Пробл. особо опасных инф. 2018; 1:36–43. **DOI: 10.21055/0370-1069-2018-1-36-43**

УДК: 616.932(470)

Э.А.Москвитина[1], Е.Г.Тюленева[1], В.Д.Кругликов[1], С.В.Титова[1], А.С.Водопьянов[1], М.Л.Куриленко[1], Н.Д.Пакскина[2], С.М.Иванова[3], Г.Б.Анисимова[1], С.О.Водопьянов[1], И.П.Олейников[1]

ХОЛЕРА: ОЦЕНКА ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОЙ ОБСТАНОВКИ В МИРЕ И РОССИИ В 2008–2017 гг. ПРОГНОЗ НА 2018 г.

[1]ФКУЗ «Ростовский-на-Дону научно-исследовательский противочумный институт», Ростов-на-Дону, Российская Федерация; [2]Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Москва, Российская Федерация; [3]ФКУЗ «Противочумный центр», Москва, Российская Федерация

В мире в 2017 г. продолжается тенденция снижения заболеваемости холерой (относительно 2008 г.) при среднем ежегодном темпе -1,113 %. Установлена тенденция роста интенсивных помесячных показателей заболеваемости холерой в мире в 2017 г. по сравнению с 2015 и 2016 гг. Выявлено 25 стран с 70 эндемичными территориями, 11734 импортированных случая холеры на различные континенты с преобладанием межгосударственных заносов в Азии. В России имели место заносы холеры в 2008, 2010, 2012 и 2014 гг. из Индии. Из поверхностных водоемов выделены *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор *ctxA⁻tcpA⁻*, *ctxA⁻tcpA⁺* и *V. cholerae* O139 *ctxA⁻* и *tcpA⁻* , а также единичные *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор *ctxA⁺tcpA⁺*. При INDEL-типировании 242 штаммов *V. cholerae* O1 из объектов окружающей среды (2014–2017 гг.) получены данные о принадлежности к одному кластеру *V. cholerae* O1 *ctxA⁻tcpA⁺* и, наряду с генетическим разнообразием *V. cholerae* O1 *ctxA⁻tcpA⁻* в ряде регионов, ежегодно были изолированы штаммы одного или близкородственных генотипов. Впервые для прогноза разработана оценка риска активизации эпидемического процесса при холере в России с учетом различных факторов (условий), их градации и экспертной оценки в баллах. Прогноз по холере на глобальном уровне и в России на 2018 г. неблагоприятный.

Ключевые слова: холера, эпидемиологическая обстановка, заносы, эндемичные территории, *V. cholerae* O1, *V. cholerae* O139, прогноз.

Корреспондирующий автор: Москвитина Эльза Афанасьевна, e-mail: plague@aaanet.ru.

E.A.Moskvitina[1], E.G.Tyuleneva[1], V.D.Kruglikov[1], S.V.Titova[1], A.S.Vodop'yanov[1], M.L.Kurilenko[1], N.D.Pakskina[2], S.M.Ivanova[3], G.B.Anisimova[1], S.O.Vodop'yanov[1], I.P.Oleynikov[1]

Cholera: Assessment of Epidemiological Situation on Cholera around the World and in Russia in 2008–2017. Forecast for 2018

[1]Rostov-on-Don Research Anti-Plague Institute, Rostov-on- Don, Russian Federation; [2]Federal Service for Surveillance in the Sphere of Consumers Rights Protection and Human Welfare, Moscow , Russian Federation; [3]Plague Control Center, Moscow, Russian Federation

The trend of morbidity reduction at an average annual rate of 1.113 % in 2017 (in comparison to 2008) continues. The tendency of intensive monthly cholera incidence growth around the world in 2017 in relation to 2015 and 2016 is established. 25 countries with 70 endemic areas and 11734 imported cases of cholera onto different continents with predominance of interstate carrying of infection in Asia were identified. In Russia in 2008, 2010, 2012 and 2014 cholera importations from India have been registered. *V. cholerae* O1 biovar El Tor ctxA⁻tcpA⁻, ctxA⁻tcpA⁺, *V. cholerae* O139 ctxA⁻ and tcpA⁻ and singular *V. cholerae* O1 biovar El tor ctxA⁺tcpA⁺ strains were isolated from surface water bodies. INDEL typing of 242 *V. cholerae* O1 strains, isolated from environmental objects (2014–2017), provided the data which confirmed their belonging to common cluster of *V. cholerae* O1 ctxA⁻tcpA⁺. Along with genetic diversity of *V. cholerae* O1 ctxA⁻tcpA⁻, several strains of the same or closely related genotypes in some regions were isolated every year. For the first time ever the algorithm for risk of epidemic process activation assessment in case of cholera in Russia, taking into account the various factors (conditions), their gradation and expert scores, has been developed for the prediction. The forecast for cholera at the global level and in Russia for 2018 is unfavorable.

Key words: cholera, epidemiological situation, importation, endemic areas, *V. cholerae* O1, *V. cholerae* O139, forecast.

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

Corresponding author: Elza A. Moskvitina, e-mail: plague@aaanet.ru.

Citation: Moskvitina E.A., Tyuleneva E.G., Kruglikov V.D., Titova S.V., Vodop'yanov A.S., Kurilenko M.L., Pakskina N.D., Ivanova S.M., Anisimova G.B., Vodop'yanov S.O., Oleynikov I.P. Cholera: Assessment of Epidemiological Situation on Cholera around the World and in Russia in 2008–2017. Forecast for 2018. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections].* 2018; 1:36–43. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2018-1-36-43

Холера продолжает оставаться значимой проблемой для здравоохранения многих стран мира, что, в свою очередь, определяет организацию и проведение, а также выработку приоритетных направлений профилактической деятельности, предусмотренных на международном, региональном и национальном уровнях [3, 38, 45]. При этом мониторинг динамики заболеваемости холерой, а также контаминации холерными вибрионами O1 и O139 серогрупп поверхностных водоемов и других объектов окружающей среды, составляет основу эффективных, целенаправленных, превентивных и контрольных противохолерных мероприятий.

Использованы сведения проблемно-ориентированных баз данных «Холера Эль-Тор. Эпидемиологический анализ заболеваемости в мире», «Холера

Эль-Тор. Эпидемиологический анализ заболеваемости в СНГ, России»; «Холерные вибрионы. Россия». Формирование их проводили с использованием сведений из Weekly Epidemiological Record of World Health Organization [11–19], ProMED-mail post [http://www.promedmail.org] (2017 г.), с сайта http://www.mspp.gouv.ht/site/index.php, Documentation-MSSP, научных публикаций из поисковой системы PubMed.

Проведен анализ данных о выделении холерных вибрионов О1 и О139 серогрупп из поверхностных водоемов и других объектов окружающей среды (2008–2017 гг.) с учетом информации, поступающей в Референс-центр по мониторингу за холерой из противочумных учреждений, Управлений Роспотребнадзора и ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии» в субъектах Российской Федерации, паспортных данных на штаммы после их окончательной идентификации. Проведено INDEL-типирование 242 штаммов *V. cholerae O1,* в том числе *V. cholerae O1 ctxA⁻tcpA⁻* (232), *V. cholerae O1 ctxA⁻tcpA⁺* (10), выделенных в 16-ти регионах России из поверхностных водоемов (2014–2017 гг.), с использованием девяти локусов по методике [2]. Вариабельность оценивали с помощью индекса разнообразия Симпсона (diversity index, DI) [47].

Кластерный анализ и построение дендрограммы проводили с использованием авторского программного обеспечения по методу UPGMA и программы MEGA 5 [48].

Статистическую обработку данных проводили по Е.Д.Савилову [9]. Текстовый и графический материал оформлен на персональном компьютере под управлением операционной системы MS Microsoft XP Professional и офисного пакета MS Office 2007.

В мире при мониторинге холеры на глобальном уровне установлено, что за период с 2008 по 2017 год зарегистрировано 2441973 больных холерой в 107 странах. Следует отметить, что в 2017 г., по данным ProMed [21], учтено 1215265 больных с подозрением на холеру, в том числе 1007013 в Азии, 205598 в Африке и 2654 в Америке. Основное количество больных с подозрением на холеру выявлено в Азии, в частности в Йемене. По мнению эксперта ВОЗ D.Legros, количество случаев с подозрением на холеру в Йемене нельзя точно проверить, и многие из них могут быть острой водянистой диареей, которая имеет аналогичные симптомы и лечение, но вызывается не холерным вибрионом [34]. Выявлена тенденция снижения заболеваемости в 2017 г. (относительно 2008 г.) при среднем ежегодном темпе -1,113 % (рис. 1). Прогноз на 2018 г. по линейной и полиномиальной линиям тренда показал сохраняющуюся тенденцию снижения заболеваемости с коэффициентами достоверности аппроксимации R^2=1 и R^2=0,11798 соответственно.

В структуре мировой заболеваемости наибольший удельный вес больных холерой приходится на Африканский континент – 54,7 % (1335665 больных), на Американском континенте он составил 34,81 % (850021), в Азии – 9,97 % (243567), Европе – 0,01 % (226), Австралии с Океанией – 0,51 % (12494). Показатели летальности в мире: 2008 г. – 3,06 %, 2015 г.– 0,76 %, 2017 г. – 3,06 %.

Установлено продолжение эпидемий и вспышек с переходом их с декабря на январь в 2016, 2017 и 2018 гг. в странах Карибского бассейна (Гаити), на Африканском континенте (Нигерия, Танзания, Демократическая Республика Конго (ДРК), Замбия, Малави), в Азии (Йемен).

При сравнительном анализе помесячной заболеваемости за 2015–2017 гг. установлено, что если в 2015 г. сезонные подъемы холеры имели место в январе (0,221 $^0/_{0000}$), мае (0,227) и октябре (0,204), а в 2016 г. в августе (0,553 $^0/_{0000}$), октябре (0,254) и ноябре (0,194), то в 2017 г. выявлены подъемы в апреле (0,685 $^0/_{0000}$), мае (0,615), июне (0,439), июле (0,522) и октябре (0,468) при среднемесячных показателях – 0,149, 0,188 и 0,333 $^0/_{0000}$ соответственно [20]. Приведенные данные свидетельствуют о тенденции роста интенсивных помесячных показателей заболеваемости холерой в мире, существовании различных эпидемиологических рисков, влияющих на активизацию эпидемического процесса, в том числе в различные сезоны года.

С 2008 по 2017 год выявлено 25 стран с 70 эндемичными территориями (на уровне штатов, провинций и других административных территорий), где холеру регистрировали без заносов извне три года и более: в Азии (Индия, Бангладеш, Непал, Пакистан, Малайзия и Вьетнам, 9 пораженных административных территорий); в Африке (Зимбабве, Кения, Замбия, Сомали, Уганда, Мозамбик, Нигерия, Камерун, Южный Судан, Танзания, Гана, Либерия, Ангола, ДРК, Нигер, Малави, 45 пораженных территорий); в странах Карибского Бассейна (Гаити, Доминиканская Республика и Куба, 16 пораженных территорий). При этом формирование новых эндемичных территорий в 2017 г. имело место в странах Африканского континента (Кения, Танзания, Малави, ДРК, Южный Судан), что указывает на продолжающееся, характерное для пандемии, распространение холеры с вовлечением новых территорий и опреде-

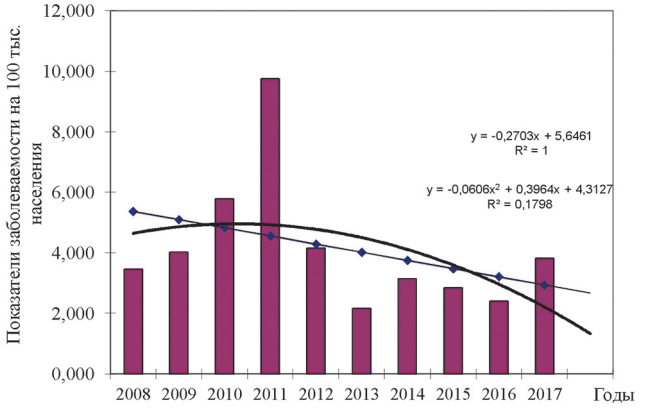

Рис. 1. Динамика заболеваемости холерой в мире. 2008–2017 гг.:

1 – линейная линия тренда с аппроксимацией (R^2=1) и сглаживанием; *2* – полиномиальная линия тренда с аппроксимацией (R^2=0,1798) и сглаживанием

ляет неблагоприятный прогноз по холере.

Эпидемиологическая обстановка усугублялась межконтинентальными и межгосударственными заносами холеры вследствие миграции населения – одного из основных эпидемиологических рисков, который при активизации эпидемического процесса определяет генез (завозное происхождение) и оказывает существенное влияние на интенсивность заболеваемости при ЧС различного происхождения. За последнее десятилетие в мире зарегистрировано 11734 импортированных случаев холеры, в том числе в Азии – 11228 (70,8 %), на Американском континенте – 249 (14,4 %), в Европе – 188 (10,8 %), Африке – 66 (3,8 %) и Австралии с Океанией – 3 (0,2 %). В 2008–2017 гг. имели место межконтинентальные заносы: из Азии в Европу (Великобритания, Дания, Финляндия, Франция, Германия, Швеция, Швейцария, Бельгия, Россия, Чехия); из стран Карибского Бассейна в Европу (Великобритания, Испания, Италия, Германия, Нидерланды), в страны Северной Америки (США и Канада), Центральной (Мексика) и Южной (Венесуэла); межгосударственные заносы: в странах Карибского бассейна – из Гаити, Доминиканской Республики и Кубы в Пуэрто-Рико, Сент-Мартин, Мартинику, на Багамские острова; в Азии – из Филиппин в Южную Корею, из Ирака в Сирию, Оман, Кувейт и Бахрейн, из Бангладеш в Оман и Индию, из Йемена в Саудовскую Аравию; в Африке – из Нигерии в Камерун и Танзанию, из Танзании в Бурунди, из Эфиопии и Южного Судана в Судан, из Южного Судана, ДРК и Бурунди в Уганду, из Центрально-Африканской Республики в ДРК; из Мозамбика в Малави, из ДРК в Бурунди [4, 23, 32].

Эпидемии и вспышки на всех континентах в последнее десятилетие вызваны *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор, сероваров Огава и Инаба, продуцирующими холерный токсин классического типа и содержащими в основном аллели гена B-субъединицы холерного токсина *ctxB1*, *ctxB7* и др. M.M.Das *et al.* (2016) отметили, что при фенотипическом и генетическом тестировании штаммов *V. cholerae* O1, выделенных в Сильвасе (Индия) [39] в 2012–2014 гг., наряду с прототипными штаммами Эль Тор, выявлен один прототипный штамм *V. cholerae* O1 классического биовара. При молекулярном типировании методом MLVA штаммов *V. cholerae* O1, обусловивших вспышки холеры в Иране (2012–2013 гг.), среди 30 изученных штаммов один штамм принадлежал к классическому биовару [46]. Вспышки и спорадические случаи холеры Бенгал периодически имели место в Индии и Китае [17, 40, 41].

В Азии сохранится тенденция роста заболеваемости в 2017 г. при среднем ежегодном темпе 6,595 % . Прогноз на 2018 г. по линейной, логарифмической и экспоненциальной линиям тренда – рост заболеваемости с коэффициентами достоверности аппроксимации R^2=1, R^2=0,1944 и R^2=0,2565 соответственно. Число пораженных холерой стран, в том числе с заносами, составило 29. Наибольшее число больных холерой имело место в Афганистане – 45481 и 58064 (2014 и 2015 гг.), Ираке – 4693 и 4965 (2012 и 2015 гг.), Индии – 1171, 6008 и 4031 (2012–2014 гг.), на Филиппинах – 4547 (2014 г.) и в Йемене – 31789, 10184 и 20466 (2011, 2016 и 2017 гг.). Необходимо отметить, что в Йемене в 2016 и 2017 гг. ЧС, способствующей активизации и интенсивным проявлениям эпидемического процесса, являлся внутренний военный конфликт и, как следствие, миграция населения внутри страны и за ее пределы с распространением инфекции, разрушенная инфраструктура, нерегулярный доступ к доброкачественной воде, нехватка медицинского персонала и медикаментов [21, 27, 31, 37]. ВОЗ классифицирует ситуацию в Йемене как тяжелейшую ЧС в мире наряду с Сирией, Южным Суданом, Нигерией и Ираком [26].

Фактором, способствующим активизации эпидемического процесса в Индии (штат Одиша) в 2017 г. являлось употребление населением контаминированной холерными вибрионами воды, использованной для приготовления национального напитка «Pana» [25]. Имел место занос холеры из Западной Бенгалии [35]. Летальность – от 0,05 % (2015 г.) до 10,42 % (2017 г.).

Сравнительный анализ полногеномных сиквенсов штаммов *V. cholerae* O1, выделенных от больных холерой в Калькутте и других регионах Индии в период 2007–2014 гг., показал их принадлежность к третьей волне седьмой пандемии. Установлена гетерогенность острова пандемичности VSP-II и гена субъединицы B холерного токсина (*ctxB*), а также наличие нескольких филогенетических линий и подлиний, сменивших друг друга с 2007 по 2014 год. По мнению D.Imamura *et al.* (2017 г.) [42], учитывая, что *V. cholerae* O1 во всех пандемиях распространяются из Бенгальского залива, высока вероятность распространения новых геновариантов с VSP-II и аллелью гена *ctxB* за пределы этого региона.

На Африканском континенте, наиболее затронутом во время текущей пандемии, выявлена тенденция снижения заболеваемости в 2017 г. (относительно 2008 г.) при среднем ежегодном темпе -0,052 %. Холера зарегистрирована в 45 странах. Прогноз на 2018 г. по линейной, степенной и экспоненциальной линиям тренда – снижение заболеваемости с коэффициентами достоверности аппроксимации R^2=1, R^2=0,3138 и R^2=0,2231 соответственно. При этом необходимо отметить, что показатель заболеваемости в 2017 г. (26,441 $^0/_{0000}$) находится практически на уровне 2008 г. (26,580 $^0/_{0000}$). Наиболее высокие показатели заболеваемости холерой отмечены в Зимбабве – 60055 больных (2008 г.), Анголе – 10511 (2008 г.), Эфиопии – 31509 (2009 г.), Мозамбике – 19679 (2009 г.), Камеруне – 22433 (2011 г.), Сомали – 77636 (2011 г.), ДРК – 33661 (2012 г.), Южном Судане – 6421 (2014 г.), Нигерии – 35996 (2014 г.), Кении – 13291 (2015 г.) и Танзании – 13694 (2016 г.).

В 2017 г. зарегистрированы высокие показатели заболеваемости холерой в Северном (Судан – 18773 больных, Южный Судан – 14452), Западном (Нигерия – 7726), Центральном (ДРК – 39090) и

Восточном (Сомали – 78784, Эфиопия – 26966) регионах Африки. Активизация эпидемического процесса и его последующие проявления обусловлены ЧС социального характера (военно-политические конфликты, войны), которые повлекли за собой миграцию населения с внутригосударственными заносами в Южном Судане [22, 30], ДРК, [22], Сомали [24], Нигерии [33]. Ситуация осложнялась ЧС, способствующими также активизации эпидемического процесса за счет природных условий, таких как засуха в Эфиопии, Сомали и ДРК [22, 29, 36], длительные проливные дожди (Нигерия, Судан и Южный Судан [28, 32, 33]). Летальность варьировала – в 2008 г. составила 3,2 %, в 2015 г. 1,3 %, а в 2017 г. 2,4 %.

Учитывая, что возбудители холеры *V. cholerae* O1 и *V. cholerae* O139 являются системообразующими факторами в возникновении эпидемического процесса, актуальными в этом плане являются исследования по изучению молекулярно-генетических свойств штаммов, циркулирующих на Африканском континенте [41, 43, 44]. Н.Б.Челдышевой с соавт. (2017 г.) при анализе и изучении молекулярно-генетических свойств штаммов *V. cholerae* El Tor, циркулирующих на Африканском континенте, показано, что наряду с заносами в Зимбабве (2003 г.), ЮАР (2009 г.) и Камерун (2010 г.) генетически измененных вариантов *V. cholerae* El Tor с большим числом SNP_s, с новой аллелью гена *ctxB* (*ctxB7*) из Азии со второй и третьей волной пандемии, на территории Замбии, Кении и Танзании, расположенных в районе Великих Африканских озер, где сформировались вторичные эндемичные очаги, штаммы являлись геновариантами, но вошли в самостоятельный кластер. Безусловный интерес представляют данные Fr.-X.Weill *et al.* (2017 г.) [50] по анализу геномов 651 штамма *V. cholerae* El Tor, выделенного в период седьмой пандемии, их пространственно-временному распространению в Африке с учетом неоднократных межконтинентальных (из Азии) и внутригосударственных заносов [10].

В Америке. Холера выявлена в 14 странах Карибского бассейна, Центральной, Южной и Северной Америки.

В страны Карибского бассейна. В Гаити и Доминиканской Республике в 2017 г. продолжалось снижение уровня заболеваемости холерой (относительно 2010 и 2011 гг.), на Кубе и в других странах холера не выявлена.

В Республике Гаити. По данным Министерства здравоохранения и народонаселения Республики Гаити (Ministère de la Santé Publique et de la Population (MSPP), с 18.10.2010 г. (начало эпидемии) по 30.12.2017 г. в стране зарегистрировано 816000 больных холерой, 9748 смерти; летальность от 0,91 % (2016 г.) до 2,43 % (2010 г.), в 2017 г. – 0,98 %. Выявлена тенденция снижения заболеваемости холерой в 2017 г. (относительно 2010 г.) при среднем ежегодном темпе -30,763 %.

Центральная Америка. В Мексике зарегистрированы больные холерой в 2008 г. (1 больной), в 2010–2012 гг. (1, 1, 2). В 2013 г. имела место вспышка с 187 больными холерой, в 2014 г. выявлено 14 больных, в 2015 г. – 1.

Южная Америка. Зарегистрировано 64 больных холерой, в том числе в Бразилии – 1 (2011 г.), Венесуэле – 49 и 4 (2011 и 2013 гг.), Парагвае – 5 (2009 г.), Чили – 1, 2 и 1 (2011, 2013 и 2014 гг.).

Северная Америка. С 2008 по 2017 год импортировано в США 118 и в Канаду 20 заносов холеры без распространения возбудителя инфекции.

В Европе. Заносы холеры имели место в Великобританию (2008–2016 гг.), Францию (2008–2009, 2011 г., 2014–2015 г.), Испанию (2008, 2013, 2015 гг.), Финляндию (2008 г.), Данию (2008, 2016 гг.), Нидерланды (2008, 2013, 2016 гг.), Германию (2010, 2011, 2013–2016 гг.), Швецию (2011, 2015 гг.), Украину (2011, 2016 гг.), Италию (2013 г.), Норвегию (2015 г.), Швейцарию (2015 г.) и Чехию (2017 г.). В 2016–2017 гг. в Мелитополе и Запорожье (Украина), выявлено по два больных холерой с выделением нетоксигенных (авирулентных) штаммов *V. cholerae* O1 серовара Огава [49]. Распространения инфекции, кроме Украины (2011 г.), в странах Европы не отмечалось.

В Австралии и Океании. За анализируемый период зарегистрированы крупные вспышки холеры в Папуа-Новая Гвинея – 1957 случаев холеры (2009 г.), 8997 (2010 г.) и 1535 (2011 г.). Имели место заносы в Австралию (2010–2014 и 2016 гг.) без распространения возбудителя инфекции.

В странах СНГ. В ноябре 2017 г. отмечено два случая завоза холеры в Казахстан из Индии. В середине августа 2017 г. на сайте Министерства здравоохранения Украины было опубликовано сообщение о холере. Подтверждено четыре случая заболевания в Запорожье.

В России. Эпидемические проявления по холере (2008–2017 гг.) характеризовались заносами инфекции российскими гражданами, возвратившимися из Индии в Башкортостан (2008 г.) и Москву (2010, 2012, 2014 гг.), без последующего распространения возбудителя инфекции.

В этот период установлена в 29 субъектах контаминация *V. cholerae* O1 и *V. cholerae* O139 серогрупп поверхностных водоемов, используемых в качестве источников водоснабжения и водопользования. Из объектов окружающей среды изолирован 741 штамм *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор, в том числе *V. cholerae* $ctxA^+tcpA^+$– 10 (Республика Крым – 8 штаммов (2010 г.), Ростовская область – 2 (2011 и 2014 гг.), *V. cholerae* $ctxA^-tcpA^+$ – 33, *V. cholerae* $ctxA^-tcpA^-$ – 692 и *V. cholerae* O139 $ctxA^-tcpA^-$ – 6.

Определена продолжительность выделения *V. cholerae* O1 и *V. cholerae* O139 из поверхностных водоемов за анализируемый период с использованием индекса продолжительности выделения холерных вибрионов из поверхностных водоемов (ИПХВ), равному отношению продолжительности мониторинга холеры объектов окружающей среды (в годах) с выявленной контаминацией холерными вибрио-

нами к продолжительности мониторинга (в годах). Для оценки продолжительности выделения холерных вибрионов проведено ранжирование рассчитанных значений ИПХВ, с учетом которых выделены группы административных районов с низкими (0,1–0,2), повышенными (0,3–0,5) и высокими (0,6–1,0) значениями показателей, соответствующим периодическим (или ежегодным) выделениям холерных вибрионов в течение 1–2, 3–5 и 6–10 лет. Установлена ежегодная, в течение 7–10 лет, контаминация холерными вибрионами поверхностных водоемов в шести (20,7 %) субъектах (Республики Калмыкия и Крым, Ростовская и Иркутская области, Забайкальский и Приморский края) со значениями показателей ИПХВ – 0,7–1,0. Это свидетельствует о наличии эколого-гигиенических условий, которые можно рассматривать как потенциальные эпидемиологические риски или предпосылки в активизации эпидемического процесса при острых кишечных инфекциях, в том числе холеры, с реализацией водного пути распространения возбудителей. Периодическое выделение холерных вибрионов в течение 3–5 лет выявлено в семи (24,1 %) субъектах (Республике Коми, Москве, Республике Татарстан, Челябинской области, Алтайском крае, Свердловской области и Республике Алтай) со значениями показателей – 0,3–0,5. В 16 (55,2 %) субъектах холерные вибрионы изолировали 1–2 года, значение показателей – 0,1–0,2 (Архангельская, Вологодская, Калининградская, Псковская, Кировская, Рязанская, Липецкая, Астраханская, Кемеровская, Новосибирская, Тюменская области, Санкт-Петербург, Краснодарский, Ставропольский и Хабаровский края, Республика Саха (Якутия)).

На основе проведенного INDEL-типирования 242 штамма *V. cholerae* O1 распределились между 34 генотипами, которые по результатам кластерного анализа сгруппировались в восемь кластеров, обозначенных буквами от «A» до «H». Необходимо отметить, что кластер G представлен исключительно штаммами *V. cholerae* O1 *ctxA*$^-$*tcpA*$^+$. Это подтверждает ранее полученные данные, что штаммы *V. cholerae* O1 *ctxA*$^-$*tcpA*$^+$ составляют отдельный кластер, четко дискриминирующийся от штаммов *V. cholerae* O1 *ctxA*$^-$*tcpA*$^-$ [1]. При изучении выделенных на разных территориях штаммов *V. cholerae* O1 *ctxA*$^-$*tcpA*$^-$ получены данные, свидетельствующие об их вариабельности. Так, для штаммов, изолированных из водных объектов в Ростовской области, Республике Калмыкия и Приморском крае, характерно высокое генетическое разнообразие при принадлежности к различным кластерам: A4, B3, E1, F4,5, G3; A1-5,B4,5-8, C1, D1, F1-5,G2, H1 и A4,A6, B2, C4 соответственно (рис. 2). Вместе с тем, в некоторых регионах циркулируют штаммы, принадлежащие преимущественно к одному кластеру. Например, все штаммы, изолированные в Забайкальском крае, относились к кластеру A (два близкородственных генотипа A5 и A6), в Республике Крым – к кластеру E. Отмечены факты выделения в течение 2–3 лет *V. cholerae* O1 *ctxA*$^-$*tcpA*$^-$ одних и тех же генотипов в Забайкальском

Регион	Вариаб.	Год	Генотипы
Забайкальский край	0.04	2014	A6
		2015	A5
		2016	A5
		2017	A5
Иркутская область	0.62	2014	A6
		2015	A5
		2017	A4 A5 E2
Калининградская область	0	2014	A6
Краснодарский край	0	2015	E2
Приморский край	0.69	2014	A6 C4
		2016	A4
		2017	A4 B2
Псковская область	0	2014	A6
Республики Бурятия	0.5	2016	A5
		2017	B1
Республика Калмыкия	0.87	2014	B5 B7 B8 C2 C3 D1 E5 F2 F3 F4 F5 H1
		2015	A4 A5 B8 G2
		2016	A2 A4 B4 C1 C2 F1 F4
		2017	A1 A3 A4 A5 B4 B8 C1 F4 G2
Республика Коми	0	2016	G1
Республика Крым	0.37	2014	E3
		2016	E4
Ростовская область	0.75	2014	F4 F5
		2015	B3 G3
		2016	A4 F4 G3
		2017	E1
Рязанская область	0	2014	A7
Свердловская область	0.48	2016	A4 B6
		2017	A4
Татарстан	0	2016	A5
Хабаровский край	0	2016	G1
Челябинская область	0.5	2015	E2
		2016	F4

Рис. 2. Распределение генотипов штаммов *V. cholerae* O1 по регионам России (2014–2017 гг.)

крае и Иркутской области – A5, Приморском крае, Свердловской области и в Республике Калмыкия – A4. Это может указывать на повышенный потенциал персистенции, в частности, штаммов *V. cholerae* O1 *ctxA*$^-$*tcpA*$^-$ INDEL-генотипа A, а также на возможность длительной циркуляции холерных вибрионов при наличии благоприятных экологических условий, как рисков, для сохранения вибрионов. В то же время штаммы *V. cholerae* O1 *ctxA*$^-$*tcpA*$^-$, выделенные в Иркутске в 2017 г. из р. Ушаковка, имели идентичный INDEL-генотип – E2, который не встречался ранее на территории Иркутской области и сопредельных регионов, что может свидетельствовать в пользу заносного происхождения штаммов.

Прогноз в России на 2018 г. с учетом эпидемиологической обстановки по холере в мире – неблагоприятный в плане возможных заносов холеры. Оценка риска активизации эпидемического процесса при холере (РАЭПХ) в России осуществлена на основе анализа различных факторов (условий) в период эпидемических осложнений холеры (1970–2014 гг.) [5, 6, 7, 8], градации их и экспертной оценки в баллах (таблица).

Конечная оценка риска активизации эпидемического процесса определяется по результирующей сумме всех расчетных данных по формуле:

$$РАЭПХ = A_{A1\text{-}A3} + B + C + D_{D1\text{-}3} + E_{t1\text{-}2} + F + G + H$$

Максимально возможная величина риска активизации эпидемического процесса при холере составила 1 балл с градацией: высокий – 0,51–1,0 баллов; повышенный – 0,5–0,3 и низкий – менее 0,3.

Так, при заносах инфекции российскими гражданами, возвратившимися из Индии в Башкортостан (2008 г.) и Москву (2010, 2012, 2014 гг.), без после-

Факторы (условия), определяющие риск активизации эпидемического процесса при холере в России

Факторы (условия)	Наименование факторов (условий)	Градация факторов (условий), их балльная оценка	Максимальный балл
A	Заносы холеры (установленные или неустановленные).	С распространением – 0,3 Без распространения – 0 Нет – 0	0,3
A1	Недостаточный санитарно-карантинный контроль в пунктах пропуска через государственную границу РФ пассажиров и членов экипажей, прибывающих воздушными, морскими, автомобильными и железнодорожными транспортными средствами.	Есть – 0,1, в том числе, с распространением – 0,1, без распространения – 0 Нет – 0	в том числе – 0,1
A2	Отсутствие санитарно-контрольных пунктов пропуска на границе с сопредельными государствами.	Есть – 0,1, в том числе, с распространением – 0,1, без распространения – 0 Нет – 0	в том числе – 0,1
A3	Заносы холеры различными транспортными средствами (водным, автомобильным и др.) внутри страны.	Есть – 0,1, в том числе, с распространением – 0,1, без распространения – 0 Нет – 0	в том числе – 0,1
B	Международная миграции (туризм с коммерческой целью, паломничество и др. виды, в том числе в страны, неблагополучные по холере).	Есть – 0,1 Нет – 0	0,1
C	Контаминация поверхностных водоемов *V. cholerae* O1 $ctxA^+tcpA^+$	Есть – 0,15 Нет – 0	0,15
D	Реализация водного пути распространения с выделением *V. cholerae* O1 $ctxA^+tcpA^+$ при:	Есть – 0,15 Нет – 0	0,15
D_1	употреблении воды централизованной системы хозяйственно-питьевого водоснабжения;	Есть – 0,05 Нет – 0	в том числе – 0,05
D_2	употреблении воды нецентрализованной системы хозяйственно-питьевого водоснабжения;	Есть – 0,05 Нет – 0	в том числе – 0,05
D_3	рекреационном водопользовании водоемами.	Есть – 0,05 Нет – 0	в том числе – 0,05
E	Реализация других путей распространения возбудителя инфекции:	Есть – 0,1 Нет – 0	0,1
E_1	алиментарного	Есть – 0,05 Нет – 0	в том числе – 0,05
E_2	контактного (контактно-бытового)	Есть – 0,05 Нет – 0	в том числе – 0,05
F	Отсутствие или неполный комплекс канализационных очистных сооружений, откуда сбрасываются сточные воды в водоемы, которые используются в качестве источников для хозяйственно-питьевых, хозяйственно-бытовых и рекреационных целей.	Есть – 0,1 Нет – 0	0,1
G	Сброс ливневых сточных вод в водоемы, которые используются для рекреационных целей.	Есть – 0,05 Нет – 0	0,05
H	Традиции и обычаи населения (ритуальные обряды при захоронении трупов, поминальная еда).	Есть – 0,05 Нет – 0	0,05

дующего распространения возбудителя инфекции риск активизации эпидемического процесса с учетом недостаточного санитарно-карантинного контроля в пунктах пропуска через государственную границу РФ и международной миграции населения низкий, составил 0,25 баллов. Контаминация поверхностных водоемов *V. cholerae* O1 $ctxA^+tcpA^+$ в Ростовской области (2011 и 2014 гг.) при неустановленном заносе холеры, наличии сбросов сточных и (или) ливневых сточных вод в водоем, который использовался для рекреационных целей, определили повышенную величину риска активизации эпидемического процесса – 45 баллов.

Необходимо отметить, что приведенные риски, способствующие активизации эпидемического процесса, являются базой для краткосрочного и долгосрочного прогнозирования и разработки целенаправленных программ надзора и профилактики холеры.

Таким образом, прогноз по холере в мире на 2018 г. – неблагоприятный. Об этом свидетельствует мониторинг холеры на глобальном уровне, показавший превалирование интенсивных показателей в динамике заболеваемости и территориальное распространение инфекции, обусловленной геновариантами холерных вибрионов Эль Тор в странах Африки, Азии и Карибского бассейна, где сформировались эндемичные очаги, которые могут стать причиной возникновения эпидемиологических осложнений на этих территориях и обусловить возможность распространения инфекции как внутри страны, так и вывоз ее на другие континенты, что подтверждено событиями последнего десятилетия и седьмой пандемии. Заносы холеры остаются основными эпидемиологическими рисками в распространении холеры на глобальном, региональных и национальных уровнях. Возможность заноса инфекции в Россию является реальной и диктует необходимость обеспечения выполнения в полном объеме мероприятий, предусмотренных действующими СП 3.1.1.2521-09 «Профилактика холеры. Общие требования к эпидемиологическому надзору за холерой в Российской Федерации» и распорядительными документами Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по обеспечению санитарно-эпидемиологического благополучия населения в стране.

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

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Водопьянов А.С., Водопьянов С.О., Олейников И.П., Мишанькин Б.Н., Кругликов В.Д., Архангельская И.В., Зубкова Д.А., Ежова М.И. INDEL- и VNTR-типирование штаммов *Vibrio cholerae*, выделенных в 2013 году из объектов окружающей среды на территории Российской Федерации. *Здор. населен. и среда обит*. 2015; 5(266): 41–4.
2. Водопьянов А.С., Водопьянов С.О., Олейников И.П., Мишанькин Б.Н. INDEL-типирование штаммов *Vibrio cholerae*. *Эпидемиол. и инф. бол.* 2017; 4(22):195–200.
3. Международные медико-санитарные правила (2005 г.). Всемирная организация здравоохранения. Женева; 2006. 79 с.
4. Москвитина Э.А., Тюленева Е.Г., Самородова А.В., Кругликов В.Д., Титова С.В. Эпидемиологическая обстановка по холере в мире и России в 2007–2016 гг., прогноз на 2017 г. *Пробл. особо опасных инф.* 2017; 1:13–20. DOI: 10.21055/0370-1069-2017-1-13-20.
5. Онищенко Г.Г., Беляев Е.Н., Москвитина Э.А., Резайкин В.И., Ломов Ю.М., Мединский Г.М. Холера в Дагестане: прошлое и настоящее. Ростов-на-Дону: Изд-во «Полиграф»; 1995. 120 с.
6. Онищенко Г.Г., Москвитина Э.А., Кругликов В.Д., Титова С.В., Адаменко О.Л., Водопьянов А.С., Водопьянов С.О. Эпидемиологический надзор за холерой в России в период седьмой пандемии. *Вест. Рос. акад. мед. наук*. 2015; 70(2):249–56.
7. Покровский В.И., Онищенко Г.Г. Актуальные проблемы холеры. М.: ГОУ ВУНМЦ МЗ РФ; 2000. 384с.
8. Покровский В.И., редактор. Холера в СССР в период седьмой пандемии. М.: Медицина; 2000. 472 с.
9. Савилов Е.Д., Мамонтова Л.М., Астафьев В.А., Жданова С.Н. Применение статистических методов в эпидемиологическом анализе. М.: МЕДпресс-информ; 2004. 112 с.
10. Челдышова Н.Б., Смирнова Н.И., Заднова С.П., Краснов Я.М., Крицкий А.А. Буаро М.И. Молекулярно-генетические свойства штаммов *Vibrio cholerae* биовара Эль Тор, циркулирующих на Африканском континенте. *Мол. генет., микробиол. и вирусол.* 2017; 1:12–9.
11. Cholera: global surveillance summary, 2008. *Wkly Epidem. Rec*. 2009; 84(31):309–2.
12. Cholera, 2009. *Wkly Epidem. Rec*. 2010; 85(31):293–308.
13. Cholera, 2010. *Wkly Epidem. Rec*. 2011; 86(31):325–40.
14. Cholera, 2011. *Wkly Epidem. Rec*. 2012; 87(31):289–304.
15. Cholera, 2012. *Wkly Epidem. Rec*. 2013; 88(31):321–6.
16. Cholera, 2013. *Wkly Epidem. Rec*. 2014; 89(31):345–56.
17. Cholera, 2014. *Wkly Epidem. Rec*. 2015; 90(40):517–29.
18. Cholera, 2015. *Wkly Epidem. Rec*. 2016; 91(38):433–440.
19. Cholera, 2016. *Wkly Epidem. Rec*. 2017; 92(36):521–536.
20. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (01-137): ASIA (YEMEN) [Internet]. 29 Dec 2016 – 25 Dec 2017. Archive Number: 20170105.4742075-20171227.5523714. Available from: http://www.promedmail.org.
21. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (1): Asia (YEMEN) WHO [Internet]. 1 Jan 2017. Archive Number: 20170105.4742075. Available from: http://www.promedmail.org.
22. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (9): Africa [Internet]. 13 Mar 2017. Archive Number: 20170313.4898254. Available from: http://www.promedmail.org.
23. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (11): Africa, Asia [Internet]. 2 Apr 2017. Archive Number: 20170402.4942849. Available from: http://www.promedmail.org.
24. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (20): Africa, Americas [Internet]. 5 May 2017. Archive Number: 20170505.5015480 Available from: http://www.promedmail.org.
25. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (24): Africa, Asia [Internet]. 10 May 2017. Archive Number: 20170510.5026111. Available from: http://www.promedmail.org.
26. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (29): Asia (YEMEN) [Internet]. 17 May 2017. Archive Number: 20170517.5043339. Available from: http://www.promedmail.org.
27. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (44): Asia (YEMEN) [Internet]. 3 Jun 2017. Archive Number: 20170603.5081754. Available from: http://www.promedmail.org.
28. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (76): Africa [Internet]. 27 Jul 2017. Archive Number: 20170727.5209397 Available from: http://www.promedmail.org.
29. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (78): Africa [Internet]. 30 Jul 2017. Archive Number: 20170730.5215414. Available from: http://www.promedmail.org.
30. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (82): Africa [Internet]. 9 Aug 2017. Archive Number: 20170809.5238710. Available from: http://www.promedmail.org.
31. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (92): Saudi Arabia (Jizan) expatriates, request for information [Internet]. 1 Sep 2017. Archive Number: 20170901.5289839. Available from: http://www.promedmail.org.
32. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (95): Africa, Asia [Internet]. 6 Sep 2017. Archive Number: 20170906.5296768. Available from: http://www.promedmail.org.
33. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (98): Africa, Asia [Internet]. 14 Sep 2017. Archive Number: 20170914.5300906. Available from: http://www.promedmail.org.
34. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (100): ASIA (YEMEN) [Internet]. 18 Sep. 2017. Archive Number: 20170919.5326212. Available from: http://www.promedmail.org. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (107): Africa [Internet]. 1 Oct 2017. Archive Number: 20171001.5349664. Available from: http://www.promedmail.org.
35. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (118): Africa, Asia [Internet]. 15 Oct 2017. Archive Number: 20171015.5376068. Available from: http://www.promedmail.org.
36. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (125): Africa [Internet]. 31 Oct 2017. Archive Number: 20171031.5416115. Available from: http://www.promedmail.org.
37. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (137): Asia (YEMEN) [Internet]. 27 Dec 2017. Archive Number: 20171227.5523714. Available from: http://www.promedmail.org.
38. Cholera Prevention, Control and Elimination. A Policy Brief by the initiative against Diarrheal and Enteric Diseases in Asia. (Cited 12 May 2016). http://www.idea-asia.info/index.php/component/search/?searchword=policy+brief&ordering=&searchphrase=all.
39. Das M.M., Bhotra T., Zala D., Singh D.V. Phenotypic and genetic characteristics of *Vibrio cholerae* O1 carrying Haitian ctxB and attributes of classical and El Tor biotypes isolated from Silvassa, India. *J. Med. Microbiol*. 2016; 65(8):720–8.
40. Fazil M.H., Bhanumathi R., Pandey H.P., Singh D.V. Characterization of *Vibrio cholerae* O139 belonging to multiple ribotypes and isolated from diarrhoeal patients in Kerala, southern India. *Infect. Genet. Evol.* 2011 Mar;11(2):454–9. DOI: 10.1016/j.meegid.2010.12.008.
41. Garrine M., Mandomando I., Vubil D., Nhampossa T., Acacio S., Li S., Paulson J.N., Almeida M., Thomson N.R., Alonso P., Stine O.C. Minimal genetic change in *Vibrio cholerae* in Mozambique over time: Multilocus variable number tandem repeat analysis and whole genome sequencing. *PloS Negl. Trop Dis.* 2017; 11(6):e0005671. DOI: 10.1371/journal.pntd.0005671.
42. Imamura D., Morita M., Sekizuka T., Mizuno T., Takemura T., Yamashiro T., Chowdhury G., Pazhani G.P., Mukhopadhyay A.K., Ramamurthy T., Miyoshi S.I., Kuroda M., Shinoda S. Comparative genome analysis of VSP-II and SNPs reveals heterogenic variation in contemporary strains of *Vibrio cholerae* O1 isolated from cholera patients in Kolkata, India. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2017; 11(2):e0005386. DOI: 10.1371/journal.pntd.0005386.
43. Kachwamba Y., Mohammed A.A., Lukupulo H., Urio L., Majigo M., Mosha F., Matonya M., Kishimba R., Mghamba J., Lusekelo J., Nyanga S., Almeida M., Li S., Domman D., Massele S.Y., Stine O.C. Genetic characterization of Vibrio cholerae O1 isolates from outbreaks between 2011 and 2015 in Tanzania. *BMC Infect. Dis*. 2017; 17(1):157. DOI: 10.1186/s12879-017-2252-9.
44. Ngwa M.C., Masalla T., Esemu S., Fumoloh F.F., Kracalik I., Cella E., Alam M.T., Akoachere J., Liang S., Salemi M., Morris J.G., Ali A., Ndip L.M. Genetic studies of *Vibrio cholerae* in South West Cameroon – A phylogenetic analysis of isolates from the 2010–2011 epidemic. *PLOS Currents Outbreaks.* 2016 Aug 12. Edition 1. DOI: 10.1371/currents.outbreaks.13b4e5e36a5c0831a1663fbdb5713fe9.
45. Pena E.S., Bwire G., Dzotsi E., Bonnet M.C., Hessel L. New momentum in prevention, control and elimination of cholera in Africa: priority actions identified by affected countries. *Weekly Epidemiol. Rec.* 2016; 91(24):305–14.
46. Ranjbar R., Sadeghy J., Shokri Moghadam M., Bakhshi B. Multi-locus variable number tandem repeat analysis of *Vibrio cholerae* isolates from 2012 to 2013 cholera outbreaks in Iran. *Microb. Pathog*. 2016; 97:84–8.
47. Simpson E.H. Measurement of diversity. *Nature* (London). 1949; 163(148):668
48. Tamura K., Peterson D., Peterson N., Stecher G., Nei M., Kumar S. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol. Biol. Evol*. 2011; 28:2731–9. DOI: 10.1093/molbev/msr121.
49. URL: http://www.dsesu.gov.ua/ua/dses-ua/novyny/item/2175-vypadok-zakhvoriuvannia-na-kholeru-u-melitopoli? (Дата обращения 27.07.2016 г.).
50. Weill Fr.-X., Domman D., Njamkepo E., Tarr C., Rauzier J., Fawal N., Keddy K.H., Salje H., Moore S., Mukhopadhyay A.K., Bercion R., Luquero, F.J., Ngandjio A., Dosso M., Monakhova E., Garin B., Bouchier C., Pazzani C., Mutreja A., Grunow R., Sidikou F., Bonte L., Breurec S., Damian M., Njanpop-Lafourcade B.-M., Sapriel G., Page A.-L., Hamze M., Henkens M., Chowdhury G., Menge M., Koeck J.-L., Fournier J.-M., Dougan G., Patrick A.D., Grimont, Parkhill J., Holt K.E., Piarroux R., Ramamurthy Th., Quilici M.-L., Thomson N.R. Genomic history of the seventh pan-

demic of cholera in Africa. *Sciense.* 2017; 358:785–9. DOI: 10.1126/science.aad5901.

References

1. Vodop'yanov A.S., Vodop'yanov S.O., Oleynikov I.P., Mishan'kin B.N., Kruglikov V.D., Arkhangel'skaya I.V., Zubkova D.A., Ezhova M.I. [INDEL- and VNTR-typing of *Vibrio cholerae* strains, isolated in 2013 from environmental objects in the territory of the Russian Federation]. *Zdor. Naselen. Sreda Obit.* 2015; 5(266):41–4.

2. Vodop'yanov A.S., Vodop'yanov S.O., Oleynikov I.P., Mishan'kin B.N. [INDEL-typing of *Vibrio cholerae* strains]. *Epidemiol. Infek. Bol.* 2017; 4(22): 195–200.

3. [International Health Regulations (2005)]. World Health Organization. Geneva; 2006. 79 p.

4. Moskvitina E.A., Tyuleneva E.G., Samorodova A.V., Kruglikov V.D., Titova S.V., Ivanova S.M., Kovaleva T.V., Anisimova G.B. Epidemiological Situation on Cholera across the Globe and in the Russian Federation in 2007–2016. Forecast for 2017]. *Probl. Osobo Opasn. Infek.* 2017, 1:13–20. DOI: 10.21055/0370-1069-2017-1-13-20.

5. Onishchenko G.G., Belyaev E.N., Moskvitina E.A., Rezaikin V.I., Lomov Yu.M., Medinsky G.M. [Cholera in Dagestan: Past and Present]. Rostov-on-Don: "Poligrafist"; 1995. 120 p.

6. Onishchenko G.G., Moskvitina E.A., Kruglikov V.D., Titova S.V., Adamenko O.L., Vodop'yanov A.S., Vodop'yanov S.O. [Epidemiological surveillance over cholera in Russia during the seventh pandemic]. *Bulletin of the Russian Academy of Medical Sciences*. 2015; 70(2):249–56.

7. Pokrovsky V.I., Onishchenko G.G. [Relevant Problems of Cholera]. M.; 2000. 384 p.

8. Pokrovsky V.I., editor. [Cholera in USSR during the Seventh Pandemic]. M.: "Meditsina". 2000. 472 p.

9. Savilov E.D., Mamontova L.M., Astaf'ev V.A., Zhdanova S.N. [Application of Statistical Methods in Epidemiological Analysis]. M.: "MEDpress-infrom"; 2004. 112 p.

10. Cheldyshova N.B., Smirnova N.I., Zadnova S.P., Krasnov Ya. M., Kritsky A.A., Boiro M.I. [Molecular-genetic properties of *Vibrio cholerae* strains biovar El Tor, circulating on the African continent]. *Mol. Genet. Mikrobiol. Virusol.* 2017; 1:12–9.

11. Cholera: global surveillance summary, 2008. *Wkly Epidem. Rec*. 2009; 84(31):309–2.

12. Cholera, 2009. *Wkly Epidem. Rec*. 2010; 85(31):293–308.

13. Cholera, 2010. *Wkly Epidem. Rec*. 2011; 86(31):325–40.

14. Cholera, 2011. *Wkly Epidem. Rec*. 2012; 87(31):289–304.

15. Cholera, 2012. *Wkly Epidem. Rec*. 2013; 88(31):321–6.

16. Cholera, 2013. *Wkly Epidem. Rec*. 2014; 89(31):345–56.

17. Cholera, 2014. *Wkly Epidem. Rec*. 2015; 90(40):517–29.

18. Cholera, 2015. *Wkly Epidem. Rec*. 2016; 91(38):433–440.

19. Cholera, 2016. *Wkly Epidem. Rec*. 2017; 92(36):521–536.

20. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (01-137): ASIA (YEMEN) [Internet]. 29 Dec 2016 – 25 Dec 2017. Archive Number: 20170105.4742075-20171227.5523714. Available from: http://www.promedmail.org.

21. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (1): Asia (YEMEN) WHO [Internet]. 1 Jan 2017. Archive Number: 20170105.4742075. Available from: http://www.promedmail.org.

22. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (9): Africa [Internet]. 13 Mar 2017. Archive Number: 20170313.4898254. Available from: http://www.promedmail.org.

23. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (11): Africa, Asia [Internet]. 2 Apr 2017. Archive Number: 20170402.4942849. Available from: http://www.promedmail.org.

24. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (20): Africa, Americas [Internet]. 5 May 2017. Archive Number: 20170505.5015480 Available from: http://www.promedmail.org.

25. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (24): Africa, Asia [Internet]. 10 May 2017. Archive Number: 20170510.5026111. Available from: http://www.promedmail.org.

26. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (29): Asia (YEMEN) [Internet]. 17 May 2017. Archive Number: 20170517.5043339. Available from: http://www.promedmail.org.

27. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (44): Asia (YEMEN) [Internet]. 3 Jun 2017. Archive Number: 20170603.5081754. Available from: http://www.promedmail.org.

28. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (76): Africa [Internet]. 27 Jul 2017. Archive Number: 20170727.5209397 Available from: http://www.promedmail.org.

29. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (78): Africa [Internet]. 30 Jul 2017. Archive Number: 20170730.5215414. Available from: http://www.promedmail.org.

30. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (82): Africa [Internet]. 9 Aug 2017. Archive Number: 20170809.5238710. Available from: http://www.promedmail.org.

31. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (92): Saudi Arabia (Jizan) expatriates, request for information [Internet]. 1 Sep 2017. Archive Number: 20170901.5289839. Available from: http://www.promedmail.org.

32. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (95): Africa, Asia [Internet]. 6 Sep 2017. Archive Number: 20170906.5296768. Available from: http://www.promedmail.org.

33. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (98): Africa, Asia [Internet]. 14 Sep 2017. Archive Number: 20170914.5300906. Available from: http://www.promedmail.org.

34. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (100): ASIA (YEMEN) [Internet]. 18 Sep. 2017. Archive Number: 20170919.5326212. Available from: http://www.promedmail.org.Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (107): Africa [Internet]. 1 Oct 2017. Archive Number: 20171001.5349664. Available from: http://www.promedmail.org.

35. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (118): Africa, Asia [Internet]. 15 Oct 2017. Archive Number: 20171015.5376068. Available from: http://www.promedmail.org.

36. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (125): Africa [Internet]. 31 Oct 2017. Archive Number: 20171031.5416115. Available from: http://www.promedmail.org.

37. Cholera, Diarrhea & Dysentery Update (137): Asia (YEMEN) [Internet]. 27 Dec 2017. Archive Number: 20171227.5523714. Available from: http://www.promedmail.org.

38. Cholera Prevention, Control and Elimination. A Policy Brief by the initiative against Diarrheal and Enteric Diseases in Asia. (Cited 12 May 2016). http://www.idea-asia.info/index.php/component/search/?searchword=policy+brief&ordering=&searchphrase=all.

39. Das M.M., Bhotra T., Zala D., Singh D.V. Phenotypic and genetic characteristics of *Vibrio cholerae* O1 carrying Haitian ctxB and attributes of classical and El Tor biotypes isolated from Silvassa, India. *J. Med. Microbiol*. 2016; 65(8):720–8.

40. Fazil M.H., Bhanumathi R., Pandey H.P., Singh D.V. Characterization of *Vibrio cholerae* O139 belonging to multiple ribotypes and isolated from diarrhoeal patients in Kerala, southern India. *Infect. Genet. Evol.* 2011 Mar;11(2):454–9. DOI: 10.1016/j.meegid.2010.12.008.

41. Garrine M., Mandomando I., Vubil D., Nhampossa T., Acacio S., Li S., Paulson J.N., Almeida M., Thomson N.R., Alonso P., Stine O.C. Minimal genetic change in *Vibrio cholerae* in Mozambique over time: Multilocus variable number tandem repeat analysis and whole genome sequencing. *PloS Negl. Trop Dis.* 2017; 11(6):e0005671. DOI: 10.1371/journal.pntd.0005671.

42. Imamura D., Morita M., Sekizuka T., Mizuno T., Takemura T., Yamashiro T., Chowdhury G., Pazhani G.P., Mukhopadhyay A.K., Ramamurthy T., Miyoshi S.I., Kuroda M., Shinoda S. Comparative genome analysis of VSP-II and SNPs reveals heterogenic variation in contemporary strains of *Vibrio cholerae* O1 isolated from cholera patients in Kolkata, India. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2017; 11(2):e0005386. DOI: 10.1371/journal.pntd.0005386.

43. Kachwamba Y., Mohammed A.A., Lukupulo H., Urio L., Majigo M., Mosha F., Matonya M., Kishimba R., Mghamba J., Lusekelo J., Nyanga S., Almeida M., Li S., Domman D., Massele S.Y., Stine O.C. Genetic characterization of Vibrio cholerae O1 isolates from outbreaks between 2011 and 2015 in Tanzania. *BMC Infect. Dis*. 2017; 17(1):157. DOI: 10.1186/s12879-017-2252-9.

44. Ngwa M.C., Masalla T., Esemu S., Fumoloh F.F., Kracalik I., Cella E., Alam M.T., Akoachere J., Liang S., Salemi M., Morris J.G., Ali A., Ndip L.M. Genetic studies of *Vibrio cholerae* in South West Cameroon – A phylogenetic analysis of isolates from the 2010–2011 epidemic. *PLOS Currents Outbreaks.* 2016 Aug 12. Edition 1. DOI: 10.1371/currents.outbreaks.13b4e5e36a5c0831a1663fbdb5713fe9.

45. Pena E.S., Bwire G., Dzotsi E., Bonnet M.C., Hessel L. New momentum in prevention, control and elimination of cholera in Africa: priority actions identified by affected countries. *Weekly Epidemiol. Rec.* 2016; 91(24):305–14.

46. Ranjbar R., Sadeghy J., Shokri Moghadam M., Bakhshi B. Multilocus variable number tandem repeat analysis of *Vibrio cholerae* isolates from 2012 to 2013 cholera outbreaks in Iran. *Microb. Pathog.* 2016; 97:84–8.

47. Simpson E.H. Measurement of diversity. *Nature* (London). 1949; 163(148):668

48. Tamura K., Peterson D., Peterson N., Stecher G., Nei M., Kumar S. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol. Biol. Evol*. 2011; 28:2731–9. DOI: 10.1093/molbev/msr121.

49. URL: http://www.dsesu.gov.ua/ua/dses-ua/novyny/item/2175-vypadok-zakhvoriu vannia-na-kholeru-u-melitopoli? (Cited 27 Jul 2016).

50. Weill Fr.-X., Domman D., Njamkepo E., Tarr C., Rauzier J., Fawal N., Keddy K.H., Salje H., Moore S., Mukhopadhyay A.K., Bercion R., Luquero, F.J., Ngandjio A., Dosso M., Monakhova E., Garin B., Bouchier C., Pazzani C., Mutreja A., Grunow R., Sidikou F., Bonte L., Breurec S., Damian M., Njanpop-Lafourcade B.-M., Sapriel G., Page A.-L., Hamze M., Henkens M., Chowdhury G., Menge M., Koeck J.-L., Fournier J.-M., Dougan G., Patrick A.D., Grimont, Parkhill J., Holt K.E., Piarroux R., Ramamurthy Th., Quilici M.-L., Thomson N.R. Genomic history of the seventh pandemic of cholera in Africa. *Sciense.* 2017; 358:785–9. DOI: 10.1126/science.aad5901.

Authors:

Moskvitina E.A., Tyuleneva E.G., Kruglikov V.D., Titova S.V., Vodop'yanov A.S., Kurilenko M.L., Anisimova G.B., Vodop'yanov S.O., Oleynikov I.P. Rostov-on-Don Research Anti-Plague Institute. 117/40, M.Gor`kogo St., Rostov-on-Don, 344002, Russian Federation. E-mail: plague@aaanet.ru.

Pakskina N.D. Federal Service for Surveillance in the Sphere of Consumers Rights Protection and Human Welfare. 18, Bld. 5 and 7, Vadkovsky Pereulok, Moscow, 127994, Russian Federation.

Ivanova S.M. Plague Control Center. 4, Musorgskogo St., Moscow, 127490, Russian Federation. E-mail: protivochym@nln.ru.

Об авторах:

Москвитина Э.А., Тюленева Е.Г., Кругликов В.Д., Титова С.В., Водопьянов А.С., Куриленко М.Л., Анисимова Г.Б., Водопьянов С.О., Олейников И.П. Ростовский-на-Дону научно-исследовательский противочумный институт. Российская Федерация, 344002, Ростов-на-Дону, ул. М.Горького, 117/40. E-mail: plague@aaanet.ru.

Пакскина Н.Д. Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека. Российская Федерация, 127994, Москва, Вадковский переулок, дом 18, строение 5 и 7.

Иванова С.М. Противочумный центр. Российская Федерация, 127490, Москва, ул. Мусоргского, 4. E-mail: protivochym@nln.ru.

Поступила 23.01.18.

Принята к публ. 27.02.18.