсутствует, что ограничивает возможности анализа результатов MLVA-типирования и применения их при расшифровке эпидемических вспышек.

Субвидовое типирование РНК изолятов ОКИ вирусной этиологии. Выполнено генетическое типирование 16 изолятов РНК ротавирусов, 3 энтеровирусов, 2 норовирусов, выявленных в образцах клинического материала от больных ОКИ в Ставропольском крае в 2016 году.

Изоляты РНК ротавирусов, выявленные на территории Ставропольского края в 2016 г., принадлежали к 3 генотипам: G4[P8] 11 образцов (68,7 %), G2[P4] 3 образца (18,8 %), G9[P8] 2 образца (12,5 %). Выявлено 2 генетических варианта норовирусов: GII. Pe-GII.4_Sydney_2012 и GII.P16-GII.4_Sydney_2012. Исследуемые изоляты энтеровирусов принадлежали к виду энтеровирус В, генотипам: Echovirus 5 (2 образца) и Echovirus 3 (1 образец).

По данным Референс-центра по мониторингу за возбудителями ОКИ на территории РФ, в 2011–2015 гг. (образцы из Ставропольского края не были включены в исследование) наибольшую распространенность в Российской Федерации имели следующие генотипы: G4[P8] – 47,8 %; G1[P8] – 22,9 %; G3[P8] – 8,2 %; G9[P8] – 7,2 %; G2[P4] – 7 %. На территории РФ отмечалась выраженная неравномерность распределения генотипов ротавирусов, были выявлены территории с высокой нестабильностью популяций ротавирусов и частой (практически ежегодной) сменой преобладающего генотипа [7, 8]. Так, в регионе Большого Сочи в 2016 году преобладали генотипы ротавирусов G9[P8] – 68,8 %, G4[P8] – 37,5 %, также циркулировали варианты ротавирусов G1[P8] и G3[P8]. Таким образом, на территории Ставропольского края выявлены генотипы ротавирусов, широко распространенные в РФ, в том числе в регионах юга России, обладающие значительным эпидемическим потенциалом.

Генотип норовирусов GII.4 с 1990 года является доминирующим в мире и обладает наибольшим эпидемическим потенциалом. На его долю приходится >80 % всех вспышек норовирусной инфекции. Генетический вариант GII.4_Sydney_2012, выявленный

в материале от больных в Ставропольском крае в 2016 году, впервые был обнаружен в конце 2012 года и вызвал рост заболеваемости норовирусной инфекцией во многих странах (в Соединенном Королевстве, Нидерландах, Японии, Австралии, Франции, Новой Зеландии и Соединенных Штатах Америки) по сравнению с предыдущими сезонами [9]. Норовирусы генотипа GII.4 Sydney_2012 широко распространены в регионах РФ. Данный геновариант выявлен в 2016 году в г. Сочи (25 % от всех изолятов норовирусов), где также установлена циркуляция норовирусов генотипов GII.17 (25 %) и GII.3 (50 %).

По данным Референс-центра по мониторингу за энтеровирусами, наиболее эпидемически значимыми вариантами на территории РФ являются Echo30, ЭВ71, Есно6, Есно11, СБ5, СА10, СА16, вызвавшие более 20 эпидемических вспышек энтеровирусной инфекции. Энтеровирусы генотипов Echo3 и Echo5, циркуляция которых установлена на территории Ставропольского края в 2016 г., как правило, вызывают случаи спорадической и групповой заболеваемости серозными менингитами и не обладают высоким эпидемическим потенциалом [10].

Заключение. В результате проведенной работы впервые получены данные о MLVA-генотипах *S. enteritidis* и генетических вариантах рота-, норо- и энтеровирусов, встречающихся на территории Ставропольского края. На основании результатов генетической идентификации изолятов возбудителей ОКИ проведена оценка их эпидемиологической значимости и определены особенности региональных штаммов возбудителей ОКИ. Показано, что в Ставропольском крае преобладают MLVA-типы *S. enteritidis*, имеющие космополитное распространение, геноварианты рота- и норовирусов, доминирующие на территории РФ, обладающие высоким эпидемическим значением, способные вызвать вспышки ОКИ. Выявленные генотипы энтеровирусов Echo3 и Echo5 не являются доминирующими в РФ, они обладают умеренным эпидемическим потенциалом и могут вызвать спорадические случаи заболевания серозными менингитами.

Регулярный мониторинг за возникновением новых геновариантов *S. enteritidis*, рота-, норо- и энтеровирусов, способных обладать повышенной вирулентностью и быть причиной изменений в патогенезе заболевания, является неотъемлемой частью современного эпиднадзора за ОКИ и имеет исключительно важное значение для здравоохранения в плане прогнозирования возможных сценариев развития эпидемиологической ситуации с целью профилактики заболеваемости ОКИ бактериальной и вирусной этиологии.

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Литература/References

1. Hopkins K. L., Peters T. M., de Pinna E., Wain J. Standardisation of multilocus variable-number tandem-repeat analysis (MLVA) for subtyping of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis. *Euro Surveill.* 2011;16(32):19942. <https://doi.org/10.2807/ese.16.32.19942-en>
2. Nirwati H., Hakim M. S., Aminah S., Dwija I.B.N.P., Pan Q., Aman A. T. Identification of Rotavirus Strains Causing Diarrhoea in Children under Five Years of Age in Yogyakarta, Indonesia. *The Malaysian Journal of Medical Sciences : MJMS.* 2017;24(2):68-77. <https://doi.org/10.21315/mjms2017.24.2.9>
3. Vicentini F., Denadai W., Gomes Y. M., Rose T. L., Ferreira M. S. [et al.]. Molecular Characterization of Noroviruses and HBG from Infected Quilombola Children in Espírito Santo State, Brazil. *Ren X, ed. PLoS ONE.* 2013;8(7):e69348. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0069348>

4. Puustinen L., Blazevic V., Huhti L., Szakal E. D., Halkosalo A. [et al.]. Norovirus genotypes in endemic acute gastroenteritis of infants and children in Finland between 1994 and 2007. *Epidemiology and Infection.* 2012;140(2):268-275. <https://doi.org/10.1017/S0950268811000549>
5. Nix W. A., Oberste M. S., Pallansch M. A. Sensitive, Seminested PCR Amplification of VP1 Sequences for Direct Identification of All Enterovirus Serotypes from Original Clinical Specimens. *Journal of Clinical Microbiology.* 2006;44(8):2698-2704. <https://doi.org/10.1128/JCM.00542-06>
6. Bertrand S., De Lamine de Bex G., Wildemaue C., Lunguya O., Phoba M. F. [et al.]. Multi Locus Variable-Number Tandem Repeat (MLVA) Typing Tools Improved the Surveillance of *Salmonella* Enteritidis: A 6 Years Retrospective Study. *Friedrich A, ed. PLoS ONE.* 2015;10(2):e0117950. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0117950>

7. Зайцева Е. В., Ольнева Т. А., Кулешов К. В., Кондратьева Л. М., Шихина Т. М. [и др.]. Результаты мониторинга антигенных типов ротавирусов группы А на территории Российской Федерации в период 2011–2015 гг. *Клиническая лабораторная диагностика*. 2016;61(7):445-448. [Zaitseva E. V., Olneva T. A., Kuleshov K. V., Kondratyeva L. M., Shikhina T. M. [et al.]. The results of monitoring of antigen types of rotaviruses of group A on the territory of the Russian Federation in 2011–2015. *Klinicheskaya laboratornaya diagnostika*. – *Clinical Laboratory Diagnostics*. 2016;61(7):445-448. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.18821/0869-2084-2016-61-7-445-448>
8. Veselova O. A., Podkolzin A., Petukhov D., Kuleshov K., Shipulin G. Rotavirus Group a Surveillance and Genotype Distribution in Russian Federation in Seasons 2012–2013. *Int. J. Clin. Med.* 2014;5(7):407-413. <https://doi.org/10.4236/ijcm.2014.57055>
9. van Beek J., Ambert-Balay K., Botteldoorn N., Eden J. S., Fonager J. [et al.]. Indications for worldwide increased norovirus activity associated with emergence of a new variant of genotype II.4, late 2012. *Euro Surveill.* 2013;18(1):20345. <https://doi.org/10.2807/ese.18.01.20345-en>
10. Голицына Л. Н., Зверев В. В., Парфенова О. В., Новикова Н. А. Эпидемические варианты непوليوмиелитных энтеровирусов в России. *Медицинский альманах*. 2015;5(40):136-140. [Golitsyna L. N., Zverev V. V., Parfenova O. V., Novikova N. A. Epidemic variants of non-poliomyelitic enteroviruses in Russia. *Medicinskij al'manah*. – *Medical almanac*. 2015;(5):136-140. (In Russ.)].

Сведения об авторах:

Чекрыгина Елена Владимировна, ассистент кафедры микробиологии; тел.: 89094623606; e-mail: Chekrygina-e@mail.ru

Волынкина Анна Сергеевна, научный сотрудник лаборатории природно-очаговых инфекций; тел.: 89188606520; e-mail: volyn444@mail.ru

Котенев Егор Сергеевич, кандидат биологических наук, заведующий лабораторией; тел.: 89614864316; e-mail: egor_kotenev@mail.ru

Васильева Оксана Васильевна, кандидат медицинских наук, врач-бактериолог лаборатории диагностики холеры и других кишечных инфекций; тел.: (8652)260312; e-mail: snipchi@mail.stv.ru

Куличенко Александр Николаевич, доктор медицинских наук, профессор, директор; тел.: (8652)260312; e-mail: kulichenko_an@list.ru

© Коллектив авторов, 2019

УДК 617.3:616.717.1:616.717.2:616.72-008.1:616.72-009.7:616.721.4:616.747.1

DOI – <https://doi.org/10.14300/mnnc.2019.14147>

ISSN – 2073-8137

ПОЛИМОРФИЗМ ПРОЯВЛЕНИЙ ШЕЙНО-ПЛЕЧЕВОГО СИНДРОМА У ПАЦИЕНТОВ С ПОСЛЕДСТВИЯМИ ТРАВМ ПЛЕЧЕВОГО СУСТАВА И НАДПЛЕЧЬЯ. КЛИНИКО-СТАТИСТИЧЕСКОЕ ОБОСНОВАНИЕ

Е. Б. Калинин, Л. Ю. Слиняков, А. В. Черняев, Ю. Р. Гончарук, А. В. Лычагин

Первый Московский государственный медицинский университет им. И. М. Сеченова (Сеченовский Университет), Российская Федерация

POLYMORPHISM OF MANIFESTATIONS OF THE CERVICAL-SHOULDER SYNDROME IN PATIENTS WITH RESULTS OF INJURIES OF THE SHOULDER JOINT AND SHOULDER GIRDLE. CLINICAL AND STATISTICAL SUBSTANTIATION

Kalinsky E. B., Slinyakov L. Yu., Chernyaev A. V., Goncharuk Yu. R., Lychagin A. V.

I. M. Sechenov First Moscow State Medical University (Sechenov University), Russian Federation

Цель исследования: установить и статистически обосновать связь перенесенных травм плеча и надплечья с развитием шейно-плечевого болевого синдрома. Проведена оценка распространенности шейно-плечевого синдрома у пациентов, перенесших повреждения надплечья (66,9 % в группе из 1402 пациентов). Разработан протокол клинического обследования, определена чувствительность и специфичность применяемых клинических тестов. По результатам анкетирования (шкалам VAS, ODI, SF-36, UCLA, SPADI, DASH) определена тенденция к усилению болевого синдрома, прогрессирующему снижению функции верхней конечности и, как следствие, снижению качества жизни у пациентов, перенесших травму надплечья. На основании полученных данных выделены типы шейно-плечевого синдрома (суставной, вертеброгенный, смешанный), коррелирующие с анатомической локализацией повреждений.

Ключевые слова: шейно-плечевой синдром, плечевой сустав, шейный отдел позвоночника, сагиттальный баланс

The purpose of the study: to establish and statistically substantiate the relationship of shoulder and shoulder girdle injuries to the development of cervicobrachial pain syndrome. The prevalence of cervicobrachial syndrome in patients who suffered injuries to the shoulder girdle was assessed (66.9 % in the group of 1402 patients). A protocol for clinical examination has