

Е.И.Еременко, А.Г.Рязанова, Н.П.Буравцева

**СОВРЕМЕННАЯ СИТУАЦИЯ ПО СИБИРСКОЙ ЯЗВЕ В РОССИИ И МИРЕ.
ОСНОВНЫЕ ТЕНДЕНЦИИ И ОСОБЕННОСТИ**

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

Современная ситуация по сибирской язве характеризуется как нестабильная. Нестабильность связана с периодически возникающими эпизоотическими вспышками, осложняющимися заболеваемостью людей, так как люди заражаются преимущественно в результате контакта с больными животными, их трупами или продуктами животноводства. Выявлены новые механизмы распространения инфекции при аэрозольном заражении вследствие преднамеренного использования спор *B. anthracis* в целях биотерроризма и в результате использования африканских барабанов, контаминированных спорами сибирезявленного микроба, парэнтеральном употреблении контаминированного героина, приведшем к выделению новой клинической формы сибирской язвы – инъекционной. Представления об эволюции возбудителя сибирской язвы пополнились знаниями о существовании патогенных штаммов бацилл, занимающих промежуточное положение между *B. anthracis* и *B. cereus*. В области экологии сибирезявленного микроба наметились новые аспекты проблемы обитания во внешней среде, связанные со взаимодействием с бактериофагами, почвенной микрофлорой и ризосферой. Исследования, связанные с экологическими особенностями ниш обитания и генотипами сибирезявленного микроба, объясняющими географическое распределение областей с высоким риском заболеваемости, могут позволить оптимизировать программы иммунизации животных, являющейся самой эффективной мерой профилактики сибирской язвы.

Ключевые слова: сибирская язва, эпидемиология, экология, *Bacillus anthracis*, эволюция.

Корреспондирующий автор: Еременко Евгений Иванович, e-mail: snipchi@mail.stv.ru.

E.I.Eremenko, A.G.Ryazanova, N.P.Buravtseva

The Current Situation on Anthrax in Russia and in the World. Main Trends and Features

Stavropol Research Anti-Plague Institute, Stavropol, Russian Federation

The current situation on anthrax is characterized as unstable. Instability is associated with recurring epizootic outbreaks complicated by human anthrax cases, as people contract infection mainly through contact with sick animals, their carcasses or animal products. Mentioned are new aerosol and parenteral ways of anthrax contracting. Parenteral use of contaminated heroin led to emergence of new clinical form of anthrax – injectional. Conception on anthrax agent evolution is replenished by data on pathogenic bacilli strains, that occupy an intermediate position between *B. anthracis* and *B. cereus*. Ecology of anthrax microbe is considered in view of its interaction with bacteriophages, rhizosphere and soil microflora. Research related to the environmental characteristics of habitat niches and genotypes of *B. anthracis*, explaining the geographical distribution of areas with a high risk of disease, may allow to optimize the program of animals immunization, which is the most effective measure for the prevention of anthrax.

Key words: anthrax, epidemiology, ecology, *Bacillus anthracis*, evolution.

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

Corresponding author: Evgenii I. Eremenko, e-mail: snipchi@mail.stv.ru.

Citation: Eremenko E.I., Ryazanova A.G., Buravtseva N.P. The Current Situation on Anthrax in Russia and in the World. Main Trends and Features. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2017; 1:65–71. (In Russ.). DOI: 10.21055/0370-1069-2017-1-65-71

Сибирская язва – особо опасная бактериальная зоонозная инфекция, вызываемая образующим споры микроорганизмом *Bacillus anthracis*. Споры способны неопределенно долго пребывать в почве, служащей резервуаром инфекции, с образованием стойких почвенных очагов сибирской язвы. Места расположения когда-либо возникших почвенных очагов, которыми являются сибирезявленные скотомогильники и захоронения павших от сибирской язвы животных, расценивают как стационарно неблагополучные по сибирской язве пункты (СНП), так как в них сохраняется угроза возвращения инфекции и повторных вспышек в течение многих десятилетий. На территории Российской Федерации насчитывается свыше 35 тыс. СНП, где за период с 1900 по 2003 год

зарегистрировано более 70000 вспышек и отдельных случаев заболевания людей и животных сибирской язвой [5].

Основные хозяева возбудителя сибирской язвы – травоядные сельскохозяйственные и дикие животные, заражающиеся алиментарным или ингаляционным путем при выпасе в местах нахождения почвенных очагов, или с контаминированными спорами кормами. Передача возбудителя возможна также контактным и трансмиссивным путем при участии кровососущих насекомых.

Люди заражаются преимущественно в результате контакта с больными животными, их трупами или продуктами животноводства, и не являются звеном в поддержании жизненного цикла *B. anthracis*.

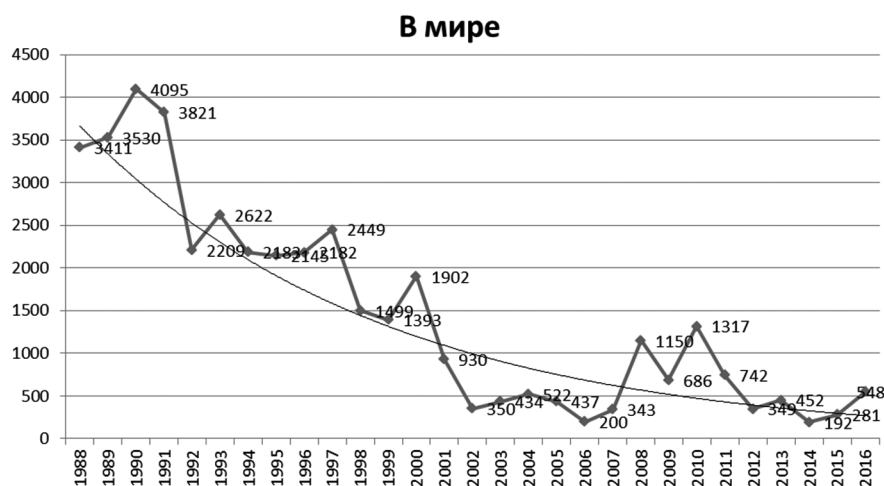


Рис. 1. Динамика заболеваемости людей сибирской язвой в мире (абсолютные цифры)

Распространение. Сибирская язва распространена глобально, свободны от нее лишь часть северных регионов, Новая Зеландия и небольшие островные территории. В остальных регионах инфекция проявляется в разной степени. Россия относится к категории стран со спорадической заболеваемостью, однако она граничит с эндемичными территориями (Грузия, Казахстан, Монголия и Китай) и связана торговыми взаимоотношениями с гиперэндемичной Турцией. Гиперэндемичными считаются также Бангладеш и ряд стран Западной, Центральной и Южной Африки. В масштабах страны со спорадической заболеваемостью выделяют эндемичные регионы, например, штаты Техас, Дакота, Миннесота в США; Республика Дагестан, Ставропольский край в Российской Федерации [2, 10].

Заболеваемость людей в мире. Данные по заболеваемости, полученные из нескольких источников, в основном из базы данных ProMed (<http://www.promedmail.org>), могут быть неполными, так как не все страны сообщают о случаях сибирской язвы.

В период с 1988 по сентябрь 2016 года в мире зарегистрировано 42374 случая заболевания людей сибирской язвой (411 с летальным исходом). Наибольшая заболеваемость отмечена в 1990 г. (4095), наименьшая – в 2014 г. (192). В период с 2003 по 2016 год в мире по сравнению с предыдущим периодом (1988–2002 гг.) число случаев сибирской язвы у людей сократилось в 4,6 раза – всего заболело 7560 человек. Из общего числа случаев заболевания 37039 приходятся на десять стран Центральной, Южной и Юго-Восточной Азии (Бангладеш, Китай, Индия, Индонезия, Казахстан, Кыргызстан, Таджикистан, Иран, Таиланд, Филиппины), Турцию, Грузию, Испанию, Перу, Гаити, шесть стран Африки (Зимбабве, Замбия, Гана, Кения, Лесото, Нигер). Больше всего заболеваний зарегистрировано в Китае – 17213, 17156 из них отмечено за период с 1988 по 1997 год, когда ежегодно происходили крупные групповые вспышки (от 898 до 2701 человек в год). Очень высокая заболеваемость людей в Зимбабве (2342), с крупнейшей вспышкой в 2000 году (1182 человека). В Бангладеш зарегистрировано

1150 случаев заболевания людей с крупной вспышкой в 2010 г., охватившей 1/6 всех областей (607 человек). На все остальные страны Европы и Америки, а также Россию приходится 5242 случая.

По некоторым оценкам, в мире число случаев с 20000–100000 в год в 1958 г. снизилось до 2000 в год в 80-х годах и составило как минимум 2000 случаев в 2000 г. Таким образом, очевидная тенденция заболеваемости людей в мире за период с 1988 по 2016 год выразилась ее снижением в 10 раз (рис. 1). Однако в совокупности она остается нестабильной, поскольку в некоторых странах принимает характер крупных вспышек.

Заболеваемость людей в России. За период с 1988 по ноябрь 2016 года в России зарегистрировано 608 случаев сибирской язвы людей (9 летальных). В период с 2003 по 2016 год в Российской Федерации, по сравнению с предыдущим периодом (1988–2002 гг.), число случаев сибирской язвы у людей сократилось в 2,85 раза – всего заболело 158 человек. Болезнь регистрировалась в 34 субъектах пяти федеральных округов, при этом на Северо-Кавказский федеральный округ приходилось 32 %, Сибирский ФО – 19, Центральный ФО – 17, Южный и Приволжский ФО – по 16 %.

На графике (рис. 2) прослеживается тенденция к снижению заболеваемости за этот период и в России, но заболеваемость нестабильна, так как колеблется от 1 до 36 случаев в год.

Эпизоотические проявления и связь с заболеваемостью людей. Заболеваемость животных сибирской язвой остается достаточно высокой, с периодическими крупными вспышками как среди домашних, так и среди диких животных, например, можно упомянуть об эпизоотиях сибирской язвы среди оленей и бизонов в США и Канаде [31, 38].

Анализ наиболее заметных проявлений сибирской язвы в последнее время подтверждает давно установленную прямую и сильную корреляцию заболеваемости животных и людей. В 2000 г. в Зимбабве произошло 13 вспышек, 200 случаев у КРС и 1182 случая заболеваний людей, в 2002 г. – 12 вспышек, около 300 случаев у КРС и около 80

В России

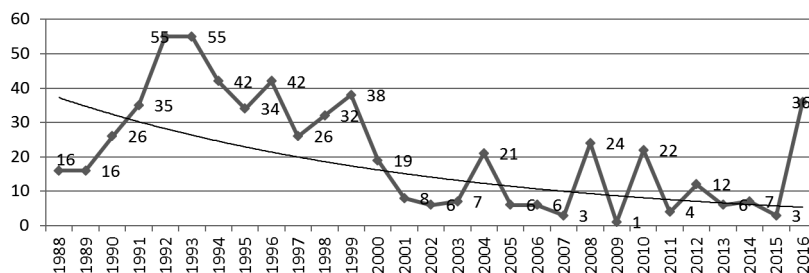


Рис. 2. Динамика заболеваемости людей сибирской язвой в России (абсолютные цифры)

случаев заболевания людей.

С августа 2009 по 2010 год в Бангладеш произошло 14 вспышек сибирской язвы среди животных и людей со 140 случаями заболевания животных и 607 случаями заболевания людей в 2010 г. У 91 % лиц с кожной формой в эпиданамнезе имели место убой больных животных и разделка туш, обработка сырого мяса, контакт с кожей животных или присутствие на месте убоя. Каждый год от людей и животных выделяли штаммы *B. anthracis* с идентичным генотипом. В основе этих вспышек были неадекватный охват вакцинацией скота, отсутствие настороженности в отношении риска передачи сибирской язвы от животных к людям, низкий санитарный уровень и бедность населения [14].

В Омской области Российской Федерации в июле 2010 г. зарегистрирована вспышка сибирской язвы, в ходе которой заболело шесть человек с одним летальным исходом. Мясо 10 туш вынужденно забитых лошадей поступило на одно из мясоперерабатывающих предприятий Омска, где из него изготовили мясные полуфабрикаты. В ходе лабораторных исследований из продукции предприятия выделили три штамма возбудителя сибирской язвы, а проведенное генотипирование ДНК *B. anthracis* выявило единое происхождение этих штаммов и культур, изолированных из крови умершего больного и от трупа лошади [3].

Часто даже отдельные случаи сибирской язвы животных приводят к заболеваниям нескольких человек. Но в 2016 г. в Ямало-Ненецком автономном округе крупнейшая за последнее время эпизоотия, когда заболело 2650 северных оленей, имела следствием заболевание сибирской язвой 36 человек с одним смертельным исходом.

Среди причин развития разлитой эпизоотии среди оленей называют отмену вакцинации с 2007 г., а также трансмиссивный путь передачи инфекции кровососущими насекомыми, способствовавший массовой гибели животных [4].

Причины случаев сибирской язвы у людей во многих странах, включая Россию, остаются неизменными на протяжении многих лет — контакт с больными животными и продуктами животноводства. Это вполне соответствует многочисленным свидетельствам преобладания контактного пути передачи инфекции человеку от основного источника — животных, при вынужденном убое, разделке

и захоронении туш, кулинарной обработке мяса и торговле мясом.

Эволюция сибирской язвы. В конце XX — начале XXI века вновь напомнила о себе ингаляционная, или легочная форма сибирской язвы. В XIX веке эта наиболее тяжелая форма болезни чаще всего ассоциировалась с профессиональной деятельностью сортировщиков шерсти [11].

Но в 2001 г. в США главными жертвами сибирской язвы стали почтовые служащие, инфицирование которых произошло во время биотеррористической атаки вследствие ингаляции возбудителя из разосланных почтовых конвертов с порошком спор, в результате чего умерло 5 из 11 человек с ингаляционной формой [21].

В 1979 г. в Советском Союзе от этой формы сибирской язвы умерло 69 человек после случайного выброса аэрозоля спор сибиреязвенного микроба на военном предприятии в Свердловске [28]. Эти события подтвердили репутацию *B. anthracis* как наиболее опасного агента биологического оружия и биотерроризма.

Еще одной причиной проявлений ингаляционной формы сибирской язвы стали развлекательные мероприятия некоторых групп жителей США и Великобритании, связанные с изготовлением традиционных африканских барабанов из контаминированных спорами *B. anthracis* шкур животных, ввезенных из стран Западной Африки, и их использованием [6, 20].

С 2009 г. среди наркоманов в странах Западной Европы регистрируется вспышка новой инъекционной формы сибирской язвы, связанной с употреблением контаминированного *B. anthracis* героина. К декабрю 2013 г. поступили сообщения о 70 подтвержденных случаях с 27 летальными исходами инъекционной сибирской язвы в Шотландии, Англии, Германии, Дании, Франции и Уэльсе [9, 13, 18, 19, 33, 34]. Таким образом, в последнее время появились нетрадиционные пути распространения и новая клиническая форма сибиреязвенной инфекции.

Эволюция возбудителя сибирской язвы. *B. anthracis*, *B. cereus*, *B. mycoides*, *B. pseudomycoides*, *B. thuringiensis*, *B. weihenstephanensis* и *B. manliponensis* составляют таксономическую группу *Bacillus cereus* [37, 42]. Они занимают общие экологические ниши, а пять из них оказывают существенное влияние на здоровье и деятельность человека [15].

Возбудитель сибирской язвы характеризуется высокой мономорфностью в силу медленной эволюции, связанной с длительным пребыванием в форме покоящихся спор, не подверженных мутационному процессу. Однако недавно описаны штаммы бацилл, выделенные в труднодоступных лесах Камеруна и Кот-д'Ивуара от шимпанзе и горилл, павших от сибиреязвенно-подобной инфекции. Изоляты отличались подвижностью, устойчивостью к пенициллину и бактериофагу «Гамма», продуцировали капсулу независимо от CO_2 и бикарбоната, секретировали протективный антиген и летальный фактор токсинов. Они имели плазмиды токсино- и капсулообразования рВСХО1 и рВСХО2 с размерами, соответствующими плазмидам рХО1 и рХО2 *B. anthracis*. Филогенетический анализ на основе данных многолокусного анализа областей генома с варибельным числом tandemных повторов (MLVA) обнаружил их принадлежность к новому кластеру F *B. anthracis*, однако по результатам мультилокусного секвенирования (MLST) эти штаммы были близки к типичным штаммам *B. anthracis* и двум высоковирулентным изолятам *B. cereus* и *B. thuringiensis*. Авторы предположили, что открытые ими штаммы имеют общего предшественника с классическими *B. anthracis* или что они появились недавно в результате передачи плазмид *B. anthracis* в штамм группы *B. cereus* [25, 26, 27, 32]. За ними закрепилось обозначение *B. cereus* biovar *anthracis*. Вирулентность этих штаммов для мышей и морских свинок была на уровне штаммов *B. anthracis* дикого типа, и она сохранялась после элиминации капсульной плазмиды. Выяснилось, что кроме капсулы из D-полиглутамата, кодируемой капсульной плазмидой, эти штаммы производят капсулу из гиалуроновой кислоты, кодируемую плазмидой рВСХО1. Коэкспрессия гиалуроновой капсулы как с токсинами, так и полиглутаматной капсулой, приводила к системной диссеминации возбудителя и придавала очевидное эволюционное преимущество таким вариантам. Исследование этих штаммов, занимающих пограничное положение между *B. anthracis* и *B. cereus*, поможет получить новые представления о возникновении и эволюции вида *B. anthracis* [12]. Этому в большой степени способствуют претерпевшие бурное развитие методы молекулярного типирования штаммов возбудителя сибирской язвы и полногеномного секвенирования, что позволяет также сделать более объективной эпидемиологическую интерпретацию молекулярно-генетических данных эпидемиологического расследования [23, 24, 42].

Экологические аспекты эпидемиологии сибирской язвы. Взгляды на судьбу возбудителя сибирской язвы в почве отличаются разнообразием и противоречивостью. В окружающую среду *B. anthracis* в вегетативной форме попадает с геморрагическими экссудатами или излившейся кровью агонизирующих животных, а также из вскрытых трупов, и там переходит к споруляции. Характер дальнейшего су-

ществования возбудителя, после попадания спор в почву, служит предметом дискуссий и альтернативных представлений.

В соответствии с одним из них, сохранение *B. anthracis* в окружающей среде зависит от споруляции в масштабе, достаточном для выживания популяции, и последующего размножения в организме животного. Это выражено концепцией «образуй споры или умри» [7].

Альтернативой сохранению возбудителя в почве исключительно в виде покоящихся спор является способность прорасти вне организма животного, если позволяют условия. Это соответствует гипотезе «инкубаторных областей», представляющих собой впадины в местах с известковыми содержащими карбонат кальция и щелочными почвами, в которых собирается вода и отмершая растительность, обеспечивающие среду для прорастания и размножения спор сибиреязвенного микроба [40, 41]. Сравнительно недавно установлена возможность эндосимбиоза *B. anthracis* с почвенными амебами *A. castellanii* с размножением внутри простейших [16] и в ризосфере травянистых растений [35].

Вероятно, достаточный для прорастания и размножения уровень питательных веществ в природных условиях встречается не часто. Если споры прорастают, появившиеся вегетативные клетки будут погибать спонтанно или в результате конкуренции со стороны почвенной микрофлоры, или под влиянием обоих процессов. Тогда, если дальнейшие обычные циклы воспроизводства не происходят, со временем *B. anthracis* элиминируется.

Консервативная природа вида *B. anthracis* также противоречит концепции частого возникновения вспомогательного цикла развития во внешней среде [7].

Известно также, что штаммы возбудителя сибирской язвы, выделенные из почвы старых скотомогильников, часто имеют сниженную вирулентность и лишены одной или обеих плазмид [39].

Более динамичный жизненный цикл возникает при взаимодействии *B. anthracis* с бактериофагами, вызывающими фенотипические изменения и появление лизогенных вариантов с резко измененной способностью к выживанию. Лизогения блокирует или напротив, стимулирует споруляцию в зависимости от фага, индуцирует экспрессию экзополисахарида и образование биопленки и делает возможной длительную колонизацию почвы, а также кишечника червей *Eisenia fetida*. Все лизогены *B. anthracis* существуют в виде псевдолизогенов, распространяющих фаги, которые, в свою очередь, инфицируют нелизогенные реципиенты *B. anthracis* и придают им фенотип, позволяющий выживать в этом окружении (рис. 3) [36].

Анализ концепций жизненного цикла *B. anthracis* дает основания предположить, что этому микроорганизму присуща гибкость стратегии выживания в окружающей среде. К этому выводу подводит также

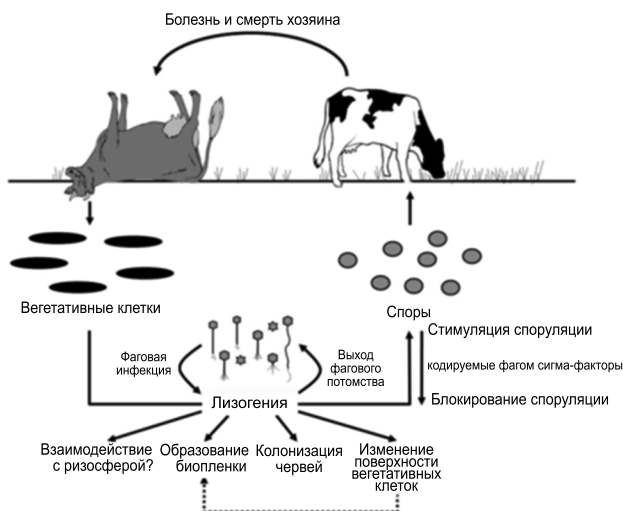


Рис. 3. Жизненный цикл возбудителя сибирской язвы (цит. по A.Schuch et V.A.Fischetti [36])

очевидная сложность и многократное дублирование системы, обеспечивающей восприятие сигналов окружающей среды и запускающей ключевой процесс прорастания спор, т. е. возможность «прорасти или не прорасти» [17].

В серии работ последнего времени использован генетический алгоритм прогнозирующей системы с целью моделирования экологических ниш возбудителя сибирской язвы в окружающей среде на территории стран Европы, Азии, Америки и Австралии.

Этот подход позволил определить географическое распределение областей с высоким риском заболеваемости сибирской язвой и привязку к ним определенных генотипов *B. anthracis*. В США это коридор, распространяющийся от юго-западного Техаса на север к Дакоте и Миннесоте, в Австралии – «сибирязвенный пояс», простирающийся параллельно Восточному нагорью от севера Виктории до центрально-восточного Квинсленда через центр в Новом Южном Уэльсе. Дальнейший геномный анализ позволит развить представления о генетико-экологической динамике *B. anthracis* в конкретных странах и может привести к созданию более совершенных моделей прогнозирования надзора и программ активной вакцинации [8, 10, 22, 29, 30]

В России вопросы экологии сибирской язвы на Кавказе изучались в связи с эпидемиологией и эпизоотологией на протяжении более 20 лет. К настоящему времени созданы с использованием геоинформационной системы кадастры стационарно неблагополучных по сибирской язве пунктов юга России. В них отражена многолетняя заболеваемость людей и животных, приведены климато-географические, почвенные характеристики регионов, и на основе этих данных определены районы с разной степенью неблагополучия по сибирской язве и предполагаемого риска развития эпизоотических и эпидемических осложнений [2]. Изучено распределение генотипов *B. anthracis* в пределах Кавказа, показавшее преобладание субкластера A1.a [1].

Таким образом, в последнее время наметились новые подходы к изучению экологии возбудителя сибирской язвы в окружающей среде, получены новые данные, способные дополнить представления о его эволюции, географическом распространении с выделением регионов с высоким риском проявления инфекции.

Нынешняя ситуация по сибирской язве в мире и России нестабильна, несмотря на выраженное снижение заболеваемости людей за последние три десятилетия, достигнутое прежде всего благодаря вакцинации сельскохозяйственных животных. Но именно недостатки существующих программ вакцинации и неадекватное их выполнение являются двумя из основных причин эпизоотических вспышек, которые трудно прогнозировать, всегда сопровождающихся заболеваниями людей. Поэтому в стабилизации ситуации весьма важными представляются исследования с целью надежного прогнозирования и точного определения регионов с обязательным охватом вакцинацией всего поголовья скота на основе знаний о многолетней заболеваемости, почвенно-климатических и географических факторах, особенностях возбудителя, полученных и систематизированных с использованием математических моделей и геоинформационных систем. Важная мера, способная снизить заболеваемость людей, даже в условиях сегодняшней неполной вакцинации животных – исключение вынужденного убоя больных животных, разделки туш, реализации, приготовления и употребления в пищу их мяса.

Система эпиднадзора за сибирской язвой сейчас уже предусматривает мониторинг возбудителя, который должен и далее совершенствоваться, включая в себя все новые методы молекулярного типирования, в том числе полногеномное секвенирование штаммов, с созданием пополняемой электронной базы о геномах и введением данных о генотипах в карты регионов на основе ГИС-технологий.

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

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Еременко Е.И., Рязанова А.Г., Цыганкова О.И., Цыганкова Е.А., Буравцева Н.П., Куличенко А.Н. Генотипическое разнообразие штаммов *Bacillus anthracis*, выделенных в регионе Кавказа. *Мол. генет., микробиол. и вирусол.* 2012; 2:26–9.
2. Куличенко А.Н., редактор. Сибирская язва на Северном Кавказе. Майкоп: Качество; 2016. 198 с.
3. Рязанова А.Г., Еременко Е.И., Буравцева Н.П., Цыганкова О.И., Цыганкова Е.А., Аксенова Л.Ю., Головинская Т.М., Куличенко А.Н. Эпидемиологическая ситуация по сибирской язве в Российской Федерации: анализ заболеваемости в 2010 г., прогноз на 2011 г. *Пробл. особо опасных инф.* 2011; 1(107):42–5.
4. Селянинов Ю.О., Егорова И.Ю., Колбасов Д.В. Сибирская язва на Ямале: причины возникновения и проблемы диагностики. *Ветеринария.* 2016; 10:3–7.
5. Черкасский Б.Л., редактор. Кадастр стационарно неблагополучных по сибирской язве пунктов Российской Федерации. М.: ИнтерСЭН; 2005. 829 с.
6. Anaraki S., Addiman S., Nixon G., Krahé D., Ghosh R., Brooks T., Lloyd G., Spencer R., Walsh A., McCloskey B., Lightfoot N. Investigations and control measures following a case of inhalation anthrax in East London in a drum maker and drummer, October 2008. *Euro Surveill.* 2008; 13(51):pii=19076.

7. Anthrax in humans and animals. 4th ed. WHO, FAO, OIE; 2008. 219 p. Available from: http://apps.who.int/iris/bitstream/10665/97503/1/9789241547536_eng.pdf
8. Barro A.S., Fegan M., Moloney B., Porter K., Muller J., Warner S., Blackburn J.K. Redefining the Australian Anthrax Belt: Modeling the Ecological Niche and Predicting the Geographic Distribution of *Bacillus anthracis*. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2016; 10(6): e0004689. DOI: 10.1371/journal.pntd.0004689.
9. Berger T., Kassirer M., Aran A.A. Injected anthrax – new presentation of an old disease. *Euro Surveill.* 2014; 19(32): pii=20877. DOI: 10.2807/1560-7917.ES2014.19.32.20877.
10. Blackburn J.K., McNyset K.M., Curtis A., Hugh-Jones M.E. Modeling the Geographic Distribution of *Bacillus anthracis*, the Causative Agent of Anthrax Disease, for the Contiguous United States using Predictive Ecologic Niche Modeling. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2007; 77(6):1103–10.
11. Brachman P.S., Kaufman A.F., Dalldorf F.G. Industrial inhalation Anthrax. *Bacteriol. Rev.* 1966; 30(3):646–59.
12. Brézillon C., Haustant M., Dupke S., Corre J.P., Lander A., Franz T., Monot M., Couture-Tosi E., Jouvion G., Leendertz F.H., Grunow R., Mock M.E., Klee S.R., Goossens P.L. Capsules, Toxins and AtxA as Virulence Factors of Emerging *Bacillus cereus* Biovar *anthracis*. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2015; 9(4):e0003455. DOI: 10.1371/journal.pntd.0003455.
13. Caugrant D.A., Fossum K., Hoel T., Høiby E.A., Iversen B.G., Jensenius M., Ringertz S.H. Systemic anthrax in an injecting drug user: Oslo, Norway April 2000. *Euro Surveill.* 2000; 4(19): pii=1605.
14. Chakraborty A., Khan S.U., Hasnat M.A., Parveen S., Islam M.S., Mikolon A., Chakraborty R.K., Ahmed B.N., Ara K., Haider N., Zaki S.R., Hoffmaster A.R., Rahman M., Luby S.P., Hossain M.J. Anthrax Outbreaks in Bangladesh, 2009–2010. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2012; 86(4):703–10. DOI: 10.4269/ajtmh.2012.11-0234.
15. Cherif A., Borin S., Rizzi A.A., Ouzari H., Boudabous A., Daffonchio D. *Bacillus anthracis* diverges from related clades of the *Bacillus cereus* group in 16S-23S ribosomal DNA intergenic transcribed spacers containing tRNA. *Appl. Environ. Microbiol.* 2003; 69(1):33–40.
16. Dey R., Hoffman P.S., Glomski I.J. Germination and amplification of anthrax spores by soil dwelling amoeba. *Appl Environ Microbiol.* 2012; 78(22):8075–81. DOI: 10.1128/AEM.02034-12.
17. Fisher N., Hanna P. Characterization of *Bacillus anthracis* germinant receptors in vitro. *J. Bacteriol.* 2005; 187(23):8055–62. DOI: 10.1128/JB.187.23.8055-8062.2005.
18. Grunow R., Klee S.R., Beyer W., George M., Grunow D., Barduhn A., Klar S., Jacob D., Elschner M., Sandven P., Kjerulf A., Jensen J.S., Cai W., Zimmermann R., Schaade L. Anthrax among heroin users in Europe possibly caused by same *Bacillus anthracis* strain since 2000. *Euro Surveill.* 2013; 18(13):pii=20437.
19. Holzmann T., Frangoulidis D., Simon M., Noll P., Schmoldt S., Hanczaruk M., Grass G., Pregler M., Sing A., Hörmansdorfer S., Bernard H., Grunow R., Zimmermann R., Schneider-Brachert W., Gessner A., Reischl U. Fatal anthrax infection in a heroin user from southern Germany, June 2012. *Euro Surveill.* 2012; 17(26):pii=20204.
20. Inhalation anthrax associated with dried animal hides-Pennsylvania and New York City, 2006. MMWR Morb Mortal Wkly Rep. 2006; 55(10):280–2.
21. Jernigan D.B., Raghunathan P.L., Bell B.P., Brechner R., Bresnitz E.A., Butler J.C., Cetron M., Cohen M., Doyle T., Fischer M., Greene C., Griffith K.S., Guarner J., Hadler J.L., Hayslett J.A., Meyer R., Petersen L.R., Phillips P., Pinner R., Popovic T., Quinn C.P., Reefhuis J., Reissman D., Rosenstein N., Schuchat A., Shieh W.-J., Siegal L., Swerdlow D.L., Tenover F.C., Traeger M., Ward J.W., Weisfuse L., Wiersma S., Yeskey K., Zaki S., Ashford D.A., Perkins B.A., Ostroff S., Hughes J., Fleming D., Koplan J.P., Gerberding J.L., the National Anthrax Epidemiologic Investigation Team. Investigation of bioterrorism-related anthrax, United States, 2001: epidemiologic findings. *Emerg. Infect. Dis.* 2002; 8(10):1019–28. DOI: 10.3201/eid0810.020353.
22. Joyner T.A., Lukhnova L., Pazilov Y., Temiralyeva G., Hugh-Jones M.E., Aikimbayev A., Blackburn J.K. Modeling the potential distribution of *Bacillus anthracis* under multiple climate change scenarios for Kazakhstan. *PLoS ONE.* 2010; 5(3):e9596. DOI: 10.1371/journal.pone.0009596.
23. Keim P., Grunow R., Vipond R., Grass G., Hoffmaster A., Birdsall D.N., Klee S.R., Pullan S., Antwerpen M., Bayer B.N., Latham J., Wiggins K., Hepp C., Pearson T., Brooks T., Sahl J., Wagner D.M. Whole Genome Analysis of Injected Anthrax Identifies Two Disease Clusters Spanning More Than 13 Years. *EBioMedicine.* 2015; 2(11):1613–8. DOI: 10.1016/j.ebiom.2015.10.004.
24. Keim P., Van Ert M.N., Pearson T., Vogler A.J., Huynh L.Y., Wagner D.M. Anthrax molecular epidemiology and forensics: using the appropriate marker for different evolutionary scales. *Infect. Genet. Evol.* 2004; 4(3):205–13. DOI: 10.1016/j.meegid.2004.02.005.
25. Klee S.R., Ozel M., Appel B., Boesch C., Ellerbrok H., Jacob D., Holland G., Leendertz F.H., Pauli G., Grunow R., Nattermann H. Characterization of *Bacillus anthracis*-like bacteria isolated from wild great apes from Côte d'Ivoire and Cameroon. *J. Bacteriol.* 2006; 188(15):5333–44. DOI: 10.1128/JB.00303-06.
26. Leendertz F.H., Yumlu S., Pauli G., Boesch C., Couacy-Hymann E., Vigilant L., Junglen S., Schenk S., Ellerbrok H. A new *Bacillus anthracis* found in wild chimpanzees and a gorilla from West and Central Africa. *PLoS Pathog.* 2006; 2(1):e8. DOI: 10.1371/journal.ppat.0020008.
27. Leendertz F.H., Ellerbrok H., Boesch C., Couacy-Hymann E., Mätz-Rensing K., Hakenbeck R., Bergmann C., Abaza P., Junglen S., Moebius Y., Vigilant L., Formenty P., Pauli G. Anthrax kills wild chimpanzees in a tropical rainforest. *Nature.* 2004; 430(6998):451–2. DOI: 10.1038/nature02722.
28. Meselson M., Guillemin J., Hugh-Jones M., Langmuir A., Popova I., Shelokov A., Yampolskaya O. The Sverdlovsk anthrax outbreak of 1979. *Science.* 1994; 266(5188):1202–8. DOI: 10.1126/science.7973702.
29. Mullins J., Lukhnova L., Aikimbayev A., Pazilov Y., Van Ert M., Blackburn J.K. Ecological niche modelling of the *Bacillus anthracis* A1 a sub-lineage in Kazakhstan. *BMC Ecol.* 2011; 11:32. DOI: 10.1186/1472-6785-11-32.
30. Mullins J.C., Garofolo G., Van Ert M., Fasanella A., Lukhnova L., Hugh-Jones M.E., Blackburn J.K. Ecological niche modeling of *Bacillus anthracis* on three continents: evidence for genetic-ecological divergence? *PLoS ONE.* 2013; 8(8):e72451. DOI: 10.1371/journal.pone.0072451.
31. Mullins J.C., Van Ert M., Hadfield T., Nikolich M.P., Hugh-Jones M.E., Blackburn J.K. Spatio-temporal patterns of an anthrax outbreak in white-tailed deer, *Odocoileus virginianus*, and associated genetic diversity of *Bacillus anthracis*. *BMC Ecol.* 2015; 15:23. DOI: 10.1186/s12898-015-0054-8.
32. Okinaka R., Pearson T., Keim P. Anthrax, but not *Bacillus anthracis*? *PLoS Pathog.* 2006; 2(11):e122. DOI: 10.1371/journal.ppat.0020122.
33. Radun D., Bernard H., Altmann M., Schöneberg I., Bochat V., van Treeck U., Rippe R., Grunow R., Elschner M., Biederbick W., Krause G. Preliminary case report of fatal anthrax in an injecting drug user in North-Rhine-Westphalia, Germany, December 2009. *Euro Surveill.* 2010; 15(2):pii=19464.
34. Ramsay C.N., Stirling A., Smith J., Hawkins G., Brooks T., Hood J., Penrice G., Browning L.M., Ahmed S. An outbreak of infection with *Bacillus anthracis* in injecting drug users in Scotland. *Euro Surveill.* 2010; 15(2):pii=19465.
35. Saile E., Koehler T.M. *Bacillus anthracis* multiplication, persistence, and genetic exchange in the rhizosphere of grass plants. *Appl. Environ. Microbiol.* 2006; 72(5):3168–74. DOI: 10.1128/AEM.72.5.3168-3174.2006.
36. Schuch R., Fischetti V.A. The secret life of the anthrax agent *Bacillus anthracis*: bacteriophage-mediated ecological adaptations. *PLoS ONE.* 2009; 4(8):e6532. DOI: 10.1371/journal.pone.0006532.
37. Schwieger F., Tebbe C.C. A new approach to utilize PCR-single strand conformation polymorphism for 16S rRNA gene-based microbial community analysis. *Appl. Environ. Microbiol.* 1998; 64(12):4870–76.
38. Shury T.K., Frandsen D., O'Brodivich L. Anthrax in free-ranging bison in the Prince Albert National Park area of Saskatchewan in 2008. *Can. Vet. J.* 2009; 50(2):152–4.
39. Turnbull P.C., Hutson R.A., Ward M.J., Jones M.N., Quinn C.P., Finnie N.J., Duggleby C.J., Kramer J.M., Melling J. *Bacillus anthracis* but not always anthrax. *J. Appl. Bacteriol.* 1992; 72(1):21–8.
40. Van Ness G., Stein C.D. Soils of the United States favorable for anthrax. *J. Am. Vet. Med. Assoc.* 1956; 128(1):7–12.
41. Van Ness G.B. Ecology of anthrax. *Science.* 1971; 172(3990):1303–7.
42. Zwick M.E., Joseph S.J., Didelot X., Chen P.E., Bishop-Lilly K.A., Stewart A.C., Willner K., Nolan N., Lentz S., Thomason M.K., Sozhamannan S., Mieczyn A.J., Du L., Read T.D. Genomic characterization of the *Bacillus cereus* sensu lato species: backdrop to the evolution of *Bacillus anthracis*. *Genome Res.* 2012; 22(8):1512–24. DOI: 10.1101/gr.134437.111.

References

1. Eremenko E.I., Ryazanova A.G., Tsygankova O.I., Tsygankova E.A., Buravtseva N.P., Kulichenko A.N. [Genotypical variability of *Bacillus anthracis* strains isolated in the Caucasus Region]. *Mol. Genet., Mikrobiol. Virusol.* 2012; 2:26–9.
2. Kulichenko A.N., ed. [Anthrax in the North Caucasus]. Maikop; 2016. 198 p.
3. Ryazanova A.G., Eremenko E.I., Buravtseva N.P., Tsygankova O.I., Tsygankova E.A., Akseanova L.Yu., Golovinskaya T.M., Kulichenko A.N. [Anthrax epidemiological situation in the Russian Federation; analysis of morbidity in 2010, prognosis for 2011]. *Probl. Osobo Opasn. Infekt.* 2011; 1(107):42–5.
4. Selyaninov Yu.O., Egorova I.Yu., Kolbasov D.V. [Anthrax in Yamal. Causes of emergence and problems of diagnostics]. *Veterinaria.* 2016; 10:3–7.
5. Cherkassky B.L., editor. [Cadastre of anthrax stationary unfavorable points in Russian Federation]. M.: INTERSEN; 2005. 829 p.
6. Anaraki S., Addiman S., Nixon G., Krahé D., Ghosh R., Brooks T.,

- Lloyd G., Spencer R., Walsh A., McCloskey B., Lightfoot N. Investigations and control measures following a case of inhalation anthrax in East London in a drum maker and drummer, October 2008. *Euro Surveill.* 2008; 13(51):pii=19076.
7. Anthrax in humans and animals. 4th ed. WHO, FAO, OIE; 2008. 219 p. Available from: http://apps.who.int/iris/bitstream/10665/97503/1/9789241547536_eng.pdf/
8. Barro A.S., Fegan M., Moloney B., Porter K., Muller J., Warner S., Blackburn J.K. Redefining the Australian Anthrax Belt: Modeling the Ecological Niche and Predicting the Geographic Distribution of *Bacillus anthracis*. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2016; 10(6): e0004689. DOI: 10.1371/journal.pntd.0004689.
9. Berger T., Kassirer M., Aran A.A. Injectional anthrax – new presentation of an old disease. *Euro Surveill.* 2014; 19(32): pii=20877. DOI: 10.2807/1560-7917.ES2014.19.32.20877.
10. Blackburn J.K., McNyset K.M., Curtis A., Hugh-Jones M.E. Modeling the Geographic Distribution of *Bacillus anthracis*, the Causative Agent of Anthrax Disease, for the Contiguous United States using Predictive Ecologic Niche Modeling. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2007; 77(6):1103–10.
11. Brachman P.S., Kaufman A.F., Dalldorf F.G. Industrial inhalation Anthrax. *Bacteriol. Rev.* 1966; 30(3):646–59.
12. Brézillon C., Haustant M., Dupke S., Corre J.P., Lander A., Franz T., Monot M., Couture-Tosi E., Jouvion G., Leendertz F.H., Grunow R., Mock M.E., Klee S.R., Goossens P.L. Capsules, Toxins and AtxA as Virulence Factors of Emerging *Bacillus cereus* Bivovar *anthracis*. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2015; 9(4):e0003455. DOI: 10.1371/journal.pntd.0003455.
13. Caugrant D.A., Fossum K., Hoel T., Høiby E.A., Iversen B.G., Jensenius M., Ringertz S.H. Systemic anthrax in an injecting drug user: Oslo, Norway April 2000. *Euro Surveill.* 2000; 4(19): pii=1605.
14. Chakraborty A., Khan S.U., Hasnat M.A., Parveen S., Islam M.S., Mikolon A., Chakraborty R.K., Ahmed B.N., Ara K., Haider N., Zaki S.R., Hoffmaster A.R., Rahman M., Luby S.P., Hossain M.J. Anthrax Outbreaks in Bangladesh, 2009–2010. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2012; 86(4):703–10. DOI: 10.4269/ajtmh.2012.11-0234.
15. Cherif A., Borin S., Rizzi A.A., Ouzari H., Boudabous A., Daffonchio D. *Bacillus anthracis* diverges from related clades of the *Bacillus cereus* group in 16S-23S ribosomal DNA intergenic transcribed spacers containing tRNA. *Appl. Environ. Microbiol.* 2003; 69(1):33–40.
16. Dey K., Hoffman P.S., Glomski I.J. Germination and amplification of anthrax spores by soil dwelling amoeba. *Appl Environ Microbiol.* 2012; 78(22):8075–81. DOI: 10.1128/AEM.02034-12.
17. Fisher N., Hanna P. Characterization of *Bacillus anthracis* germinant receptors in vitro. *J. Bacteriol.* 2005; 187(23):8055–62. DOI: 10.1128/JB.187.23.8055-8062.2005.
18. Grunow R., Klee S.R., Beyer W., George M., Grunow D., Barduhn A., Klar S., Jacob D., Elschner M., Sandven P., Kjerulf A., Jensen J.S., Cai W., Zimmermann R., Schaade L. Anthrax among heroin users in Europe possibly caused by same *Bacillus anthracis* strain since 2000. *Euro Surveill.* 2013; 18(13):pii=20437.
19. Holzmann T., Frangoulidis D., Simon M., Noll P., Schmoltd S., Hanczaruk M., Grass G., Pregler M., Sing A., Hörmansdorfer S., Bernard H., Grunow R., Zimmermann R., Schneider-Brachert W., Gessner A., Reischl U. Fatal anthrax infection in a heroin user from southern Germany, June 2012. *Euro Surveill.* 2012; 17(26):pii=20204.
20. Inhalation anthrax associated with dried animal hides-Pennsylvania and New York City, 2006. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2006; 55(10):280–2.
21. Jernigan D.B., Raghunathan P.L., Bell B.P., Brechner R., Bresnitz E.A., Butler J.C., Cetron M., Cohen M., Doyle T., Fischer M., Greene C., Griffith K.S., Guarnier J., Hadler J.L., Hayslett J.A., Meyer R., Petersen L.R., Phillips M., Pinner R., Popovic T., Quinn C.P., Reefhuis J., Reissman D., Rosenstein N., Schuchat A., Shieh W.-Ju., Siegal L., Swerdlow D.L., Tenover F.C., Traeger M., Ward J.W., Weisfuse I., Wiersma S., Yeskey K., Zaki S., Ashford D.A., Perkins B.A., Ostroff S., Hughes J., Fleming D., Koplan J.P., Gerberding J.L., the National Anthrax Epidemiologic Investigation Team. Investigation of bioterrorism-related anthrax, United States, 2001: epidemiologic findings. *Emerg. Infect. Dis.* 2002; 8(10):1019–28. DOI: 10.3201/eid0810.020353.
22. Joyner T.A., Likhnova L., Pazilov Y., Temiralyeva G., Hugh-Jones M.E., Aikimbayev A., Blackburn J.K. Modeling the potential distribution of *Bacillus anthracis* under multiple climate change scenarios for Kazakhstan. *PLoS ONE.* 2010; 5(3):e9596. DOI: 10.1371/journal.pone.0009596.
23. Keim P., Grunow R., Vipond R., Grass G., Hoffmaster A., Birdsell D.N., Klee S.R., Pullan S., Antwerpen M., Bayer B.N., Latham J., Wiggins K., Hepp C., Pearson T., Brooks T., Sahl J., Wagner D.M. Whole Genome Analysis of Injectional Anthrax Identifies Two Disease Clusters Spanning More Than 13 Years. *EBioMedicine.* 2015; 2(11):1613–8. DOI: 10.1016/j.ebiom.2015.10.004.
24. Keim P., Van Ert M.N., Pearson T., Vogler A.J., Huynh L.Y., Wagner D.M. Anthrax molecular epidemiology and forensics: using the appropriate marker for different evolutionary scales. *Infect. Genet. Evol.* 2004; 4(3):205–13. DOI: 10.1016/j.meegid.2004.02.005.
25. Klee S.R., Ozel M., Appel B., Boesch C., Ellerbrok H., Jacob D., Holland G., Leendertz F.H., Pauli G., Grunow R., Nattermann H. Characterization of *Bacillus anthracis*-like bacteria isolated from wild great apes from Côte d'Ivoire and Cameroon. *J. Bacteriol.* 2006; 188(15):5333–44. DOI: 10.1128/JB.00303-06.
26. Leendertz F.H., Yumlu S., Pauli G., Boesch C., Couacy-Hymann E., Vigilant L., Junglen S., Schenk S., Ellerbrok H. A new *Bacillus anthracis* found in wild chimpanzees and a gorilla from West and Central Africa. *PLoS Pathog.* 2006; 2(1):e8. DOI: 10.1371/journal.ppat.0020008.
27. Leendertz F.H., Ellerbrok H., Boesch C., Couacy-Hymann E., Mätz-Rensing K., Hakenbeck R., Bergmann C., Abaza P., Junglen S., Moebius Y., Vigilant L., Formenty P., Pauli G. Anthrax kills wild chimpanzees in a tropical rainforest. *Nature.* 2004; 430(6998):451–2. DOI: 10.1038/nature02722.
28. Meselson M., Guillemin J., Hugh-Jones M., Langmuir A., Popova I., Shelokov A., Yampolskaya O. The Sverdlovsk anthrax outbreak of 1979. *Science.* 1994; 266(5188):1202–8. DOI: 10.1126/science.7973702.
29. Mullins J., Likhnova L., Aikimbayev A., Pazilov Y., Van Ert M., Blackburn J.K. Ecological niche modelling of the *Bacillus anthracis* A1 a sub-lineage in Kazakhstan. *BMC Ecol.* 2011; 11:32. DOI: 10.1186/1472-6785-11-32.
30. Mullins J.C., Garofolo G., Van Ert M., Fasanella A., Likhnova L., Hugh-Jones M.E., Blackburn J.K. Ecological niche modeling of *Bacillus anthracis* on three continents: evidence for genetic-ecological divergence? *PLoS ONE.* 2013; 8(8):e72451. DOI: 10.1371/journal.pone.0072451.
31. Mullins J.C., Van Ert M., Hadfield T., Nikolich M.P., Hugh-Jones M.E., Blackburn J.K. Spatio-temporal patterns of an anthrax outbreak in white-tailed deer, *Odocoileus virginianus*, and associated genetic diversity of *Bacillus anthracis*. *BMC Ecol.* 2015; 15:23. DOI: 10.1186/s12898-015-0054-8.
32. Okinaka R., Pearson T., Keim P. Anthrax, but not *Bacillus anthracis*? *PLoS Pathog.* 2006; 2(11):e122. DOI: 10.1371/journal.ppat.0020122.
33. Radun D., Bernard H., Altmann M., Schöneberg I., Bochat V., van Treeck U., Rippe R., Grunow R., Elschner M., Biederbeck W., Krause G. Preliminary case report of fatal anthrax in an injecting drug user in North-Rhine-Westphalia, Germany, December 2009. *Euro Surveill.* 2010; 15(2):pii=19464.
34. Ramsay C.N., Stirling A., Smith J., Hawkins G., Brooks T., Hood J., Penrice G., Browning L.M., Ahmed S. An outbreak of infection with *Bacillus anthracis* in injecting drug users in Scotland. *Euro Surveill.* 2010; 15(2):pii=19465.
35. Saile E., Koehler T.M. *Bacillus anthracis* multiplication, persistence, and genetic exchange in the rhizosphere of grass plants. *Appl. Environ. Microbiol.* 2006; 72(5):3168–74. DOI: 10.1128/AEM.72.5.3168-3174.2006.
36. Schuch R., Fischetti V.A. The secret life of the anthrax agent *Bacillus anthracis*: bacteriophage-mediated ecological adaptations. *PLoS ONE.* 2009; 4(8):e6532. DOI: 10.1371/journal.pone.0006532.
37. Schwieger F., Tebbe C.C. A new approach to utilise PCR-single strand conformation polymorphism for 16S rRNA gene-based microbial community analysis. *Appl. Environ. Microbiol.* 1998; 64(12):4870–76.
38. Shury T.K., Frandsen D., O'Brodivich L. Anthrax in free-ranging bison in the Prince Albert National Park area of Saskatchewan in 2008. *Can. Vet. J.* 2009; 50(2):152–4.
39. Turnbull P.C., Hutson R.A., Ward M.J., Jones M.N., Quinn C.P., Finnie N.J., Duggleby C.J., Kramer J.M., Melling J. *Bacillus anthracis* but not always anthrax. *J. Appl. Bacteriol.* 1992; 72(1):21–8.
40. Van Ness G., Stein C.D. Soils of the United States favorable for anthrax. *J. Am. Vet. Med. Assoc.* 1956; 128(1):7–12.
41. Van Ness G.B. Ecology of anthrax. *Science.* 1971; 172(3990):1303–7.
42. Zwick M.E., Joseph S.J., Didelot X., Chen P.E., Bishop-Lilly K.A., Stewart A.C., Willner K., Nolan N., Lentz S., Thomason M.K., Sozhamannan S., Maticzka A.J., Du L., Read T.D. Genomic characterization of the *Bacillus cereus* sensu lato species: backdrop to the evolution of *Bacillus anthracis*. *Genome Res.* 2012; 22(8):1512–24. DOI: 10.1101/gr.134437.111.

Authors:

Eremenko E.I., Ryazanova A.G., Buravtseva N.P. Stavropol Research Anti-Plague Institute. 13–15, Sovetskaya St., Stavropol, 355035, Russian Federation. E-mail: snipchi@mail.stv.ru.

Об авторах:

Еременко Е.И., Рязанова А.Г., Буравцева Н.П. Ставропольский научно-исследовательский противочумный институт. Российская Федерация, 355035, Ставрополь, ул. Советская, 13–15. E-mail: snipchi@mail.stv.ru.

Поступила 24.01.17.