

DOI: 10.21055/0370-1069-2024-4-35-41

УДК 616.98:579.842.23(676/679)

Н.В. Попов¹, И.В. Кутырев², А.В. Иванова¹, К.А. Никифоров¹, А.А. Зубова¹, Я.А. Нейштадт¹,
А.В. Бойко¹, Е.В. Куклев¹, В.П. Топорков¹

**О существовании Восточно-Африканского природного мегаочага
Yersinia pestis основного подвида античного биовара филогенетической линии 1.ANT:
эпидемическая активность, пространственная и биоценотическая структура**

¹ФКУН «Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб», Саратов, Российская Федерация;

²ФБУН «Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии», Москва, Российская Федерация

Полученные результаты анализа эпидемиологических, эпизоотологических и филогенетических данных позволяют предположить, что территория Восточно-Африканского плоскогорья является единым природным мегаочагом античного биовара 1.ANT основного подвида *Yersinia pestis*. Циркуляция различных геновариантов (1.ANT1, 1.ANT2, 1.ANT3) античного биовара основного подвида *Y. pestis* происходит в популяциях различных видов дикоживущих и полусинантропных крыс и их специфических эктопаразитов. В границах установленного ареала античного биовара 1.ANT основного подвида *Y. pestis* эпизоотические проявления приурочены к густозаселенным районам Демократической Республики Конго (ДРК), Уганды, Кении, Танзании, Замбии и Малави. К потенциально энзоотичным по чуме регионам следует относить территории Руанды и Бурунди, а также северные районы Мозамбика. В 2000–2024 гг. в восточафриканских странах (ДРК, Замбия, Малави, Танзания, Уганда) зарегистрировано более 15,5 тыс. случаев инфицирования чумой, что составляет 54 % от общего числа заболевших на Африканском континенте. Максимальная эпидемическая активность (в среднем 1326 человек в год) восточафриканских очагов отмечена в 2000–2009 гг. В 2010–2019 гг. показатели заболеваемости в ДРК, Уганде, Танзании значительно снизились (в среднем до 103 человек в год), в Замбии и Малави случаев инфицирования чумой не выявлено. В 2020–2024 гг. эпидемические осложнения по чуме продолжали регистрировать только на территории ДРК. Сохранение постоянных рисков инфицирования обусловлено высокой плотностью и интенсивностью контактов сельского населения с природно-очаговыми комплексами Восточно-Африканского плоскогорья. Высокая заболеваемость чумой определяется также вспышками антропонозной бубонной чумы, связанными с обилием блох *Pulex irritans* в сельских населенных пунктах.

Ключевые слова: чума, природный мегаочаг *Yersinia pestis* основного подвида, Восточно-Африканское плоскогорье, эпидемическая активность, пространственная и биоценотическая структура, риски инфицирования.

Корреспондирующий автор: Попов Николай Владимирович, e-mail: rusrap1@microbe.ru.

Для цитирования: Попов Н.В., Кутырев И.В., Иванова А.В., Никифоров К.А., Зубова А.А., Нейштадт Я.А., Бойко А.В., Куклев Е.В., Топорков В.П. О существовании Восточно-Африканского природного мегаочага *Yersinia pestis* основного подвида античного биовара филогенетической линии 1.ANT: эпидемическая активность, пространственная и биоценотическая структура. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2024; 4:35–41. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-4-35-41

Поступила 04.10.2024. Отправлена на доработку 31.10.2024. Принята к публ. 07.11.2024.

N.V. Popov¹, I.V. Kutyrev², A.V. Ivanova¹, K.A. Nikiforov¹, A.A. Zubova¹, Ya.A. Neishtadt¹,
A.V. Boiko¹, E.V. Kuklev¹, V.P. Toporkov¹

**On the Existence of East African Natural Megafocus of *Yersinia pestis*,
Phylogenetic Lineage 1.ANT of the Antique Biovar of the Main Subspecies:
Epidemic Activity, Spatial and Biocenotic Structure**

¹Russian Research Anti-Plague Institute “Microbe”, Saratov, Russian Federation;

²Central Research Institute of Epidemiology, Moscow, Russian Federation

Abstract. The obtained results of the epidemiological, epizootiological, and phylogenetic data analysis suggest that the territory of the East African plateau is a one natural mega-focus of *Yersinia pestis* belonging to antique biovar 1.ANT of the main subspecies. The circulation of various genovariants (1.ANT1, 1.ANT2, 1.ANT3) of *Y. pestis*, antique biovar of the main subspecies, occurs in populations of various species of wild-living and semi-synanthropic rats and their specific ectoparasites. Within the boundaries of the established areal of antique biovar 1.ANT of the main subspecies of *Y. pestis* epizootic manifestations are confined to densely populated areas of the Democratic Republic of the Congo (DRC), Uganda, Kenya, Tanzania, Zambia and Malawi. Potentially plague enzootic regions should include the territories of Rwanda and Burundi, as well as the northern regions of Mozambique. In 2000–2024, more than 15.5 thousand cases of plague infection were registered in East African countries (DRC, Zambia, Malawi, Tanzania, Uganda), which is 54 % of the total number of cases on the African continent. The maximum epidemic activity (on average 1,326 people per year) of the East African megafocus was noted in 2000–2009. In 2010–2019, the incidence rates in the DRC, Uganda, and Tanzania decreased significantly (to an average of 103 people per year), and no cases of plague infection were detected in Zambia and Malawi. In 2020–2024, epidemic complications of plague continued to be recorded only in the territory of the DRC. The persistence of constant risks of infection is determined by the high population density and intensity of contacts between the rural population and the natural-focal complexes of the East African plateau. The high incidence of plague is also due to the development of outbreaks of anthroponotic bubonic plague associated with the abundance of *Pulex irritans* fleas in rural areas.

Key words: plague, natural megafocus of *Yersinia pestis* of the main subspecies, East African plateau, epidemic activity, spatial and biocenotic structure, risks of infection.

Conflict of interest: The authors declare no conflict of interest.

Funding: The authors declare no additional financial support for this study.

Corresponding author: Nikolay V. Popov, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

Citation: Popov N.V., Kutuyev I.V., Ivanova A.V., Nikiforov K.A., Zubova A.A., Neishtadt Ya.A., Boiko A.V., Kuklev E.V., Toporkov V.P. On the Existence of East African Natural Megafocus of *Yersinia pestis*, Phylogenetic Lineage 1.ANT of the Antique Biovar of the Main Subspecies: Epidemic Activity, Spatial and Biocenotic Structure. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2024; 4:35–41. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2024-4-35-41
 Received 04.10.2024. Revised 31.10.2024. Accepted 07.11.2024.

Popov N.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4099-9261>
 Kutuyev I.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1119-6267>
 Ivanova A.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4849-3866>
 Nikiforov K.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4115-9486>
 Zubova A.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8741-5756>

Neishtadt Ya.A., ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-9249-2396>
 Boiko A.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9576-4959>
 Kuklev E.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9686-9020>
 Toporkov V.P., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9512-7415>

В настоящее время чума продолжает оставаться актуальной угрозой санитарно-эпидемиологическому благополучию населения в разных странах [1–3]. Проявления чумы, в том числе эпидемические, практически ежегодно регистрируют в странах Африканского и Американского континентов, а также в азиатских государствах [4–6]. По данным Всемирной организации здравоохранения, только с начала XXI в. в 16 странах мира зарегистрировано более 29 тыс. случаев заболевания чумой, в том числе 2589 с летальным исходом (коэффициент летальности – 8,7 %) [7, 8]. В последние 20 лет наиболее напряженная эпидемиологическая обстановка по чуме сохраняется на Африканском континенте (98 % от общего числа случаев, зарегистрированных в мире) [9]. Сохранение постоянной напряженной эпидемиологической ситуации по чуме и другим особо опасным инфекционным болезням в странах Африканского региона во многом обусловлено нехваткой квалифицированного медицинского персонала, пренебрежением правилами личной гигиены и низким уровнем жизни населения [10].

Согласно историческим данным первые упоминания о чуме на Африканском континенте в Ливии, Египте и Сирии датируются примерно I в. н.э., в то время как проявления чумы были отмечены еще в конце III в. до н.э. [11]. Наличие природных очагов чумы установлено на территории 18 государств: Алжира, Анголы, Ботсваны, Ганы, Демократической Республики Конго (ДРК), Замбии, Зимбабве, Кении,

Лесото, Мавритании, Малави, Марокко, Мозамбика, Намибии, Сенегала, Танзании, Уганды и Южно-Африканской Республики (ЮАР) [12, 13]. В границах установленного ареала *Yersinia pestis* (*Zona pestica*) на территории Африки распространены высоковирулентные и эпидемически значимые штаммы основного подвида античного (филогенетические ветви 1.ANT1, 1.ANT2, 1.ANT3 – ДРК, Уганда, Замбия), средневекового (2.MED – Ливия) [14] и восточного (1.ORI2 – Алжир, ЮАР; 1.ORI3 – Мадагаскар) биоваров [15, 16]. Кроме того, на территории Анголы был выделен единственный штамм «Ангола» филогенетической линии 0.PE3 [17]. Сохраняется вероятность существования природных очагов чумы и на территориях других африканских государств, в отношении которых эндемичность по чуме не установлена.

В начале XXI столетия наиболее напряженная эпидемиологическая ситуация по чуме сохраняется в регионе Восточной Африки [18, 19, 20]. В 2000–2024 гг. (рис. 1) в Уганде, Танзании, Замбии, Малави и восточной части ДРК зарегистрировано более 15,5 тыс. случаев инфицирования чумой, что составляет 54 % от общего числа заболевших на Африканском континенте.

В 2000–2009 гг. в ДРК, Замбии, Малави, Танзании, Уганде имел место значительный подъем заболеваемости чумой. Общее число случаев инфицирования в этих странах достигало в среднем 1326 в год. В 2010–2019 гг. показатели заболеваемости в ДРК, Уганде, Танзании значительно снизились (в среднем

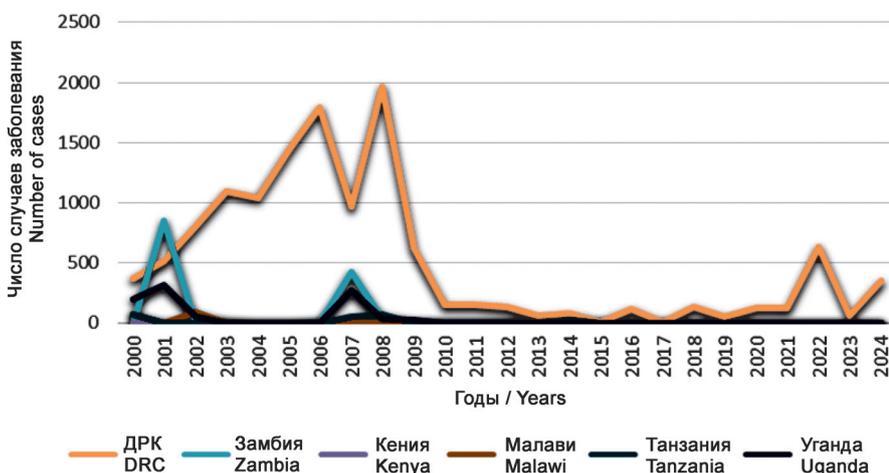


Рис. 1. Эпидемиологические проявления чумы в странах Восточной Африки в 2000–2024 гг.

Fig. 1. Epidemiological manifestations of plague in East African countries in 2000–2024

до 103 человек в год), в Замбии и Малави случаев инфицирования чумой не выявлено. В 2020–2024 гг. эпидемические осложнения по чуме продолжали регистрировать только на территории ДРК.

Первая информация о регистрации случаев заболеваний чумой среди населения Уганды относится к 1902 г. [21]. В последующие годы чума ежегодно проявлялась до 1947 г. в виде вспышек с постепенным снижением активности до единичных случаев [22]. В 1960–1981 гг. случаев заболевания чумой не зарегистрировано. С 1982 г. отмечен значительный рост заболеваемости чумой. Крупные вспышки в 1982 г. (153 случая), 1986 г. (340), 1993 г. (167), 2000 г. (202), 2001 г. (319), 2007 г. (277). В общей сложности с 2000 по 2015 г. выявлено 1044 случая заболевания чумой [23]. В 2016–2024 гг. случаев инфицирования чумой не зарегистрировано.

Первая вспышка чумы на территории Кении (г. Найроби) произошла в 1902 г. [24]. В первой половине XX в. здесь многократно регистрировали вспышки разной интенсивности – от 5 до 959 заболевших людей в год. Всего за этот период чумой заразились 5679 человек. В период 1950–1990 гг. среднесезонные показатели заболеваемости снизились до 557 случаев в год. Последние случаи заболевания (44 случая) в стране зарегистрированы в 1990 г.

В Танзании первые заболевания чумой зарегистрированы в 1886 г. в округе Иринга, на юго-западе страны [25]. До 1950 г. зарегистрировано 783 случая заболевания. В последующие годы вспышки чумы возникали с разной периодичностью и интенсивностью [26, 27]. В 1951–1952 гг. заболели чумой 838 человек. Позднее, на фоне относительного благополучия, произошла крупная вспышка в 1964 г. – 513 больных. С начала XXI в. в стране отмечена тенденция к снижению заболеваемости, в 2000–2015 гг. выявлен 291 случай инфицирования чумой [28]. Последняя информация об эпидемических проявлениях чумы датирована 2015 г. (5 случаев инфицирования).

Чума в Замбии впервые была обнаружена в 1937 г. Вспышки среди людей регистрировали в период с 1937 по 1987 г. (от 1 до 14 случаев в год) [29]. Позже крупные вспышки чумы произошли в 1997 г. (319 случаев), 2001 г. (850), 2007 г. (425), 2008 г. (34) [30–33]. В 2015 г. в Замбии зарегистрирован 21 случай, подозрительный на инфицирование чумой, однако ни у одного из заболевших диагноз не был подтвержден выделением культуры возбудителя чумы (в 57 % случаев получен положительный результат ПЦР).

Для Республики Малави характерны относительно редкие вспышки чумы. Впервые чума в этой стране была зарегистрирована в 1916 г. (всего заболело 13 человек). В 1917 г. выявлено 28 случаев заболевания, в 1918 г. – 5 и 1919 г. – 3. Следующая вспышка чумы в Малави зарегистрирована через 20 лет, в 1939 г. В течение 1955–1959 гг. в стране регистри-

ровано 20 случаев заболевания и в 1963 г. – 30. Вспышки с перерывами возникали также в 1994 г. (9 случаев), 1997 г. (582), 1999 г. (74), 2000 г. (78) и 2002 г. (92) [34, 35]. За период с 2002 г. случаи инфицирования чумой на территории страны не зарегистрированы.

Первый случай чумы в ДРК произошел в 1929 г. [36]. В последующие годы (вплоть до 1960 г.) регистрировали sporadическую заболеваемость на территориях вблизи озера Альберт и озера Эдуард (впервые чума у этого озера была обнаружена в 1935 г.). За 32 года, то есть по 1960 г. включительно, на очаговой территории, граничащей с озером Альберт, произошло 700 случаев; с озером Эдуард за 22 года – 200 случаев. Во второй половине XX в. единичные случаи заболеваний чумой и вспышки отмечались вплоть до 1987 г. Затем эпидемическая активность очагов чумы ДРК значительно увеличилась [37]. За последние 24 года (2000–2023 гг.) выявлено более 12 тыс. случаев заболевания чумой [38, 39]. В 2024 г. в провинции Итури за первые 14 недель года зарегистрировано 346 случаев, 8 – с летальным исходом.

Энзоотические по чуме территории ДРК расположены на западной кромке Восточно-Африканского плоскогорья, рассеченного системой разломов, представляющих собой глубокие грабены, занятые озерами Эдуард, Альберт, Танганьика, Киву. В более западных районах ДРК (впадина Конго, где широко распространены тропические леса) случаев заболевания чумой не зарегистрировано. В центральных, восточных и южных районах Восточно-Африканского плоскогорья расположены также известные природные очаги чумы на территории Уганды, Кении, Танзании, Малави и восточной части Замбии (рис. 2).

Характерными ландшафтами Восточно-Африканского плоскогорья являются различные типы саванн на высоте от 500 до 2000 м н.у.м. Высота над уровнем моря определяет субэкваториальный климат. Территория Восточно-Африканского плоскогорья, особенно вблизи крупных озер, густо заселена (до 300 человек на 1 км²).

Для ряда стран (Уганда, Замбия, а также восточные районы ДРК), располагающихся в границах Восточно-Африканского плоскогорья, характерна циркуляция штаммов античного биовара (филогенетические ветви 1.ANT1, 1.ANT2, 1.ANT3) основного подвида *Y. pestis* [34, 40]. Хотя для таких стран, как Танзания, Малави и Мозамбик, внутривидовая принадлежность штаммов *Y. pestis*, вызывавших вспышки, до сих пор не установлена [41, 42]. Вероятно, штаммы восточного биовара основного подвида *Y. pestis* также присутствовали на территории Восточной Африки. Согласно литературным сведениям, в 1896–1901 гг. имел место завоз чумы из Индии во время строительства Угандской железной дороги, результатом которого стали вспышки чумы во многих портах на озере Виктория в период 1903–1908 гг. [43, 44]. В дальнейшем штаммы восточного

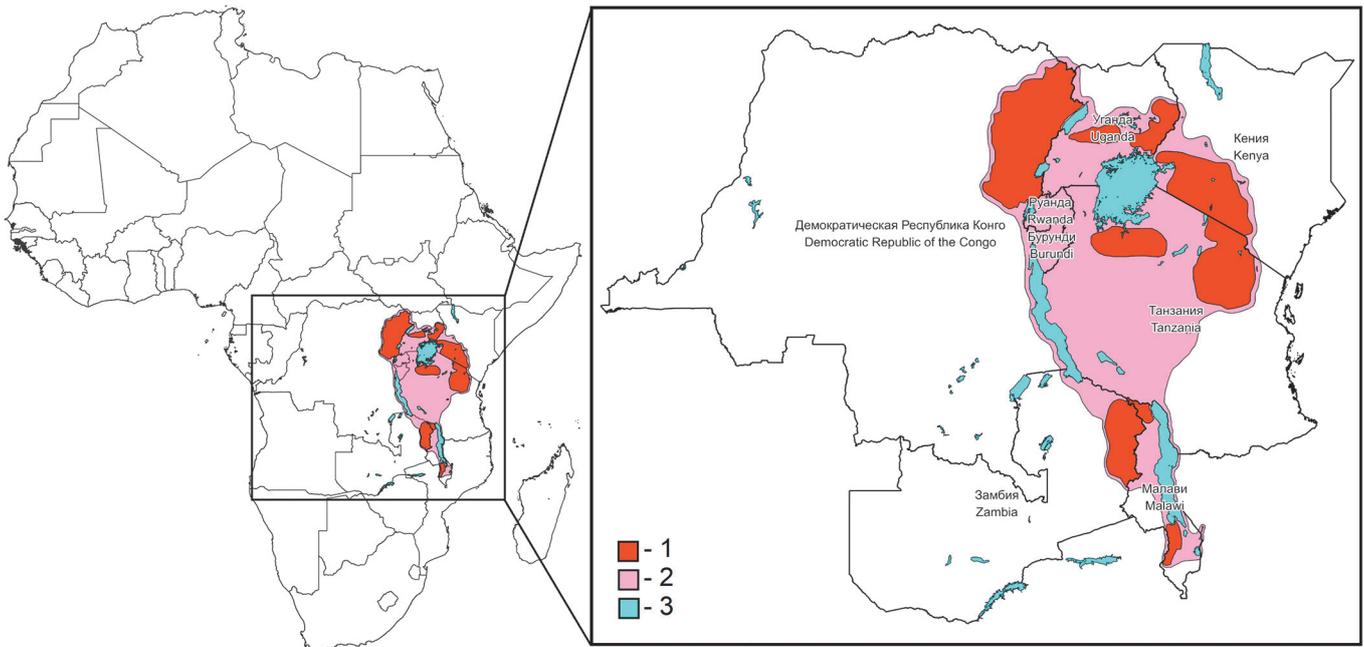


Рис. 2. Пространственное расположение восточноафриканской группы природных очагов чумы:
 1 – выявленные природные очаги чумы на территории Восточно-Африканского плоскогорья; 2 – территория предполагаемого восточноафриканского мегаочага чумы; 3 – озера

Fig. 2. Spatial arrangement of the East African group of natural plague foci:
 1 – identified natural plague foci on the territory of the East African plateau; 2 – the territory of the supposed East African mega focus of plague; 3 – lakes

биовара основного подвида *Y. pestis* здесь не регистрировали.

По результатам молекулярно-генетических исследований, штаммы, изолированные во время вспышек на территории ДРК, относятся к античному биовару основного подвида *Y. pestis* филогенетических ветвей 1.ANT1, 1.ANT, 1.ANT3 [15]. Для очагов Уганды характерна циркуляция двух субпопуляций штаммов 1.ANT в двух отличающихся по географическому положению и высоте над уровнем моря регионах: штаммы группы SNP1 обнаруживаются севернее и на более низких высотах по сравнению с группой SNP2 [46]. По данным молекулярного анализа, штамм, выделенный на территории Уганды от больного в 2004 г., относится к ветви 1.ANT1 вместе со штаммами, выделенными на территории ДРК в 1953 и 1965 гг. Штаммы из Кении вместе со штаммами из ДРК формируют две филогенетические ветви. Штаммы, полученные в 50–60-х гг. XX в., относятся к 1.ANT3, а этиологические агенты вспышек в 40, 70 и 80-х гг. прошлого века образуют ветвь 1.ANT2. При изучении штаммов из двух эпидемических районов Замбии (Ньимба, Симда) было показано, что штаммы из района Ньимба родственны штаммам 1.ANT из ДРК, а штаммы из района Симда кластеризовались со штаммом 1.ANT из Кении [30, 46]. В других регионах Африки циркуляция штаммов античного биовара 1.ANT основного подвида *Y. pestis* не зарегистрирована.

Существенно, что циркуляция штаммов античного биовара основного подвида *Y. pestis* филогенетических ветвей 1.ANT1, 1.ANT, 1.ANT3 на тер-

ритории ДРК, Уганды, Танзании, Кении, Малави и восточной части Замбии зарегистрирована среди популяций доминирующих на территории Восточно-Африканского плоскогорья видов грызунов, а именно: многососковой (*Mastomys natalensis*), черной (*Rattus rattus*), абиссинской лесной (*Arvicanthis abyssinicus*) крыс [47–49]. Основными переносчиками являются блоха *Xenopsylla brasiliensis* – наиболее эффективный вектор передачи инфекции от грызуна к человеку и *Dinopsyllus lypus*, а также *X. cheopis* [50, 51]. Наибольшее эпидемиологическое значение на всей территории выделяемого восточноафриканского мегаочага античного биовара (1.ANT) основного подвида *Y. pestis* имеют многососковая, черная и абиссинская лесная крысы. Благодаря особенностям экологии многососковая и абиссинская крысы играют большую эпидемиологическую роль: они служат связующими звеньями между дикими и синантропными популяциями грызунов. В антропогенных ландшафтах носителем является черная крыса – *Rattus rattus*, которая широко расселилась в Восточной Африке после постройки в начале XX в. железных дорог, связавших порты на побережье с торговыми городами в глубине материка, в частности с городами, лежащими на берегах озер Виктория, Танганьика, Ньяса.

Заболевания людей на территории выделяемого восточноафриканского мегаочага античного биовара (1.ANT) основного подвида *Y. pestis* сосредоточены, почти полностью, в сельской зоне. Сельское население постоянно контактирует с его биоценоотическими комплексами в процессе выращивания и сбора

сельскохозяйственных культур. Вероятность заноса возбудителя чумы в сельские населенные пункты значительно возрастает в период сезона дождей, как следствие выраженных миграций диких животных и полусинантропных видов грызунов. Высокая заболеваемость чумой является также следствием обилия блох *Pulex irritans* в сельских населенных пунктах.

Полученные результаты анализа эпидемиологических и эпизоотологических данных позволяют заключить, что территория Восточно-Африканского плоскогорья является единым полигостальным и поливекторным природным мегаочагом античного биовара (филогенетическая линия 1.ANT) основного подвида *Y. pestis*. В границах установленного ареала античного биовара 1.ANT основного подвида *Y. pestis* эпизоотические проявления приурочены к густозаселенным предгорным и низкогорным районам ДРК (вблизи озер Альберт, Эдуард), Уганды (между озерами Альберт, Кьога и Виктория), Кении (вблизи озера Виктория), Танзании (вблизи озер Виктория, Руква, Ньяса), Замбии (долина реки Луангвы), Малави (вблизи озера Ньяса). К потенциально энзоотичным по чуме регионам следует относить территории Руанды и Бурунди, расположенные вблизи озера Танганьика, а также северные районы Мозамбика (вблизи озера Ньяса), где ранее проявления чумы не регистрировали. В пользу этого свидетельствует трансграничный характер выявленных природных очагов чумы на территории ДРК, Уганды, Танзании, а также общность ландшафтных характеристик и паразитарных систем на территории всей рассматриваемой группы стран, расположенных в границах выделяемого восточноафриканского природного мегаочага античного биовара линии 1.ANT основного подвида *Y. pestis*. В связи с этим целесообразно провести направленный поиск зараженных чумой животных на территориях Бурунди и Руанды, непосредственно граничащих с установленными ранее энзоотичными территориями этой инфекции в ДРК, Уганде, Танзании.

Конфликт интересов. Авторы подтверждают отсутствие конфликта финансовых/нефинансовых интересов, связанных с написанием статьи.

Финансирование. Авторы заявляют об отсутствии дополнительного финансирования при проведении данного исследования.

Список литературы

- Butler T. Plague into the 21st century. *Clin. Infect. Dis.* 2009; 49(5):736–42. DOI: 10.1086/604718.
- Andrianaivoarimanana V., Piola P., Wagner D.M., Rakotomanana F., Maheriniaina V., Andrianalimanana S., Chanteau S., Rahalison L., Ratsitorahina M., Rajerison M. Trends of human plague, Madagascar, 1998–2016. *Emerg. Infect. Dis.* 2019; 25(2):220–8. DOI: 10.3201/eid2502.171974.
- Human plague: review of regional morbidity and mortality, 2004–2009. *Wkly Epidemiol. Rec.* 2009; 85(6):40–5.
- Bertherat E. Plague around the world, 2010–2015. *Wkly Epidemiol. Rec.* 2016; 91(8):89–93.
- Bertherat E. Plague around the world in 2019. *Wkly Epidemiol. Rec.* 2019; 94(25):289–92.
- Zeppelini C.G., de Almeida A.M., Cordeiro-Estrela P. Zoonoses as ecological entities: a case review of plague. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2016; 10(10):e0004949. DOI: 10.1371/journal.pntd.0004949.

- Попов Н.В., Карнаухова И.Г., Кузнецов А.А., Матросов А.Н., Иванова А.В., Марцоха К.С., Куклев Е.В., Корзун В.М., Вержущий Д.Б., Чипанин Е.В., Холин А.В., Лопатин А.А., Дубянский В.М., Ашибоков У.М., Газиева А.Ю., Кутырев И.В., Балахонов С.В., Куличенко А.Н., Кутырев В.В. Эпидемиологическая ситуация по чуме в мире. Прогноз эпизоотической активности природных очагов чумы Российской Федерации на 2024 г. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2024; 1:67–75. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-67-75.
- Barbieri R., Signoli M., Chevè D., Costedoat C., Tzortzis S., Aboudharam G., Raoult D., Drancourt M. *Yersinia pestis*: the natural history of plague. *Clin. Microbiol. Rev.* 2020; 34(1):e00044-19. DOI: 10.1128/CMR.00044-19.
- Иванова А.В., Зубова А.А., Касьян Ж.А., Дмитриева Л.Н., Чумачкова Е.А., Зимирова А.А., Щербакова С.А., Кутырев В.В. Обзор актуальных рисков заноса инфекционных болезней на территорию Российской Федерации из стран Африканского континента. *Дезинфекционное дело.* 2023; 4:33–45. DOI: 10.35411/2076-457X-2023-4-33-45.
- Neerincx S., Bertherat E., Leirs H. Human plague occurrences in Africa: an overview from 1877 to 2008. *Trans. R. Soc. Trop. Med. Hyg.* 2010; 104(2):97–103. DOI: 10.1016/j.trstmh.2009.07.028.
- Wu Lien-teh, Chun J.W.H., Pollitzer R., Wu C.Y. *Plague: a Manual for Medical and Public Health Workers.* Shanghai; 1936. 547 p.
- Попов Н.В., Куклев Е.В., Слудский А.А., Тарасов М.А., Матросов А.Н., Князева Т.В., Караваева Т.Б., Кутырев В.В. Ландшафтная приуроченность и биоценотическая структура природных очагов чумы дальнего зарубежья. Северная и Южная Америка, Африка, Азия. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2005; 1:9–15.
- Попова А.Ю., Кутырев В.В., редакторы. Атлас природных очагов чумы России и зарубежных государств. Калининград: ПА Полиграфичъ; 2022. 348 с.
- Malek M.A., Hammani A., Beneldjouzi A., Bitam I. Enzootic plague foci, Algeria. *New Microbes New Infect.* 2014; 4:13–6. DOI: 10.1016/j.nmni.2014.11.003.
- Morelli G., Song Y., Mazzoni C.J., Eppinger M., Roumagnac P., Wagner D.M., Feldkamp M., Kusecek B., Vogler A.J., Li Y., Cui Y., Thomson N.R., Jombart T., Leblois R., Lichtner P., Rahalison L., Petersen J.M., Balloux F., Keim P., Wirth T., Ravel J., Yang R., Carniel E., Achtman M. *Yersinia pestis* genome sequencing identifies patterns of global phylogenetic diversity. *Nat. Genet.* 2010; 42(12):1140–3. DOI: 10.1038/ng.705.
- Kutyrev V.V., Eroshenko G.A., Motin V.L., Nosov N.Y., Krasnov J.M., Kukleva L.M., Nikiforov K.A., Al'khova Z.V., Oglodin E.G., Guseva N.P. Phylogeny and classification of *Yersinia pestis* through the lens of strains from the plague foci of Commonwealth of Independent States. *Front. Microbiol.* 2018; 9:1106. DOI: 10.3389/fmicb.2018.011106.
- Eppinger M., Worsham P.L., Nikolich M.P., Riley D.R., Sebastian Y., Mou S., Achtman M., Lindler L.E., Ravel J. Genome sequence of the deep-rooted *Yersinia pestis* strain Angola reveals new insights into the evolution and pangenome of the plague bacterium. *J. Bacteriol.* 2010; 192(6):1685–99. DOI: 10.1128/JB.01518-09.
- Kilonzo B.S. Plague in Africa: epidemiology and control. *Africa Health.* 1996; 19:14–5.
- Kilonzo B.S. Plague epidemiology and control in Eastern and Southern Africa during the period 1978 to 1997. *Centr. Afr. J. Med.* 1999; 45(3):70–6. PMID: 10565066.
- Eisen R.J., Borchert J.N., Mpanga J.T., Atiku L.A., MacMillan K., Boegler K.A., Monteneri J.A., Monaghan A., Gage K.L. Flea diversity as an element for persistence of plague bacteria in an East African plague focus. *PLoS One.* 2012; 7(4):e35598. DOI: 10.1371/journal.pone.0035598.
- Eisen R.J., Atiku L.A., Ensore R.E., Mpanga J.T., Acayo S., Mead P.S., Apangu T., Yockey B.M., Borchert J.N., Beard C.B., Gage K.L. Epidemiology, ecology and prevention of plague in the West Nile region of Uganda: the value of long-term field studies. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2021; 105(1):18–23. DOI: 10.4269/ajtmh.20-1381.
- MacMillan K., Monaghan A.J., Apangu T., Griffith K.S., Mead P.S., Acayo S., Acidri R., Moore S.M., Mpanga J.T., Ensore R.E., Gage K.L., Eisen R.J. Climate predictors of the spatial distribution of human plague cases in the West Nile region of Uganda. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2012; 86(3):514–23. DOI: 10.4269/ajtmh.2012.11-0569.
- Amatre G., Babi N., Ensore R.E., Ogen-Odoi A., Atiku L.A., Akol A., Gage K.L., Eisen R.J. Flea diversity and infestation prevalence on rodents in a plague-endemic region of Uganda. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2009; 81(4):718–24. DOI: 10.4269/ajtmh.2009.09-0104.
- Heisch R.B., Grainger W.E., D'souza J.S.T.A. Results of a plague investigation in Kenya. *Trans. R. Soc. Trop. Med. Hyg.* 1953; 47(6):503–21. DOI: 10.1016/s0035-9203(53)80004-0.
- Kilonzo B.S., Mbise T.J., Mwalimu D.C., Kindamba L. Observations on the endemicity of plague in Karatu and Ngorongoro,

northern Tanzania. *Tanzan. Health Res. Bull.* 2006; 8(1):1–6. DOI: 10.4314/thrb.v8i1.14262.

26. Laudisoit A., Leirs H., Makundi R.H., Van Dongen S., Davis S., Neerincx S., Deckers J., Libois R. Plague and the human flea, Tanzania. *Emerg. Infect. Dis.* 2007; 13(5):687–93. DOI: 10.3201/eid1305.061084.

27. Mwalimu C.D., Mgone G., Sabuni C., Msigwa F., Mghamba J., Nyanga A., Mohamed A., Kwesi E., Nagu N., Kishimba R., John L., Manoza S., Boay M., Mleli J., Lutambi J., Mwingira V.S., Subi L., Kweka E.J., Kilonzo B. Preliminary investigation and intervention of the suspected plague outbreak in Madunga, Babati District-Tanzania. *Acta Trop.* 2022; 233:106566. DOI: 10.1016/j.actatropica.2022.106566.

28. Ziwa M.H., Matee M.I., Hang'ombe B.M., Lyamuya E.F., Kilonzo B.S. Plague in Tanzania: an overview. *Tanzan. J. Health Res.* 2013; 15(4):252–8. DOI: 10.4314/thrb.v15i4.7.

29. Nyirenda S.S., Hang'ombe B.M., Kilonzo B.S. Factors that precipitated human plague in Zambia from 1914 to 2014 – An overview for a century (100 years). *J. Zoonotic Dis.* 2016; 1(1):1–14.

30. Nyirenda S.S., Hang'ombe B.M., Simulundu E., Mulenga E., Moonga L., Machang U.R.S., Misinzo G., Kilonzo B.S. Molecular epidemiological investigations of plague in Eastern Province of Zambia. *BMC Microbiol.* 2018; 18(1):2. DOI: 10.1186/s12866-017-1146-8.

31. Nyirenda S.S. Role of potential reservoir hosts and flea vectors in plague epidemiology in Eastern Zambia. A PhD Thesis. Sokoine University of Agriculture, Tanzania; 2017. P. 1–30.

32. Nyirenda S.S., Hang'ombe B.M., Kilonzo B.S., Kangwa H.L., Mulenga E., Moonga L. Potential roles of pigs, and small ruminants and their flea vectors in plague epidemiology in Sinda District, Eastern Zambia. *J. Med. Entomol.* 2017; 54(3):719–25. DOI: 10.1093/jme/tjw220.

33. Hang'ombe B.M., Ziwa M., Haule M., Nakamura I., Samui K.L., Kaile D., Mweene A.S., Kilonzo B.S., Lyamuya E.F., Matee M., Sugimoto C., Sawa H., Wren B.W. Surveillance and diagnosis of plague and anthrax in Tanzania and Zambia. *Onderstepoort J. Vet. Res.* 2014; 81(2):722. DOI: 10.4102/ojvr.v81i2.722.

34. Human plague in 1994. *Wkly Epidemiol. Rec.* 1996; 71(22):165–8. PMID: 8695336.

35. Munyenyiwa A., Zimba M., Nhwatiwa T., Barson M. Plague in Zimbabwe from 1974 to 2018: A review article. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2019; 13(11):e0007761. DOI: 10.1371/journal.pntd.0007761.

36. Misonne X. 40 years of the anti-plague campaign in the Congo. *Ann. Soc. Belges Med. Trop. Parasitol. Mycol.* 1969; 49(1):1–15. PMID: 4891322.

37. Piarroux R., Abedi A.A., Shako J.C., Kebela B., Karhemere S., Diatta G., Davoust B., Raoult D., Drancourt M. Plague epidemics and lice, Democratic Republic of the Congo. *Emerg. Infect. Dis.* 2013; 19(3):505–6. DOI: 10.3201/eid1903.121542.

38. Abedi A.A., Shako J.C., Gaudart J., Sudre B., Ilunga B.K., Shamamba S.K.B., Diatta G., Davoust B., Tamfum J.M., Piarroux R., Piarroux M. Ecologic features of plague outbreak areas, Democratic Republic of the Congo, 2004–2014. *Emerg. Infect. Dis.* 2018; 24(2):210–20. DOI: 10.3201/eid2402.160122.

39. Sah R., Reda A., Mehta R., Mohapatra R.K., Dhama K. A situation analysis of the current plague outbreak in the Demographic Republic of Congo and counteracting strategies – Correspondence. *Int. J. Surg.* 2022; 105:106885. DOI: 10.1016/j.ijsu.2022.106885.

40. Human plague in 1997. *Wkly Epidemiol. Rec.* 1999; 74(41):340–4.

41. Human plague in 1998 and 1999. *Wkly Epidemiol. Rec.* 2000; 75(42):338–43.

42. Barreto A., Aragon M., Epstein P.R. Bubonic plague outbreak in Mozambique, 1994. *Lancet.* 1995; 345(8955):983–4. DOI: 10.1016/s0140-6736(95)90730-0.

43. Hopkins G.H.E. Report on Rats, Fleas and Plague in Uganda. Printed by East African Standard for the Govt. Uganda; 1949. 52 p.

44. Pollitzer R. Plague studies. 1. A summary of the history and survey of the present distribution of the disease. *Bull. World Health Organ.* 1951; 4(4):475–533.

45. Respcio-Kingry L.B., Yockey B.M., Acayo S., Kaggwa J., Apangu T., Kugeler K.J., Eisen R.J., Griffith K.S., Mead P.S., Schriever M.E., Petersen J.M. Two distinct *Yersinia pestis* populations causing plague among humans in the West Nile region of Uganda. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2016; 10(2):e0004360. DOI: 10.1371/journal.pntd.0004360.

46. Nyirenda S.S., Hang'ombe B.M., Kilonzo B.S., Kabeta M.N., Corneliuss M., Sinkala Y. Molecular, serological and epidemiological observations after a suspected outbreak of plague in Nyimba, eastern Zambia. *Trop. Doct.* 2017; 47(1):38–43. DOI: 10.1177/004947516662804.

47. Kilonzo B., Mhina J., Sabuni C., Mgone G. The role of rodents and small carnivores in plague endemicity in Tanzania. *Belg. J. Zool.* 2005; 135(suppl.):119–25.

48. Kessy S.T., Makundi R.H., Sabuni C., Massawe A.W., Rijja A. Rodent abundance, diversity and community structure in a

bubonic plague endemic area, northern Tanzania. *Mammalia.* 2023; 87(5):488–98. DOI: 10.1515/mammalia-2023-0012.

49. Haule M., Hang'ombe B.M., Lyamuya E.F., Kilonzo B.S., Matee M.I. Studies of reservoirs and vectors of plague in Northeastern, Tanzania. *Int. J. Infect. Dis.* 2014; 21(S1):142. DOI: 10.1016/j.ijid.2014.03.721.

50. Haikukutu L., Lyaku J.R., Lyimo C.M., Eiseb S.J., Makundi R.H., Olayemi A., Wilhelm K., Müller-Klein N., Schmid D.W., Fleischer R., Sommer S. Immunogenetics, sylvatic plague and its vectors: insights from the pathogen reservoir *Mastomys natalensis* in Tanzania. *Immunogenetics.* 2023; 75(6):517–30. DOI: 10.1007/s00251-023-01323-7.

51. Haule M. Investigation of fleas as vectors in the transmission of plague during a quiescent period in North-Eastern, Tanzania. *J. Entomol. Nematol.* 2013; 5(7):88–93. DOI: 10.5897/JEN2013.0083.

References

1. Butler T. Plague into the 21st century. *Clin. Infect. Dis.* 2009; 49(5):736–42. DOI: 10.1086/604718.

2. Andrianavoarimanana V., Piola P., Wagner D.M., Rakotomanana F., Maheriniaina V., Andrianalimanana S., Chanteau S., Rahalison L., Ratsitorahina M., Rajerison M. Trends of human plague, Madagascar, 1998–2016. *Emerg. Infect. Dis.* 2019; 25(2):220–8. DOI: 10.3201/eid2502.171974.

3. Human plague: review of regional morbidity and mortality, 2004–2009. *Wkly Epidemiol. Rec.* 2009; 85(6):40–5.

4. Bertherat E. Plague around the world, 2010–2015. *Wkly Epidemiol. Rec.* 2016; 91(8):89–93.

5. Bertherat E. Plague around the world in 2019. *Wkly Epidemiol. Rec.* 2019; 94(25):289–92.

6. Zeppelini C.G., de Almeida A.M., Cordeiro-Estrela P. Zoonoses as ecological entities: a case review of plague. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2016; 10(10):e0004949. DOI: 10.1371/journal.pntd.0004949.

7. Popov N.V., Karnaukhov I.G., Kuznetsov A.A., Matrosov A.N., Ivanova A.V., Martsokha K.S., Kuklev E.V., Korzun V.M., Verzhutsky D.B., Chipanin E.V., Kholin A.V., Lopatin A.A., Dubynsky V.M., Ashibokov U.M., Gazieva A.Yu., Kutyrev I.V., Balakhonov S.V., Kulichenko A.N., Kutyrev V.V. [Epidemiological situation on plague around the world. Forecast of epizootic activity of natural plague foci in the Russian Federation for 2024]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2024; (1):67–75. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-67-75.

8. Barbieri R., Signoli M., Chev e D., Costedoat C., Tzortzis S., Aboudharam G., Raoult D., Drancourt M. *Yersinia pestis*: the natural history of plague. *Clin. Microbiol. Rev.* 2020; 34(1):e00044-19. DOI: 10.1128/CMR.00044-19.

9. Ivanova A.V., Zubova A.A., Kasyan Zh.A., Dmitrieva L.N., Chumachkova E.A., Zimirova A.A., Shcherbakova S.A., Kutyrev V.V. [Review of the current risks of the introduction of infectious diseases into the territory of the Russian Federation from the countries of the African continent]. *Dezinfektsionnoe Delo [Disinfection Affairs]*. 2023; (4):33–45. DOI: 10.35411/2076-457X-2023-4-33-45.

10. Neerincx S., Bertherat E., Leirs H. Human plague occurrences in Africa: an overview from 1877 to 2008. *Trans. R. Soc. Trop. Med. Hyg.* 2010; 104(2):97–103. DOI: 10.1016/j.trstmh.2009.07.028.

11. Wu Lien-teh, Chun J.W.H., Pollitzer R., Wu C.Y. Plague: a Manual for Medical and Public Health Workers. Shanghai; 1936. 547 p.

12. Popov N.V., Kuklev E.V., Sludsky A.A., Tarasov M.A., Matrosov A.N., Knyazeva T.V., Karavaeva T.B., Kutyrev V.V. [Landscape confinement and biocenotic structure of natural plague foci of the far abroad. North and South America, Africa, Asia]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2005; (1):9–15.

13. Popova A.Yu., Kutyrev V.V., editors. [Atlas of Natural Foci of Plague in Russia and Foreign Countries]. Kaliningrad: RA Polygraphych; 2022. 348 p.

14. Malek M.A., Hammani A., Beneldjouzi A., Bitam I. Enzootic plague foci, Algeria. *New Microbes New Infect.* 2014; 4:13–6. DOI: 10.1016/j.nmni.2014.11.003.

15. Morelli G., Song Y., Mazzoni C.J., Eppinger M., Roumagnac P., Wagner D.M., Feldkamp M., Kusecek B., Vogler A.J., Li Y., Cui Y., Thomson N.R., Jombart T., Leblois R., Lichtner P., Rahalison L., Petersen J.M., Balloux F., Keim P., Wirth T., Ravel J., Yang R., Carniel E., Achtman M. *Yersinia pestis* genome sequencing identifies patterns of global phylogenetic diversity. *Nat. Genet.* 2010; 42(12):1140–3. DOI: 10.1038/ng.705.

16. Kutyrev V.V., Eroshenko G.A., Motin V.L., Nosov N.Y., Krasnov J.M., Kukleva L.M., Nikiforov K.A., Al'khova Z.V., Oglodin E.G., Guseva N.P. Phylogeny and classification of *Yersinia pestis* through the lens of strains from the plague foci of Commonwealth of Independent States. *Front. Microbiol.* 2018; 9:1106. DOI: 10.3389/fmicb.2018.01106.

17. Eppinger M., Worsham P.L., Nikolich M.P., Riley D.R., Sebastian Y., Mou S., Achtman M., Lindler L.E., Ravel J. Genome

- sequence of the deep-rooted *Yersinia pestis* strain Angola reveals new insights into the evolution and pangenome of the plague bacterium. *J. Bacteriol.* 2010; 192(6):1685–99. DOI: 10.1128/JB.01518-09.
18. Kilonzo B.S. Plague in Africa: epidemiology and control. *Africa Health.* 1996; 19:14–5.
19. Kilonzo B.S. Plague epidemiology and control in Eastern and Southern Africa during the period 1978 to 1997. *Centr. Afr. J. Med.* 1999; 45(3):70–6. PMID: 10565066.
20. Eisen R.J., Borchert J.N., Mpanga J.T., Atiku L.A., MacMillan K., Boegler K.A., Monteneri J.A., Monaghan A., Gage K.L. Flea diversity as an element for persistence of plague bacteria in an East African plague focus. *PLoS One.* 2012; 7(4):e35598. DOI: 10.1371/journal.pone.0035598.
21. Eisen R.J., Atiku L.A., Ensore R.E., Mpanga J.T., Acayo S., Mead P.S., Apangu T., Yockey B.M., Borchert J.N., Beard C.B., Gage K.L. Epidemiology, ecology and prevention of plague in the West Nile region of Uganda: the value of long-term field studies. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2021; 105(1):18–23. DOI: 10.4269/ajtmh.20-1381.
22. MacMillan K., Monaghan A.J., Apangu T., Griffith K.S., Mead P.S., Acayo S., Acidri R., Moore S.M., Mpanga J.T., Ensore R.E., Gage K.L., Eisen R.J. Climate predictors of the spatial distribution of human plague cases in the West Nile region of Uganda. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2012; 86(3):514–23. DOI: 10.4269/ajtmh.2012.11-0569.
23. Amatre G., Babi N., Ensore R.E., Ogen-Odoi A., Atiku L.A., Akol A., Gage K.L., Eisen R.J. Flea diversity and infestation prevalence on rodents in a plague-endemic region of Uganda. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2009; 81(4):718–24. DOI: 10.4269/ajtmh.2009.09-0104.
24. Heisch R.B., Grainger W.E., D'souza J.S.T.A. Results of a plague investigation in Kenya. *Trans. R. Soc. Trop. Med. Hyg.* 1953; 47(6):503–21. DOI: 10.1016/s0035-9203(53)80004-0.
25. Kilonzo B.S., Mbise T.J., Mwalimu D.C., Kindamba L. Observations on the endemicity of plague in Karatu and Ngorongoro, northern Tanzania. *Tanzan. Health Res. Bull.* 2006; 8(1):1–6. DOI: 10.4314/thrb.v8i1.14262.
26. Laudisoit A., Leirs H., Makundi R.H., Van Dongen S., Davis S., Neerincx S., Deckers J., Libois R. Plague and the human flea, Tanzania. *Emerg. Infect. Dis.* 2007; 13(5):687–93. DOI: 10.3201/eid1305.061084.
27. Mwalimu C.D., Mgone G., Sabuni C., Msigwa F., Mghamba J., Nyanga A., Mohamed A., Kyesi E., Nagu N., Kishimba R., John L., Manzo S., Boay M., Mleli J., Lutambi J., Mwingira V.S., Subi L., Kweka E.J., Kilonzo B. Preliminary investigation and intervention of the suspected plague outbreak in Madunga, Babati District-Tanzania. *Acta Trop.* 2022; 233:106566. DOI: 10.1016/j.actatropica.2022.106566.
28. Ziwa M.H., Matee M.I., Hang'ombe B.M., Lyamuya E.F., Kilonzo B.S. Plague in Tanzania: an overview. *Tanzan. J. Health Res.* 2013; 15(4):252–8. DOI: 10.4314/thrb.v15i4.7.
29. Nyirenda S.S., Hang'ombe B.M., Kilonzo B.S. Factors that precipitated human plague in Zambia from 1914 to 2014 – An overview for a century (100 years). *J. Zoonotic Dis.* 2016; 1(1):1–14.
30. Nyirenda S.S., Hang'ombe B.M., Simulundu E., Mulenga E., Moonga L., Machang U.R.S., Misinzo G., Kilonzo B.S. Molecular epidemiological investigations of plague in Eastern Province of Zambia. *BMC Microbiol.* 2018; 18(1):2. DOI: 10.1186/s12866-017-1146-8.
31. Nyirenda S.S. Role of potential reservoir hosts and flea vectors in plague epidemiology in Eastern Zambia. A PhD Thesis. Sokoine University of Agriculture, Tanzania; 2017. P. 1–30.
32. Nyirenda S.S., Hang'ombe B.M., Kilonzo B.S., Kangwa H.L., Mulenga E., Moonga L. Potential roles of pigs, and small ruminants and their flea vectors in plague epidemiology in Sinda District, Eastern Zambia. *J. Med. Entomol.* 2017; 54(3):719–25. DOI: 10.1093/jme/tjw220.
33. Hang'ombe B.M., Ziwa M., Haule M., Nakamura I., Samui K.L., Kaile D., Mweene A.S., Kilonzo B.S., Lyamuya E.F., Matee M., Sugimoto C., Sawa H., Wren B.W. Surveillance and diagnosis of plague and anthrax in Tanzania and Zambia. *Onderstepoort J. Vet. Res.* 2014; 81(2):722. DOI: 10.4102/ojvr.v81i2.722.
34. Human plague in 1994. *Wkly Epidemiol. Rec.* 1996; 71(22):165–8. PMID: 8695336.
35. Munyenyiwa A., Zimba M., Nhwatiwa T., Barson M. Plague in Zimbabwe from 1974 to 2018: A review article. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2019; 13(11):e0007761. DOI: 10.1371/journal.pntd.0007761.
36. Misonne X. 40 years of the anti-plague campaign in the Congo. *Ann. Soc. Belges Med. Trop. Parasitol. Mycol.* 1969; 49(1):1–15. PMID: 4891322.
37. Piarroux R., Abedi A.A., Shako J.C., Kebela B., Karhemere S., Diatta G., Davoust B., Raoult D., Drancourt M. Plague epidemics and lice, Democratic Republic of the Congo. *Emerg. Infect. Dis.* 2013; 19(3):505–6. DOI: 10.3201/eid1903.121542.
38. Abedi A.A., Shako J.C., Gaudart J., Sudre B., Ilunga B.K., Shamamba S.K.B., Diatta G., Davoust B., Tamfum J.M., Piarroux R., Piarroux M. Ecologic features of plague outbreak areas, Democratic Republic of the Congo, 2004–2014. *Emerg. Infect. Dis.* 2018; 24(2):210–20. DOI: 10.3201/eid2402.160122.
39. Sah R., Reda A., Mehta R., Mohapatra R.K., Dhama K. A situation analysis of the current plague outbreak in the Democratic Republic of Congo and counteracting strategies – Correspondence. *Int. J. Surg.* 2022; 105:106885. DOI: 10.1016/j.ijssu.2022.106885.
40. Human plague in 1997. *Wkly Epidemiol. Rec.* 1999; 74(41):340–4.
41. Human plague in 1998 and 1999. *Wkly Epidemiol. Rec.* 2000; 75(42):338–43.
42. Barreto A., Aragon M., Epstein P.R. Bubonic plague outbreak in Mozambique, 1994. *Lancet.* 1995; 345(8955):983–4. DOI: 10.1016/s0140-6736(95)90730-0.
43. Hopkins G.H.E. Report on Rats, Fleas and Plague in Uganda. Printed by East African Standard for the Govt. Uganda; 1949. 52 p.
44. Pollitzer R. Plague studies. 1. A summary of the history and survey of the present distribution of the disease. *Bull. World Health Organ.* 1951; 4(4):475–533.
45. Respicio-Kingry L.B., Yockey B.M., Acayo S., Kaggwa J., Apangu T., Kugeler K.J., Eisen R.J., Griffith K.S., Mead P.S., Schriefer M.E., Petersen J.M. Two distinct *Yersinia pestis* populations causing plague among humans in the West Nile region of Uganda. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2016; 10(2):e0004360. DOI: 10.1371/journal.pntd.0004360.
46. Nyirenda S.S., Hang'ombe B.M., Kilonzo B.S., Kabeta M.N., Cornelli M., Sinkala Y. Molecular, serological and epidemiological observations after a suspected outbreak of plague in Nyimba, eastern Zambia. *Trop. Doct.* 2017; 47(1):38–43. DOI: 10.1177/0049475516662804.
47. Kilonzo B., Mhina J., Sabuni C., Mgone G. The role of rodents and small carnivores in plague endemicity in Tanzania. *Belg. J. Zool.* 2005; 135(suppl.):119–25.
48. Kessy S.T., Makundi R.H., Sabuni C., Massawe A.W., Rija A. Rodent abundance, diversity and community structure in a bubonic plague endemic area, northern Tanzania. *Mammalia.* 2023; 87(5):488–98. DOI: 10.1515/mammalia-2023-0012.
49. Haule M., Hang'ombe B.M., Lyamuya E.F., Kilonzo B.S., Matee M.I. Studies of reservoirs and vectors of plague in Northeastern, Tanzania. *Int. J. Infect. Dis.* 2014; 21(S1):142. DOI: 10.1016/j.ijid.2014.03.721.
50. Haikukutu L., Lyaku J.R., Lyimo C.M., Eiseb S.J., Makundi R.H., Olayemi A., Wilhelm K., Müller-Klein N., Schmid D.W., Fleischer R., Sommer S. Immunogenetics, sylvatic plague and its vectors: insights from the pathogen reservoir *Mastomys natalensis* in Tanzania. *Immunogenetics.* 2023; 75(6):517–30. DOI: 10.1007/s00251-023-01323-7.
51. Haule M. Investigation of fleas as vectors in the transmission of plague during a quiescent period in North-Eastern, Tanzania. *J. Entomol. Nematol.* 2013; 5(7):88–93. DOI: 10.5897/JEN2013.0083.

Authors:

Popov N.V., Ivanova A.V., Nikiforov K.A., Zubova A.A., Neishtadt Ya.A., Boiko A.V., Kuklev E.V., Toporkov V.P. Russian Research Anti-Plague Institute "Microbe". 46, Universitetskaya St., Saratov, 410005, Russian Federation. E-mail: rusrap@microbe.ru.
Kutyrev I.V. Central Research Institute of Epidemiology, 3a, Novogireevskaya St., Moscow, 111123, Russian Federation. E-mail: cri@pcr.ru.

Об авторах:

Попов Н.В., Иванова А.В., Никифоров К.А., Зубова А.А., Нейштат Я.А., Бойко А.В., Куклев Е.В., Топорков В.П. Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб». Российская Федерация, 410005, Саратов, ул. Университетская, 46. E-mail: rusrap@microbe.ru.

Кутырев И.В. Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии. Российская Федерация, 111123, Москва, ул. Новогиреевская, 3а. E-mail: cri@pcr.ru.