

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-140-148

УДК 616.98:579.841.93(470.64)

А.А. Хачатурова¹, Д.Г. Пономаренко¹, Д.А. Ковалев¹, С.В. Писаренко¹, И.В. Жаринова¹,
Ю.В. Кондратьева¹, М.В. Костюченко¹, З.В. Черкесова², Р.Д. Нахушева², И.А. Гадиев³,
Ж.А. Пагов³, А.Н. Куличенко¹

Эпидемиологическая и этиологическая характеристика группового «семейного» очага бруцеллеза в Кабардино-Балкарской Республике

¹ФКУЗ «Ставропольский научно-исследовательский противочумный институт», Ставрополь, Российская Федерация;

²ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Кабардино-Балкарской Республике», Нальчик, Российская Федерация;

³Управление Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по Кабардино-Балкарской Республике, Нальчик, Российская Федерация

Молочно-мясное животноводство в Северо-Кавказском федеральном округе занимает центральное место среди отраслей сельского хозяйства. Источником бруцеллезной инфекции для людей являются больные животные. На длительно эпизоотологически неблагополучной по бруцеллезу территории Северного Кавказа, в Кабардино-Балкарской Республике, в 2024 г. зарегистрирован групповой (6 человек) эпидемический очаг острого бруцеллеза в домохозяйстве. По результатам эпидемиологического расследования определены эпидемиологические особенности и представлена этиологическая расшифровка групповой «семейной» вспышки бруцеллеза. **Цель** исследования – провести анализ результатов эпидемиологического расследования группового «семейного» очага острого бруцеллеза в Кабардино-Балкарской Республике в 2024 г. и охарактеризовать особенности организации генома выделенных штаммов бруцелл. **Материалы и методы.** В работе использованы эпидемиологические данные Управления Роспотребнадзора по Кабардино-Балкарской Республике, изучены имеющиеся в Референс-центре по мониторингу за возбудителем бруцеллеза 467 полногеномных последовательностей, MLVA-генотипы 504 штаммов из коллекции ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора. **Результаты и обсуждение.** На основании анализа данных эпидемиологического расследования и молекулярно-генетического анализа выделенных штаммов определены эпидемиологические и этиологические особенности групповой «семейной» вспышки бруцеллеза. В результате ранее проведенных исследований определен региональный генетический профиль популяции бруцелл, циркулирующих на Северном Кавказе, позволяющий дифференцировать выделяемые культуры по принципу «новых» и «закрепившихся». Полученные данные в результате эпидрасследования «семейной» вспышки бруцеллеза позволяют научно обосновать филогению и взаимосвязь очагов бруцеллезной инфекции, подтверждать факт заноса/завоза инфекции на другие (ранее благополучные по бруцеллезу) территории и проводить геномный мониторинг за возбудителем бруцеллеза.

Ключевые слова: бруцеллез, очаг бруцеллеза, этиологический агент, анализ штаммов бруцелл.

Корреспондирующий автор: Хачатурова Анна Андреевна, e-mail: hachaturova_aa@snipchi.ru.

Для цитирования: Хачатурова А.А., Пономаренко Д.Г., Ковалев Д.А., Писаренко С.В., Жаринова И.В., Кондратьева Ю.В., Костюченко М.В., Черкесова З.В., Нахушева Р.Д., Гадиев И.А., Пагов Ж.А., Куличенко А.Н. Эпидемиологическая и этиологическая характеристика группового «семейного» очага бруцеллеза в Кабардино-Балкарской Республике. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2025; 4:140–148. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-140-148

Поступила 03.04.2025. Отправлена на доработку 19.06.2025. Принята к публикации 28.08.2025.

A.A. Khachaturova¹, D.G. Ponomarenko¹, D.A. Kovalev¹, S.V. Pisarenko¹, I.V. Zharinova¹,
Yu.V. Kondratieva¹, M.V. Kostyuchenko¹, Z.V. Cherkesova², R.D. Nakhushева², I.A. Gadiev³,
Zh.A. Pagov³, A.N. Kulichenko¹

Epidemiological and Etiological Characteristics of a Group “Household” Focus of Brucellosis in the Kabardino-Balkarian Republic

¹Stavropol Research Anti-Plague Institute, Stavropol, Russian Federation;

²Center of Hygiene and Epidemiology in the Kabardino-Balkarian Republic, Nalchik, Russian Federation;

³Rospotrebnadzor Administration in the Kabardino-Balkarian Republic, Nalchik, Russian Federation

Abstract. Dairy and beef farming is a central agricultural sector in the North Caucasus Federal District. Sick animals are the source of brucellosis infection for humans. In the Kabardino-Balkarian Republic, a region of the North Caucasus with a long-standing epidemiological risk for brucellosis, a cluster (6 individuals) epidemic outbreak of acute brucellosis was recorded in a household in 2024. An epidemiological investigation identified the epidemiological characteristics and presented an etiological explanation for the cluster “family” outbreak. **The aim** of the study was to analyze the results of the epidemiological investigation of the group “household” outbreak of acute brucellosis in Kabardino-Balkarian Republic in 2024 and to characterize the features of genome organization of isolated *Brucella* strains. **Materials and methods.** Epidemiological data from the Rospotrebnadzor Administration in the Kabardino-Balkarian Republic were used for the work. We also studied 467 whole-genome sequences, 504 MLVA genotypes of strains from the collection of the Stavropol Anti-Plague Institute of the Rospotrebnadzor. **Results and discussion.** Based on the analysis of epidemiological investigation data and molecular-genetic analysis of the isolated strains, the epidemiological and etiological features of a group “family” outbreak of brucellosis were determined. A regional genetic profile of the *Brucella* population circulating in the North Caucasus has been determined, allowing for differentiation of isolated strains based on the principle of “new” and “rooted” ones. The data obtained from the epidemiological investigation of the family outbreak of

brucellosis provide for scientific substantiation of the phylogeny and relationships of brucellosis foci, confirmation of the introduction/importation of the infection to other (previously brucellosis-free) areas, and conducting genomic monitoring of the causative agent of brucellosis.

Key words: brucellosis, brucellosis focus, etiological agent, analysis of *Brucella* strains.

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

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

Bioethics: All individuals mentioned in the publication provided voluntary informed consent to participate in this research and the processing of personal data in accordance with Article 20 of the Federal Law dated November 21, 2011 No. 323-FZ "On the Fundamentals of Health Protection of Citizens in the Russian Federation".

Corresponding author: Anna A. Khachaturova, e-mail: hachaturova_aa@snipchi.ru.

Citation: Khachaturova A.A., Ponomarenko D.G., Kovalev D.A., Pisarenko S.V., Zharinova I.V., Kondratieva Yu.V., Kostyuchenko M.V., Cherkesova Z.V., Nakhushveva R.D., Gadiev I.A., Pagov Zh.A., Kulichenko A.N. Epidemiological and Etiological Characteristics of a Group "Household" Focus of Brucellosis in the Kabardino-Balkarian Republic. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:140–148. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-140-148

Received 03.04.2025. Revised 19.06.2025. Accepted 28.08.2025.

Khachaturova A.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7459-7204>
Ponomarenko D.G., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0422-6755>
Kovalev D.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9366-5647>
Pisarenko S.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6458-6790>
Zharinova I.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9614-234X>
Kondratieva Yu.V., ORCID: <https://orcid.org/0009-0004-6497-2420>

Kostyuchenko M.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6068-6655>
Cherkesova Z.V., ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-2696-165X>
Nakhushveva R.D., ORCID: <https://orcid.org/0009-0003-4142-1514>
Gadiev I.A., ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-8859-5042>
Pagov Zh.A., ORCID: <https://orcid.org/0009-0006-2577-3466>
Kulichenko A.N., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9362-3949>

На территориях Северного Кавказа к одному из основных источников дохода населения можно отнести ведение сельского хозяйства, в котором животноводству уделяется особое внимание. Учитывая подходящие климато-географические условия и наличие обширной кормовой базы в регионе, владельцы животных имеют возможность практически круглогодично выпасать домашний скот, и животноводство зачастую становится семейным делом, в котором могут быть заняты несколько поколений родственников и близких. Более 80 % поголовья крупного (КРС) и мелкого (МРС) рогатого скота на Северном Кавказе сосредоточено в личных подсобных хозяйствах [1–4].

На протяжении длительного времени регион Северного Кавказа остается неблагополучным по бруцеллезу. За последние три года в Северо-Кавказском федеральном округе (СКФО) установлено 999 случаев заболевания людей бруцеллезом, что составляет более 60 % от всех зарегистрированных случаев бруцеллеза среди людей в России. Случаи заболевания людей бруцеллезом связаны с энзоотическими вспышками бруцеллезной инфекции среди КРС и МРС. Так, в 2022–2024 гг. на территории всех субъектов СКФО регистрировали неблагополучные пункты (н.п.) по бруцеллезу КРС, число которых относительно общероссийского количества н.п. составляло 42,5–54,8 % (всего 394 н.п.). При этом энзоотические очаги бруцеллеза среди МРС (основной хозяин наиболее патогенного для человека вида бруцелл – *Brucella melitensis*) в округе преимущественно регистрируются на территориях Республики Дагестан (86,1 % от общего количества н.п. в СКФО), Ставропольского края (11,1 %) и намного реже (менее 2 %) на других административных территориях [5–7].

Мониторинг за бруцеллезной инфекцией в Северо-Кавказском регионе осуществляется с использованием инструментов молекулярной генетики при изучении коллекционных и свежeweделенных

культур, оперативного и ретроспективного анализа данных о заболеваемости людей бруцеллезом и данных эпизоотологических исследований на бруцеллез среди эпидзначимых сельскохозяйственных животных. При возникновении очага бруцеллезной инфекции проводится комплекс мероприятий в соответствии с МУК 3.1.7.3402-16, МР 3.1.0288-22.3.1 [8, 9].

В 2024 г. в эпизоотологически неблагополучной по бруцеллезу Кабардино-Балкарской Республике (КБР) в Баксанском районе зарегистрирован групповой случай острого бруцеллеза в домохозяйстве. Всего заболело бруцеллезом шесть человек, в том числе двое детей до 17 лет, все члены одной семьи. У одного ребенка (2018 г.р.) при трехкратном динамическом обследовании лабораторных критериев для постановки диагноза «бруцеллез» не установлено.

В ходе эпидемиологического расследования групповой вспышки бруцеллеза установлено, что источником инфекции был больной бруцеллезом МРС (заболевание людей в эпизоотическом очаге бруцеллеза козье-овечьего типа). На базе Референс-центра по мониторингу за возбудителем бруцеллеза ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора из клинического материала от заболевших лиц были выделены культуры бруцелл, идентифицированные с помощью ПЦР [МР 3.1.0288-22; 10, 11] как *B. melitensis* (этиологический агент вспышки).

С целью исследования геномов и определения филогенетической принадлежности нами проведено генотипирование штаммов на основе данных MLVA-16-генотипирования и полногеномного секвенирования ДНК, а также комплексный анализ полученных геномных последовательностей. Филогенетическая принадлежность изолятов определена с применением метода полногеномного SNP-анализа.

Цель исследования – провести анализ результатов эпидемиологического расследования группового «семейного» очага острого бруцеллеза в Кабардино-

Балкарской Республике в 2024 г., изучить структуру генома и филогенетические особенности выделенных штаммов бруцелл.

Материалы и методы

В работе использованы данные эпидемиологического расследования группового заболевания людей бруцеллезом, представленные Управлением Роспотребнадзора по Кабардино-Балкарской Республике. Изучены 467 полногеномных последовательностей, MLVA-генотипы 504 штаммов из коллекции ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора. Секвенирование геномов штаммов проводилось с использованием платформы для высокопроизводительного секвенирования Ion GeneStudio S5 (Life Technologies, США), MLVA – по схеме P. Le Fleche et al. [12], учитывая размер 16 VNTR-локусов *Brucella* spp. Сборку геномных последовательностей для последующего анализа осуществляли с использованием программного обеспечения SPAdes v3.15. [13–15]. Для определения филогенетического родства в биоинформатический анализ были включены более 7 тыс. штаммов *B. melitensis*, генотипы которых представлены в международной базе данных MLVA-генотипов MLVA bank for Microbes Genotyping [16], и доступные на момент исследования 750 полногеномных последовательностей, представленных в Национальной библиотеке медицины США (NIH, NCBI) [17].

Все диагностические работы с клиническим материалом и его утилизация осуществлялись в соответствии с действующими нормативно-методическими документами СанПиН 3.3686-21, МУК 3.1.7.3402-16, МУК 4.2.3010-12.

Все лица, упомянутые в публикации, представили добровольное информированное согласие на участие в настоящих исследованиях и обработку персональных данных в соответствии со статьей 20 Федерального закона от 21 ноября 2011 г. № 323-ФЗ «Об основах охраны здоровья граждан в Российской Федерации».

Результаты и обсуждение

В ходе расследования установлено, что в июне 2024 г. житель Ж. с. Заюково Баксанского района КБР обратился в ГБУЗ «Баксанская центральная районная больница» за медицинской помощью с жалобами на длительную волнообразную лихорадку (более 3 недель) с повышением температуры тела до 39 °С, сопровождающуюся выраженным астеническим синдромом, миалгией и увеличением шейных лимфатических узлов. После первичного обследования пациенту Ж. установлен предварительный диагноз «острый бруцеллез». По результатам комплексного обследования диагноз был подтвержден и заболевшего госпитализировали в ГБУЗ «Центр по профилактике и борьбе со СПИДом и инфекционными

заболеваниями» Минздрава Кабардино-Балкарской Республики (экстренное извещение от 21.06.2024).

В ходе начатого 24.06.2024 Управлением Роспотребнадзора по Кабардино-Балкарской Республике (Управление Роспотребнадзора) эпидемиологического расследования случая заболевания бруцеллезом установлено, что Ж. занят животноводством, в личном подсобном хозяйстве (ЛПХ) содержит 16 животных: КРС – 10, овцы – 4, лошади – 2. Наличие в ЛПХ животных с клиническими признаками бруцеллеза (в том числе аборт и рождение нежизнеспособного потомства) собственники хозяйства отрицают. По данным ветеринарной отчетности, случаи заболевания животных бруцеллезом в ЛПХ ранее не регистрировались. Плановое (в феврале 2024 г.) и повторное (в июле 2024 г. в рамках эпидрасследования) эпизоотологическое обследование всего поголовья ЛПХ не выявило больных бруцеллезом животных.

Вместе с тем в ходе расследования установлено, что в ЛПХ весной 2024 г. (апрель-май) содержались козы (27 голов), которые на момент обследования хозяйства (27.07.2024) отсутствовали по причине их отгона для выпаса на высокогорные пастбища в Баксанском районе КБР.

В целях установления причинно-следственной связи, источника и факторов передачи инфекции проведен отбор и исследование проб сырья животного происхождения и продуктов животноводства (4 пробы: молоко коровье свежее, сметана домашняя, сыр домашний, жир овечий «курдюк сушеный») и смывов с объектов окружающей среды (44 пробы: вода из контейнера для питья, подстилка, навоз в стойле, шерсть овцы, шерсть бычка, шкуры, навоз в месте складирования, кормушки, ручки двери в стойлах для животных, двери в стойло для овец, стул для дойки и другой инвентарь) по месту регистрации группового очага бруцеллеза. Результаты исследования проб методом ПЦР на наличие ДНК *Brucella* spp. отрицательные.

По результатам комплексного обследования на бруцеллез контактных по эпидемическому очагу бруцеллеза: жены, троих детей и родителей (дедушка, бабушка) больного Ж., – проведенного на базе ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Кабардино-Балкарской Республике» и ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора, установлено наличие у обследуемых лиц лабораторных критериев, указывающих на заболевание бруцеллезом (табл. 1).

Согласно данным эпидемиологических карт и акта эпидемиологического расследования, в эпидемическом очаге симптомы заболевания регистрировались только у трех заболевших (50 %), у трех остальных отмечалось бессимптомное течение инфекции. Диагноз был установлен с учетом эпидемиологического анамнеза и результатов динамического комплексного лабораторного обследования (пп. 1165, 1189 СанПиН 3.3686-21) (табл. 2).

Таблица 1 / Table 1

Результаты комплексного обследования людей на бруцеллез в эпидемическом очаге с групповой заболеваемостью
Results of a comprehensive examination of people for brucellosis in an epidemic focus with group incidence

Обследуемые члены семьи Family members examined	Результаты исследования клинического материала (цельная кровь, сыворотка крови) Results of clinical material examination (whole blood, blood serum)						
	Реакция Хеддльсона Hedelson reaction	Реакция Райта Wright reaction	ИФА / ELISA			ПЦР PCR	Бактериологическое исследование Bacteriological assay
			IgM	IgG	IgA		
Отец (муж) Father (husband)	резко «+» clear «+»	резко «+» титр 1:800 titer:800	«+» (КП/PR 6,11)	«+» (КП/PR 4,57)	«+» (КП/PR 5,23)	«-»	«-»
Мать (жена) Mother (wife)	сомнительный doubtful	«+» титр 1:100 «+» титр 1:100	н/п н/с	н/п н/с	н/п н/с	«+»	«-»
Ребенок (6 л.) Child (6 years old)	«-»	«-»	«-»	«-»	«-»	«-»	«-»
Ребенок (4 г.) Child (4 years old)	резко «+» clear «+»	«+» титр 1:200 «+» титр 1:200	«+» (КП/PR 2,45)	«+» (КП/PR 6,26)	«+» (КП/PR 6,13)	«-»	«-»
Ребенок (1 г.) Child (1 year old)	резко «+» clear «+»	резко «+» титр 1:400 clear «+» титр 1:400	«+» (КП/PR 2,45)	«+» (КП/PR 6,26)	«+» (КП/PR 2,62)	«+»	«+» (B. melitensis)
Дедушка Grandfather	резко «+» clear «+»	резко «+» титр 1:800 clear «+» титр 1:800	н/п N/C	н/п N/C	н/п N/C	«-»	«+» (B. melitensis)
Бабушка Grandmother	«-»	«-»	«+» (КП/PR 1,85)	«+» (КП/PR 1,07)	«-»	«+»	«-»

Примечания: «+» – результат «положительный»; «-» – результат «отрицательный»; н/п – исследования не проводились в связи с отказом от лабораторного обследования; КП – коэффициент позитивности.

Notes: «+» – positive; «-» – negative; N/C – studies were not conducted due to refusal to undergo laboratory testing; PR – positivity rate.

Таблица 2 / Table 2

Доминирующие симптомы у заболевших бруцеллезом в эпидемическом очаге с групповой заболеваемостью
Dominant symptoms in patients with brucellosis in an epidemic focus with group incidence

Обследуемые члены семьи Family members examined	Основные клинические проявления Main clinical manifestations
Отец (муж) Father (husband)	Повышение температуры тела до 39 °С, длительная лихорадка (более 3 недель), астенический синдром, артралгия и миалгия, лимфаденит верхних шейных и затылочных лимфатических узлов Increase in body temperature to 39 °C, prolonged fever (more than 3 weeks) with asthenic syndrome, arthralgia and myalgia, lymphadenitis of the upper cervical and occipital lymph nodes
Мать (жена) Mother (wife)	Бессимптомное течение Asymptomatic course
Ребенок (4 г.) Child (4 years old)	Повышение температуры тела до субфебрильных значений, астенический синдром, миалгия Increase in body temperature to subfebrile values, asthenic syndrome, myalgia
Ребенок (1 г.) Child (1 year old)	Повышение температуры тела до субфебрильных значений, астенический синдром, миалгия, односторонний артрит коленного сустава Increase in body temperature to subfebrile values, asthenic syndrome, myalgia, unilateral arthritis of the knee joint
Дедушка Grandfather	Бессимптомное течение Asymptomatic course
Бабушка Grandmother	Бессимптомное течение Asymptomatic course

Референс-центр информировал Управление Роспотребнадзора о выделении из группового эпидемиологического очага наиболее патогенного для человека возбудителя бруцеллеза козье-овечьего типа (штаммы *B. melitensis* C-737, *B. melitensis* C-738), что свидетельствует о наличии эпизоотического очага бруцеллеза МРС (овцы, козы) и связи группового случая бруцеллеза с этим очагом. В ходе дальнейшего эпидемиологического расследования Управлением Роспотребнадзора инициировано проведение Управлением ветеринарии по КБР дополнительного лабораторного скрининга на бруцеллез поголовья МРС из ЛПХ, в том числе коз, находящихся на высокогорных пастбищах. По результатам дополнительных мероприятий и эпизоотологического обследования 02.08.2024 выявлена больная бруцеллезом коза – наиболее вероятный источник инфекции для людей в групповом очаге бруцеллеза.

При дальнейшем изучении выделенных культур бруцелл проведено их генетическое типирование. В сравнении с данными MLVA bank анализ результатов MLVA-16-генотипирования показал, что изучаемые изоляты бруцелл имели MLVA-генотипы, характерные для Средиземноморского восточного кластера. Внутри кластера изучаемые культуры наиболее генетически близки с международным референтным штаммом *B. melitensis* 63/9 (Индия, 1963 г.) и со штаммами, выделенными во время вспышек в Казахстане, Китае и Турции, ввиду идентичности локусов Bruce 6, Bruce 8, Bruce 11, Bruce 12, Bruce 42, Bruce 45, Bruce 55 [15, 18–22].

По результатам ранее проведенных нами исследований [6, 7, 23] изучена генетическая структура («пейзаж») штаммов бруцелл (в том числе *B. melitensis*) в очагах бруцеллеза на территории юга европейской части России. Определен региональный генетический профиль популяции бруцелл в субъектах СКФО.

Выделенные из «семейного» очага штаммы бруцелл имеют наиболее близкое генетическое родство со штаммами *B. melitensis* C-543, C-544, C-547, изолированными на территории Хунзахского и Левашинского районов Республики Дагестан в 2012 г., и общий MLVA-16-профиль (1, 5, 3, 12, 2, 2, 3, 2, 5, 9, 6, 5, 4, 5, 5, 43) со штаммами, выделенными в Черноземельском и Целинном районах Республики Калмыкия в 2014, 2019, 2022 гг. (*B. melitensis* C-566, C-634, C-675, C-677, C-678).

Анализ данных полногеномного секвенирования показал, что выделенные штаммы имеют клональное генетическое родство, геномы изолятов содержат идентичные наборы генов, ассоциированных с вирулентностью, характерные для рода *Brucella*. Также сиквенс позволил идентифицировать и проанализировать группы генов, обуславливающих успешную колонизацию и размножение бруцелл внутри макрофагов организма хозяина и необходимых для обеспечения жизнедеятельности бруцеллезного микроба (окислительно-восстановительный

цикл органических и неорганических веществ, ферментативный и энергетический обмен). Штаммов с атипичными генетическими свойствами, в том числе с генами, ассоциированными с устойчивостью к антибактериальным препаратам, не обнаружено.

Генотипирование на основе полногеномного SNP-анализа 467 штаммов *B. melitensis* позволило установить филогенетическую связь выделенных из группового эпидемиологического очага штаммов с другими представителями вида. Анализ глобального филогенетического дерева показал, что все ранее исследованные российские изоляты принадлежат к четырем подгенотипам генетической линии II: IIb, IIh, IIg и IIi [23]. Изучаемые культуры *B. melitensis* C-737, *B. melitensis* C-738 по уникальному (специфичному) SNP-маркеру – несинонимичной нуклеотидной замене (c1212239t, CGT[R] => TGT[C]) в гене BME_RS05855 (O-acetylhomoserineaminocarboxypropyltransferase), локализованной на хромосоме I, – отнесены к наиболее распространенной на юге европейской территории России генетической линии II, подгенотипу IIi.

На дендрограмме (рисунок) видно, что изучаемые изоляты *B. melitensis* C-737, C-738 формируют несколько обособленную ветвь и входят в группу из 9 штаммов: *B. melitensis* C-722 (2023 г., Малокарачаевский район Карачаево-Черкесской Республики), *B. melitensis* C-732 и *B. melitensis* C-733 (2024 г., Левокумский район Ставропольского края), *B. melitensis* C-677 и *B. melitensis* C-678 (2022 г., Лаганский и Черноземельский районы Республики Калмыкия), *B. melitensis* 1289 (2016 г., Хунзахский район Республики Дагестан), *B. melitensis* C-627 (2019 г., Целинный район Республики Калмыкия). При дифференциации штаммов по географической принадлежности внутри субрегиона юга европейской части России нами не выявлено особенностей генома у данной группы штаммов, что свидетельствует о достаточно длительной циркуляции штаммов вышеуказанного подгенотипа в Южном федеральном округе (ЮФО) и СКФО. Принимая во внимание относительно низкую скорость эволюционных изменений в геноме бруцелл и вероятность возникновения генетических полиморфизмов в популяции, можно сделать вывод, что вышеописанная группа из 9 штаммов имеет общее происхождение, что также свидетельствует о наличии длительно активных не ликвидированных эпизоотических очагов среди МРС на территории всего субрегиона.

По результатам генетического анализа штаммов *B. melitensis* C-737, *B. melitensis* C-738 установлено, что они относятся к группе штаммов бруцелл вида *B. melitensis*, длительно циркулирующих на территориях ЮФО и СКФО, за счет сходства их генетических профилей. Высокая генетическая однородность штаммов вместе с отсутствием выраженной приуроченности к географическому происхождению (месту выделения штамма) свидетельствует о прочном уко-

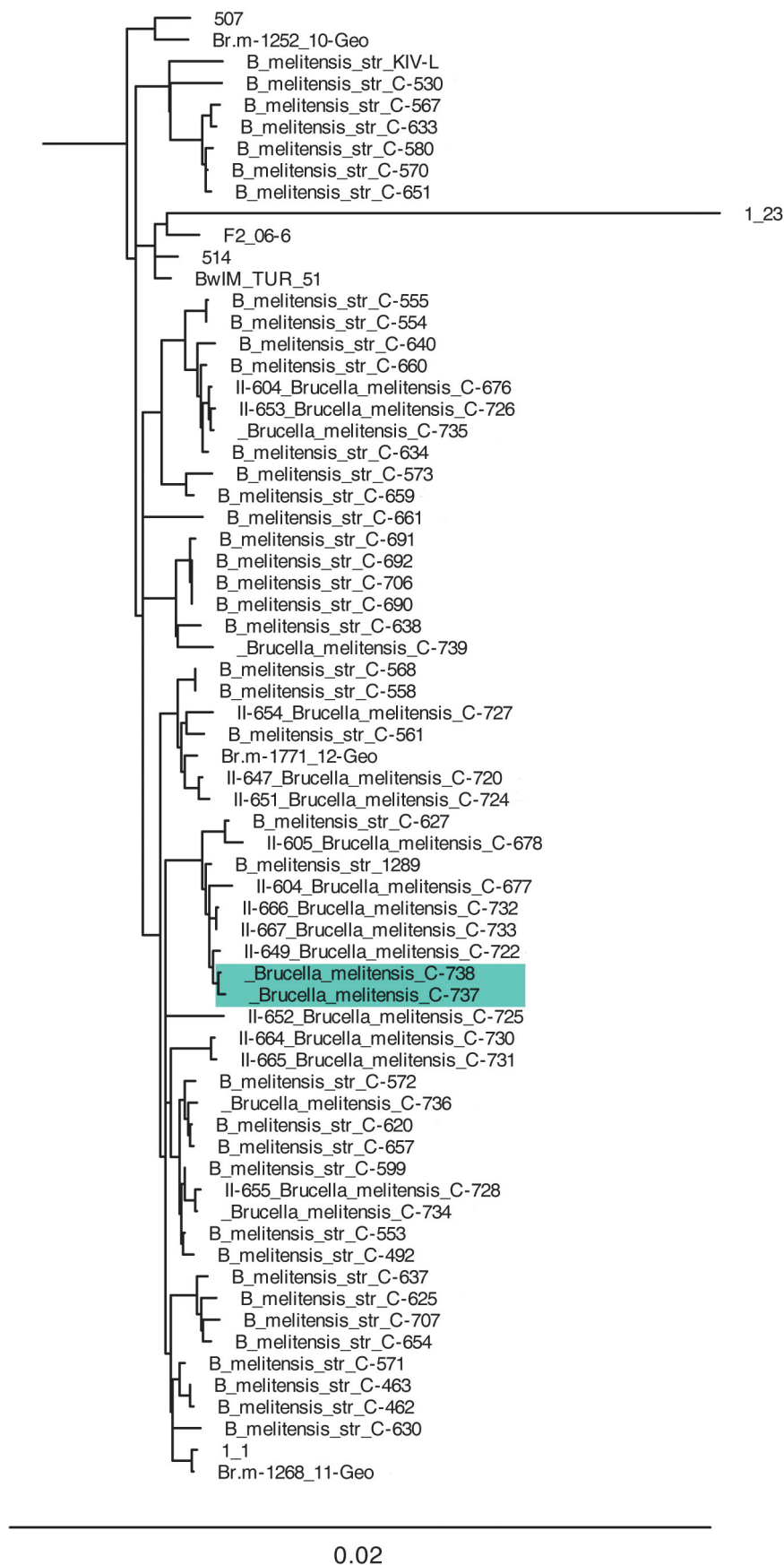


Рис. 1. Фрагмент филогенетического дерева, построенного на основе wgSNP-анализа 467 штаммов *B. melitensis*

Fig. 1. Part of a phylogenetic tree based on wgSNP analysis of 467 *B. melitensis* strains

рениии инфекции и энзоотичности территорий административных субъектов юга европейской части Российской Федерации.

На основании анализа данных эпидемиологического расследования необходимо выделить ряд эпидемиологических и этиологических особенностей групповой «семейной» вспышки бруцеллеза в КБР в 2024 г.:

1) групповая вспышка бруцеллеза зарегистрирована в субъекте СКФО, который относится к длительно эпизоотологически неблагополучному по бруцеллезу КРС. При этом территория КБР относительно благополучна по бруцеллезу МРС, где за период с 2014 по 2023 г. выявлен только один неблагополучный пункт, в котором установлен один эпизоотический очаг бруцеллеза МРС в 2021 г. Учитывая указанные особенности эпизоотологической ситуации по бруцеллезу в республике, можно с большой долей вероятности предположить, что возникновение эпизоотического очага бруцеллеза среди МРС связано с завозом (заносом) инфекции (ввод в стадо больного животного, контакт с больным скотом). Кроме того, учитывая практику отгонного выпаса МРС на труднодоступных высокогорных пастбищах можно с большой долей вероятности предполагать периодическое недообследование скота на бруцеллез на указанной территории;

2) в период 2014–2023 гг. на фоне длительного эпизоотического неблагополучия в КБР регистрировались единичные случаи заболевания людей бруцеллезом (всего зарегистрировано 11 случаев; 0,18 на 100 тыс. населения), что может быть связано с недостаточной выявляемостью инфекции, в том числе из-за низкой обращаемости сельского населения республики за медицинской помощью и недостаточной настороженностью медицинской сети в отношении бруцеллеза;

3) эпидемический очаг бруцеллеза был установлен до регистрации эпизоотического очага, соответственно случаи бруцеллеза у людей выступали маркером неблагополучия по бруцеллезу ЛПХ и территории Баксанского района КБР;

4) на момент эпидемиологического расследования группового случая бруцеллеза в предполагаемом эпизоотическом очаге в ЛПХ не обнаружен МРС (источник инфекции), так как поголовье коз было отогнано на высокогорные луга для свободно выпаса;

5) заболевание бруцеллезом среди «контактных» выявили активно при динамическом обследовании с применением комплекса реакций: реакции Хеддельсона, Райта, ИФА на поиск специфических IgM, IgG, IgA и ПЦР. При этом у двух пациентов (33,3 %) специфическую сероконверсию выявили только через 14–28 дней после первичного обследования (при повторном обследовании). У трех (50 %) больных бруцеллезом отмечалось бессимптомное течение инфекции, в том числе у заболевшего, от которого была выделена культура возбудителя;

6) установлено, что этиологическим агентом эпидемического очага острой бруцеллезной инфекции был возбудитель бруцеллеза *B. melitensis*, основной хозяин – МРС (козы и овцы). Групповой характер эпидемического очага и вовлечение в эпидемический процесс двоих детей, 2020 (4 г.) и 2023 (1 г.) года рождения, может указывать на то, что одними из основных факторов передачи инфекции были термически недостаточно обработанные продукты питания (молоко, кисломолочные продукты), полученные от МРС, что свидетельствует о недостаточной информированности владельцев животных в отношении рисков заболевания бруцеллезом и путей передачи возбудителя инфекции;

7) штаммы бруцелл, вызвавшие групповую вспышку бруцеллеза («семейный» эпидемический очаг острого бруцеллеза, 6 человек) в с. Заюково Баксанского района КБР, имеют генетический профиль вида *B. melitensis*, характерный для территорий ЮФО и СКФО (юг европейской части России). Особенности кластеризации выделенных штаммов указывают на высокую вероятность заноса инфекции в ЛПХ Ж. с. Заюково с больными животными (МРС) или биоматериалом от них с неблагополучных по бруцеллезу территорий Карачаево-Черкесской Республики (Малокарачаевский район). Вместе с тем высокая генетическая однородность штаммов из разных субъектов СКФО и ЮФО указывает на невозможность исключить наличие связи обследуемого эпидемического очага бруцеллеза в КБР с другими очагами бруцеллеза на длительно неблагополучных по бруцеллезу МРС территориях Северного Кавказа.

Таким образом, возникновение группового «семейного» эпидемического очага бруцеллеза в с. Заюково Баксанского района КБР в 2024 г. связано с наличием в ЛПХ больного бруцеллезом животного (козы), не выявленного по причине отгона на пастбища. Инфицирование бруцеллами людей произошло в результате тесного контакта с животными и, вероятно, при употреблении необеззараженного козьего молока и молочных продуктов на его основе. Данные углубленного молекулярно-генетического анализа штаммов бруцелл из группового эпидемического очага указывают на то, что наиболее вероятный занос инфекции (завоз больных бруцеллезом коз, овец) мог произойти с энзоотичной по бруцеллезу территории Карачаево-Черкесской Республики (Малокарачаевский район).

Обращает на себя внимание неоднородность сроков формирования специфической сероконверсии у лиц из группового эпидемического очага, что можно связать с различными условиями инфицирования (различные сроки инфицирования, пути проникновения и факторы передачи инфекции и инфицирующие дозы). Кроме того, необходимо отметить достаточно нехарактерное для острого бруцеллеза, вызванного *B. melitensis*, бессимптомное течение инфекции у 50 % заболевших в семейном очаге, в том числе

у больного, от которого была выделена гемокультура возбудителя. Выявленные особенности указывают на необходимость динамического не менее чем трехкратного лабораторного обследования контактных лиц в очагах бруцеллеза, а также обязательного проведения бактериологических исследований материала от заболевших бруцеллезом вне зависимости от выраженности клинического течения (особенно при проведении эпидемиологического расследования).

Учитывая, что более чем в 90 % случаев вспышки бруцеллеза в СКФО регистрируются в индивидуальном секторе животноводства, для частных владельцев животных, в том числе имеющих личные подсобные хозяйства, риски по бруцеллезу в неблагополучных по этой инфекции регионах могут расцениваться как высокие. Кроме того, индивидуальные владельцы скота зачастую сами не соблюдают требования ветеринарного законодательства при приобретении, продаже животных, желая сэкономить, закупают скот без ветеринарно-сопроводительных документов (с неизвестным эпизоотологическим статусом), что создает дополнительные риски по зоонозным инфекциям, в том числе бруцеллезу.

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

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

Биоэтика. Все лица, упомянутые в публикации, представили добровольное информированное согласие на участие в настоящих исследованиях и обработку персональных данных в соответствии со статьей 20 Федерального закона от 21 ноября 2011 г. № 323-ФЗ «Об основах охраны здоровья граждан в Российской Федерации».

Список литературы

1. Намруева Л.В., Иванов Н.П. Тренды, проблемы и перспективы развития животноводства на юге России. *Вестник Волгоградского государственного университета. Серия 3: Экономика. Экология.* 2018; (1):55–63. DOI: 10.15688/jvolsu3.2018.1.6.
2. Пономаренко Д.Г., Скударева О.Н., Хачатурова А.А., Германова А.Н., Лукашевич Д.Е., Логвиненко О.В., Ракитина Е.Л., Костюченко М.В., Зинченко Д.А., Семенко О.В., Малецкая О.В., Куличенко А.Н. Об эпизоотолого-эпидемиологической ситуации по бруцеллезу в мире в 2011–2020 гг. и прогноз на 2021 г. в Российской Федерации. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2021; (2):41–51. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-2-41-51.
3. Санникова И.В., Махиня О.В., Малеев В.В., Дейнска Д.А., Голубь О.Г., Ковальчук И.В., Лямкин Г.И. Бруцеллез в Ставропольском крае: результаты 15-летнего наблюдения эпидемиологических и клинических особенностей. *Терапевтический архив.* 2015; 87(11):11–7. DOI: 10.17116/terarkh2015871111-17.
4. Онищенко Г.Г., Куличенко А.Н., редакторы. Бруцеллез. Современное состояние проблемы. Изд. 2-е, доп. Нижний Новгород: Союзполиграф: Кириллица; 2021. 356 с.
5. Пономаренко Д.Г., Матвиенко А.Д., Хачатурова А.А., Жаринова И.В., Скударева О.Н., Транквилевский Д.В., Логвиненко О.В., Ракитина Е.Л., Костюченко М.В., Кондратьева Ю.В., Малецкая О.В., Куличенко А.Н. Анализ ситуации по бруцеллезу в мире и Российской Федерации. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2024; (2):36–50. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-36-50.
6. Пономаренко Д.Г., Хачатурова А.А., Ковалев Д.А., Скударева О.Н., Лукашевич Д.Е., Жаринова И.В., Даурова А.В., Германова А.Н., Логвиненко О.В., Ракитина Е.Л., Костюченко М.В., Кузнецова И.В., Шапаков Н.А., Бобрышева О.В., Писаренко С.В., Манин Е.А., Малецкая О.В., Куличенко А.Н. Анализ заболеваемости бруцеллезом и молекулярно-генетическая характеристика популяции бруцелл на территории Российской Федерации. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2023; (2):61–74. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-2-61-74.
7. Хачатурова А.А., Пономаренко Д.Г., Ковалев Д.А., Германова А.Н., Лукашевич Д.Е., Русанова Д.В., Сердюк Н.С., Семенко О.В., Жиров А.М., Катунина Л.С., Куличенко А.Н. Анализ заболеваемости людей бруцеллезом и молекулярно-биологическая характеристика изолятов *Brucella melitensis* на длительном неблагоприятных по бруцеллезу территориях юга европейской части России. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии.* 2022; 99(1):63–74. DOI: 10.36233/0372-9311-185.
8. Жебрун А.Б. Молекулярная, геномная, метагеномная эпидемиология: перспективы. *Инфекция и иммунитет.* 2013; 3(2):105–6.
9. Кашникова А.Д., Быстрова Т.Н., Полянина А.В., Залесских А.А. Молекулярно-генетический мониторинг как компонент эпидемиологического надзора за гепатитом С. *Здоровье населения и среда обитания – 3НиСО.* 2022; 30(11):76–81. DOI: 10.35627/2219-5238/2022-30-11-76-81.
10. Осина Н.А., Касьян Ж.А., Касьян И.А., Ляшова О.Ю., Осин А.В. Определение видовой принадлежности штаммов бруцелл из фонда Государственной коллекции патогенных бактерий «Микроб» с помощью амплификационных и рестрикционных технологий. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2016; (4):69–74. DOI: 10.21055/0370-1069-2016-4-69-74.
11. Осянин К.А., Хаммадов Н.И., Миргазов Д.А., Косарев М.А., Софронова А.В. Специфичные нуклеотидные последовательности генома бруцелл для видовой ПЦР индикации. *Ветеринарный врач.* 2020; (2):39–44. DOI: 10.33632/1998-698X.2020-2-39-44.
12. Le Flèche P., Jacques I., Grayon M., Al Dahouk S., Bouchon P., Denoed F., Nöckler K., Neubauer H., Guilloteau L.A., Vergnaud G. Evaluation and selection of tandem repeat loci for a *Brucella* MLVA typing assay. *BMC Microbiol.* 2006; 6:9. DOI: 10.1186/1471-2180-6-9.
13. Ma J.Y., Wang H., Zhang X.F., Xu L.Q., Hu G.Y., Jiang H., Zhao F., Zhao H.Y., Piao D.R., Qin Y.M., Cui B.Y., Lin G.H. MLVA and MLST typing of *Brucella* from Qinghai, China. *Infect. Dis. Poverty.* 2016; 5:26. DOI: 10.1186/s40249-016-0123-z.
14. Wang X.H., Jiang H. [Global prevalence of human brucellosis]. *Zhonghua Liu Xing Bing Xue Za Zhi.* 2020; 41(10):1717–22. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338.20191022-00751.
15. Abdel-Ghli M.Y., Thomas P., Brandt C., Melzer F., Subbaiyan A., Chaudhuri P., Harmsen D., Jolley K.A., Janowicz A., Garofolo G., Neubauer H., Pletz M.W. Core genome multilocus sequence typing scheme for improved characterization and epidemiological surveillance of pathogenic *Brucella*. *J. Clin. Microbiol.* 2022; 60(8):e0031122. DOI: 10.1128/jcm.00311-22.
16. MLVA bank for Microbes Genotyping. [Электронный ресурс]. URL: <https://microbesgenotyping.i2bc.paris-saclay.fr/databases>.
17. National Center for Biotechnology Information (NCBI). [Электронный ресурс]. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/?taxon=234>.
18. De Massis F., Zilli K., Di Donato G., Nuvoloni R., Pelini S., Sacchini L., D'Alterio N., Di Giannatale E. Distribution of *Brucella* field strains isolated from livestock, wildlife populations, and humans in Italy from 2007 to 2015. *PLoS One.* 2019; 14(3):e0213689. DOI: 10.1371/journal.pone.0213689.
19. Foster J.T., Okinaka R.T., Svensson R., Shaw K., De B.K., Robison R.A., Probert W.S., Kenefic L.J., Brown W.D., Keim P. Real-time PCR assays of single-nucleotide polymorphisms defining the major *Brucella* clades. *J. Clin. Microbiol.* 2008; 46(1):296–301. DOI: 10.1128/JCM.01496-07.
20. Scholz H.C., Vergnaud G. Molecular characterisation of *Brucella* species. *Rev. Sci. Tech.* 2013; 32(1):149–62. DOI: 10.20506/rst.32.1.2189.
21. Захарова О.А., Евдокимова О.В., Кучер Д.Е. Диагностика, профилактика и лечение бруцеллеза: учебное пособие. Рязань: Рязанский государственный агротехнологический университет имени П.А. Костычева; 2023. 150 с.
22. Воробьев А.Л., Жакупбаев А.Ш., Гордиенко Л.Н., Воробьев Н.Н., Акулов В.И., Акулов И.В. Экология бруцелл и диагностика бруцеллеза (обзор). *Ветеринарная патология.* 2022; (4):28–34. DOI: 10.23947/1682-5616-2022-4-28-34.
23. Кузнецова И.В., Ковалев Д.А., Писаренко С.В., Бобрышева О.В., Шапаков Н.А., Жиров А.М., Сафонова Н.С., Пономаренко Д.Г., Хачатурова А.А., Жилченко Е.Б., Сердюк Н.С., Куличенко А.Н. Генетическая характеристика штаммов *Brucella melitensis*, выделенных на территории Российской Федерации, на основе данных анализа единичных нуклеотидных полиморфизмов при полногеномном секвенировании. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2024; (1):154–61. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-154-161.

References

- Namrueva L.V., Ivanov N.P. [Trends, problems and prospects for the development of animal husbandry in the south of Russia]. *Vestnik Volgogradskogo Gosudarstvennogo Universiteta. Seriya 3: Ekonomika. Ekologiya* [Bulletin of the Volgograd State University. Series 3: Economy. Ecology]. 2018; (1):55–63. DOI: 10.15688/jvolsu3.2018.1.6.
- Ponomarenko D.G., Skudareva O.N., Khachaturova A.A., Germanova A.N., Lukashevich D.E., Logvinenko O.V., Rakitina E.L., Kostyuchenko M.V., Zinchenko D.A., Semenko O.V., Maletskaya O.V., Kulichenko A.N. [On the epizootiological and epidemiological situation on brucellosis in the world in 2011–2020 and forecast for 2021 in the Russian Federation]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2021; (2):41–51. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-2-41-51.
- Sannikova I.V., Makhinya O.V., Maleev V.V., Deineka D.A., Golub' O.G., Koval'chuk I.V., Lyamkin G.I. [Brucellosis in Stavropol Territory: results of 15-year observation of epidemiological and clinical features]. *Terapevticheskiy Arkhiv* [Therapeutic Archive]. 2015; 87(11):11–7. DOI: 10.17116/terarkh2015871111-7.
- Onishchenko G.G., Kulichenko A.N., editors. [Brucellosis. Current State of the Problem] 2nd ed., suppl. Nizhny Novgorod: "Soyuzpoligraf": "Kirillitsa"; 2021. 356 p.
- Ponomarenko D.G., Matvienko A.D., Khachaturova A.A., Zharinova I.V., Skudareva O.N., Trankvilevsky D.V., Logvinenko O.V., Rakitina E.L., Kostyuchenko M.V., Kondratieva Yu.V., Maletskaya O.V., Kulichenko A.N. [Analysis of the situation on brucellosis in the world and the Russian Federation]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2024; (2):36–50. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-36-50.
- Ponomarenko D.G., Khachaturova A.A., Kovalev D.A., Skudareva O.N., Lukashevich D.E., Zharinova I.V., Durova A.V., Germanova A.N., Logvinenko O.V., Rakitina E.L., Kostyuchenko M.V., Kuznetsova I.V., Shapakov N.A., Bobrysheva O.V., Pisarenko S.V., Manin E.A., Maletskaya O.V., Kulichenko A.N. Analysis of brucellosis incidence and molecular-genetic characteristics of *Brucella* population in the territory of the Russian Federation. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2023; (2):61–74. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-2-61-74.
- Khachaturova A.A., Ponomarenko D.G., Kovalev D.A., Germanova A.N., Lukashevich D.E., Rusanova D.V., Serdyuk N.S., Semenko O.V., Zhirov A.M., Katunina L.S., Kulichenko A.N. [Analysis of human brucellosis incidence and molecular biological characteristics of *Brucella melitensis* isolates in the southern European part of Russia with a long-term unfavorable brucellosis risk areas]. *Zhurnal Mikrobiologii, Epidemiologii i Immunobiologii* [Journal of Microbiology, Epidemiology and Immunobiology]. 2022; 99(1):63–74. DOI: 10.36233/0372-9311-185.
- Zhebrun A.B. [Molecular, genomic, metagenomic epidemiology: prospects]. *Infektsiya i Immunitet* [Infection and Immunity]. 2013; 3(2):105–6.
- Kashnikova A.D., Bystrova T.N., Polyamina A.V., Zaleskih A.A. [Molecular genetic monitoring as a component of epidemiological surveillance of hepatitis C]. *Zdorovie Naseleniya i Sreda Obitaniya* [Public Health and Life Environment]. 2022; 30(11):76–81. DOI: 10.35627/2219-5238/2022-30-11-76-81.
- Osina N.A., Kas'yan Zh.A., Kas'yan I.A., Lyashova O.Yu., Osin A.V. [Determination of specific appurtenance of *Brucella* strains stored in the State Collection of Pathogenic Bacteria "Microbe", using amplification and restriction techniques]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2016; (4):69–74. DOI: 10.21055/0370-1069-2016-4-69-74.
- Osyaniy K.A., Khammatov N.I., Mirgazov D.A., Kosarev M.A., Sofronova A.V. [Specific nucleotide sequences of the *Brucella* genome for species-specific PCR indication]. *Veterinarny Vrach*. 2020; (2):39–44. DOI: 10.33632/1998-698X.2020-2-39-44.
- Le Flèche P., Jacques I., Grayon M., Al Dahouk S., Bouchon P., Denoed F., Nöckler K., Neubauer H., Guilloteau L.A., Vergnaud G. Evaluation and selection of tandem repeat loci for a *Brucella* MLVA typing assay. *BMC Microbiol*. 2006; 6:9. DOI: 10.1186/1471-2180-6-9.
- Ma J.Y., Wang H., Zhang X.F., Xu L.Q., Hu G.Y., Jiang H., Zhao F., Zhao H.Y., Piao D.R., Qin Y.M., Cui B.Y., Lin G.H. MLVA and MLST typing of *Brucella* from Qinghai, China. *Infect. Dis. Poverty*. 2016; 5:26. DOI: 10.1186/s40249-016-0123-z.
- Wang X.H., Jiang H. [Global prevalence of human brucellosis]. *Zhonghua Liu Xing Bing Xue Za Zhi*. 2020; 41(10):1717–22. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20191022-00751.
- Abdel-Gilil M.Y., Thomas P., Brandt C., Melzer F., Subbaiyan A., Chaudhuri P., Harmsen D., Jolley K.A., Janowicz A., Garofolo G., Neubauer H., Pletz M.W. Core genome multilocus sequence typing scheme for improved characterization and epidemiological surveillance of pathogenic *Brucella*. *J. Clin. Microbiol*. 2022; 60(8):e0031122. DOI: 10.1128/jcm.00311-22.
- MLVA bank for Microbes Genotyping. [Internet]. Available from: <https://microbesgenotyping.i2bc.paris-saclay.fr/databases>.
- National Center for Biotechnology Information (NCBI). [Internet]. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/?taxon=234>.
- De Massis F., Zilli K., Di Donato G., Nuvoloni R., Pelini S., Sacchini L., D'Alterio N., Di Giannatale E. Distribution of *Brucella* field strains isolated from livestock, wildlife populations, and humans in Italy from 2007 to 2015. *PLoS One*. 2019; 14(3):e0213689. DOI: 10.1371/journal.pone.0213689.
- Foster J.T., Okinaka R.T., Svensson R., Shaw K., De B.K., Robison R.A., Probert W.S., Kenefic L.J., Brown W.D., Keim P. Real-time PCR assays of single-nucleotide polymorphisms defining the major *Brucella* clades. *J. Clin. Microbiol*. 2008; 46(1):296–301. DOI: 10.1128/JCM.01496-07.
- Scholz H.C., Vergnaud G. Molecular characterisation of *Brucella* species. *Rev. Sci. Tech*. 2013; 32(1):149–62. DOI: 10.20506/rst.32.1.2189.
- Zakharova O.A., Evdokimova O.V., Kucher D.E. [Diagnostics, Prevention and Treatment of Brucellosis: a Tutorial]. Ryazan: Ryazan State Agrarian University; 2023. 150 p.
- Vorobyov A.L., Zhakupbaev A.Sh., Gordienko L.N., Vorobyov N.N., Akulov V.I., Akulov I.V. [Ecology of brucella and diagnostics of brucellosis (review)]. *Veterinarnaya Patologiya* [Veterinary Pathology]. 2022; (4):28–34. DOI: 10.23947/1682-5616-2022-4-28-34.
- Kuznetsova I.V., Kovalev D.A., Pisarenko S.V., Bobrysheva O.V., Shapakov N.A., Zhirov A.M., Safonova N.S., Ponomarenko D.G., Khachaturova A.A., Zhilchenko E.B., Serdyuk N.S., Kulichenko A.N. [Genetic profile of *Brucella melitensis* strains isolated on the territory of the Russian Federation, based on analysis of single nucleotide polymorphisms following whole genome sequencing]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2024; (1):154–61. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-154-161.

Authors:

Khachaturova A.A., Ponomarenko D.G., Kovalev D.A., Pisarenko S.V., Zharinova I.V., Kondratieva Yu.V., Kostyuchenko M.V., Kulichenko A.N. Stavropol Research Anti-Plague Institute. 13–15, Sovetskaya St., Stavropol, 355035, Russian Federation. E-mail: stavnipchi@mail.ru.

Cherkesova Z.V., Nakhushva R.D. Center of Hygiene and Epidemiology in the Kabardino-Balkarian Republic. 33, Baisultanova St., Nalchik, 360017, Russian Federation.

Gadiev I.A., Pagov Zh.A. Rospotrebnadzor Administration in the Kabardino-Balkarian Republic. 96, A.P. Keshokova St., Nalchik, 360051, Russian Federation.

Об авторах:

Хачатурова А.А., Пономаренко Д.Г., Ковалев Д.А., Писаренко С.В., Жаринова И.В., Кондратьева Ю.В., Костюченко М.В., Куличенко А.Н. Ставропольский научно-исследовательский противочумный институт Российской Федерации, 355035, Ставрополь, ул. Советская, 13–15. E-mail: stavnipchi@mail.ru.

Черкесова З.В., Нахушева Р.Д. Центр гигиены и эпидемиологии в Кабардино-Балкарской Республике. Российская Федерация, 360017, Нальчик, ул. Байсултанова, 33.

Гадиев И.А., Пагов Ж.А. Управление Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по Кабардино-Балкарской Республике. Российская Федерация, 360051, Нальчик, ул. А.П. Кешокова, 96.