

# ПРОБЛЕМЫ ОСОБО ОПАСНЫХ ИНФЕКЦИЙ

Научно-практический журнал

Выходит четыре раза в год

Основан в 1968 году

Главный редактор академик РАН,  
доктор медицинских наук, профессор **В.В. Кутырев**

*Журнал входит в перечень ВАК ведущих рецензируемых научных журналов и изданий,  
в которых должны быть опубликованы основные научные результаты диссертаций  
на соискание ученой степени доктора и кандидата наук  
Журнал индексируется в Scopus*

**Выпуск 4**

**2025**

**САРАТОВ**

**Подписной индекс в каталоге  
«Пресса России» – 29448**  
Стоимость подписки – от 1566,0 руб.

Журнал зарегистрирован  
в Федеральной службе по надзору  
в сфере связи, информационных  
технологий и массовых коммуникаций  
Свидетельство ПИ № ФС77-74153  
от 29 октября 2018 г.

Журнал «Проблемы особо опасных  
инфекций» является рецензируемым  
изданием

Все рукописи проходят проверку  
системой «Антиплагиат»

Журнал «Проблемы особо опасных  
инфекций» индексируется в РИНЦ  
и Scopus

Ответственность за достоверность  
информации, содержащейся  
в рекламных материалах,  
несут рекламодатели

**Адрес издателя и редакции:**  
ФКУН Российский противочумный  
институт «Микроб» Роспотребнадзора  
410005, Саратов,  
ул. Университетская, 46  
E-mail: [jour@microbe.ru](mailto:jour@microbe.ru)  
Сайт: <http://journal.microbe.ru>

Начальник  
редакционно-издательского отдела  
ФКУН Российский противочумный  
институт «Микроб» Роспотребнадзора  
*Е.С. Герасимова*  
Тел. (845-2) 51-82-22  
Факс (845-2) 51-52-12

Редакторы:  
*Е.Ю. Лаикова, В.В. Россошанская*  
Технический редактор *Т.К. Меркулова*  
Перевод на английский  
*А.П. Ножкиной, Т.Б. Караваевой*

Проблемы особо опасных инфекций.  
2025. Вып. 4. 176 с.

Подписано в печать 24.12.2025  
Дата выхода в свет 26.12.2025  
Формат 60×84 1/8  
Бумага мелованная  
Печать офсетная  
Усл. печ. л. 20,46  
Заказ № 7024-25

Журнал отпечатан в типографии  
ООО «Амирит». 410004, Саратов,  
ул. Чернышевского, д. 88, литер У

© Федеральное казенное учреждение науки  
«Российский научно-исследовательский  
противочумный институт «Микроб»  
Федеральной службы по надзору  
в сфере защиты прав потребителей  
и благополучия человека, 2025

## ГЛАВНЫЙ РЕДАКТОР

*Кутырев В.В.*, докт. мед. наук, академик РАН (Саратов, Россия)

## РЕДАКЦИОННЫЙ СОВЕТ:

*Акимкин В.Г.*, докт. мед. наук, академик РАН (Москва, Россия)  
*Балахонов С.В.*, докт. мед. наук, профессор (Иркутск, Россия)  
*Бондарев В.П.*, докт. мед. наук, профессор (Москва, Россия)  
*Борисевич С.В.*, докт. биол. наук, профессор, академик РАН  
(Сергиев Посад, Россия)  
*Гинцбург А.Л.*, докт. мед. наук, академик РАН (Москва, Россия)  
*Дятлов И.А.*, докт. мед. наук, академик РАН (Оболensk, Россия)  
*Куличенко А.Н.*, докт. мед. наук, академик РАН (Ставрополь, Россия)  
*Львов Д.К.*, докт. мед. наук, академик РАН (Москва, Россия)  
*Малеев В.В.*, докт. мед. наук, академик РАН (Москва, Россия)  
*Онищенко Г.Г.*, докт. мед. наук, академик РАН (Москва, Россия)  
*Сергиев В.П.*, докт. мед. наук, академик РАН (Москва, Россия)  
*Топорков А.В.*, докт. мед. наук (Волгоград, Россия)

## ИНОСТРАННЫЕ ЧЛЕНЫ РЕДАКЦИОННОГО СОВЕТА:

*Абдикаримов С.Т.*, докт. мед. наук, доцент (Бишкек, Кыргызстан)  
*Мотин В.Л.*, профессор (Галвестон, США)  
*Титов Л.П.*, докт. мед. наук, профессор, член-корр. НАН Беларуси,  
иностраннй член РАН (Минск, Беларусь)  
*Цогбадрах Нямдорж*, канд. мед. наук (Улаанбаатар, Монголия)

## РЕДАКЦИОННАЯ КОЛЛЕГИЯ:

*Альховский С.В.*, докт. биол. наук, член-корр. РАН (Москва, Россия)  
*Бугоркова С.А.*, докт. мед. наук (Саратов, Россия)  
*Гулий О.И.*, докт. биол. наук (Саратов, Россия)  
*Ерошенко Г.А.*, докт. биол. наук (Саратов, Россия)  
*Жарникова И.В.*, докт. биол. наук (Ставрополь, Россия)  
*Карпунина Л.В.*, докт. биол. наук, профессор (Саратов, Россия)  
*Кругликов В.Д.*, докт. мед. наук, с. н. с. (Ростов-на-Дону, Россия)  
*Малецкая О.В.*, докт. мед. наук, профессор (Ставрополь, Россия)  
*Микеров А.Н.*, докт. биол. наук (Саратов, Россия)  
*Пеньевская Н.А.*, докт. мед. наук, доцент (Омск, Россия)  
*Попов Н.В.*, докт. биол. наук, профессор (Саратов, Россия)  
*Саяпина Л.В.*, докт. мед. наук (Москва, Россия)  
*Смирнова Н.И.*, докт. биол. наук, профессор (Саратов, Россия)  
*Топорков В.П.*, докт. мед. наук, профессор (Саратов, Россия)  
*Щербакова С.А.*, докт. биол. наук (Саратов, Россия)

## ИНОСТРАННЫЕ ЧЛЕНЫ РЕДАКЦИОННОЙ КОЛЛЕГИИ:

*Горбунов В.А.*, канд. мед. наук, доцент (Минск, Беларусь)  
*Красько А.Г.*, канд. мед. наук, доцент (Минск, Беларусь)  
*Мека-Меченко Т.В.*, докт. мед. наук (Алматы, Казахстан)  
*Усенбаев Н.Т.*, канд. мед. наук (Бишкек, Кыргызстан)  
*Цэрэнноров Дамдиндорж*, канд. мед. наук (Улаанбаатар, Монголия)

## Ответственный секретарь

Т.Б. Караваева  
Тел. (845-2) 51-82-22. Факс (845-2) 51-52-12  
E-mail: [jour@microbe.ru](mailto:jour@microbe.ru)

# Problemy Osobo Opasnykh Infektsii

Problems of Particularly Dangerous Infections

2025, Issue 4

Scientific and Practical Peer-Reviewed Journal. Issued quarterly. Founded in 1968

Problems of Particularly Dangerous Infections is published by Russian Research Anti-Plague Institute "Microbe"

**Editor-in-Chief:** *Kutyrev V.V.*, Doctor of Medical Science, Professor, Member of the RAS

## Editorial Council

*Abdikarimov S.T.*, Doctor of Medical Science, Associate Professor (Bishkek, Kyrgyzstan)  
*Akimkin V.G.*, Doctor of Medical Science, Professor, Member of the RAS (Moscow, Russia)  
*Balakhonov S.V.*, Doctor of Medical Science, Professor (Irkutsk, Russia)  
*Bondarev V.P.*, Doctor of Medical Science, Professor (Moscow, Russia)  
*Borisevich S.V.*, Doctor of Biological Science, Professor, Member of the RAS (Sergiev Possad, Russia)  
*Gintsburg A.L.*, Doctor of Medical Science, Professor, Member of the RAS (Moscow, Russia)  
*Dyatlov I.A.*, Doctor of Medical Science, Professor, Member of the RAS (Obolensk, Russia)  
*Kulichenko A.N.*, Doctor of Medical Science, Professor, Member of the RAS (Stavropol, Russia)

*Lvov D.K.*, Doctor of Medical Science, Professor, Member of the RAS (Moscow, Russia)  
*Maleev V.V.*, Doctor of Medical Science, Professor, Member of the RAS (Moscow, Russia)  
*Motin V.L.*, Ph. D., Professor (Galveston, USA)  
*Onishchenko G.G.*, Doctor of Medical Science, Professor, Member of the RAS (Moscow, Russia)  
*Sergiev V.P.*, Doctor of Medical Science, Professor, Member of the RAS (Moscow, Russia)  
*Titov L.P.*, Doctor of Medical Science, Professor, Corresponding Member of the NAS of Belarus, Foreign Member of the RAS (Minsk, Belarus)  
*Toporkov A.V.*, Doctor of Medical Science (Volgograd, Russia)  
*Tsogbadrakh Namdorj*, Ph. D. (Ulaanbaatar, Mongolia)

## Editorial Board

*Alkhovsky S.V.*, Doctor of Biological Science, Corresponding Member of the RAS (Moscow, Russia)  
*Bugorkova S.A.*, Doctor of Medical Science (Saratov, Russia)  
*Gorbunov V.A.*, Candidate of Medical Sciences, Associate Professor (Minsk, Belarus)  
*Guliy O.I.*, Doctor of Biological Science (Saratov, Russia)  
*Eroshenko G.A.*, Doctor of Biological Science (Saratov, Russia)  
*Zharnikova I.V.*, Doctor of Biological Science (Stavropol, Russia)  
*Karpunina L.V.*, Doctor of Biological Science, Professor (Saratov, Russia)  
*Kras'ko A.G.*, Ph. D., Associate Professor (Minsk, Belarus)  
*Kruglikov V.D.*, Doctor of Medical Science (Rostov-on-Don, Russia)  
*Maletskaya O.V.*, Doctor of Medical Science, Professor (Stavropol, Russia)

*Meka-Mechenko T.V.*, Doctor of Medical Science (Almaty, Kazakhstan)  
*Mikerv A.N.*, Doctor of Biological Science (Saratov, Russia)  
*Pen'evskaya N.A.*, Doctor of Medical Science, Associate Professor (Omsk, Russia)  
*Popov N.V.*, Doctor of Biological Science, Professor (Saratov, Russia)  
*Sayapina L.V.*, Doctor of Medical Science (Moscow, Russia)  
*Smirnova N.I.*, Doctor of Biological Science, Professor (Saratov, Russia)  
*Shcherbakova S.A.*, Doctor of Biological Science (Saratov, Russia)  
*Toporkov V.P.*, Doctor of Medical Science, Professor (Saratov, Russia)  
*Tserennorov Damdindorj*, Ph. D. (Ulaanbaatar, Mongolia)  
*Usenbaev N.T.*, Ph. D (Bishkek, Kyrgyzstan)

## Editorial Office Address:

46, Universitetskaya St., Saratov, 410005, Russian Federation  
Tel +7(845-2) 51-82-22. Fax +7(845-2) 51-52-12. E-mail: [jour@microbe.ru](mailto:jour@microbe.ru)  
<http://journal.microbe.ru>

## СОДЕРЖАНИЕ

## CONTENTS

### Обзоры

- Борисевич С.В., Махлай А.А., Подкуйко В.Н., Терентьев А.И., Хмелев А.Л., Поярков А.Ю. Анализ опыта повышения безопасности применения противооспенных вакцинных препаратов ..... 6
- Карнаухов И.Г., Касьян Ж.А., Голубев С.Н., Куклев В.Е., Коробкин Н.А., Щербак С.А., Кутырев В.В. Использование мобильных решений и технологий в целях обеспечения санитарно-эпидемиологического благополучия населения на современном этапе ..... 17
- Поспелов М.В., Иванова А.В., Зубова А.А., Касьян Ж.А., Чумачкова Е.А., Мартынова А.А., Дмитриева Л.Н., Куклев Е.В. Глобальные эпидемиологические угрозы: обзор эпидемиологической ситуации в мире и оценка риска заноса опасных инфекционных болезней на территорию Российской Федерации ..... 26
- Рудаков Н.В., Штрек С.В., Шпынов С.Н., Транквилевский Д.В., Скударева О.Н., Иришкова И.Е., Царёва С.Н., Вакалова Е.В., Касаткин Д.Н., Шитова Н.В., Гончаров А.В., Хализева В.А., Карпов А.Н., Жигаев Д.С. Анализ эпидемиологической и эпизоотологической ситуации по лихорадке Ку в Российской Федерации за 2013–2024 гг. и краткосрочный прогноз заболеваемости на 2025 г. .... 39
- Штрек С.В., Рудаков Н.В., Шпынов С.Н., Блох А.И., Транквилевский Д.В., Савельев Д.А., Пенъевская Н.А., Санников А.В., Иришкова И.Е., Скударева О.Н. Эпидемиологическая ситуация по риккетсиозам в Российской Федерации за 2013–2024 гг. и краткосрочный прогноз заболеваемости на 2025 г. .... 45

### Оригинальные статьи

- Голидонова К.А., Коренберг Э.И., Ковалевский Ю.В., Горелова Н.Б., Матросова В.А. Аллельные варианты локусов гена *p66* у изолятов от клещей *Ixodes persulcatus* и *I. trianguliceps* – переносчиков возбудителя иксодового клещевого боррелиоза *Borrelia bavariensis* ..... 54
- Гусев Е.А., Удовиченко С.К., Путинцева Е.В., Колоскова А.Ю., Печенкина Л.А., Плеханова Н.Г., Топорков А.В. Выявление серологических маркеров к вирусу Западного Нила в сыворотках крови лошадей, собранных на отдельных территориях европейской части России ..... 61
- Зайцев А.А., Белова О.А., Гнусарева О.А., Агапитов Д.С., Остапович В.В., Тохов Ю.М. Совершенствование эпизоотологического мониторинга в природном очаге туляремии степного типа в Ставропольском крае ..... 68
- Исмаилова Р.И., Расулзаде З.И., Мамедов М.К. Сравнительный анализ эколого-фаунистических особенностей блох в Апшеронском и Кобыстанском мезоочагах чумы ..... 75
- Ковалев Д.А., Писаренко С.В., Кузнецова И.В., Коломыцева В.И., Пономаренко Д.Г., Шапак Н.А., Хачатурова А.А., Сафонова Н.С. Филогения и биологические свойства штаммов *Brucella abortus*, выделенных на территории Приволжского и Центрального федеральных округов в 2017–2024 гг. .... 82
- Мавланов К.Х., Тачмухаммедова А.Х. Оценка влияния факторов внешней среды на численность большой песчанки *Rhombomys opimus* и ее блох в Восточных Каракумах ..... 88
- Москвитина Э.А., Соболева Е.Г., Савина И.В., Водопьянов А.С., Кругликов В.Д., Гаевская Н.Е. Анализ данных мониторинга контаминации *V. cholerae* O1 водных объектов в Российской Федерации, 2015–2024 гг. .... 97

### Reviews

- Borisevich S.V., Makhlay A.A., Podkuiko V.N., Terent'ev A.I., Khmelev A.L., Poyarkov A.Yu. Analysis of the Experience of Improving the Safety of Anti-Smallpox Vaccines ..... 6
- Karnauchov I.G., Kas'yan Zh.A., Golubev S.N., Kuklev V.E., Korobkin N.A., Shcherbakova S.A., Kutyrev V.V. The Use of Mobile Solutions and Technologies to Ensure the Sanitary-Epidemiological Well-Being of the Population at the Present Stage ..... 17
- Pospelov M.V., Ivanova A.V., Zubova A.A., Kas'yan Zh.A., Chumachkova E.A., Martynova A.A., Dmitrieva L.N., Kuklev E.V. Global Epidemiological Threats: A Review of the Worldwide Epidemiological Situation and an Assessment of the Risk of Dangerous Infectious Diseases Importation to the Russian Federation ..... 26
- Rudakov N.V., Shtrek S.V., Shpynov S.N., Trankvilevsky D.V., Skudareva O.N., Irishkova I.E., Tsareva S.N., Vakalova E.V., Kasatkin D.N., Shitova N.V., Goncharov A.V., Khalizeva V.A., Karpov A.N., Zhigaev D.S. Analysis of Epidemiological and Epizootiological Situation on Q Fever in the Russian Federation over the Period of 2013–2024 and Short-Term Forecast of Morbidity for 2025 ..... 39
- Shtrek S.V., Rudakov N.V., Shpynov S.N., Blokh A.I., Trankvilevsky D.V., Savel'ev D.A., Pen'evskaya N.A., Sannikov A.V., Irishkova I.E., Skudareva O.N. Epidemiological Situation on Rickettsioses in the Russian Federation in 2013–2024 and Short-Term Incidence Forecast for 2025 ..... 45

### Original articles

- Golidonova K.A., Korenberg E.I., Kovalevsky Yu.V., Gorelova N.B., Matrosova V.A. Allelic Variants of the *p66* Gene Loci in Isolates from *Ixodes persulcatus* and *I. trianguliceps* Ticks, Vectors of the Causative Agent of Tick-Borne Borreliosis, *Borrelia bavariensis* ..... 54
- Gusev E.A., Udovichenko S.K., Putintseva E.V., Koloskova A.Yu., Pechenkina L.A., Plekhanova N.G., Toporkov A.V. Detection of Serological Markers for West Nile Virus in Blood Sera of Horses, Collected in Selected Areas of the European Part of Russia ..... 61
- Zaitsev A.A., Belova O.A., Gнусарева O.A., Agapitov D.S., Ostapovich V.V., Tokhov Yu.M. Improvement of Epizootiological Monitoring in the Natural Tularemia Focus of Steppe Type in the Stavropol Territory ..... 68
- Ismailova R.I., Rasulzade Z.I., Mamedov M.K. Comparative Analysis of Ecological and Faunistic Features of Fleas in the Absheron and Kobystan Meso-Foci of Plague ..... 75
- Kovalev D.A., Pisarenko S.V., Kuznetsova I.V., Kolomytseva V.I., Ponomarenko D.G., Shapakov N.A., Khachaturova A.A., Safonova N.S. Phylogeny and Biological Properties of *Brucella abortus* Strains Isolated in the Volga and Central Federal Districts in 2017–2024 ..... 82
- Mavlanov K.Kh., Tachmukhammedova A.Kh. Assessment of the Influence of Environmental Factors on the Number of the Great Gerbil *Rhombomys opimus* and its Fleas in the Eastern Karakum ..... 88
- Moskvitina E.A., Soboleva E.G., Savina I.V., Vodop'yanov A.S., Kruglikov V.D., Gaevskaya N.E. Analysis of Monitoring Data on Contamination of Water Bodies with *V. cholerae* O1 in the Russian Federation, 2015–2024 ..... 97

|                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |     |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |  |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--|
| Останкова Ю.В., Щемелев А.Н., Серикова Е.Н., Ануфриева Е.В., Загальская Е.В., Книжников А.А., Норка А.О., Рассохин В.В., Беляков Н.А., Тотолян Арег А. ВИЧ-инфекция и парентеральные вирусные гепатиты в структуре коморбидности у пациентов с постковидным синдромом .....                                                                          | 104 | Ostankova Yu.V., Shchemelev A.N., Serikova E.N., Anufrieva E.V., Zagal'skaya E.V., Knizhnikova A.A., Norka A.O., Rassokhin V.V., Belyakov N.A., Totolian Areg A. HIV and Parenteral Viral Hepatitis in the Co-Morbidity Structure of Patients with Post-COVID Syndrome                                                                                               |  |
| Портенко С.А., Билько Е.А., Казанцев А.В., Корешкова О.А., Осина Н.А., Демахина К.Р., Ситмбетов Д.А., Краснов Я.М., Катышев А.Д., Катышев С.Д., Осин А.В., Титова О.А., Разумова И.В., Софьина А.В., Ляпина Е.П., Вяткин И.Н. Случай выделения в медицинской организации штамма возбудителя бруцеллеза от пациента с инфекционным эндокардитом ..... | 110 | Portenko S.A., Bil'ko E.A., Kazantsev A.V., Koreshkova O.A., Osina N.A., Demakhina K.R., Sitmbetov D.A., Krasnov Ya.M., Katyshev A.D., Katyshev S.D., Osin A.V., Titova O.A., Razumova I.V., Sof'ina A.V., Lyapina E.P., Vyatkin I.N. A Case of Isolation of a <i>Brucella melitensis</i> Strain from a Patient with Infectious Endocarditis in Medical Organization |  |
| Тельнова Н.В., Шиянова А.Е., Яшина А.Ю., Кабачкова Ю.С., Лопатин А.А., Мордвинов И.О., Трескин А.А., Скударева О.Н., Гаевская Н.Е., Кругликов В.Д., Казьмина В.С., Савина И.В., Бодрая П.В. Об организации эпидемиологического надзора за холерой в Российской Федерации в 2023–2024 гг. ....                                                        | 121 | Tel'nova N.V., Shiyanova A.E., Yashina A.Yu., Kabachkova Yu.S., Lopatin A.A., Mordvinov I.O., Treskin A.A., Skudareva O.N., Gaevskaya N.E., Kruglikov V.D., Kaz'mina V.S., Savina I.V., Bodraya P.V. On the Organization of Epidemiological Surveillance over Cholera in the Russian Federation in 2023–2024                                                         |  |
| Тюрин Ю.А., Савицкая Т.А., Иванова А.В., Решетникова И.Д., Куликов С.Н., Пяташина М.А., Давидюк Ю.Н., Кабве Э., Елбоева П.И., Насыров Т.Р. Обнаружение реассортантных штаммов <i>Orthohantavirus puumalaense</i> в Высокогорском районе Республики Татарстан .....                                                                                   | 130 | Tyurin Yu.A., Savitskaya T.A., Ivanova A.V., Reshetnikova I.D., Kulikov S.N., Patyashina M.A., Davidyuk Yu.N., Kabwe E., Elboeva P.I., Nasyrov T.R. Detection of Reassortant <i>Orthohantavirus puumalaense</i> Strains in Vysokogorsky District, Republic of Tatarstan                                                                                              |  |
| Хачатурова А.А., Пономаренко Д.Г., Ковалев Д.А., Писаренко С.В., Жаринова И.В., Кондратьева Ю.В., Костюченко М.В., Черкесова З.В., Нахушева Р.Д., Гадиев И.А., Пагов Ж.А., Куличенко А.Н. Эпидемиологическая и этиологическая характеристика группового «семейного» очага бруцеллеза в Кабардино-Балкарской Республике .....                         | 140 | Khachaturova A.A., Ponomarenko D.G., Kovalev D.A., Pisarenko S.V., Zharinova I.V., Kondratieva Yu.V., Kostyuchenko M.V., Cherkesova Z.V., Nakhushcheva R.D., Gadiev I.A., Pagov Zh.A., Kulichenko A.N. Epidemiological and Etiological Characteristics of a Group "Household" Focus of Brucellosis in the Kabardino-Balkarian Republic                               |  |
| Цай А.В., Пичурина Н.Л., Носков А.К., Добровольский О.П., Хаметова А.П., Забашта М.В., Панасюк Н.В., Забашта А.В. Активность природных очагов инфекционных болезней на территории Ростовской области, Донецкой и Луганской народных республик .....                                                                                                  | 149 | Tsaj A.V., Pichurina N.L., Noskov A.K., Dobrovolsky O.P., Khametova A.P., Zabashta M.V., Panasyuk N.V., Zabashta A.V. Activity of Natural Foci of Infectious Diseases in the Territory of the Rostov Region, Donetsk and Lugansk People's Republics                                                                                                                  |  |
| Чеховская Г.В., Крепостнова И.М., Рыбальченко Д.А., Щелканова Е.Ю., Смирнова Н.И. Авирулентный пробиотический штамм <i>Escherichia coli</i> , продуцирующий В-субединицу холерного токсина: получение, стабильность наследования и экспрессия клонированного гена <i>ctxB</i> .....                                                                  | 156 | Chekhovskaya G.V., Krepostnova I.M., Rybal'chenko D.A., Shchelkanova E.Yu., Smirnova N.I. Avirulent Probiotic Strain of <i>Escherichia coli</i> , Producing the B-Subunit of Cholera Toxin: Obtainment, Stability of Inheritance, and Expression of the Cloned <i>ctxB</i> Gene                                                                                      |  |
| <b>Краткие сообщения</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |     | <b>Brief communications</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |  |
| Гумаюнова К.С., Овчинникова М.В., Червякова Н.С., Зинина О.С., Глазкова Е.А., Никифоров А.К. Формирование рабочей коллекции бактериофагов для производства медицинских изделий для диагностики <i>in vitro</i> чумы и холеры .....                                                                                                                   | 163 | Gumayunova K.S., Ovchinnikova M.V., Chervyakova N.S., Zinina O.S., Glazkova E.A., Nikiforov A.K. Development of a Working Collection of Bacteriophages for the Production of Medical Products for <i>in vitro</i> Diagnostics of Plague and Cholera                                                                                                                  |  |
| <b>К 80-летию Победы в Великой Отечественной войне 1941–1945 гг.</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                 |     | <b>To the 80th anniversary of the Victory in the Great Patriotic War of 1941–1945</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                |  |
| Черкасская Т.С., Павловская Е.Ю. Санитарно-эпидемиологическая служба Саратовской области в годы Великой Отечественной войны: вклад в Победу .....                                                                                                                                                                                                    | 167 | Cherkasskaya T.S., Pavlovskaya E.Yu. Sanitary-Epidemiological Service of the Saratov Region during the Great Patriotic War: Contribution to Victory                                                                                                                                                                                                                  |  |
| <b>Юбилей</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |     | <b>Anniversaries</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |  |
| К 100-летию со дня рождения Игоря Валериановича Домарадского (22.12.1925 – 09.09.2009) ...                                                                                                                                                                                                                                                           | 170 | To the Anniversary of Igor V. Domaradsky                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |  |
| К юбилею Геннадия Григорьевича Онищенко .....                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | 172 | To the Anniversary of Gennagy G. Onishchenko                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |  |
| К юбилею Нины Ивановны Смирновой .....                                                                                                                                                                                                                                                                                                               | 173 | To the Anniversary of Nina I. Smirnova                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |  |
| К юбилею Андрея Владимировича Топоркова .....                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | 175 | To the Anniversary of Andrey V. Toporkov                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |  |
| Правила для авторов .....                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            | 176 | To authors                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |  |

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-6-16

УДК УДК 616.912:615.371

С.В. Борисевич<sup>1</sup>, А.А. Махлай<sup>1</sup>, В.Н. Подкуйко<sup>1</sup>, А.И. Терентьев<sup>1</sup>, А.Л. Хмелев<sup>1</sup>, А.Ю. Поярков<sup>2</sup>**Анализ опыта повышения безопасности применения  
противооспенных вакцинных препаратов**

<sup>1</sup>ФГБУ «48 Центральный научно-исследовательский институт» Министерства обороны Российской Федерации, Сергиев Посад, Российская Федерация; <sup>2</sup>Управление начальника войск радиационной, химической и биологической защиты Вооруженных Сил Российской Федерации, Москва, Российская Федерация

Эпидемиологическая опасность ортопоксвирусов и побочное действие применяемых живых вакцин растут, повышая требования к безопасности вакцинации. **Целью** данного обзора был анализ направлений повышения безопасности оспенных вакцин. Биотехнологическое совершенствование дермовакцин не увеличило безопасность до допустимого уровня и вызвало введение большого количества ограничений, противопоказаний, а в конечном итоге – запрет их применения. При совершенствовании парентеральных вакцин доминирует биотехнологическое направление повышения безопасности, которое вкупе с иммунологической коррекцией метода вакцинации (двухэтапный метод вакцинации в России или многократная иммунизация за рубежом) способствовало достижению допустимых требований безопасности у третьего поколения оспенных вакцин. Неудачи биотехнологического совершенствования дермовакцин обусловили интенсификацию исследований по разработке пероральных вакцин третьего поколения типа ТЭОВак, отвечающих принципам безопасности и эффективности, и дальнейшее развитие иммунологического направления повышения безопасности вакцинации. Реализация иммунологического направления совершенствования безопасности противооспенных вакцин осуществлялась за счет разработки пероральных мукозальных вакцин и двухэтапного метода вакцинации. Еще одной проблемой специфической профилактики оспы является высокий риск развития осложнений вакцинации. Двухэтапный или двукратный метод вакцинации эпидемически эффективными живыми вакцинами составляет универсальное направление купирования таких осложнений. В США для купирования осложнений создан запас гомологичного иммуноглобулина и выпускаются химиопрепараты, в РФ в настоящее время лицензирован единственный препарат НИОХ-14, делаются попытки компенсировать отсутствие гомологичного иммуноглобулина гетерологичным очищенным препаратом. Таким образом, для России наиболее действенным и перспективным направлением повышения безопасности оспенных вакцин является иммунологическое: разработка современного перорального способа иммунизации, мукозальных вакцин и двухэтапного метода вакцинации. За рубежом доминирует биотехнологическое направление совершенствования парентеральных оспенных вакцин, которое дополняется иммунологическим.

**Ключевые слова:** безопасность оспенных вакцин, биотехнологическое и иммунологическое направления совершенствования, мукозальное оспопрививание, двухэтапный метод вакцинации, купирование поствакцинальных осложнений, патогенные для человека ортопоксвирусы.

Корреспондирующий автор: Борисевич Сергей Владимирович, e-mail: 48cnii@mail.ru.

Для цитирования: Борисевич С.В., Махлай А.А., Подкуйко В.Н., Терентьев А.И., Хмелев А.Л., Поярков А.Ю. Анализ опыта повышения безопасности применения противооспенных вакцинных препаратов. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 4:6–16. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-6-16

Поступила 31.10.2024. Отправлена на доработку 13.12.2024. Принята к публикации 13.10.2025.

S.V. Borisevich<sup>1</sup>, A.A. Makhlay<sup>1</sup>, V.N. Podkuiko<sup>1</sup>, A.I. Terent'ev<sup>1</sup>, A.L. Khmelev<sup>1</sup>, A.Yu. Poyarkov<sup>2</sup>**Analysis of the Experience of Improving the Safety of Anti-Smallpox Vaccines**

<sup>1</sup>48<sup>th</sup> Central Research Institute of the Ministry of Defense of the Russian Federation, Sergiev Possad, Russian Federation;

<sup>2</sup>Department of the Chief of Radiation, Chemical and Biological Protection Troops of the Armed Forces of the Russian Federation, Moscow, Russian Federation

**Abstract.** The epidemiological hazard of orthopoxviruses and the side effects of the used live vaccines are growing, raising the safety requirements for vaccination. **The aim** of this review was to analyze ways to improve the safety of smallpox vaccines. Biotechnological improvement of dermovaccines did not enhance safety to an acceptable level and caused the introduction of a large number of restrictions, contraindications, and eventually a ban on their use. The improvement of parenteral vaccines is dominated by the biotechnological trends of safety increment, which, combined with the immunological correction of the vaccination method (two-stage vaccination in Russia or multiple immunization abroad), contributed to achieving acceptable safety requirements for the third generation of smallpox vaccines. The failures of biotechnological improvement of dermovaccines led to the intensification of research on the development of third-generation oral vaccines of the TEOVac type, meeting the principles of safety and effectiveness, and further development of the immunological aspect of higher vaccination safety. The implementation of the immunological course for improving the safety of anti-smallpox vaccines was carried out through the development of oral mucosal vaccines and a two-stage vaccination method. Another problem with the specific prevention of smallpox is the high risk of complications after vaccination. A two-stage or two-fold method of vaccination with epidemiologically effective live vaccines

is a universal solution for the relief of such complications. In the USA, a supply of homologous immunoglobulin has been created and chemotherapy drugs are being produced to relieve complications; in the Russian Federation, only the NIOX-14 drug is currently licensed, and attempts are being made to compensate for the absence of homologous immunoglobulin with a heterologous purified drug. Thus, for Russia, the most effective and promising area for improving the safety of smallpox vaccines is immunological one: the development of a modern oral method of immunization, mucosal vaccines and a two-stage vaccination method. Abroad, the biotechnological trends in improvement of parenteral smallpox vaccines dominate, which is complemented by the immunological one.

**Key words:** safety of smallpox vaccines, biotechnological and immunological aspects of improvement, mucosal vaccination, two-stage vaccination method, relief of post-vaccination complications, orthopoxviruses pathogenic for humans.

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

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

**Corresponding author:** Sergey V. Borisevich, e-mail: 48cnii@mail.ru.

**Citation:** Borisevich S.V., Makhlay A.A., Podkuiko V.N., Terent'ev A.I., Khmelev A.L., Poyarkov A.Yu. Analysis of the Experience of Improving the Safety of Anti-Smallpox Vaccines. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:6–16. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-6-16

**Received** 31.10.2024. **Revised** 13.12.2024. **Accepted** 13.10.2025

Borisevich S.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6742-3919>

Makhlay A.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6347-3476>

Podkuiko V.N., ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-3058-6706>

Terent'ev A.I., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9946-6553>

Khmelev A.L., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6686-320X>

Poyarkov A.Yu., ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-4026-6466>

Актуальность разработки новых и повышения качества традиционных вакцин обусловлена ростом требований к их безопасности, а также возвратом побежденных инфекций. Данное обстоятельство в полной мере относится к проблеме ортопоксвирусных инфекций. Борьба с натуральной оспой, начатая с использования метода вариоляции более 3 тыс. лет назад и продолженная с помощью метода вакцинации в последние два века, завершилась ликвидацией этого антропоноза [1–4]. Тем не менее зоонозные ортопоксвирусные инфекции остаются серьезной проблемой здравоохранения многих стран мира. Так, в Африке активизировались природные очаги оспы обезьян (тпрох с 2023 г.) – новая кллада II тпрох вызвала пандемическую вспышку с новым механизмом заражения (ректальная тпрох) [1, 3, 5–19]. Пандемия COVID-19 и глобальное распространение тпрох выявили радикальные отличия в современной эпидемической ситуации от таковой при ликвидации натуральной оспы. В настоящее время более 20 % населения невозможно прививать вакцинами 1-го и 2-го поколения из-за наличия у них противопоказаний к вакцинации. Популяция людей стала более чувствительна к ортопоксвирусам ввиду отсутствия иммунитета, а кроме этого, усилилась межвидовая конкуренция за экологическую нишу возбудителя – слизистые оболочки, которые при иммунодефицитах стали местом селекции поксвирусов [3, 4, 15]. В Европе и Азии активизировались природные очаги ортопоксвирусов, а вирус оспы верблюдов, преодолев межвидовой барьер, вызвал оспоподобное заболевание у человека [16–23]. За последнее десятилетие выявлены три новых ортопоксвируса и прогнозируется появление новых мутировавших вирусов, сходных с вирусом натуральной оспы [15, 24–26].

В сложившейся ситуации единственным апробированным, но небезопасным средством защиты остаются живые вакцины. Поэтому анализ истори-

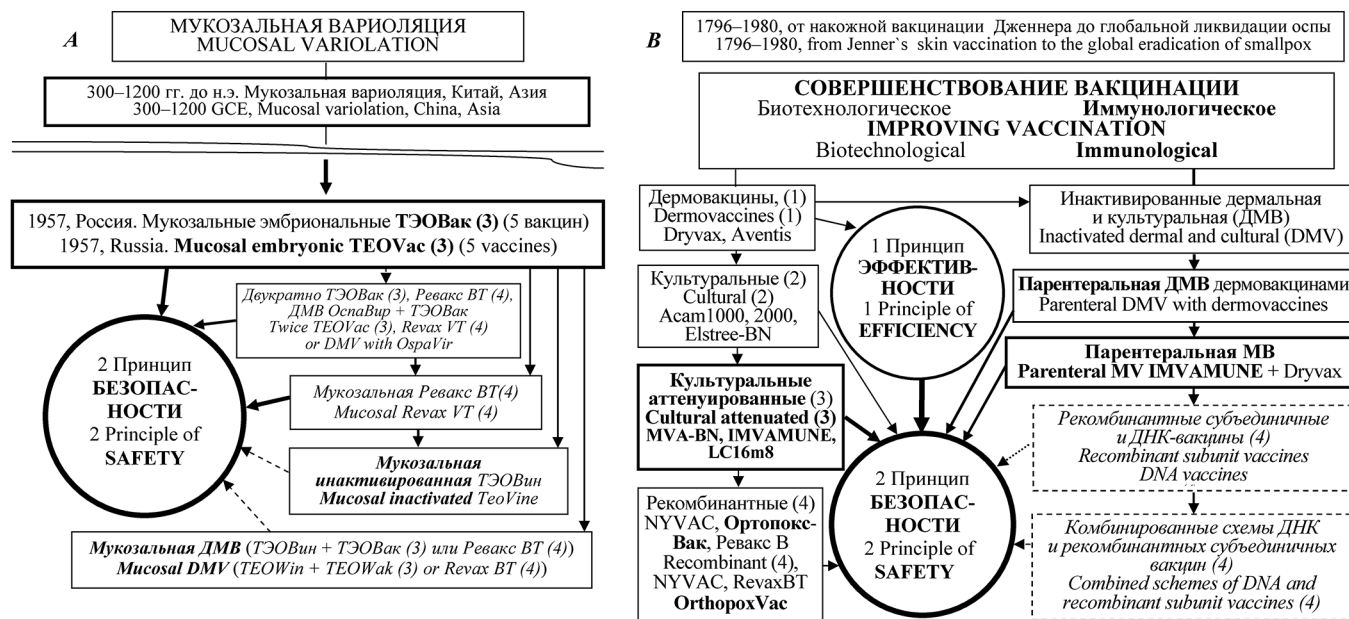
ческого опыта оспопрививания и разработка на его основе подходов по созданию новых безопасных вакцин является актуальной проблемой [27].

**Цель работы** – анализ направлений повышения безопасности оспенных вакцин.

Опыт глобальной ликвидации натуральной оспы в XX в. (до отмены прививок живая дермовакцина являлась наиболее реактогенным вакцинным препаратом, вызывающим тяжелые и смертельные осложнения) и неудачная попытка возврата к массовой иммунизации в США в начале XXI в. показали, что для безопасной вакцинации необходимы средства сопровождения, позволяющие купировать побочные действия вакцинных препаратов.

Анализ более чем трехтысячелетнего опыта вариоляции (естественной мукозальной и накожной инокуляции) и двухсотлетнего опыта вакцинации позволяет выделить два направления повышения безопасности вакцин: биотехнологическое – путем аттенуации вакцинных штаммов и повышения качества технологии получения разработанных вакцин и иммунологическое – путем разработки методов щадящей вакцинации (рисунок, табл. 1).

**Биотехнологическое направление повышения безопасности парентеральных вакцин.** Качество живой дермовакцины повышали путем выбора более безопасного производственного штамма, модернизации технологии получения, замены субстрата культивирования вируса и др. (вакцины 2–4-го поколений). Использование в качестве субстрата накопления вируса клеточных культур (вакцины 2-го поколения) хотя и снижает опасность заражения возбудителями прионных инфекций, но мало влияет на побочное действие вакцин. Тем не менее в США их рассматривают как резервные препараты (культуральная вакцина Асам 2000) [28–30]. Производство культуральных вакцин для массового использования на основе штамма MVA-BN было начато в 2016 г. Показана эффективность и безопасность вакцины



Эволюция видов, принципов и направлений совершенствования мукозальных (А) и парентеральных (В) прививок:

ДМВ – двухэтапный метод вакцинации; МВ – многократная вакцинация Imvamune и Dryvax; выделены: курсивом – разрабатываемые вакцины; жирным шрифтом – безопасные вакцины (поколения); схемы и связи (системные) – линиями, эволюционные – стрелками; прерывистыми линиями (рамками) и стрелками – вакцины-кандидаты

Evolution of types, principles and directions of improvement of mucosal (A) and parenteral (B) vaccinations:

DMV is a two-stage vaccination method; MV is multiple vaccination with Imvamune and Dryvax; highlighted: in italics – vaccines under development; in bold – safe vaccines (generations); schemes and links (systemic) – lines, evolutionary – arrows; dotted lines (frames) and arrows – candidate vaccines

при двукратном применении и совместно с вакциной Dryvax для людей с иммунодефицитами, аллергическими, кожными и сердечно-сосудистыми заболеваниями [30–35]. Кроме того, за рубежом внедряют рекombинантные вакцины на основе штамма MVA против СПИДа, желтой лихорадки и др., применение которых, восстанавливая популяционный противооспенный иммунитет, превращает вакцинацию в безопасную ревакцинацию. Возобновлен интерес к разработанной в Японии в 60-х гг. XX в. оспенной вакцине LC16m8. Препарат показал низкую реактогенность у добровольцев, включая аллергиков. Комитет ВОЗ рассматривает применение наряду с MVA, не репродуцирующегося в клетках человека, вакцины LC16m8, которая может быть использована для вакцинации лиц с ослабленным иммунитетом.

Кроме того, за рубежом и в России разрабатывают генноинженерные вакцины 4-го поколения: рекombинантные и субъединичные. Для экстренной профилактики и вакцинации людей с иммунодефицитными состояниями заслуживают внимания ДНК-вакцины, кодирующие различные белки вируса натуральной оспы, и ведется разработка пептидной вакцины [30, 36–38]. Четвертое поколение вакцин перспективно для массовой безопасной вакцинации с последующей ревакцинацией живой вакциной. В ФБУН ГНЦ «Вектор» (Россия) в результате инактивации генов вирулентности получен аттенуированный штамм VACΔ6 вируса вакцины и зарегистрирована живая культуральная аттенуированная оспенная вакцина ОртопоксВак. Вакцина может использоваться самостоятельно и в комбинации с ДНК-вакциной. В связи

с невозможностью изучения эффективности вакцин 4-го поколения в условиях эпидемии они перспективны в качестве первого компонента двухэтапной вакцинации. В ФБУН ГНЦ «Вектор» изучается возможность использования кандидатных ДНК-вакцин для массовой вакцинации людей с иммунодефицитами [29, 30, 36–40].

Таким образом, неудачи биотехнологического совершенствования дермовакцин и парентеральных препаратов, вводимых накожно (рисунок, В; табл. 1 и 2), обусловили интерес к возрождению мукозальных прививок и ознаменовали расширение возможностей для иммунологического направления совершенствования противооспенных вакцин.

**Биотехнологическое направление повышения безопасности мукозальных вакцин.** Мукозальная вариоляция как иммунологический способ борьбы с натуральной оспой впервые описана у наследника китайского императора [41–45]. Неудачи совершенствования накожных дермовакцин во время глобальной ликвидации натуральной оспы обусловили возобновление исследований по разработке мукозальных пероральных вакцин типа ТЭОВак (рисунок, А; табл. 1) [28]. Снижение патогенности производственного штамма вакцины было использовано для ТЭОВак, но дополнено требованием контроля инвазивных свойств применительно к щадящему пероральному способу применения. Для ТЭОВак это направление актуально, так как штамм Б-51 генетически неоднороден и его аттенуация увеличивается при использовании клона Б-51БМ, рекомендованного для детей с высоким риском развития осложнений.

Таблица 1 / Table 1

**Оценка эффективности направлений совершенствования вакцин (поколений)**  
**Evaluation of the effectiveness of vaccine improvement tools (generations)**

| Повышение безопасности оспопрививания<br>Improving the safety of smallpox vaccination                             |                                           |                                                                        |                                                                             |                                  | Оценка<br>(поколение вакцин), $x_{cp} \pm I_{95}$<br>Estimation<br>(vaccine generation), $x_{cp} \pm I_{95}$ |     |         |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------|----------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|---------|
| Область<br>Scope                                                                                                  | Способ<br>Method                          | Направления, основные усовершенствования<br>Aspects, main improvements |                                                                             |                                  |                                                                                                              |     |         |
| I. Совершенствование вакцин, способов и схем применения<br>I. Improving vaccines, methods and application schemes | Мукозальный, пероральный<br>Mucosal, oral | Биотехнологическое<br>Biotechnological                                 | Мукозальные ТЭОВак<br>Mucosal TEOVac                                        |                                  | 3                                                                                                            | 3,5 | 3,6±0,5 |
|                                                                                                                   |                                           |                                                                        | Выбор штамма ТЭОВак<br>Selection of the TEOVac strain                       |                                  |                                                                                                              |     |         |
|                                                                                                                   |                                           |                                                                        | Выбор субстрата ТЭОВак<br>The choice of the TEOVac substrate                |                                  |                                                                                                              |     |         |
|                                                                                                                   |                                           |                                                                        | Рекомбинантная Ревакс ВТ<br>Recombinant Revax VT                            |                                  | 4                                                                                                            |     |         |
|                                                                                                                   |                                           | Иммунологическое*<br>Immunological*                                    | Ревакцинация<br>Revaccination                                               |                                  | 3                                                                                                            | 3,7 |         |
|                                                                                                                   |                                           |                                                                        | Двукратная вакцинация Ревакс ВТ<br>Double vaccination of Revax VT           |                                  | 4                                                                                                            |     |         |
|                                                                                                                   |                                           |                                                                        | Инактивированная ТЭОВин (ДМВ)<br>Inactivated TEOWin (DMV)                   |                                  | 4                                                                                                            |     |         |
|                                                                                                                   |                                           |                                                                        | Мукозальная ДМВ<br>Mucosal DMV                                              |                                  |                                                                                                              |     |         |
|                                                                                                                   | Парентеральный<br>Parenteral              | Биотехнологическое<br>Biotechnological                                 | Культуральные эмбриональные<br>Cultural embryonic                           |                                  | 2                                                                                                            | 2,2 | 2,1±0,9 |
|                                                                                                                   |                                           |                                                                        | Модернизация технологии (очистка)<br>Modernization of technology (cleaning) |                                  | 1                                                                                                            |     |         |
|                                                                                                                   |                                           |                                                                        | Снижение инфекционности вируса<br>Reducing the infectivity of the virus     |                                  | 3                                                                                                            |     |         |
|                                                                                                                   |                                           |                                                                        | ОртопоксВак, Ревакс В<br>OrthopoxVac, RevaxV                                |                                  | 4                                                                                                            |     |         |
|                                                                                                                   |                                           |                                                                        | Множественное накалывание<br>Multiple pricking                              |                                  | 1                                                                                                            |     |         |
|                                                                                                                   |                                           |                                                                        | Защитная повязка<br>Protective bandage                                      |                                  |                                                                                                              |     |         |
|                                                                                                                   |                                           | Иммунологическое*<br>Immunological*                                    | Инактивированная ОспаВир (ДМВ)<br>Inactivated OspaVir (DMV)                 |                                  | 2                                                                                                            | 2,0 |         |
|                                                                                                                   |                                           |                                                                        | ДМВ (ОспаВир+дермовакцина)<br>DMV (OspaVir+dermovaccine)                    |                                  | 1                                                                                                            |     |         |
|                                                                                                                   |                                           |                                                                        | МВ (Imvamune+Dryvax)                                                        |                                  | 3                                                                                                            |     |         |
|                                                                                                                   |                                           |                                                                        |                                                                             |                                  |                                                                                                              |     |         |
| II. Купирование осложнений<br>II. Relief of complications                                                         |                                           | Иммунологическое*<br>Immunological*                                    | Иммунизация<br>Immunization                                                 | Активная (ДМВ)<br>Active (DMV)   | 1                                                                                                            |     |         |
|                                                                                                                   |                                           |                                                                        |                                                                             | Пассивная (ВНА)<br>Passive (VNA) |                                                                                                              |     |         |
|                                                                                                                   |                                           |                                                                        | Метисазон+иммуноглобулин*<br>Metisazone+immunoglobulin*                     |                                  |                                                                                                              |     |         |

Примечания: ДМВ – двухэтапная вакцинация, МВ – многократная (2–4) вакцинация, ВНА – вируснейтрализующие антитела; \* иммунологическое направление совершенствования пероральных вакцин включает конструирование специальных мукозальных препаратов для приема внутрь, парентеральных – использование сначала безопасной инактивированной, а затем живой вакцины (двухэтапная схема вакцинации), превращающей опасную накожную вакцинацию в 40 раз более безопасную ревакцинацию.

Notes: DMV – two-stage vaccination, MV – multiple (2–4) vaccination, VNA – virus neutralizing antibodies; \* the immunological course of improving oral vaccines includes the design of special mucosal preparations for oral administration, parenteral – the use of safe inactivated and then live vaccines (a two-stage vaccination scheme), which turns dangerous skin vaccination into 40 times safer revaccination.

При разработке использованы безопасный субстрат получения и технология массового производства таблетированных препаратов. Создание ТЭОВак – результат комплексного применения биотехнологических разработок и повышения безопасности препарата за счет использования иммунологи-

ческих приемов вакцинации. Двукратное и трехкратное введение для парентеральных оспенных вакцин на основе аттенуированных, но малоиммуногенных штаммов использовали для повышения их эффективности. Безопасный препарат ТЭОВак на заключительном этапе ликвидации натуральной оспы по-

Таблица 2 / Table 2

**Влияние направлений совершенствования оспенных вакцин на безопасность**  
**Impact of smallpox vaccine improvement trends on safety**

| Усовершенствованная вакцина<br>The improved vaccine                                               | Безопасность<br>Safety        | Направление повышения безопасности<br>The aspect of raised security          |                                                                           | Влияние<br>Influence   |                         |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------|------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------|------------------------|-------------------------|
|                                                                                                   |                               | Биотехнологическое<br>Biotechnological                                       | Иммунологическое<br>Immunological                                         | Оценка*<br>Estimation* | Поклоение<br>Generation |
| Живые парентеральные / Live parenteral                                                            |                               |                                                                              |                                                                           |                        |                         |
| Dryvax, Aventis, Lancy-Vaxina                                                                     | низкая<br>low                 | Стандартизация технологии<br>Standardization of technology                   |                                                                           | +                      | 1                       |
| ACAM1000, ACAM2000, Elstree-BN                                                                    | недостаточная<br>insufficient | Стандартизация культивирования<br>Standardization of cultivation             |                                                                           | ++                     | 2                       |
| MVA-BN, LC16m8I, MVAMUNE                                                                          | допустимая<br>acceptable      | Аттенуация штаммов<br>Strain attenuation                                     | Двукратное применение<br>Double use                                       | +++                    | 3                       |
| NYVAC, Ревакс В, ОртопоксВак<br>Revax V, OrthopoxVac                                              | допустимая<br>acceptable      | Инактивация генов вирулентности<br>Inactivation of virulence genes           | Двукратное применение<br>Double use                                       | ++++<br>+++            | 4                       |
| Живые мукозальные (пероральные) / Live mucosal (oral)                                             |                               |                                                                              |                                                                           |                        |                         |
| ТЭОВак, Ревакс ВТ<br>TEOVac, Revax VT                                                             | допустимая<br>acceptable      | Стандартизация культивирования<br>Standardization of cultivation             | Ревакцинация / Revaccination                                              | +++                    | 3                       |
|                                                                                                   |                               |                                                                              | Двукратная вакцинация<br>Double vaccination                               |                        | 4                       |
| Инактивированные для двухэтапного метода вакцинации / Inactivated drugs for two-stage vaccination |                               |                                                                              |                                                                           |                        |                         |
| ОспаВир + дермовакцина или<br>ТЭОВак<br>OspaVir + dermovaccine or TEOVac                          | допустимая<br>acceptable      | Радиологическая инактивация вируса<br>Radiological inactivation of the virus | Создание общего<br>грудимунитета<br>Creating a common grund im-<br>munity | +++                    | >3                      |
| ТЭОВин+ТЭОВак<br>TEOVin+TEOVac                                                                    | высокая<br>high               | Химическая инактивация<br>Chemical inactivation                              | Местный иммунитет<br>Local immunity                                       | ++++                   |                         |

Примечания: жирным шрифтом выделены данные о клинической безопасности вакцин для людей или регламентированном применении их по национальным нормативным документам (Методические указания, МУ) на оспопрививание; \* оценка влияния направления на повышение безопасности вакцины: + наличие эффекта, ++ средний эффект, +++ достаточный эффект, ++++ оптимальный эффект.

Notes: data on the clinical safety of vaccines for humans or their regulated use according to national standards for smallpox vaccination (Methodological Requirements, MR) are highlighted in bold; \* assessment of the impact of the trend on improving the safety of the vaccine: + the presence of an effect, ++ average effect, +++ sufficient effect, ++++ optimal effect.

казал в Эфиопии эпидемическую эффективность и безопасность при вакцинации взрослых и детей. Однако, исходя из требований ставшего доминирующим принципа безопасности, на ТЭОВак необоснованно распространены ограничения кожной вакцинации (все медицинские противопоказания – в отношении взрослых).

Теоретическую и практическую основу идеального управления безопасностью как кожных, так и кожных оспенных вакцин составляет биотехнологическое направление, интегрально включающее базовые иммунологические механизмы купирования двухэтапной вакцинации (физиологический способ применения, снижение уровня гиперчувствительности замедленного типа в кожном иммунном ответе и кожная память). Следуя этим принципам, дермовакцина и ТЭОВак лицензированы для ревакцинации и вакцинации с ОспаВир [28, 30].

**Иммунологическое направление повышения безопасности оспенных вакцин.** Иммунологическое направление повышения безопасности оспопрививания в виде кожной вариоляции эмпирически возникло в Китае и Индии за тысячелетие до Рождества Христова. Затем в странах Малой Азии,

Европе (после XII в. до н.э. в Индии и Англии) начали применять парентеральную практику иммунологической борьбы с натуральной оспой различными способами кожной гомологичной инокуляции, которая продолжалась в Африке до XX в. (рисунок). В основе оспопрививания лежал достоверный факт, что люди, перенесшие натуральную оспу, повторно не болеют, а первый опыт кожных прививок поксвирусами фактически стал эмпирической основой для формирования иммунологического направления повышения безопасности оспенных вакцин и иммунологии. В 90-х гг. XVIII в. Э. Дженнер описал наблюдение, что доярки, контактировавшие со скотом, больным кожной оспой, если и заболели натуральной оспой, то переносили ее легко. Основываясь на этом, Э. Дженнер предложил метод гетерологичной вакцинации – иммунизацию вирусом кожной оспы. В 1796 г. был опубликован отчет об опыте вакцинации (от лат. *vacca* – коза) и развитии известных иммунологических феноменов: аллергии и гиперчувствительности замедленного типа. Затем в 1807 г. кожная иммунизация была одобрена британским парламентом и стала массово применяться до 1980 г. (признание ВОЗ глобальной элиминации

натуральной оспы). Однако ни трехтысячелетнюю вариоляцию, ни вакцинацию Э. Дженнера в 1796 г. не считают началом иммунологии, хотя исторически работы были первыми обоснованными опытами массовой вакцинации [41–45]. Рождение же иммунологии как науки связано с Л. Пастером, в 1880 г. сформулировавшим общие принципы профилактики инфекционных заболеваний, которые через 84 года после работ Э. Дженнера считают рождением иммунологии, но не вакцинологии (науки о вакцинах и иммунитете, вызванном вакцинами). Исторический парадокс состоит в том, что Л. Пастер признан основателем медицинской микробиологии, иммунологии и (наряду с Э. Дженнером) вакцинологии [42]. Следует отметить, что выделение биотехнологического направления из иммунологического условно, как и иммунологии из микробиологии. Наиболее востребованным иммунологическим направлением повышения безопасности вакцин против оспы стало в период глобальной ликвидации натуральной оспы. Так, например, ТЭОВак целенаправленно разрабатывали для безопасного оспопрививания максимально уязвимого взрослого контингента и у мукозального препарата, в отличие от дермовакцин, отсутствуют возрастные (детские) ограничения. Поэтому применение ТЭОВак безопасно для контингентов высокого риска развития осложнений (результаты ревакцинации взрослых в СССР, противоэпидемическая иммунизация детей и взрослых в Эфиопии). Однако при вакцинации до-

бровольцев ТЭОВак и Ревакс ВТ были зарегистрированы местные бактериально-вирусные вакцинальные реакции на слизистой в виде тонзиллитов (ангин), успешно купируемых антибиотиками.

#### Купирование осложнений при вакцинации.

Тяжелые реакции и осложнения при накожном применении дермовакцины во время обязательных прививок и при глобальной ликвидации натуральной оспы обусловили отмену вакцинации в 1980 г., а выпуск средств ее сопровождения, обеспечивающих относительную безопасность прививки, достиг своего максимума. В США и Великобритании еще 70-х гг. прошлого века исключили из Календаря прививок вакцинацию дермовакцинами, а в России в 1980-х гг. начали ограниченно внедрять более безопасный мукозальный препарат ТЭОВак. На втором этапе глобальной ликвидации натуральной оспы все чаще для купирования осложнений, обусловленных применением дермовакцины, стали применять двухэтапную вакцинацию. При накожной вакцинации купирование осложнений проводили с помощью специфических (специфические иммуноглобулины) и неспецифических (антибактериальные и противовирусные препараты, иммуномодуляторы, симптоматические препараты) средств (табл. 1 и 3).

Непривитые взрослые составляли контингент повышенного риска по развитию осложнений, поэтому в период проведения обязательных накожных прививок эту категорию граждан вакцинировали

Таблица 3 / Table 3

Оценка средств противооспенной иммунизации СССР (1976 г.) и России (2024 г.)  
Means for anti-smallpox immunization of the USSR in 1976 and in Russia (2024)

| Вакцины и средства сопровождения (CC)<br>Vaccines and means of support (MS) |                                               |                                  |                                            |                                                              | Оценка <sup>1</sup> (поколение)<br>Evaluation <sup>1</sup> (generation) |                  |
|-----------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------|----------------------------------|--------------------------------------------|--------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------|------------------|
| Средство<br>Means                                                           |                                               |                                  | Способ применения<br>Method of application |                                                              | СССР<br>USSR                                                            | Россия<br>Russia |
| Вакцина<br>Vaccine                                                          | Живая<br>Live                                 | ТЭОВак<br>TEOVak                 | Пероральный<br>Peroral                     |                                                              | ++ (3)                                                                  |                  |
|                                                                             |                                               | ОртопоксВак<br>OrthopoxVak       | Накожный<br>Cutaneous                      | Двукратно<br>Two-fold                                        | нет<br>no                                                               | ++ (4)           |
|                                                                             |                                               | Дермовакцина<br>Dermovaccine     |                                            | Двухэтапный метод вакцинации<br>Two-stage vaccination method | +++ (1)                                                                 | ++ (1)           |
|                                                                             | Убитая<br>Inactivated                         | Подкожный<br>Subcutaneous        | —                                          |                                                              |                                                                         |                  |
|                                                                             | Средства<br>сопровождения<br>Means of support | Иммуноглобулин<br>Immunoglobulin | человека<br>human                          | Внутримышечный<br>Intramuscular                              |                                                                         | +++              |
| лошади<br>horse                                                             |                                               |                                  | ++                                         |                                                              |                                                                         | +                |
| Метисазон<br>Metisazon                                                      |                                               | Пероральный<br>Peroral           |                                            | +++                                                          | —                                                                       |                  |
| НИОХ-14 <sup>2</sup><br>NIOCh-14 <sup>2</sup>                               |                                               | Пероральный<br>Peroral           |                                            | нет<br>no                                                    | ++                                                                      |                  |

Примечания: <sup>1</sup> сравнительная оценка CC по перспективам производства: – отрицательная (производства нет или после восстановления вакцинации), + положительная (может производиться после перерегистрации нормативных документов, НД); и по возможности применения в современных условиях: ++ наличие НД на препарат, +++ практическое применение или противоэпидемическое средство (НД); <sup>2</sup> НИОХ-14 – отечественный аналог ST 246, зарегистрированный в 2022 г. [52].

Notes: <sup>1</sup> comparative assessment of MS by production prospects: – negative (there is no production or after the restoration of vaccination), + positive (may be performed after the re-registration of normative documentation, ND); and, if possible, use in modern conditions: ++ availability of ND for the drug, +++ practical use or anti-epidemic means (ND); <sup>2</sup> NIOCh-14 – is a domestic analogue of ST 246, registered in 2022 [52].

в сопровождении специфических средств купирования. В этих условиях внедрение в практику прививок ТЭОВак стало перспективно при снятии чрезмерных ограничений, так как при отдаленной мукозальной ревакцинации и вакцинации не зарегистрировано типичных кожных, неврологических и аллергических осложнений и тяжелых общих реакций. В 2006 г. в связи с отсутствием специфических средств купирования осложнений при клинических испытаниях ТЭОВак в условиях вакцинации использовали неспецифические средства: антибактериальные препараты и противовирусные средства (интерферон, его индукторы), иммуномодуляторы. За рубежом, а с 2022 г. и в России применяют для купирования осложнений после вакцинации от оспы специфические противооспенные препараты (ST 246, НИОХ-14). Но специфическое купирование требует проведения дополнительных исследований по апробации противооспенных препаратов с учетом требований безопасности. Например, дермовакцина ОспаВир прионно опасна и аллергенна, а ее применение чревато распространением коровьего бешенства и аллергическими осложнениями. Препарат может применяться по жизненным (эпидемическим) показаниям исключительно при двухэтапном методе вакцинации. Следует отметить, что попытки создания парентеральных инактивированных оспенных вакцин для самостоятельного применения в России и за рубежом в течение двух веков остались безуспешными. Двухэтапный метод вакцинации с включением на втором этапе эпидемически эффективных живых вакцин составляет универсальное направление повышения безопасности иммунизации. Метод предназначен для лиц с относительными противопоказаниями, и его применение увеличит пригодность ТЭОВак для массового использования. За рубежом иммунологическим аналогом двухэтапной вакцинации являются схемы парентерального двукратного введения вакцины 3-го поколения Imvamune, а также комбинированные схемы с вакциной 2-го поколения Dryvax. Для ТЭОВак иммунологическим эквивалентом двухэтапного метода вакцинации являются безопасные схемы мукозальной двухэтапной вакцинации [47, 48]. Иммунологическая основа двухэтапной вакцинации – создание активного грундинимунитета – составляет универсальное направление повышения безопасности, необходимое для иммунизации лиц с относительными противопоказаниями.

Специфическое купирование (второй этап повышения безопасности) базируется на повышении резистентности к вирусу вакцины путем пассивной (специфические гомологичные или гетерологичные иммуноглобулины и моноклональные антитела) или активной (инактивированные или безопасные аттенуированные вакцины) иммунизации, ограничивающих инфекционность живой вакцины [46, 49–51]. В России зарегистрирован противооспенный иммуноглобулин человека, получаемый из крови привитых доноров. Однако препарат не производится

из-за отсутствия привитых доноров. Альтернативой ему является противооспенный иммуноглобулин из сыворотки крови лошадей, имеющий более высокую специфическую активность (табл. 3) [46]. Иммунологическое направление в зависимости от способов применения реализовано в нескольких схемах двух типов вакцин:

1. Парентеральная двухэтапная вакцинация (ОспаВир + живая дермовакцина) и многократная вакцинация (Imvamune + Dryvax).

2. Мукозальная двухэтапная вакцинация для ТЭОВак (ТЭОВин + ТЭОВак) и двукратная вакцинация Ревакс ВТ.

Следует отметить, что безопасные инактивированные вакцины могут быть использованы при отсутствии нарушений иммунореактивности и иммунного статуса организма у прививаемого контингента и при относительных противопоказаниях. Однако использование недостаточно очищенной дермовакцины ОспаВир чревато аллергическими осложнениями, что особенно актуально при парентеральной двухэтапной вакцинации дермовакциной первого поколения. В России под влиянием иммунологических факторов парентеральная двухэтапная вакцинация эволюционирует в направлении повышения безопасности в комбинированную (парентерально-мукозальную), а с созданием мукозальной пероральной инактивированной вакцины ТЭОВин [47, 48] – в новые мукозальные схемы двухэтапной вакцинации. Использование безопасных (очищенных) гетерологичных иммуноглобулинов универсально и целесообразно при нарушениях специфической иммунореактивности и абсолютных противопоказаниях. Оба пути купирования являются взаимодополняющими (табл. 1).

В условиях отсутствия безопасной инактивированной оспенной вакцины и гомологичного иммуноглобулина для увеличения специфической резистентности целесообразно применять щадящую иммунизацию ТЭОВак (двукратно нарастающими дозами) для прививаемого контингента с нормальной иммунореактивностью или совместное введение с дополнительно очищенным гетерологичным иммуноглобулином для лиц с нарушенным иммунным ответом. Создание пассивного грундинимунитета применимо при массовых прививках и будет использоваться при плановой иммунизации лиц повышенного риска развития заболеваний ортопоксвирусами.

Для обеспечения безопасности вакцинации в США разработаны средства сопровождения (иммуноглобулин и химиопрепараты). После массовой вакцинации в 2003 г. были получены безопасные специфические препараты новых поколений (внутривенный гомологичный иммуноглобулин и гуманизированные моноклональные антитела) [49–51]. Вместо метисазона в качестве средства сопровождения можно применять противовирусные препараты тековиримат и бринцидофовир (шифр ST-246) [52–58]. В США создан запас внутривенного гомоло-

гичного иммуноглобулина 4-го поколения. В России для подобных целей на настоящий момент имеется единственный лицензированный химиопрепарат – НИОХ-14 (аналог ST-246) [52].

**Стратегия развития иммунологического направления совершенствования вакцин.** На основании анализа результатов клинических исследований ТЭОВак в современных условиях целесообразен переход от двухэтапной вакцинации дермовакцинами к прививкам с ТЭОВак. При угрозе развития тяжелых реакций и осложнений перспективным путем повышения безопасности вакцинации ТЭОВак является увеличение специфической резистентности. В современных условиях отсутствия безопасной инактивированной вакцины и гомологичного иммуноглобулина увеличение специфической резистентности привитых целесообразно осуществлять двукратным введением ТЭОВак нарастающими дозами или совместным применением очищенного гетерологичного иммуноглобулина по жизненным показаниям. Дальнейшую разработку средств и способов повышения безопасности мукозальной иммунизации целесообразно вести на основе двухэтапного метода вакцинации с использованием ТЭОВин. По действующим у нас в стране нормативным документам по оспопрививанию, допустимо проводить как парентеральную методом двухэтапной вакцинации, так и мукозальную иммунизацию. Разработка безопасных мукозальных вакцин (3-го и 4-го поколения) составляет возрожденное направление развития вакцин, альтернативное парентеральным. В России для массовой иммунизации взрослых создана и испытана в эпидочаге натуральной оспы оральная живая оспенная вакцина (ТЭОВак), превосходящая дермовакцины по безопасности.

В современных условиях, когда неуклонно растет доля населения с противопоказаниями к вакцинации, на основе достижений биотехнологии получены безопасные оспенные вакцины 3–4-го поколения и пересмотрен доминировавший ранее принцип эффективности вакцин. Например, при последней попытке возврата к массовой накожной иммунизации, предпринятой в США, зарегистрированы серьезные осложнения с частотой от 1:7937 до 1:1652 в виде поражений кожи и глаз, генерализованной вакцинии, энцефалитов и сердечно-сосудистых заболеваний (миоперикардиты с тремя летальными исходами). Риск развития осложнений в США при вакцинации в 11–16 раз выше, чем при ревакцинации. В СССР аналогичная разница достигала 40. Совершенствование ТЭОВак и разработка более безопасной мукозальной инактивированной ТЭОВин для щадящей мукозальной двухэтапной вакцинации повысит безопасность применения ТЭОВак [46, 47] (рисунок, А; табл. 3).

Следовательно, наибольший риск развития осложнений в России имеют взрослые лица при вакцинации, а группу минимального риска составляют ревакцинируемые. Доля лиц повышенного риска развития осложнений составляет до 50 %, поэтому в

США запрещены дермовакцины. Внедрение вакцин 3-го поколения для двукратной вакцинации лиц повышенного риска указывает на то, что США реально оценивают опасность ортопоксвирусов.

Наличие перспективных для купирования осложнений иммуномодуляторов и химиопрепаратов обуславливают необходимость обоснования их применения. В условиях ВИЧ/СПИД-пандемии для борьбы с непрекращающейся мукозальной трох перспективно использование мукозальных вакцин, которые индукцией системного иммунитета слизистых предотвращают селекцию вируса в экологической нише [3, 4, 15, 28, 59]. Повышение безопасности ТЭОВак целесообразно вести путем дальнейшей разработки аналогичной ОспаВир безопасной ТЭОВин и схемы ее применения с живой вакциной.

Таким образом, в России наиболее действенным и перспективным (стратегическим) направлением повышения безопасности оспенных вакцин является разработка современного перорального способа иммунизации, мукозальных вакцин и двухэтапного метода вакцинации, в совокупности составляющих иммунологическое направление совершенствования вакцинации, продолжающее тысячелетний опыт прививок. При совершенствовании парентеральных вакцин доминирует биотехнологическое направление, которое дополняется иммунологическим (двухэтапным методом вакцинации в России или многократной иммунизацией за рубежом). В современных условиях роста эпидемиологической угрозы как искусственного, так и естественного возврата натуральной оспы эпидемически проверенная мукозальная пероральная вакцина третьего поколения является альтернативой отечественной живой дермовакцине первого поколения и парентеральным оспенным вакцинам новых поколений. Совершенствование мукозальных вакцин типа ТЭОВак разработкой мукозальных двухэтапных схем вакцинации составляет перспективу развития иммунологического направления повышения безопасности вакцинации.

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

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

#### Список литературы

1. Онищенко Г.Г., Семенов Б.Ф., Зверев В.В. Принципы иммунопрофилактики новых и возвращающихся инфекций. В кн.: *Здравоохранение России: федеральный справочник. Раздел Российское здравоохранение*. М.: 2016. С. 121–25. [Электронный ресурс]. URL: <https://федеральный-справочник.рф/files/FSZ/soderghanie/1/immun.pdf> (дата обращения 25.01.2024).
2. Baddal B., Cakir N. Co-infection of MERS-CoV and SARS-CoV-2 in the same host: A silent threat. *J. Infect. Public Health*. 2020; 13(9):1251–52. DOI: 10.1016/j.jiph.2020.06.017.
3. Haller S.L., Peng C., McFadden G., Rothenburg S. Poxviruses and the evolution of host range and virulence. *Infect. Genet. Evol.* 2014; 21:15–40. DOI: 10.1016/j.meegid.2013.10.014.
4. Michael B.A., Oldstone M.D. *Viruses, Plagues, and History. Past, Present and Future*. London: Oxford University Press; 2020.
5. Mauldin M.R., McCollum A.M., Nakazawa Y.J., Mandra A., Whitehouse E.R., Davidson W., Zhao H., Gao J., Li Y., Doty J.,

- Yinka-Ogunleye A., Akinpelu A., Aruna O., Naidoo D., Lewandowski K., Afrough B., Graham V., Aarons E., Hewson R., Vipond R., Dunning J., Chand M., Brown C., Cohen-Gihon I., Erez N., Shifman O., Israeli O., Sharon M., Schwartz E., Beth-Din A., Zvi A., Mak T.M., Ng Y.K., Cui L., Lin R.T.R., Olson V.A., Brooks T., Paran N., Ihekweazu C., Reynolds M.G. Exportation of monkeypox virus from the African continent. *J. Infect. Dis.* 2022; 225(8):1367–76. DOI: 10.1093/infdis/jiaa559.
6. Mucker E.M., Freyn A.W., Bixler S.L., Cizmeci D., Atyeo C., Earl P.L., Natarajan H., Santos G., Frey T.R., Levin R.H., Meni A., Arunkumar G.A., Stadlbauer D., Jorquera P.A., Bennett H., Johnson J.C., Hardcastle K., Americo J.L., Cotter C.A., Koehler J.W., Davis C.I., Shamblin J.D., Ostrowski K., Raymond J.L., Ricks K.M., Carfi A., Yu W.H., Sullivan N.J., Moss B., Alter G., Hooper J.W. Comparison of protection against mpox following mRNA or modified vaccinia Ankara vaccination in nonhuman primates. *Cell.* 2024; 187(20):5540–53. DOI: 10.1016/j.cell.2024.08.043.
7. Hraib M., Jouni S., Albitar M.M., Alaidi S., Alshehaby Z. The outbreak of monkeypox 2022: An overview. *Ann. Med. Surg. (Lond.)* 2022; 79:104069. DOI: 10.1016/j.amsu.2022.104069.
8. Velavan T.P., Meyer C.G. Monkeypox 2022 outbreak: An update. *Trop. Med. Int. Health.* 2022; 27(7):604–5. DOI: 10.1111/tmi.13785.
9. Costello V., Sowash M., Gaur A., Cardis M., Pasieka H., Wortmann G., Ramdeen S. Imported monkeypox from International Traveler, Maryland, USA, 2021. *Emerg. Infect. Dis.* 2022; 28(5):1002–5. DOI: 10.3201/eid2805.220292.
10. Kozlov M. Monkeypox goes global: why scientists are on the alert. *Nature.* 2022; 606(7912):15–6. DOI: 10.1038/d41586-022-01421-8.
11. Mahase E. Seven monkeypox cases are confirmed in England. *BMJ.* 2022; 377:o1239. DOI: 10.1136/bmj.o1239.
12. Monkeypox virus infections in the United States and other non-endemic countries 2022. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.emergency.cdc.gov/han/2022han00466.asp> (дата обращения 26.01.2024).
13. Dye C., Kraemer M.U.G. Investigating the monkeypox outbreak. *BMJ.* 2022; 377:o1314. DOI: 10.1136/bmj.o1314.
14. Silva N.I.O., de Oliveira J.S., Kroon E.G., de Souza Trindade G., Drumond B.P. Here, there, and everywhere: the wide host range and geographic distribution of zoonotic orthopoxviruses. *Viruses.* 2020; 13(1):43. DOI: 10.3390/v13010043.
15. Супотницкий М.В. Оспа обезьян как малоизученная биологическая угроза для России. *Вестник войск ПХБ защиты.* 2022; 6(2):152–77. DOI: 10.35825/2587-5728-2022-6-2-152-177.
16. Груздев К.Н. Оспа обезьян и другие ортопоксвирусные зоонозы. *Ветеринария сегодня.* 2022; 11(3):194–202. DOI: 10.29326/2304-196X-2022-11-3-194-202.
17. Gujarati R., Reddy Karumuri S.R., Babu T.N., Janardhan B. A case report of buffalopox: A zoonosis of concern. *Indian J. Dermatol. Venereol. Leprol.* 2019; 85(3):348. DOI: 10.4103/ijdvl.IJDVL\_222\_17.
18. Marinaik C.B., Venkatesha M.D., Gomes A.R., Reddy P., Nandini P., Byregowda S.M. Isolation and molecular characterization of zoonotic Buffalopox virus from skin lesions of humans in India. *Int. J. Dermatol.* 2018; 57(5):590–2. DOI: 10.1111/ijd.13890.
19. Riyesh T., Karuppusamy S., Bera B.C., Barua S., Virmani N., Yadav S., Vaid R.K., Anand T., Bansal M., Malik P., Pahuja I., Singh R.K. Laboratory-acquired buffalopox virus infection, India. *Emerg. Infect. Dis.* 2014; 20(2):324–6. DOI: 10.3201/eid2002.130358.
20. Dahiya S.S., Kumar S., Mehta S.C., Narnaware S.D., Singh R., Tuteja F.C. Camelpox: A brief review on its epidemiology, current status and challenges. *Acta Trop.* 2016; 158:32–8. DOI: 10.1016/j.actatropica.2016.02.014.
21. Erster O., Melamed S., Paran N., Weiss S., Khinich Y., Gelman B., Solomon A., Laskar-Levy O. First diagnosed case of camelpox virus in Israel. *Viruses.* 2018; 10(2):78. DOI: 10.3390/v10020078.
22. Bera B.C., Barua S., Shanmugasundaram K., Anand T., Riyesh T., Vaid R.K., Virmani N., Kundu S., Yadav N.K., Malik P., Singh R.K. Genetic characterization and phylogenetic analysis of host-range genes of camelpox virus isolates from India. *VirusDisease.* 2015; 26(3):151–62. DOI: 10.1007/s13337-015-0266-8.
23. Khalafalla A.I., Abdelazim F. Human and dromedary camel infection with camelpox virus in Eastern Sudan. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2017; 17(4):281–4. DOI: 10.1089/vbz.2016.2070.
24. Springer Y.P., Hsu C.H., Werle Z.R., Olson L.E., Cooper M.P., Castrdale L.J., Fowler N., McCollum A.M., Goldsmith C.S., Emerson G.L., Wilkins K., Doty J.B., Burgado J., Gao J.X., Patel N., Mauldin M.R., Reynolds M.G., Satheshkumar P.S., Davidson W., Li Y., McLaughlin J.B. Novel orthopoxvirus infection in an Alaska resident. *Clin. Infect. Dis.* 2017; 64(12):1737–41. DOI: 10.1093/cid/cix219.
25. Lanave G., Dowgier G., Decaro N., Albanese F., Brogi E., Parisi A., Losurdo M., Lavazza A., Martella V., Buonavoglia C., Elia G. Novel orthopoxvirus and lethal disease in cat, Italy. *Emerg. Infect. Dis.* 2018; 24(9):1665–73. DOI: 10.3201/eid2409.171283.
26. Онищенко Г.Г., Кириллов И.А., Махлай А.А., Борисевич С.В. Ортопоксвирусы: прошлое, настоящее и будущее. *Вестник Российской академии медицинских наук.* 2020; 75(4):300–5. DOI: 10.15690/vramn1363.
27. Об Основах государственной политики Российской Федерации в области обеспечения химической и биологической безопасности на период до 2025 года и дальнейшую перспективу: Указ Президента РФ от 11.03.2019 № 97. [Электронный ресурс]. URL: <https://mchs.gov.ru/dokumenty/ukazy-prezidenta-rf/7493?ysclid=mhvu89398963719769> (дата обращения 01.03.2024).
28. Борисевич С.В., Подкуйко В.Н., Пирожков А.П., Терентьев А.И., Краснянский В.П., Рождественский Е.В., Назаров С.В., Кузнецов С.Л. Эволюция средств и принципов осповивания. *Вестник войск ПХБ защиты.* 2020; 4(1):66–85. DOI: 10.35825/2587-5728-2020-4-1-66-85.
29. Максютлов Р.А., Якубицкий С.Н., Колосова И.В., Щелкунов С.Н. Сравнение кандидатных вакцин нового поколения против ортопоксвирусных инфекций человека. *Acta Naturae.* 2017; 9(2):93–9.
30. Перекрест В.В., Мовсеянц А.А., Мухачева А.В., Шевцов В.А., Шведов Д.В., Борисевич И.В. Препараты для специфической профилактики натуральной оспы, зарегистрированные в Российской Федерации. *Биопрепараты.* 2013; (2):4–13.
31. Zitzmann-Roth E.M., von Sonnenburg F., de la Motte S., Arndt-Wiedemann N., von Krempelhuber A., Uebler N., Vollmar J., Virgin G., Chaplin P. Cardiac safety of Modified Vaccinia Ankara for vaccination against smallpox in a young, healthy study population. *PLoS One.* 2015; 10(4):e0122653. DOI: 10.1371/journal.pone.0122653.
32. Greenberg R.N., Hay C.M., Stapleton J.T., Marbury T.C., Wagner E., Kreitmair E., Rösch S., von Krempelhuber A., Young P., Nichols R., Meyer T.P., Schmidt D., Weigl J., Virgin G., Arndt-Wiedemann N., Chaplin P. A randomized, double-blind, placebo-controlled phase II trial investigating the safety and immunogenicity of Modified Vaccinia Ankara smallpox vaccine (MVA-BN®) in 56–80-year-old subjects. *PLoS One.* 2016; 11(6):e0157335. DOI: 10.1371/journal.pone.0157335.
33. Frey S.E., Winokur P.L., Salata R.A., El-Kamary S.S., Turley C.B., Walter E.B. Jr, Hay C.M., Newman F.K., Hill H.R., Zhang Y., Chaplin P., Tary-Lehmann M., Belshe R.B. Safety and immunogenicity of IMVAMUNE® smallpox vaccine using different strategies for a post event scenario. *Vaccine.* 2013; 31(29):3025–33. DOI: 10.1016/j.vaccine.2013.04.050.
34. Greenberg R.N., Overton E.T., Haas D.W., Frank I., Goldman M., von Krempelhuber A., Virgin G., Bädcker N., Vollmar J., Chaplin P. Safety, immunogenicity, and surrogate markers of clinical efficacy for modified vaccinia Ankara as a smallpox vaccine in HIV-infected subjects. *J. Infect. Dis.* 2013; 207(5):749–58. DOI: 10.1093/infdis/jis753.
35. Overton E.T., Stapleton J., Frank I., Hassler S., Goepfert P.A., Barker D., Wagner E., von Krempelhuber A., Virgin G., Meyer T.P., Müller J., Bädcker N., Grünert R., Young P., Rösch S., MacLennan J., Arndt-Wiedemann N., Chaplin P. Safety and immunogenicity of modified vaccinia Ankara-Bavarian Nordic smallpox vaccine in vaccinia-naïve and experienced human immunodeficiency virus-infected individuals: An open-label, controlled clinical phase II trial. *Open Forum Infect. Dis.* 2015; 2(2):ofv040. DOI: 10.1093/ofid/ofv040.
36. Онищенко Г.Г., Сизикова Т.Е., Лебедев В.Н., Борисевич С.В. Сравнительная характеристика существующих платформ для создания вакцин против опасных и особо опасных вирусных инфекций, обладающих пандемическим потенциалом. *БИОпрепараты. Профилактика, диагностика, лечение.* 2021; 21(4):225–33. DOI: 10.30895/2221-996X-2021-21-4-225-233.
37. Якубицкий С.Н., Колосова И.В., Максютлов Р.А., Щелкунов С.Н. Рекомбинантный штамм VACΔ6 вируса осповакцины с нарушенными генами вирулентности C3L, N1L, J2R, A35R, A56R, B8R для получения живой культуральной аттенуированной вакцины против натуральной оспы и других ортопоксвирусных инфекций человека. Патент RU2621868C1, опубл. 07.06.2017. Бюл. № 16.
38. Щелкунов С.Н., Максютлов Р.А., Гаврилова Е.В., Колосова И.В., Якубицкий С.Н., Трегубчик Т.В., Нестеров А.Е., Сергеев А.А., Богрянцева М.Л., Даниленко Е.Д., Нечаева Е.А., Гамалей С.Г., Усова С.В. Живая аттенуированная культуральная вакцина для профилактики натуральной оспы и других ортопоксвирусных инфекций человека на основе вируса осповакцины и способы получения и применения. Патент RU2781070C1, опубл. 05.10.2022. Бюл. № 28.
39. Щелкунов С.Н., Щелкунова Г.А. Нужно быть готовыми к возврату оспы. *Вопросы вирусологии.* 2019; 64(5):206–14. DOI: 10.36233/0507-4088-2019-64-5-206-214.
40. Максютлов Р.А., Якубицкий С.Н., Колосова И.В., Трегубчик Т.В., Швалов Н.Н., Гаврилова Е.В., Щелкунов С.Н. Стабильность генома вакцинного штамма VACΔ6. *Вавиловский журнал генетики и селекции.* 2022; 26(4):394–401. DOI: 18699/VJGB-22-48.
41. Недоспасов С.А., Кураш Д.В., редакторы. Иммунология по Яришину: учебник. М.: ГОЭТАР-Медиа; 2021. 808 с.
42. Медунин Н.В., Катлинский А.В., Ворслов Л.О. Вакцинология. М.: Практическая медицина; 2022. 473 с.

43. Микирчан Г.Л. Из истории вакцинопрофилактики: оспопрививание. *Российский педиатрический журнал*. 2016; 19(1):55–62. DOI: 10.18821/1560-9561-2016-19(1)-55-62.
44. Медуницын Н.В. Вакцинология. М.: Трида-Х; 2010. 448 с.
45. Шамшева О.В., Учайкин В.Ф., Медуницын Н.В. Клиническая вакцинология. М.: ГОЭТАР-Медиа; 2016. 576 с.
46. Борисевич С.В., Кутаев Д.А., Рождественский С.В., Гордеев Е.В., Хмелев А.Л., Назаров С.В., Мельников С.А., Нимирская С.А., Черникова Н.К., Подкуйко В.Н. Способ получения иммуноглобулина противоспленного из сыворотки крови лошадей. Патент RU2770425C2, опубл. 18.04.2022. Бюл. № 8.
47. Зимин В.И., Дорохина Т.В., Тонеев В.В., Осин В.В., Борисевич С.В., Тимофеев М.А. Вакцина оспенная инактивированная эмбриональная сухая таблетированная для орального применения «ТЭОВин» и способ ее получения. Патент RU2651040C2, опубл. 18.04.2018. Бюл. № 2.
48. Зимин В.И., Дорохина Т.В., Жуков В.А., Целиков Е.М., Рождественский Е.В., Труфанова В.В., Борисевич С.В., Ковальчук Е.А., Осин В.В. Способ получения вакцины оспенной инактивированной эмбриональной сухой в таблетированной форме для орального применения. Патент RU2744707C1, опубл. 15.03.2021. Бюл. № 8.
49. Wittek R. Vaccinia immune globulin: current policies, preparedness, and product safety and efficacy. *J. Infect. Dis.* 2006; 10(3):193–201. DOI: 10.1016/j.ijid.2005.12.001.
50. Hopkins R.J., Kramer W.G., Blackweider C., Ashtekar M., Hague L., Winker-La Roche S.D., Berezuk G., Smith D., Leese P.T. Safety and pharmacokinetic evaluation of intravenous vaccinia immune globulin in healthy volunteers. *Clin. Infect. Dis.* 2004; 39(6):759–66. DOI: 10.1086/422998.
51. Kinet J.P., Jovin M.H. Smallpox monoclonal antibody. Patent US7811568B2, United States, publ. Oct. 12, 2010.
52. Горбатовская Д.О., Сергеев А.А., Шевцова Е.В., Титова К.А., Сергеев А.А., Замеданская А.С., Булычев Л.Е., Шишкина Л.Н., Сергеев А.Н., Агафонов А.П. Средство для купирования нежелательных поствакцинальных реакций и осложнений при первичном оспопрививании оспенными вакцинами и способ его применения. Патент RU2542490C1, опубл. 20.02.2015. Бюл. № 5.
53. FDA approves the first drug with an indication for treatment of smallpox. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.fda.gov/media/114295/download> (дата обращения 11.02.2024).
54. Leeds J.M., Fenneteau F., Gosselin N.H., Mouksassi M.S., Kassir N., Marier J.F., Chen Y., Grosenbach D., Frimm A.E., Honeychurch K.M., Chinsangaram J., Tyavanagimatt S.R., Hruby D.E., Jordan R. Pharmacokinetic and pharmacodynamic modeling to determine the dose of ST-246 to protect against smallpox in humans. *Antimicrob. Agents Chemother.* 2013; 57(3):1136–43. DOI: 10.1128/AAC.00959-12.
55. Moore M.J., Rathish B., Zahra F. Mpox (Monkeypox). In: StartPearls [Internet]. Treasure Island (FL): StartPearls Publishing; 2024. Jan. 2023 May 3. PMID: 34662033.
56. McCollum A.M., Damon I.K. Human monkeypox. *Clin. Infect. Dis.* 2014; 58(2):260–7. DOI: 10.1093/cid/cit703.
57. Rizk J.G., Lippi G., Henry B.M., Forthal D.N., Rizk Y. Prevention and treatment of monkeypox. *Drugs*. 2022; 82(9):957–63. DOI: 10.1007/s40265-022-01742-y.
58. Hammarlund E., Lewis M.W., Carter S.V., Amanna I., Hansen S.G., Strelow L.I., Wong S.W., Yoshihara P., Hanifin J.M., Slifka M.K. Multiple diagnostic techniques identify previously vaccinated individuals with protective immunity against monkeypox. *Nat. Med.* 2005; 11(9):1005–11. DOI: 10.1038/nm1273.
59. Alakunle E., Moens U., Nchinda G., Okeke M.I. Monkeypox virus in Nigeria: infection biology, epidemiology, and evolution. *Viruses*. 2020; 12(11):1257. DOI: 10.3390/v12111257.
- Israeli O., Sharon M., Schwartz E., Beth-Din A., Zvi A., Mak T.M., Ng Y.K., Cui L., Lin R.T.R., Olson V.A., Brooks T., Paran N., Ihekweazu C., Reynolds M.G. Exportation of monkeypox virus from the African continent. *J. Infect. Dis.* 2022; 225(8):1367–76. DOI: 10.1093/infdis/jiaa559.
6. Mucker E.M., Freyn A.W., Bixler S.L., Cizmeci D., Atyeo C., Earl P.L., Natarajan H., Santos G., Frey T.R., Levin R.H., Meni A., Arunkumar G.A., Stadlbauer D., Jorquera P.A., Bennett H., Johnson J.C., Hardcastle K., Americo J.L., Cotter C.A., Koehler J.W., Davis C.I., Shamblin J.D., Ostrowski K., Raymond J.L., Ricks K.M., Carfi A., Yu W.H., Sullivan N.J., Moss B., Alter G., Hooper J.W. Comparison of protection against mpox following mRNA or modified vaccinia Ankara vaccination in nonhuman primates. *Cell*. 2024; 187(20):5540–53. DOI: 10.1016/j.cell.2024.08.043.
7. Hraib M., Jouni S., Albitar M.M., Alaidi S., Alshehbi Z. The outbreak of monkeypox 2022: An overview. *Ann. Med. Surg. (Lond.)*. 2022; 79:104069. DOI: 10.1016/j.amsu.2022.104069.
8. Velavan T.P., Meyer C.G. Monkeypox 2022 outbreak: An update. *Trop. Med. Int. Health*. 2022; 27(7):604–5. DOI: 10.1111/tmi.13785.
9. Costello V., Sowash M., Gaur A., Cardis M., Pasieka H., Wortmann G., Ramdeen S. Imported monkeypox from International Traveler, Maryland, USA, 2021. *Emerg. Infect. Dis.* 2022; 28(5):1002–5. DOI: 10.3201/eid2805.220292.
10. Kozlov M. Monkeypox goes global: why scientists are on the alert. *Nature*. 2022; 606(7912):15–6. DOI: 10.1038/d41586-022-01421-8.
11. Mahase E. Seven monkeypox cases are confirmed in England. *BMJ*. 2022; 377:o1239. DOI: 10.1136/bmj.o1239.
12. Monkeypox virus infections in the United States and other non-endemic countries 2022. (Cited 26 Jan 2024). [Internet]. Available from: <https://www.emergency.cdc.gov/han/2022han00466.asp>.
13. Dye C., Kraemer M.U.G. Investigating the monkeypox outbreak. *BMJ*. 2022; 377:o1314. DOI: 10.1136/bmj.o1314.
14. Silva N.I.O., de Oliveira J.S., Kroon E.G., de Souza Trindade G., Drumond B.P. Here, there, and everywhere: the wide host range and geographic distribution of zoonotic orthopoxviruses. *Viruses*. 2020; 13(1):43. DOI: 10.3390/v13010043.
15. Supotnitsky M.V. [Monkeypox as a poorly studied biological threat to Russia]. *Bulletin of the RCB Defense Forces*. 2022; 6(2):152–77. DOI: 10.35825/2587-5728-2022-6-2-152-177.
16. Gruzdev K.N. [Monkeypox and other orthopoxvirus zoonoses]. *Veterinariya Segodnya [Veterinary Science Today]*. 2022; 11(3):194–202. DOI: 10.29326/2304-196X-2022-11-3-194-202.
17. Gujarati R., Reddy Karumuri S.R., Babu T.N., Janardhan B. A case report of buffalopox: A zoonosis of concern. *Indian J. Dermatol. Venereol. Leprol.* 2019; 85(3):348. DOI: 10.4103/ijdv.IJDVL.222.17.
18. Marinaik C.B., Venkatesha M.D., Gomes A.R., Reddy P., Nandini P., Byregowda S.M. Isolation and molecular characterization of zoonotic Buffalopox virus from skin lesions of humans in India. *Int. J. Dermatol.* 2018; 57(5):590–2. DOI: 10.1111/ijd.13890.
19. Riyesh T., Karuppusamy S., Bera B.C., Barua S., Virmani N., Yadav S., Vaid R.K., Anand T., Bansal M., Malik P., Pahuja I., Singh R.K. Laboratory-acquired buffalopox virus infection, India. *Emerg. Infect. Dis.* 2014; 20(2):324–6. DOI: 10.3201/eid2002.130358.
20. Dahiya S.S., Kumar S., Mehta S.C., Narnaware S.D., Singh R., Tuteja F.C. Camelpox: A brief review on its epidemiology, current status and challenges. *Acta Trop.* 2016; 158:32–8. DOI: 10.1016/j.actatropica.2016.02.014.
21. Erster O., Melamed S., Paran N., Weiss S., Khinich Y., Gelman B., Solomony A., Laskar-Levy O. First diagnosed case of camelpox virus in Israel. *Viruses*. 2018; 10(2):78. DOI: 10.3390/v10020078.
22. Bera B.C., Barua S., Shanmugasundaram K., Anand T., Riyesh T., Vaid R.K., Virmani N., Kundu S., Yadav N.K., Malik P., Singh R.K. Genetic characterization and phylogenetic analysis of host-range genes of camelpox virus isolates from India. *Virus Disease*. 2015; 26(3):151–62. DOI: 10.1007/s13337-015-0266-8.
23. Khalafalla A.I., Abdelazim F. Human and dromedary camel infection with camelpox virus in Eastern Sudan. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2017; 17(4):281–4. DOI: 10.1089/vbz.2016.2070.
24. Springer Y.P., Hsu C.H., Werle Z.R., Olson L.E., Cooper M.P., Castrodale L.J., Fowler N., McCollum A.M., Goldsmith C.S., Emerson G.L., Wilkins K., Doty J.B., Burgado J., Gao J.X., Patel N., Mauldin M.R., Reynolds M.G., Satheshkumar P.S., Davidson W., Li Y., McLaughlin J.B. Novel orthopoxvirus infection in an Alaska resident. *Clin. Infect. Dis.* 2017; 64(12):1737–41. DOI: 10.1093/cid/cix219.
25. Lanave G., Dowgier G., Decaro N., Albanese F., Brogi E., Parisi A., Losurdo M., Lavazza A., Martella V., Buonavoglia C., Elia G. Novel orthopoxvirus and lethal disease in cat, Italy. *Emerg. Infect. Dis.* 2018; 24(9):1665–73. DOI: 10.3201/eid2409.171283.
26. Onishchenko G.G., Kirillov I.A., Makhlay A.A., Borisevich S.V. [Orthopoxviruses: past, present, and future]. *Vestnik Rossiiskoi Akademii Meditsinskikh Nauk [Bulletin of the Russian Academy of Medical Sciences]*. 2020; 75(4):300–5. DOI: 10.15690/vramn1363.

## References

1. Onishchenko G.G., Semenov B.F., Zverev V.V. [Principles of immunoprophylaxis of new and re-emerging infections]. In: [Healthcare of Russia: Federal Reference Book. Section Russian Healthcare]. Moscow; 2016. P. 121–25. (Cited 25 Jan 2024). [Internet]. Available from: <https://федеральный-справочник-рф/филс/FSZ/soderzhanie/1/immun.pdf>.
2. Baddal B., Cakir N. Co-infection of MERS-CoV and SARS-CoV-2 in the same host: A silent threat. *J. Infect. Public Health*. 2020; 13(9):1251–52. DOI: 10.1016/j.jiph.2020.06.017.
3. Haller S.L., Peng C., McFadden G., Rothenburg S. Poxviruses and the evolution of host range and virulence. *Infect. Genet. Evol.* 2014; 21:15–40. DOI: 10.1016/j.meegid.2013.10.014.
4. Michael B.A., Oldstone M.D. Viruses, Plagues, and History. Past, Present and Future. London: Oxford University Press; 2020.
5. Mauldin M.R., McCollum A.M., Nakazawa Y.J., Mandra A., Whitehouse E.R., Davidson W., Zhao H., Gao J., Li Y., Doty J., Yinka-Ogunleye A., Akinpelu A., Aruna O., Naidoo D., Lewandowski K., Afrough B., Graham V., Aarons E., Hewson R., Vipond R., Dunning J., Chand M., Brown C., Cohen-Gihon I., Erez N., Shifman O.,

27. [On the Fundamentals of the State Policy of the Russian Federation in the Field of Chemical and Biological Safety for the Period up to 2025 and Beyond]: Decree of the President of the Russian Federation dated March 11, 2019 No. 97. (Cited 1 March 2024). [Internet]. Available from: <https://mchs.gov.ru/dokumenty/ukazy-prezidenta-rf/7493?ysclid=mhvu89398963719769>.
28. Borisevich S.V., Podkuiko V.N., Pirozhkov A.P., Terent'ev A.I., Krasnyansky V.P., Rozhdestvensky E.V., Nazarov S.V., Kuznetsov S.L. [Evolution of smallpox vaccination means and principles]. *Bulletin of the RCB Defense Forces*. 2020; 4(1):66–85. DOI: 10.35825/2587-5728-2020-4-1-66-85.
29. Maksyutov R.A., Yakubitsky S.N., Kolosova I.V., Shchelkunov S.N. [Comparison of new-generation candidate vaccines against human orpoxvirus infections]. *Acta Naturae*. 2017; 9(2):93–9.
30. Perekrest V.V., Movsesyants A.A., Mukhacheva A.V., Shevtsov V.A., Shvedov D.V., Borisevich I.V. [Preparations for specific prophylaxis of smallpox, registered in the Russian Federation]. *Biopreparaty [Biopreparations]*. 2013; (2):4–13.
31. Zitzmann-Roth E.M., von Sonnenburg F., de la Motte S., Arndt-Wiedemann N., von Krempelhuber A., Uebler N., Vollmar J., Virgin G., Chaplin P. Cardiac safety of Modified Vaccinia Ankara for vaccination against smallpox in a young, healthy study population. *PLoS One*. 2015; 10(4):e0122653. DOI: 10.1371/journal.pone.0122653.
32. Greenberg R.N., Hay C.M., Stapleton J.T., Marbury T.C., Wagner E., Kreitmair E., Rösch S., von Krempelhuber A., Young P., Nichols R., Meyer T.P., Schmidt D., Weigl J., Virgin G., Arndt-Wiedemann N., Chaplin P. A randomized, double-blind, placebo-controlled phase II trial investigating the safety and immunogenicity of Modified Vaccinia Ankara smallpox vaccine (MVA-BN®) in 56–80-year-old subjects. *PLoS One*. 2016; 11(6):e0157335. DOI: 10.1371/journal.pone.0157335.
33. Frey S.E., Winokur P.L., Salata R.A., El-Kamary S.S., Turley C.B., Walter E.B. Jr, Hay C.M., Newman F.K., Hill H.R., Zhang Y., Chaplin P., Tary-Lehmann M., Belshe R.B. Safety and immunogenicity of IMVAMUNE® smallpox vaccine using different strategies for a post event scenario. *Vaccine*. 2013; 31(29):3025–33. DOI: 10.1016/j.vaccine.2013.04.050.
34. Greenberg R.N., Overton E.T., Haas D.W., Frank I., Goldman M., von Krempelhuber A., Virgin G., Bädeker N., Vollmar J., Chaplin P. Safety, immunogenicity, and surrogate markers of clinical efficacy for modified vaccinia Ankara as a smallpox vaccine in HIV-infected subjects. *J. Infect. Dis.* 2013; 207(5):749–58. DOI: 10.1093/infdis/jis753.
35. Overton E.T., Stapleton J., Frank I., Hassler S., Goepfert P.A., Barker D., Wagner E., von Krempelhuber A., Virgin G., Meyer T.P., Müller J., Bädeker N., Grünert R., Young P., Rösch S., MacLennan J., Arndt-Wiedemann N., Chaplin P. Safety and immunogenicity of modified vaccinia Ankara-Bavarian Nordic smallpox vaccine in vaccinia-naïve and experienced human immunodeficiency virus-infected individuals: An open-label, controlled clinical phase II trial. *Open Forum Infect. Dis.* 2015; 2(2):ofv040. DOI: 10.1093/ofid/ofv040.
36. Onishchenko G.G., Sizikova T.E., Lebedev V.N., Borisevich S.V. [Comparative characteristics of existing platforms for creating vaccines against dangerous and particularly dangerous viral infections with pandemic potential]. *Biopreparaty. Profilaktika. Diagnostika. Lechenie [Biopreparations. Prevention, Diagnostics, Treatment]*. 2021; 21(4):225–33. DOI: 10.30895/2221-996X-2021-21-4-225-233.
37. Yakubitsky S.N., Kolosova I.V., Maksyutov R.A., Shchelkunov S.N. [Recombinant strain of vaccinia virus VACΔ6 with disrupted virulence genes C3L, N1L, J2R, A35R, A56R, B8R for producing a live culture attenuated vaccine against smallpox and other human orthopoxvirus infections]. Patent RU2621868C1, published 07 June 2017. Bulletin No. 16.
38. Shchelkunov S.N., Maksyutov R.A., Gavrilo E.V., Kolosova I.V., Yakubitsky S.N., Tregubchak T.V., Nesterov A.E., Sergeev A.A., Bogryantseva M.L., Danilenko E.D., Nechaeva E.A., Gamaley S.G., Usova S.V. [Live attenuated culture vaccine for the prevention of smallpox and other human orthopoxvirus infections based on vaccinia virus and methods of production and use]. Patent RU2781070C1, published 05 Oct 2022. Bulletin No. 28.
39. Shchelkunov S.N., Shchelkunova G.A. [We must be prepared for the return of smallpox]. *Voprosy Virusologii [Problems of Virology]*. 2019; 64(5):206–14. DOI: 10.36233/0507-4088-2019-64-5-206-214.
40. Maksyutov R.A., Yakubitsky S.N., Kolosova I.V., Tregubchak T.V., Shvalov N.N., Gavrilo E.V., Shchelkunov S.N. [Genome stability of the vaccine strain VACΔ6]. *Vavilovsky Zhurnal Genetiki i Selektii [Vavilov Journal of Genetics and Breeding]*. 2022; 26(4):394–401. DOI: 10.18699/VJGB-22-48.
41. Nedospasov S.A., Kuprash D.V., editors. [Immunology according to Yarin: Textbook]. Moscow: “GOETAR-Media”; 2021. 808 p.
42. Medunitsyn N.V., Katlinsky A.V., Vorslov L.O. [Vaccinology]. Moscow: “Practical Medicine”; 2022. 473 p.
43. Mikirtichan G.L. [From the history of vaccination: smallpox vaccination]. *Rossiyskiy Pediatricheskyy Zhurnal [Russian Journal of Pediatrics]*. 2016; 19(1):55–62. DOI: 10.18821/1560-9561-2016-19(1)-55-62.
44. Medunitsyn N.V. [Vaccinology]. Moscow: “Triada-X”; 2010. 448 p.
45. Shamsheva O. V., Uchaikin V. F., Medunitsyn N. V. [Clinical vaccinology]. Moscow: “GOETAR-Media”; 2016. 576 p.
46. Borisevich S.V., Kutaev D.A., Rozhdestvensky S.V., Gordeev E.V., Khmelev A.L., Nazarov S.V., Melnikov S.A., Nimirskaya S.A., Chernikov N.K., Podkuiko V.N. [Method for obtaining anti-smallpox immunoglobulin from horse blood serum]. Patent RU2770425C2, published 18 April 2022. Bulletin No. 8.
47. Zimin V.I., Dorokhina T.V., Toneev V.V., Osin V.V., Borisevich S.V., Timofeev M.A. [Smallpox inactivated embryonic dry tableted vaccine for oral administration “TEOVin” and the method for producing it]. Patent RU2651040C2, published 18 April 2018. Bulletin No. 2.
48. Zimin V.I., Dorokhina T.V., Zhukov V.A., Tselikov E.M., Rozhdestvensky E.V., Trufanova V.V., Borisevich S.V., Kovalchuk E.A., Osin V.V. [Method for producing smallpox inactivated embryonic dry tableted vaccine for oral administration]. Patent RU2744707C1, published 15 March 2021. Bulletin No. 8.
49. Wittek R. Vaccinia immune globulin: current policies, preparedness, and product safety and efficacy. *J. Infect. Dis.* 2006; 10(3):193–201. DOI: 10.1016/j.jid.2005.12.001.
50. Hopkins R.J., Kramer W.G., Blackweider C., Ashtekar M., Hague L., Winker-La Roche S.D., Berezuk G., Smith D., Leese P.T. Safety and pharmacokinetic evaluation of intravenous vaccinia immune globulin in healthy volunteers. *Clin. Infect. Dis.* 2004; 39(6):759–66. DOI: 10.1086/422998.
51. Kinet J.P., Jovin M.H. Smallpox monoclonal antibody. Patent US7811568B2, United States, publ. Oct. 12, 2010.
52. Gorbatsovskaya D.O., Sergeev A.A., Shevtsova E.V., Titova K.A., Sergeev A.A., Zamedyanskaya A.S., Bulychev L.E., Shishkina L.N., Sergeev A.N., Agafonov A.P. [Agent for stopping undesirable post-vaccination reactions and complications during primary vaccination with smallpox vaccines and a method for its use]. Patent RU2542490C1, published 20 February 2015. Bulletin No. 5.
53. FDA approves the first drug with an indication for treatment of smallpox. (Cited 11 Feb 2024). [Internet]. Available from: <https://www.fda.gov/media/114295/download>.
54. Leeds J.M., Fenneteau F., Gosselin N.H., Mouksassi M.S., Kassir N., Marier J.F., Chen Y., Grosenbach D., Frimm A.E., Honeychurch K.M., Chinsangaram J., Tyavanagimatt S.R., Hruby D.E., Jordan R. Pharmacokinetic and pharmacodynamic modeling to determine the dose of ST-246 to protect against smallpox in humans. *Antimicrob. Agents Chemother.* 2013; 57(3):1136–43. DOI: 10.1128/AAC.00959-12.
55. Moore M.J., Rathish B., Zahra F. Mpox (Monkeypox). In: StartPearls [Internet]. Treasure Island (FL): StartPearls Publishing; 2024. Jan. 2023 May 3. PMID: 34662033.
56. McCollum A.M., Damon I.K. Human monkeypox. *Clin. Infect. Dis.* 2014; 58(2):260–7. DOI: 10.1093/cid/cit703.
57. Rizk J.G., Lippi G., Henry B.M., Forthal D.N., Rizk Y. Prevention and treatment of monkeypox. *Drugs*. 2022; 82(9):957–63. DOI: 10.1007/s40265-022-01742-y.
58. Hammarlund E., Lewis M.W., Carter S.V., Amanna I., Hansen S.G., Strelow L.I., Wong S.W., Yoshihara P., Hanifin J.M., Slifka M.K. Multiple diagnostic techniques identify previously vaccinated individuals with protective immunity against monkeypox. *Nat. Med.* 2005; 11(9):1005–11. DOI: 10.1038/nm1273.
59. Alakunle E., Moens U., Nchinda G., Okeke M.I. Monkeypox virus in Nigeria: infection biology, epidemiology, and evolution. *Viruses*. 2020; 12(11):1257. DOI: 10.3390/v12111257.

#### Authors:

Borisevich S.V., Makhlay A.A., Podkuiko V.N., Terent'ev A.I., Khmelev A.L. 48<sup>th</sup> Central Research Institute of the Ministry of Defense of the Russian Federation. 11, Oktyabrskaya St., Sergiev Posad-6, 141306, Russian Federation.

Poyarkov A.Yu. Department of the Chief of Radiation, Chemical and Biological Protection Troops of the Armed Forces of the Russian Federation. 22/2, Frunzenskaya Embankment, Moscow, 119160, Russian Federation.

#### Об авторах:

Борисевич С.В., Махлай А.А., Подкуйко В.Н., Терентьев А.И., Хмелев А.Л. 48 Центральный научно-исследовательский институт Министерства обороны Российской Федерации. Российская Федерация, 141306, Сергиев Посад-6, ул. Октябрьская, 11. E-mail: 48cni@mail.ru.

Поярков А.Ю. Управление начальника войск радиационной, химической и биологической защиты Вооруженных Сил Российской Федерации. Российская Федерация, 119160, Москва, Фрунзенская наб., 22/2.

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-17-25

УДК 614.3/4:351.77(47+57)

И.Г. Карнаухов, Ж.А. Касьян, С.Н. Голубев, В.Е. Куклев, Н.А. Коробкин,  
С.А. Щербакова, В.В. Кутырев

### Использование мобильных решений и технологий в целях обеспечения санитарно-эпидемиологического благополучия населения на современном этапе

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

В обзоре систематизированы данные о разработке и внедрении мобильных технологий оперативного реагирования на чрезвычайные ситуации санитарно-эпидемиологического характера. Рассмотрен практический опыт использования мобильных лабораторий для ликвидации биологических угроз как на территории Российской Федерации, так и в странах ближнего и дальнего зарубежья. На сегодняшний день мобильные лаборатории биологического профиля являются одним из инструментов реагирования на чрезвычайные ситуации в области общественного здравоохранения. Они способны работать автономно в любой точке мира, выполняя тысячи исследований в сутки с использованием современных методов лабораторной диагностики. Начиная с 2006 г. Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека совместно с Российским противочумным институтом «Микроб» Роспотребнадзора осуществляют разработки по проектированию и созданию мобильных лабораторий на базе автошасси и пневмокаркасных систем. В настоящее время разработаны мобильные лаборатории 21 вида, которые используются как при работе в очагах инфекционных болезней, зонах стихийных бедствий, гуманитарных и техногенных катастроф, так и для обеспечения биологической безопасности при проведении массовых мероприятий с международным участием. Российский опыт использования мобильных лабораторий востребован за рубежом. Мобильные лаборатории были задействованы при ликвидации болезни, вызванной вирусом Эбола в Гвинейской Республике, расшифровке вспышки кишечной инфекции в Республике Конго, обеспечении санитарно-эпидемиологического благополучия в Ливане при реагировании на чрезвычайную ситуацию сочетанного характера – техногенную катастрофу на фоне пандемии COVID-19, борьбе с пандемией новой коронавирусной инфекции. Дальнейшее развитие и совершенствование мобильных лабораторий позволит расширить возможности по их применению в системе противодействия инфекционным болезням.

**Ключевые слова:** мобильные лаборатории, специализированные противоэпидемические бригады, чрезвычайная ситуация, инфекционные болезни, обеспечение санитарно-эпидемиологического благополучия.

Корреспондирующий автор: Касьян Жанетта Андреевна, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

Для цитирования: Карнаухов И.Г., Касьян Ж.А., Голубев С.Н., Куклев В.Е., Коробкин Н.А., Щербакова С.А., Кутырев В.В. Использование мобильных решений и технологий в целях обеспечения санитарно-эпидемиологического благополучия населения на современном этапе. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 4:17–25. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-17-25

Поступила 29.08.2025. Отправлена на доработку 05.11.2025. Принята к публикации 12.12.2025.

I.G. Karnaukhov, Zh.A. Kas'yan, S.N. Golubev, V.E. Kuklev, N.A. Korobkin,  
S.A. Shcherbakova, V.V. Kutyrev

### The Use of Mobile Solutions and Technologies to Ensure the Sanitary-Epidemiological Well-Being of the Population at the Present Stage

Russian Research Anti-Plague Institute "Microbe", Saratov, Russian Federation

**Abstract.** This review systematizes the data on the development and implementation of mobile technologies for rapid response to sanitary and epidemiological emergencies. It examines practical experience in using mobile laboratories to eliminate biological threats both in the Russian Federation and in neighboring and far abroad countries. To date, mobile biological laboratories are one of the tools used to respond to public health emergencies. They can operate autonomously anywhere in the world, performing thousands of tests per day using advanced laboratory diagnostic methods. Since 2006, Federal Service for Surveillance on Consumers Rights Protection and Human Wellbeing, together with the Russian Anti-Plague Institute "Microbe" of the Rospotrebnadzor, has been developing and creating mobile laboratories mounted on truck chassis and pneumatic frame systems. Currently, 21 types of mobile laboratories have been developed and are in use in infectious disease foci, natural disaster zones, during elimination of humanitarian and man-made disasters, and to ensure safety during mass events with international participation. Russia's experience in deploying mobile laboratories is in demand abroad. Mobile laboratories were used to eliminate the Ebola virus disease in the Republic of Guinea, to decipher an outbreak of intestinal infection in the Republic of the Congo, to ensure sanitary-epidemiological well-being in Lebanon during the emergency response to a complex man-made disaster amid the COVID-19 pandemic, and to combat the novel coronavirus pandemic. Further development and improvement of mobile technologies will expand their capacities in the fight against infectious diseases.

**Key words:** mobile laboratories, specialized anti-epidemic teams, emergency situation, infectious diseases, ensuring sanitary and epidemiological wellbeing.

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

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

Corresponding author: Zhanetta A. Kasyan, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

Citation: Karnaukhov I.G., Kas'yan Zh.A., Golubev S.N., Kuklev V.E., Korobkin N.A., Shcherbakova S.A., Kut'yev V.V. The Use of Mobile Solutions and Technologies to Ensure the Sanitary-Epidemiological Well-Being of the Population at the Present Stage. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2025; 4:17–25. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-17-25

Received 29.08.2025. Revised 05.11.2025. Accepted 12.12.2025.

Karnaukhov I.G., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8181-6272>

Kas'yan Zh.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9828-3277>

Golubev S.N., ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-1818-9604>

Kuklev V.E., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9834-8544>

Korobkin N.A., ORCID: <https://orcid.org/0009-0006-2993-4853>

Shcherbakova S.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1143-4069>

Kut'yev V.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3788-3452>

В условиях возрастающих угроз, связанных с возникновением и распространением опасных инфекционных заболеваний, вопросы своевременного и эффективного реагирования являются критически важными. В связи с этим разработка и внедрение гибких и оперативных инструментов диагностики инфекционных патогенов и мониторинга за биологической обстановкой приобретают все большее значение. Одной из технологий противодействия угрозам инфекционного характера являются мобильные лаборатории биологического профиля, способные работать автономно в любой точке мира, обеспечивая проведение исследований с использованием современных диагностических методов.

В настоящее время во многих развитых странах разрабатываются и используются мобильные лаборатории, предназначенные для индикации и идентификации возбудителей инфекционных болезней [1–3].

В Российской Федерации современные разработки в области мобильных лабораторий проводятся в рамках деятельности Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека (Роспотребнадзор) и Министерства обороны Российской Федерации.

Для обеспечения противозидемической защиты и проведения индикации патогенных биологических агентов (ПБА) в объектах окружающей среды войсками РХБ-защиты в 2011–2013 гг. Министерством обороны РФ создан мобильный комплекс «Сыч», который включает в себя две лаборатории уровня BSL-3 (модуль иммуноферментного анализа, модуль ПЦР-анализа и генотипирования), модуль обработки информации на базе автошасси КамАЗ и мобильную лабораторию биологической разведки на базе ГАЗ. Мобильный комплекс позволяет осуществлять отбор проб из объектов окружающей среды, выполнять лабораторные исследования и оценку биологической обстановки с использованием геоинформационных систем [4].

Начиная с 2006 г. ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора занимается разработкой и внедрением мобильных лабораторий биологического профиля. Эти разработки охватывают как проектирование лабораторий на базе автошасси, так и использование пневмокаркасных систем.

Концепция применения мобильных лабораторий на базе автошасси в системе Роспотребнадзора на сегодняшний день предусматривает три различных формата: большой, средний и малый.

**Малый формат** включает три поколения мобильных лабораторий на базе автошасси ГАЗ для

осуществления индикации ПБА и мобильный пункт санитарно-карантинного контроля с лабораторной поддержкой. Мобильные лаборатории малого формата характеризуются высокой степенью мобильности, обусловленной их компактными габаритами и минимальными требованиями к условиям размещения за счет использования базовых шасси малотоннажных грузовых автомобилей. Спектр применяемых методов исследования и уровень биологической безопасности в таких лабораториях соответствуют требованиям нормативных документов, регламентирующих проведение работ с ПБА. Все лаборатории малого формата оснащены автономными системами энергоснабжения, водоснабжения, отопления и кондиционирования, системами связи и навигации, вентиляционной системой с НЕРА-фильтрами. Конструктивные особенности и инженерные системы позволяют выполнять работу в автономном режиме, проводить индикацию вирусных и бактериальных патогенов, включая проведение исследований методами ИФА, ИХА, ПЦР, МФА. Использование базовых шасси малотоннажных грузовых автомобилей позволяет осуществлять управление данными лабораториями при наличии водительского удостоверения категории «С», что значительно упрощает процесс подбора квалифицированного персонала.

Первой мобильной лабораторией малого формата являлась **мобильная лаборатория эпидемиологической разведки и индикации**, разработанная специалистами ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора совместно с ЗАО «Радиян» (Саратов) в 2006 г. Лаборатория, размещенная на базе полноприводного автомобиля ГАЗ-2705, предназначалась для реагирования на вспышки особо опасных бактериальных и вирусных инфекций и проведения специфической индикации ПБА I–IV групп в биологических образцах и окружающей среде непосредственно в очаге инфекции. Помещение лаборатории занимало всю площадь автомобиля, в комплект дополнительно входила каркасная палатка для снятия и надевания средств индивидуальной защиты (СИЗ). Лаборатория была оснащена стационарным боксом микробиологической безопасности (БМБ) III класса и ПЦР-боксом. Инженерные системы и генератор в транспортном положении располагались непосредственно в лабораторном помещении.

Лаборатория эпидемиологической разведки и индикации прошла полевые испытания в условиях лесостепной, степной, полупустынной ландшафтно-климатических зон, высокогорных районов на тер-

ритории Саратовской, Астраханской областей, Ставропольского края, Кабардино-Балкарской Республики и Республики Калмыкия. В 2010 г. лаборатория была удостоена золотой медали X Московского международного салона инноваций и инвестиций [5].

Опыт разработки и эксплуатации мобильной лаборатории эпидемиологической разведки и индикации послужил основой для создания **микробиологической лаборатории экспресс-диагностики (МЛЭД)**. МЛЭД сконструирована в 2015 г. и выполнена в формате кузова-фургона, размещенного на базе полноприводного автомобиля ГАЗ, с целью оснащения профильных учреждений стран-партнеров в рамках выполнения программ содействия по реализации Международных медико-санитарных правил (2005 г.). Лаборатория обеспечивает автономное проведение исследований, направленных на выявление ПБА I–IV групп патогенности бактериальной природы и II–IV групп патогенности вирусной природы, как в населенных пунктах, так и в полевых условиях с использованием методов экспресс- и ускоренной диагностики. В отличие от лаборатории эпидемиологической разведки и индикации, в составе МЛЭД выделено два помещения: лабораторный отсек и помещение для снятия и надевания СИЗ. В связи с отсутствием необходимости проведения исследований с целью выявления вирусов, относящихся к I группе патогенности, БМБ III класса был заменен на БМБ II класса, тип 2Б, что позволило существенно сократить время проведения исследований поступающего материала. Инженерные системы и электрогенератор вынесены в отдельный отсек, оснащенный электролебедкой, упрощающей процесс спуска и подъема. Помещение лаборатории оснащено передаточным окном, предназначенным для приема материала.

На сегодняшний день в девяти странах ближнего и дальнего зарубежья функционируют 21 МЛЭД, переданные Роспотребнадзором. Лаборатории используются при проведении эпизоотологического обследования природных очагов инфекционных болезней на территории этих государств, обеспечении биологической безопасности международных массовых мероприятий. Кроме того, МЛЭД были активно задействованы странами-партнерами в период пандемии новой коронавирусной инфекции.

В 2019 г. разработана и введена в эксплуатацию **мобильная лаборатория индикации и мониторинга (МЛИМ)**, представляющая уже третье поколение мобильных лабораторий Роспотребнадзора на базе автошасси ГАЗ. Лаборатория смонтирована на базе автомобиля «Газон Некст», который отличается улучшенными эргономическими характеристиками. Корпус лаборатории выполнен из прочных композиционных материалов, не подверженных коррозии, обладающих высокой степенью негорючести, стойких к агрессивным веществам и УФ-излучению. Передаточное окно заменено на передаточный шлюз, снабженный УФ-облучателем и взаимоблокировкой дверей.

В связи с тем, что основной задачей лабораторий данного вида является индикация ПБА I–IV групп патогенности бактериальной и вирусной природы с использованием методов экспресс- и ускоренной диагностики (ПЦР, ИФА, МФА, ИХА), БМБ II класса, тип В2, был заменен на БМБ III класса. Однако в 2022 г. проведена модернизация МЛИМ и в настоящее время данные лаборатории укомплектовываются стационарным БМБ II класса, тип В2, ПЦР-боксом и переносным БМБ III класса, который может быть развернут в случае необходимости проведения индикации материала, подозрительного на зараженность вирусами I группы патогенности. Базовое шасси изменено на новую выпущенную модель «Садко Некст» с повышенным уровнем проходимости.

В 2023 г. МЛИМ оснащены противочумные институты Роспотребнадзора. С 2024 г. начато оснащение данным видом лаборатории профильных учреждений здравоохранения стран-партнеров. Сейчас МЛИМ используются в Таджикистане, Узбекистане, Вьетнаме, Мадагаскаре, Эфиопии и Бурунди.

Санитарно-карантинный контроль в пунктах пропуска через границу играет критически важную роль в предотвращении завоза и распространения инфекционных заболеваний, в связи с чем укрепление и модернизация санитарно-карантинных служб являются важным элементом обеспечения национальной безопасности в области здравоохранения. Для усиления санитарно-карантинного контроля на отдельных участках границы Российской Федерации разработаны **мобильные пункты санитарно-карантинного контроля с лабораторной поддержкой (МПСК)**, смонтированные на базе автошасси ГАЗ. МПСК включает в себя два мобильных модуля, один из которых предназначен для осуществления санитарно-карантинного контроля (радиационный контроль, контроль химического загрязнения воздуха), второй – для автономного проведения лабораторных исследований проб клинического (биологического) материала методами экспресс- и ускоренной диагностики в пунктах пропуска через государственную границу Российской Федерации, в местах проведения массовых мероприятий. Кроме того, МПСК может быть задействован в случаях необходимости усиления лабораторной базы или организации тестирования населения и мониторинга объектов окружающей среды с целью санитарной охраны территории Российской Федерации или обеспечения санитарно-эпидемиологического благополучия в зонах чрезвычайных ситуаций (ЧС). На сегодняшний день МПСК оснащены ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии» Роспотребнадзора в 14 субъектах Российской Федерации.

**Средний формат** мобильных лабораторий Роспотребнадзора представляют лаборатории, смонтированные на базе полноприводных автомобилей повышенной проходимости КамАЗ: мобильная лаборатория мониторинга и диагностики, мобильный комплекс молекулярной диагностики. Мобильные лаборатории среднего формата характеризуются

расширенным функциональным потенциалом для проведения исследований и позволяют проводить диагностику ПБА I–IV групп патогенности бактериальной и II–IV групп патогенности вирусной природы с использованием методов ПЦР, ИФА, ИХА, МФА и бактериологического анализа. Эти лаборатории обладают увеличенной полезной площадью для размещения специализированного оборудования, что способствует увеличению объема проводимых исследований.

Повышение эффективности системы эпизоотологического мониторинга в природных очагах инфекционных болезней бактериальной и вирусной этиологии может быть обеспечено посредством использования мобильных лабораторий, адаптированных для функционирования в условиях любого типа ландшафта и климата. Мобильные лаборатории позволяют осуществлять лабораторные исследования полевого материала с применением современных диагностических технологий и обеспечением всех необходимых требований биологической безопасности при минимальной численности специалистов. Для решения этих задач разработана *мобильная лаборатория мониторинга и диагностики (МЛМД)* на базе полноприводного автомобиля повышенной проходимости КамАЗ-43118. Мобильными лабораториями мониторинга и диагностики в 2017–2018 гг. оснащены пять противочумных станций Роспотребнадзора (Алтайская, Тувинская, Астраханская, Читинская и Дагестанская). В 2019 г. МЛМД передана в Социалистическую Республику Вьетнам, в 2024 г. – в Республику Конго.

В 2021 г. в рамках федерального проекта «Санитарный щит страны – безопасность для здоровья (предупреждение, выявление, реагирование)» разработан *мобильный комплекс молекулярной диагностики (МКМД)* с целью создания в субъектах Российской Федерации дополнительных лабораторных ресурсов, которые могут быть задействованы при проведении массовых исследований в случае угрозы распространения инфекционных болезней или в ходе обеспечения санитарно-эпидемиологического благополучия при проведении массовых мероприятий с международным участием. Комплекс размещен на базе сцепки автомобиля повышенной проходимости КамАЗ-43118 и трехосного прицепа. Модули сцепки задействуются как в полном составе, так и раздельно, в зависимости от стоящих целей, задач и объема выполняемых работ. С 2021 г. начато оснащение мобильными комплексами молекулярной диагностики ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии» Роспотребнадзора. В настоящее время данные лаборатории функционируют в 20 субъектах Российской Федерации и Республике Уганда.

**Большой формат** – это мобильные комплексы специализированных противоэпидемических бригад (МК СПЭБ) Роспотребнадзора первого и второго поколения. Большой формат является наиболее технически оснащенным в линейке мобильных лабораторий, обеспечивает применение всего спектра

современных методов исследования возбудителей инфекционных болезней. Ключевыми преимуществами, определяющими их высокую производительность, являются значительная площадь лабораторных помещений, многофункциональное приборное оснащение и многопрофильная организация лабораторных модулей, что позволяет одновременно проводить обширный комплекс диагностических и исследовательских работ с обеспечением высокого уровня биологической безопасности.

Мобильный комплекс СПЭБ был разработан в 2007–2008 гг. в рамках модернизации технологической базы СПЭБ в соответствии с основными принципами функционирования мобильных формирований Роспотребнадзора: мобильность, автономность, многопрофильность, биологическая безопасность, модульный принцип укомплектования и высокая технологичность. В 2016 г. на основе опыта эксплуатации МК СПЭБ, в частности при ликвидации эпидемии болезни, вызванной вирусом Эбола (БВВЭ), в Гвинейской Республике, осуществлена его модернизация.

Мобильными комплексами лабораторий на базе автошасси укомплектованы пять противочумных институтов Роспотребнадзора (Российский противочумный институт «Микроб», Ставропольский, Ростовский-на-Дону, Волгоградский и Иркутский). Функции МК СПЭБ определяются действующими нормативно-методическими документами [6], а также перечнем задач, стоящих перед противоэпидемической бригадой, и включают:

- проведение индикации возбудителей опасных инфекционных болезней бактериальной, риккетсиозной и вирусной природы I–IV групп патогенности и биологических токсинов;
- выделение, идентификацию и определение чувствительности к антибактериальным препаратам возбудителей бактериальных инфекций I–IV групп патогенности;
- проведение фрагментного и полногеномного секвенирования;
- санитарно-микробиологический анализ пищевых продуктов, продовольственного сырья, объектов окружающей среды на наличие микроорганизмов III–IV групп патогенности и соответствие требованиям Технических регламентов;
- подготовку питательных сред и лабораторной посуды (стерилизация), обеззараживание методом автоклавирования отходов лабораторий, контаминированных возбудителями инфекционных болезней.

Исходя из вышеперечисленных функций, состав МК СПЭБ включает в себя пять лабораторных модулей различного профиля: лабораторию индикации, особо опасных инфекций, бактериологическую и санитарно-микробиологическую лаборатории, лабораторию поддержки бактериологических исследований. С целью управления деятельностью бригады мобильный комплекс оснащен штабным модулем с современными средствами связи и передачи информации. Все лаборатории комплекса смонтированы

на базе автошасси автомобилей повышенной проходимости КамАЗ-43118 (3 шт.) и спецавтоприцепов СЗАП-8305 (3 шт.).

В 2007 г. в рамках первой модернизации пяти СПЭБ Роспотребнадзора впервые созданы лаборатории МК СПЭБ на базе пневмокаркасных палаток. Количество и функциональное предназначение данного комплекса обусловлены принципами функционирования и задачами, лежащими в основе создания мобильного комплекса СПЭБ на базе автошасси. Лаборатории СПЭБ на базе пневмокаркасов укомплектованы лабораторным оборудованием, лабораторной мебелью, автономными источниками электроснабжения, освещения и отопления. В структуре МК СПЭБ, помимо пяти лабораторий биологического профиля и штабного модуля, также имеются изолятор и палатки для организации жилой и хозяйственной инфраструктуры.

В 2019 г. разработана *переносная мобильная лаборатория на базе пневмокаркасного модуля (ПМЛ)*. Данные лаборатории отличаются высокой степенью мобильности, обеспечиваемой возможностью транспортировки посредством гражданских авиационных перевозок без задействования транспортной авиации, что позволяет значительно сократить временной интервал доставки мобильной лаборатории в зоны ЧС санитарно-эпидемиологического характера. При этом пневмокаркасные мобильные лаборатории полностью соответствуют международным стандартам биологической безопасности, несмотря на отсутствие жесткого корпуса.

ПМЛ представляет собой пневмокаркасный модуль, оснащенный комплектом переносного лабораторного оборудования и инженерными системами, обеспечивающими высокий уровень биологической безопасности. Оснащение лаборатории позволяет выполнять индикацию ПБА I–IV групп патогенности бактериальной и вирусной природы методами экспресс- и ускоренной диагностики (ПЦР, ИФА, ИХА). Лаборатория, включая все инженерные системы и лабораторное оборудование, упаковывается в 27 багажных мест общей массой около 1100 кг. Транспортирование лаборатории в упакованном виде возможно осуществлять любыми видами транспорта, включая регулярные авиарейсы, что существенно сокращает время доставки лаборатории непосредственно в место, где необходимо проведение исследований.

На сегодняшний день переносными мобильными лабораториями оснащены пять противочумных институтов Роспотребнадзора, пять профильных учреждений государств – участников СНГ, а также республики Эфиопия и Мадагаскар.

Всего за период 2006–2025 гг. разработана и создана 21 мобильная лаборатория биологического профиля различного вида. Разработки защищены 18 патентами Российской Федерации на изобретение и полезную модель. Научно обоснованы основные принципы создания мобильных лабораторий для индикации и идентификации возбудителей

инфекционных болезней, включающие принципы мобильности, автономности, обеспечения биологической безопасности работ, многопрофильности, высокой технологичности, модульности и универсальности [7].

На основании опыта по использованию мобильных лабораторий для обеспечения санитарно-эпидемиологического благополучия населения ВОЗ, GOARN, организациями-партнерами совместно с Роспотребнадзором создана классификация мобильных лабораторий, согласно которой все существующие мобильные лаборатории разделены на пять типов [8]. В продолжение совместной работы по классификации мобильных лабораторий ВОЗ, GOARN, ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора разработаны стандарты для мобильных лабораторий в области биологической безопасности, логистики и поддержки, управления качеством лабораторных исследований, лабораторных информационных систем [9].

На современном этапе основными направлениями применения мобильных лабораторий Роспотребнадзора являются:

- локализация и ликвидация эпидемических очагов инфекционных болезней, реагирование на ЧС санитарно-эпидемиологического характера;
- ликвидация последствий природных, техногенных и гуманитарных катастроф;
- обеспечение санитарно-эпидемиологического благополучия при подготовке и проведении массовых мероприятий различного формата;
- проведение обучения членов СПЭБ Роспотребнадзора, специалистов команд быстрого реагирования стран-партнеров.

Важным аспектом функционирования мобильных лабораторий Роспотребнадзора, помимо реализации основных принципов СПЭБ во всех типах мобильных лабораторий, является соответствие требованиям международного стандарта, действующего и в Российской Федерации (ГОСТ ИСО/МЭК 17025 «Общие требования к компетентности испытательных и калибровочных лабораторий»). Современные лаборатории СПЭБ входят в состав испытательных лабораторных центров, функционирующих на базе противочумных институтов и аккредитованных в установленном порядке на техническую компетентность при осуществлении исследований.

С начала своего функционирования мобильные лаборатории Роспотребнадзора подтвердили свою эффективность и универсальность в области оперативного реагирования на широкий спектр инфекционных угроз. Мобильная лаборатория эпидемиологической разведки и индикации на протяжении ряда лет успешно применялась при ликвидации эпидемических очагов инфекционных заболеваний. В 2008 г. она была задействована при расследовании вспышки сибирской язвы в Республике Башкортостан, а также при обследовании районов, пораженных геморрагической лихорадкой с почечным синдромом в Саратовской области. В 2014 г. с применением мо-

бильной лаборатории была оперативно установлена причина вспышки лептоспироза в Республике Мордовия, что позволило реализовать комплекс необходимых противоэпидемических и профилактических мероприятий [10].

В 2014 г. российские мобильные лаборатории были задействованы в ликвидации эпидемии БВВЭ в западноафриканском регионе. В соответствии с поручением Президента Российской Федерации группа специалистов СПЭБ Роспотребнадзора и две лаборатории из состава МК СПЭБ ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора (индикационная и бактериологическая лаборатории) спецбортом ИЛ-76 были передислоцированы на территорию Гвинейской Республики, где в течение 17 месяцев в автономном режиме обеспечивали проведение диагностических и научных исследований материала от больных (трупов), подозрительных на БВВЭ, и реконвалесцентов. Возможность перепрофилирования мобильных лабораторий была использована для организации лабораторных исследований: в индикационной лаборатории выполнялось обеззараживание поступившего материала, бактериологическая лаборатория была задействована для выделения нуклеиновых кислот из обеззараженного материала и проведения ПЦР с учетом результатов в режиме реального времени. Первоначально мобильные лаборатории базировались на территории Национального госпиталя «Донка» (г. Конакри), затем в 2015 г. своим ходом были передислоцированы в г. Киндия и размещены на базе Научного клинично-диагностического центра эпидемиологии и микробиологии (НКДЦЭМ), открытого на территории Института Пастера. За весь период работы на базе двух мобильных лабораторий специалистами Роспотребнадзора выполнено более 17 тыс. исследований на наличие вируса Эбола и широкого спектра возбудителей других актуальных инфекционных болезней. По завершении эпидемии мобильные лаборатории были переданы в дар Гвинейской Республике и в настоящее время используются для проведения совместных научных исследований, в том числе с целью анализа полевого материала, полученного в ходе эпизоотологических обследований территории этой страны [11]. Опыт применения МК СПЭБ в Гвинейской Республике послужил основой для дальнейшего совершенствования мобильных лабораторий Роспотребнадзора. В результате модернизации, проведенной в 2016 г., мобильный комплекс получил расширенный арсенал инженерно-технических средств, обеспечивающих биологическую безопасность, улучшение теплоизоляционных свойств и эргономических характеристик, повышение мощностей систем кондиционирования и внедрение новых диагностических технологий, таких как полногеномное секвенирование.

Еще одним примером использования мобильных лабораторий Роспотребнадзора на международном уровне является задействование ПМЛ на базе пневмокаркасного модуля ФКУН Российский про-

тивочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора при выполнении комплекса профилактических (противоэпидемических) мероприятий с целью ликвидации вспышки острой кишечной инфекции в Республике Конго в августе 2023 г., когда по указанию Президента РФ группа специалистов СПЭБ Роспотребнадзора была оперативно передислоцирована в эту страну, где в течение четырех недель осуществлены исследования клинического материала и проб из объектов окружающей среды с целью выявления возбудителей острых кишечных инфекций. Использование переносной мобильной лаборатории и комплекта лабораторного оборудования позволили организовать проведение диагностики с использованием бактериологического анализа, ПЦР и выполнить углубленное изучение выделенных штаммов с применением секвенирования.

Переданные странам-партнерам мобильные лаборатории также используются ими для локализации и ликвидации возникающих угроз в области биологической безопасности. В 2024 г. лабораторный комплекс молекулярной диагностики, поставленный в Республику Уганда в 2023 г., был задействован для организации автономной лабораторной базы и проведения лабораторных исследований с целью выявления возбудителей БВВЭ в пробах клинического материала в г. Мбале при возникновении вспышки данного инфекционного заболевания.

Мобильные комплексы Роспотребнадзора были использованы для диагностики новой коронавирусной инфекции как на территории нашей страны, так и за ее пределами. Тактика оперативного задействования мобильных лабораторий в Российской Федерации определялась исходя из санитарно-эпидемиологической обстановки по COVID-19, в том числе на отдельных административных территориях. В различных субъектах мобильные лаборатории функционировали как в автономном режиме, так и во взаимодействии со стационарными лабораториями, увеличивая их диагностические мощности. В 2020 г., на этапе осложнения эпидемиологической обстановки, связанной с распространением новой коронавирусной инфекции на территории регионов России, в рамках упреждающих действий по обеспечению необходимых объемов диагностики COVID-19, на период экстренного перепрофилирования стационарной лабораторной базы в г. Москву были направлены четыре лабораторных модуля из состава МК СПЭБ ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора. Первоначально все этапы лабораторных исследований были организованы на базе мобильных лабораторий. После обеспечения готовности стационарных лабораторий к проведению диагностики был введен гибкий алгоритм работы, предусматривающий профильное задействование лабораторий МК СПЭБ и стационарных мощностей.

Кроме того, с целью усиления стационарных лабораторных баз мобильные лаборатории из состава МК СПЭБ обеспечивали проведение

исследований в субъектах Южного и Северо-Кавказского федеральных округов (индикационная и бактериологическая лаборатория МК СПЭБ ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора), а также в Республике Крым (индикационная и бактериологическая лаборатория МК СПЭБ ФКУЗ Ростовский-на-Дону противочумный институт Роспотребнадзора) [12].

Задействование переданных мобильных лабораторий Роспотребнадзора в странах-партнерах в период пандемии новой коронавирусной инфекции позволило расширить и укрепить лабораторную сеть и обеспечить увеличение объема исследований клинического и биологического материала на наличие SARS-CoV-2. МЛЭД активно задействованы для диагностики COVID-19 в Гвинейской Республике, Демократической Республике Конго, республиках Таджикистан, Казахстан, Узбекистан, Беларусь и Кыргызской Республике. С использованием МЛЭД в Гвинейской Республике организована автономная лабораторная база в г. Фрия, что позволило увеличить зону охвата медицинской помощью и лабораторными исследованиями внутренних территорий Гвинеи [13]. В Республике Таджикистан осуществлено наращивание объема тестирования за счет использования МЛЭД, ранее переданных Роспотребнадзором. Кроме того, в связи с критической эпидемиологической ситуацией, сложившейся в Хатлонской и Горно-Бадахшанской областях, обусловленной отсутствием стационарных лабораторий и значительной удаленностью регионов, для организации диагностической работы по индикации SARS-CoV-2 были также задействованы мобильные микробиологические лаборатории экспресс-диагностики [12].

Использование МЛМД явилось эффективной составляющей противодействия новой коронавирусной инфекции в Социалистической Республике Вьетнам. На базе переданной мобильной лаборатории были организованы лабораторные исследования материала от больных и контактных лиц с целью выявления возбудителя COVID-19 в четырех провинциях Вьетнама: Дананг, Бакзянг, Хошимин и Биньзюнг. В общей сложности за время работы в мобильной лаборатории выполнено исследование 101 476 образцов от местного населения, выявлено 22 120 положительных проб [14].

Одним из важнейших направлений использования мобильных лабораторий является обеспечение санитарно-эпидемиологического благополучия во время ликвидации последствий природных и техногенных катастроф.

Мобильный комплекс СПЭБ на базе пневмокаркасных модулей был задействован при проведении противозидемических мероприятий в зоне наводнения в Дальневосточном федеральном округе в 2013 г. Для передислокации СПЭБ в зону ЧС использовался транспортный самолет ИЛ-76 Министерства обороны РФ. На базе пневмокаркасных лабораторий (индикационная лаборатория, санитарно-гигиеническая

лаборатория, лаборатория особо опасных инфекций, блок поддержки бактериологических исследований и отделение для хранения и приготовления дезинфицирующих растворов) специалистами СПЭБ ФКУЗ Иркутский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора было проведено исследование 3626 проб клинического материала, воды, ила, почвы и мелких млекопитающих.

Индикационная и бактериологическая лаборатории из состава МК СПЭБ ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора были задействованы при ликвидации последствий техногенной чрезвычайной ситуации – взрыва аммиачной селитры в морском порту г. Бейрута (Ливанская Республика) в августе 2020 г. В течение 48 часов лаборатории были передислоцированы в зону бедствия. Развертывание и подготовка к работе заняли 12 часов. Мобильные лаборатории были размещены на территории олимпийского стадиона «Камиль Шамун Спортс Сити» (г. Бейрут) в пределах охраняемого лагеря МЧС России и обеспечены бесперебойным электро- и водоснабжением. В связи с перегрузкой местных лабораторных мощностей в условиях резкого роста заболеваемости, а также перепрофилированием медицинских учреждений на оказание помощи пострадавшим от взрыва, была определена потребность в усилении ресурсов муниципальных клиник по диагностике COVID-19. За недельный период работы СПЭБ проведено исследование 1000 проб клинического материала от пострадавших, местных жителей с симптомами ОРВИ, волонтеров и специалистов МЧС. Необходимо отметить, что это первый случай задействования МК СПЭБ в ликвидации техногенной катастрофы на фоне пандемии инфекционной болезни [12].

Мобильный комплекс молекулярной диагностики ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Челябинской области» Роспотребнадзора в апреле 2024 г. передислоцирован в Курганскую область и задействован для усиления стационарной лабораторной базы и проведения мониторинговых исследований воды в период паводка с целью выявления возбудителей кишечных инфекций на подтопляемых территориях.

Использование мобильных лабораторий в период подготовки и проведения массовых мероприятий с международным участием в настоящее время является частью комплексного подхода к обеспечению санитарно-эпидемиологического благополучия, позволяя оперативно реагировать на возникающие угрозы и минимизировать риски распространения инфекционных заболеваний среди населения. Тактика применения мобильных лабораторий в ходе обеспечения биологической безопасности в период проведения массовых мероприятий варьирует в зависимости от внешних и внутренних эпидемических рисков, масштаба и продолжительности мероприятия, перечня задач и планируемых объемов лабораторного тестирования. Начиная с 2013 г. накоплен опыт применения мобильных лабораторий в раз-

личных форматах, включающих как использование отдельных лабораторий, так и полномасштабное развертывание мобильных комплексов специализированных противоэпидемических бригад. МК СПЭБ в полном составе был задействован в ходе проведения XXVII Всемирной летней универсиады 2013 г. в Казани, XXII Олимпийских и XI Паралимпийских зимних игр в Сочи в 2014 г. [15, 16]. Применение отдельных лабораторных модулей из состава МК СПЭБ и лабораторий малого формата позволило обеспечить биологическую безопасность в период подготовки и проведения более чем десяти спортивных, культурных и политических мероприятий с международным участием, организуемых на территории нашей страны с 2012 г.: саммита АТЭС на о. Русский (2012 г.), саммита «Группы двадцати» в Санкт-Петербурге (2013 г.), саммитов стран ШОС и государств БРИКС в Уфе (2015 г.), XVI Чемпионата мира по водным видам спорта в категории «Мастерс» в Казани (2015 г.), XXI Чемпионата мира по футболу в 2018 г. в России, X Международной встречи высоких представителей, курирующих вопросы безопасности, в Уфе (2019 г.), 53-х летних Международных детских игр в Уфе (2019 г.), I зимних Международных спортивных игр «Дети Азии» в Южно-Сахалинске (2019 г.), XXIX Всемирной зимней универсиады в Красноярске (2019 г.), саммита Россия – Африка в Сочи (2019 г.), Петербургского международного экономического форума в Санкт-Петербурге (2022 г.) [17, 18].

Лаборатории, переданные странам-партнерам, также задействуются на территории этих государств для оперативного контроля за эпидемиологической обстановкой при проведении массовых мероприятий. В частности, МЛЭД были использованы с целью обеспечения санитарно-эпидемиологического благополучия населения в период проведения в 2017 г. Международной специализированной выставки «ЭКСПО-2017» в Астане (Казахстан), III Всемирных игр кочевников в Кыргызстане в 2018 г.

Внедрение мобильных лабораторий в методику эпизоотологического обследования природных очагов инфекционных болезней бактериальной и вирусной этиологии способствовало приближению диагностических технологий непосредственно к очагу инфекции и совершенствованию тактики эпизоотологического мониторинга. Благодаря применению мобильной лаборатории в Горно-Алтайском высокогорном природном очаге чумы выявлен новый эпизоотический участок, который использовался местным населением в качестве летнего пастбища для выпаса домашних животных. В Астраханской области в 2014–2015 гг. эффективность задействования лаборатории эпидемиологической разведки и индикации подтверждена в ходе осуществления эпизоотологического надзора за чумой на территории Прикаспийского песчаного природного очага чумы при возникновении разлитой эпизоотии этой инфекции [10].

Переданные МЛЭД ежегодно используются при проведении совместного эпизоотологического мо-

нитинга природных очагов чумы в Кыргызстане, Монголии, Таджикистане, Казахстане. В 2019 г. с использованием МЛМД проведено эпизоотологическое обследование территорий шести северных провинций Вьетнама.

Таким образом, мобильные лаборатории являются неотъемлемой частью современной системы противодействия угрозам биологического характера, обеспечивая эффективную диагностику инфекционных болезней в различных условиях. Их преимущества в оперативности, мобильности, автономности и широком спектре исследований делают их важными инструментами для борьбы с эпидемиями и обеспечения санитарно-эпидемиологического благополучия населения. Компактность мобильных лабораторий позволяет на небольшой площади осуществлять выполнение исследований современными диагностическими методами с обеспечением необходимых требований биологической безопасности. Возможность расположения мобильных лабораторий на удаленной территории, не обеспеченной современными средствами диагностики, позволяет сократить время выдачи результатов исследований. При этом, как и любой технологический инструмент, мобильные лаборатории требуют постоянного развития и модернизации. Перспективными векторами совершенствования мобильных лабораторий являются автоматизация процессов лабораторных исследований, интеграция технологий искусственного интеллекта, внедрение новейших диагностических технологий, повышение мобильности, а также разработка новых типов мобильных лабораторий, таких как аэромобильные противоэпидемические комплексы, что позволит расширить их возможности в области противодействия инфекционным болезням.

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

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

#### Список литературы

1. Mattaccini S., Cortelazzo A., Foglietta G., Transerici M., Coltellaro A., Gemmellaro O., Tondolo M., Cosentino R., Tripodi R., Lupini G. Laboratory and diagnostic test mobile systems: critical issues and perspectives in the field of major disasters. *Biomed. Prev.* 2017; 4:136. DOI: 10.19252/0000000088.
2. Parsons A., Matero P., Adams M., Yeh K. Examining the utility and readiness of mobile and field transportable laboratories for biodefence and global health security-related purposes. *Global Security: Health, Science and Policy.* 2018; 3(1):1–13. DOI: 10.1080/23779497.2018.1480403.
3. Linster M., Ng B., Vijayan V. COVID-19 and beyond: safety and design considerations for the development of a mobile biocontainment laboratory. *Appl. Biosaf.* 2020; 25(3):169–73. DOI: 10.1177/1535676020943394.
4. Супотницкий М.В. Комплекс многофункциональный мобильный модульный для анализа патогенных биологических материалов (агентов). *Вестник войск РХБ защиты.* 2017; 1(3):38–50. DOI: 10.35825/2587-5728-2017-1-3-38-50.
5. Кутырев В.В., Топорков А.В., Карнаухова И.Г. Применение мобильных лабораторий для противоэпидемического обеспечения населения в условиях чрезвычайных ситуаций. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2007; (1):27–9.
6. Онищенко Г.Г., Кутырев В.В., редакторы. Сборник нормативно-методических документов по организации ра-

боты специализированных противозидемических бригад Роспотребнадзора. Саратов: Приволжское издательство; 2008. 216 с.

7. Карнаухов И.Г., Шарова И.Н., Казакова Е.С., Морозов К.М., Щербакова С.А., Кутырев В.В. Основные принципы создания мобильных лабораторий на базе автошасси для индикации и идентификации возбудителей инфекционных болезней. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2016; (2):45–9. DOI: 10.21055/0370-1069-2016-2-45-49.

8. Guidance for Rapid Response Mobile Laboratory (RRML) Classification. Copenhagen: WHO Regional Office for Europe; 2021.

9. Minimum Operational Standards and Typology for Rapid Response Mobile Laboratories. Geneva: World Health Organization; 2025.

10. Шарова И.Н., Красовская Т.Ю., Казорина Е.В., Казанцев А.В., Проскурякова М.В., Куклев В.Е., Щербакова С.А., Кутырев В.В., Адилов Р.И., Булычева Е.В., Троицкая А.А., Агапов Б.Л., Акимов И.С., Балган О.Л., Чумакова Н.А., Ткаченко В.А., Глушков Э.А., Рождественский Е.Н., Базарова Г.Х., Мищенко А.И., Мухтургин Г.Б. Опыт и перспективы использования мобильных лабораторий при проведении эпидемиологического надзора за чумой, другими особо опасными, природно-очаговыми, зоонозными инфекционными болезнями. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2020; (4):26–33. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-4-26-33.

11. Попова А.Ю., Кутырев В.В., редакторы. Ликвидация эпидемии Эбола в Гвинейской Республике: опыт работы специализированной противозидемической бригады Роспотребнадзора. М.: Творческий информационно-издательский центр; 2016. 354 с.

12. Попова А.Ю., редактор. COVID-19: научно-практические аспекты борьбы с пандемией в Российской Федерации. Саратов: Амрит; 2021. 608 с.

13. Попова А.Ю., Смоленский В.Ю., Найденова Е.В., Щербакова С.А., Сафронов В.А., Коломоец Е.В., Ицков Я.Ю., Копомов В., Бомбаль С., Н'Фалы М., Воиро М.У., Траоре М.С., Кутырев В.В. Россия – Гвинея: исторические аспекты научного взаимодействия в области борьбы с опасными инфекционными болезнями. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2024; (3):6–14. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-3-6-14.

14. Касьян Ж.А., Le Thi Lan Anh, Шарова И.Н., Vo Viet Cuong, Оглодин Е.Г., Trinh Van Toan, Голубев С.Н., Проскурякова М.В., Bui Thi Lan Anh, Hoang Duc Hau, Dang Thi Viet Huong, Pham Thi Ha Giang, Duong Van Nghia, Bui Thi Thanh Nga, Ляпин М.Н., Щербакова С.А. Опыт использования мобильной лаборатории мониторинга и диагностики в Социалистической Республике Вьетнам. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2022; (3):90–4. DOI: 10.21055/0370-1069-2022-3-90-94.

15. Онищенко Г.Г., Кутырев В.В., редакторы. XXVII Всемирная летняя универсиада 2013 года в Казани. Обеспечение санитарно-эпидемиологического благополучия. Тверь: Триада; 2013. 528 с.

16. Онищенко Г.Г., Куличенко А.Н., редакторы. XXII Олимпийские зимние игры и XI Паралимпийские зимние игры 2014 года в г. Сочи. Обеспечение санитарно-эпидемиологического благополучия. Тверь: Триада-Х; 2015. 575 с.

17. Попова А.Ю., Кутырев В.В., редакторы. Чемпионат мира по футболу 2018 года в России: обеспечение санитарно-эпидемиологического благополучия. Саратов: Амрит; 2019. 536 с.

18. Попова А.Ю., Кутырев В.В., редакторы. Специализированные противозидемические бригады Роспотребнадзора: роль в обеспечении санитарно-эпидемиологического благополучия населения на современном этапе. Саратов: Амрит; 2019. 200 с.

## References

- Mattaccini S., Cortelazzo A., Foglietta G., Transerici M., Coltellaro A., Gemmellaro O., Tondolo M., Cosentino R., Tripodi R., Lupini G. Laboratory and diagnostic test mobile systems: critical issues and perspectives in the field of major disasters. *Biomed. Prev.* 2017; 4:136. DOI: 10.19252/0000000088.
- Parsons A., Materos P., Adams M., Yeh K. Examining the utility and readiness of mobile and field transportable laboratories for biodefence and global health security-related purposes. *Global Security: Health, Science and Policy*. 2018; 3(1):1–13. DOI: 10.1080/23779497.2018.1480403.
- Linster M., Ng B., Vijayan V. COVID-19 and beyond: safety and design considerations for the development of a mobile biocontainment laboratory. *Appl. Biosaf.* 2020; 25(3):169–73. DOI: 10.1177/1535676020943394.
- Supotnitsky M.V. [Multifunctional mobile module complex for analysis of pathogenic biological materials (agents)]. *Vestnik Voisk Radiatsionnoj, Khimicheskoy i Biologicheskoy Zashchity [Journal of*

*NBC Protection Corps*]. 2017; 1(3):38–50. DOI: 10.35825/2587-5728-2017-1-3-38-50.

5. Kutyrev V.V., Toporkov A.V., Karnaukhov I.G. [Use of mobile laboratories for anti-epidemic support of the population under emergency situations]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2007; (1):27–9.

6. Onishchenko G.G., Kutyrev V.V., editors. [Collection of Normative and Methodological Documents on the Organization of Work of Specialized Anti-Epidemic Teams of the Rospotrebnadzor]. Saratov: "Volga Region Publishing House"; 2008. 216 p.

7. Karnaukhov I.G., Sharova I.N., Kazakova E.S., Morozov K.M., Shcherbakova S.A., Kutyrev V.V. [Basic principles of construction of mobile truck-mounted laboratories for indication and identification of infectious disease agents]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2016; (2):45–9. DOI: 10.21055/0370-1069-2016-2-45-49.

8. Guidance for Rapid Response Mobile Laboratory (RRML) Classification. Copenhagen: WHO Regional Office for Europe; 2021.

9. Minimum Operational Standards and Typology for Rapid Response Mobile Laboratories. Geneva: World Health Organization; 2025.

10. Sharova I.N., Krasovskaya T.Yu., Kazorina E.V., Kazantsev A.V., Proskuryakova M.V., Kuklev V.E., Shcherbakova S.A., Kutyrev V.V., Adilov R.I., Bulychcheva E.V., Troitskaya A.A., Agapov B.L., Akimov I.S., Balgan O.L., Chumakova N.A., Tkachenko V.A., Glushkov E.A., Rozhdestvensky E.N., Bazarova G.Kh., Mishchenko A.I., Mukhturgin G.B. [Lessons learned from and prospects of using mobile laboratories for epidemiological surveillance over plague, other particularly dangerous, natural-focal, zoonotic infectious diseases]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2020; (4):26–33. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-4-26-33.

11. Popova A.Yu., Kutyrev V.V., editors. [Elimination of Ebola Epidemic in the Republic of Guinea: Operational Experience of the Specialized Anti-Epidemic Team of the Rospotrebnadzor]. Moscow: LLC "Creative Informational and Publishing Center"; 2016. 354 p.

12. Popova A.Yu., editor. [COVID-19: Scientific and Practical Aspects of the Fight against the Pandemic in the Russian Federation]. Saratov: "Amirit"; 2021. 608 p.

13. Popova A.Yu., Smolensky V.Yu., Naidenova E.V., Shcherbakova S.A., Safronov V.A., Kolomoets E.V., Itskov Ya.Yu., Konomov V., Boumbaly S., N'Faly M., Boiro M.Y., Traore M.S., Kutyrev V.V. [Russia – Guinea: historical aspects of scientific cooperation in the fight against dangerous infectious diseases]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2024; (3):6–14. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-3-6-14.

14. Kas'yan Zh.A., Le Thi Lan Anh, Sharova I.N., Vo Viet Cuong, Oglodin E.G., Trinh Van Toan, Golubev S.N., Proskuryakova M.V., Bui Thi Lan Anh, Hoang Duc Hau, Dang Thi Viet Huong, Pham Thi Ha Giang, Duong Van Nghia, Bui Thi Thanh Nga, Lyapin M.N., Shcherbakova S.A. [Experience in using mobile laboratory for monitoring and diagnostics in the Socialist Republic of Vietnam]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2022; (3):90–4. DOI: 10.21055/0370-1069-2022-3-90-94.

15. Onishchenko G.G., Kutyrev V.V., editors. [XXVII World Summer Universiade 2013 in Kazan. Ensuring Sanitary and Epidemiological Welfare]. Tver: "Triada"; 2013. 528 p.

16. Onishchenko G.G., Kulichenko A.N., editors. [XXII Olympic Winter Games and XI Paralympic Winter Games-2014 in Sochi. Ensuring Sanitary and Epidemiological Welfare]. Tver: "Triada-X"; 2015. 575 p.

17. Popova A.Yu., Kutyrev V.V., editors. [2018 FIFA World Cup in Russia: Provision of Sanitary and Epidemiological Well-Being]. Saratov: "Amirit"; 2019. 536 p.

18. Popova A.Yu., Kutyrev V.V., editors. [Specialized Anti-epidemic Teams of the Rospotrebnadzor: Their Role in Ensuring the Sanitary and Epidemiological Wellbeing of the Population at the Present Stage]. Saratov: "Amirit"; 2019. 200 p.

## Authors:

Karnaukhov I.G., Kas'yan Zh.A., Golubev S.N., Kuklev V.E., Korobkin N.A., Shcherbakova S.A., Kutyrev V.V. Russian Research Anti-Plague Institute "Microbe". 46, Universitetskaya St., Saratov, 410005, Russian Federation. E-mail: rusrapi@microbe.ru.

## Об авторах:

Карнаухов И.Г., Касьян Ж.А., Голубев С.Н., Куклев В.Е., Коробкин Н.А., Щербакова С.А., Кутырев В.В. Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб». Российская Федерация, 410005, Саратов, ул. Университетская, 46. E-mail: rusrapi@microbe.ru.

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-26-38

УДК 616-036.22(100+470)

М.В. Поспелов, А.В. Иванова, А.А. Зубова, Ж.А. Касьян, Е.А. Чумачкова, А.А. Мартынова,  
Л.Н. Дмитриева, Е.В. Куклев

**Глобальные эпидемиологические угрозы:  
обзор эпидемиологической ситуации в мире и оценка риска заноса  
опасных инфекционных болезней на территорию Российской Федерации**

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

В статье представлен обзор актуальной эпидемиологической ситуации в мире с акцентом на риски заноса опасных инфекционных и паразитарных болезней на территорию Российской Федерации. Анализ основан на данных международных организаций, национальных органов здравоохранения, научных публикаций и электронных систем оперативного оповещения. Рассчитаны вероятности заноса инфекций с учетом пассажиропотока и эпидемиологической ситуации в странах-донорах. Результаты структурированы по шести регионам ВОЗ на основе классификации Всемирной организации здравоохранения. При описании соответствующего региона кратко обозначены общие причины эпидемиологического неблагополучия, вклад в мировую заболеваемость, описаны наиболее крупные вспышки, отмечены пробелы в понимании научным сообществом истинной заболеваемости по ряду инфекций на различных территориях. Обобщенные выводы могут быть использованы специалистами в области санитарной охраны границ и эпидемиологического надзора для принятия решений по предупреждению распространения инфекционных угроз. Проведенный анализ подтверждает необходимость постоянного совершенствования подходов к осуществлению мер по санитарной охране территории в связи с неизбежно возникающими эпидемиологическими угрозами. Они, в свою очередь, связаны с постоянными рисками завоза не теряющих актуальность известных инфекций из эндемичных стран, с «возвращающимися» и новыми, эмерджентными инфекциями, распространением инфекционных болезней на ранее неэндемичные области.

**Ключевые слова:** эпидемиологическая ситуация, санитарная охрана, особо опасные инфекции, риски завоза, эпидемические осложнения.

*Корреспондирующий автор:* Поспелов Михаил Валерьевич, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

*Для цитирования:* Поспелов М.В., Иванова А.В., Зубова А.А., Касьян Ж.А., Чумачкова Е.А., Мартынова А.А., Дмитриева Л.Н., Куклев Е.В. Глобальные эпидемиологические угрозы: обзор эпидемиологической ситуации в мире и оценка риска заноса опасных инфекционных болезней на территорию Российской Федерации. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 4:26–38. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-26-38

*Поступила 01.08.2025. Принята к публикации 20.08.2025.*

M.V. Pospelov, A.V. Ivanova, A.A. Zubova, Zh.A. Kas'yan, E.A. Chumachkova, A.A. Martynova,  
L.N. Dmitrieva, E.V. Kuklev

**Global Epidemiological Threats: A Review of the Worldwide Epidemiological Situation  
and an Assessment of the Risk of Dangerous Infectious Diseases Importation  
to the Russian Federation**

*Russian Research Anti-Plague Institute "Microbe", Saratov, Russian Federation*

**Abstract.** The review presents the current global epidemiological situation, with a focus on the risks of importation of dangerous infectious and parasitic diseases into the Russian Federation. The analysis is based on data from international organizations, national health authorities, scientific publications, and electronic outbreak reporting systems. Probabilities of disease importation were estimated taking into account passenger traffic and the epidemiological status of source countries. The findings are structured according to the six regions, following the World Health Organization regional classification. When describing the relevant region, the general causes of epidemiological problems and the contribution to global morbidity are briefly outlined, the largest outbreaks are described, and gaps in the scientific community's understanding of the true incidence of a number of infections in various territories are noted. The synthesized conclusions may be of practical value to professionals involved in border sanitary protection and epidemiological surveillance in the context of preventing the spread of infectious threats. The analysis underscores the ongoing need to improve approaches to sanitary protection measures in response to evolving epidemiological threats. These threats are driven by persistent risks of importing well-known infections from endemic countries, the resurgence of previously controlled diseases, the emergence of novel pathogens, and the geographic expansion of infections into previously non-endemic areas.

**Key words:** epidemiological situation, sanitary protection, particularly dangerous infectious diseases, importation risks, epidemic complications.

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

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

*Corresponding author:* Mikhail V. Pospelov, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

*Citation:* Pospelov M.V., Ivanova A.V., Zubova A.A., Kas'yan Zh.A., Chumachkova E.A., Martynova A.A., Dmitrieva L.N., Kuklev E.V. Global Epidemiological Threats: A Review of the Worldwide Epidemiological Situation and an Assessment of the Risk of Dangerous Infectious Diseases Importation to the Russian Federation. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:26–38. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-26-38

*Received 01.08.2025. Accepted 20.08.2025.*

Pospelov M.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2994-473X>  
Ivanova A.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4849-3866>  
Zubova A.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8741-5756>  
Kas'yan Zh.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9828-3277>

Chumachkova E.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9877-5258>  
Martynova A.A., ORCID: <https://orcid.org/0009-0004-5648-7003>  
Dmitrieva L.N., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3564-985X>  
Kuklev E.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9686-9020>

Мониторинг эпидемиологической обстановки является неотъемлемым компонентом системы обеспечения биологической безопасности страны. Особенно очевидным это стало в последние десятилетия, когда процесс глобализации приобрел беспрецедентные масштабы, а появление новых патогенов, «возвращение» (re-emergence) старых инфекционных болезней и распространение природно-очаговых инфекций на ранее неэндемичные территории показали острую необходимость перестройки национальных и межгосударственных систем реагирования на эпидемиологические угрозы и риски.

Российская Федерация наращивает деловые, культурные и торгово-экономические связи с зарубежными государствами, активно развивается туристический сегмент, увеличивается разнообразие вариантов авиасообщения, в том числе со странами, эпидемиологически неблагополучными по опасным болезням с высоким потенциалом международного распространения. Риск заноса инфекционных болезней на территорию России увеличен многократно, в связи с чем особое значение приобретает осуществление мероприятий, направленных на контроль подобных рисков.

Обеспечение эпидемиологического благополучия населения России реализуется посредством комплекса мер по санитарной охране территории, направленных главным образом на предупреждение, раннее выявление, оперативное реагирование, локализацию и ликвидацию чрезвычайных ситуаций в области общественного здравоохранения, связанных с заносом и распространением инфекционных болезней. При этом многообразие социально-демографических, экологических, экономических и прочих аспектов глобальных изменений создает определенные сложности для оценки и прогнозирования эпидемиологических рисков.

**Цель** обзора – охарактеризовать эпидемиологическую ситуацию в мире по инфекциям, представляющим интерес с позиций санитарной охраны территории Российской Федерации, в том числе способных вызвать чрезвычайную ситуацию в области общественного здравоохранения, и провести актуальную оценку риска их заноса на территорию России.

Авторами проведен многосторонний анализ значительного массива опубликованных в открытом доступе данных, в первую очередь официальных: документов и сообщений Всемирной организации здравоохранения (далее – ВОЗ) и других международных институций (Продовольственная и сельскохозяйственная организация ООН, Всемирная организация здравоохранения животных), министерств здравоохранения соответствующих стран, научных публикаций. Использованы данные электронных

агрегаторов оперативной информации (ProMED-mail, EpiSouth, arbo-zoonet и др.). Также рассчитаны риски заноса инфекционных болезней на территорию России по ранее предложенной методике [1], основанной на анализе актуальной и ретроспективной информации об эпидемиологическом неблагополучии, сведений о пассажиропотоке из конкретных государств в Российскую Федерацию [2] и показателей заболеваемости по той или иной нозологии.

При выборе номенклатуры нозологических форм для настоящей публикации авторы преимущественно опирались на Перечень инфекционных болезней, требующих проведения мероприятий по санитарной охране территории Российской Федерации (СанПиН 3.3686-21), и список инфекций, о случаях которых необходимо уведомлять ВОЗ в соответствии с Международными медико-санитарными правилами (2005 г.). Приведены данные и по другим опасным болезням, представляющим интерес в отдельных регионах.

Результаты представлены в упорядоченном виде, в соответствии с распределением государств мира на шесть регионов по классификации ВОЗ (зачастую не совпадает с континентальной принадлежностью): Американский регион, Африканский, Восточно-Средиземноморский, Европейский, Западно-Тихоокеанский и Юго-Восточная Азия. Подобное деление представляется оптимальным для настоящего обзора в силу ряда причин, например общности природно-климатических факторов и социокультурных особенностей входящих в тот или иной регион стран.

При описании соответствующего региона кратко обозначены общие причины эпидемиологического неблагополучия, вклад в мировую заболеваемость, описаны наиболее крупные вспышки, отмечены пробелы в понимании научным сообществом истинной заболеваемости по ряду инфекций на различных территориях.

В статье в обобщенном виде изложены наиболее значимые результаты проведенного анализа, которые могут быть полезны для широкого круга лиц, в первую очередь для специалистов организаций, занимающихся вопросами санитарной охраны, эпидемиологического надзора и эпидемиологического контроля.

**Африканский регион.** Актуальность анализа эпидемиологической конъюнктуры в Африканском регионе определяется его значительным вкладом в общемировые показатели заболеваемости по ряду инфекционных болезней, наносящих серьезный ущерб санитарно-эпидемиологическому благополучию.

Регион включает 47 стран с населением более 1 млрд человек (приблизительно 14 % от общемирового). Эпидемиологическое неблагополучие в ре-

гионе обусловлено большим количеством факторов. Медицинское обслуживание, особенно в удаленных и сельских районах, часто не отвечает современным стандартам, отмечен недостаток квалифицированных специалистов и медицинских учреждений, в которые можно обратиться за помощью. Африка остается одним из наиболее опасных мест в контексте продолжающихся военных конфликтов, которые не только способствуют экономической нестабильности, но и наносят ущерб зачастую и без того слабо развитой инфраструктуре. Большая часть населенных пунктов не имеет надлежащей системы очистки сточных вод; доступ к качественной питьевой воде отсутствует у трети сельских жителей [3]. Кроме того, только на территории Африки регистрируют местные случаи таких смертельно опасных лихорадок, как Эбола, Марбург и Ласса.

Необходимо отметить, что состояние ресурсов систем здравоохранения (финансового, кадрового, материально-технического и др.) в большинстве стран региона не отвечает должному уровню, необходимому для поддержания потенциала реагирования на вспышки опасных инфекций, что в свою очередь нередко приводит к распространению болезней как внутри, так и за пределы этой части света.

В настоящее время в Российской Федерации набирают популярность путешествия на Африканский континент. Доступно прямое авиасообщение с Марокко, Египтом, Тунисом, Алжиром, а Эфиопия стала ведущим транзитным хабом для поездок практически по всей Африке; туроператоры отмечают рост интереса туристов к этому направлению. Только за последние три года (2022–2024 гг.) россияне посетили 26 государств на континенте (около 50 %). Зачастую туристы в одной поездке стараются комбинировать несколько стран, при этом посещая территории, на которых находятся природные очаги опасных инфекций, например с целью сафари.

На континенте сохраняется самый высокий уровень заболеваемости чумой (5780 случаев, 98,3 % от общемирового показателя за последние 10 лет). Природные очаги чумы располагаются на территории по крайней мере 18 стран региона, кроме того, имеющиеся данные позволяют предполагать их существование и в других африканских государствах. Случаи заболевания чумой регистрируют в Демократической Республике Конго (ДРК), на Мадагаскаре, в Танзании, Уганде. Ежегодно сообщается об эпидемиологических осложнениях в ДРК (2015–2024 гг. – 2121 сл.) и на о. Мадагаскар (2015–2024 гг. – 3649 сл.), хотя не всегда информация подтверждается официально. Высокая эпизоотическая активность природных очагов чумы и тесный контакт с ними местного населения обуславливают сохранение вероятности заноса чумы на территорию России.

На современном этапе Африка является одним из эпицентров холеры, опасной инфекции, в отношении которой наблюдается расширение геогра-

фической распространенности и интенсификация эпидемического процесса. Ежегодно в Африканском регионе фиксируются как крупные вспышки, так и спорадические случаи, с 2010 г. болезнь не регистрировалась лишь в Ботсване, Кабо-Верде, Лесото и на Маврикии; за 10-летний период (2015–2024 гг.) сообщалось о примерно 1,1 млн случаев.

Природные очаги таких смертельно опасных геморрагических лихорадок, как болезнь, вызванная вирусом Эбола (БВВЭ), болезнь, вызванная вирусом Марбург (БВВМ), и лихорадка Ласса, расположены исключительно в Африке. Крупнейшая вспышка БВВЭ зарегистрирована в 2013–2016 гг. в странах Западной Африки (преимущественно в Гвинее, Сьерра-Леоне и Либерии), в ходе нее выявлено свыше 28 тыс. заболевших и 11 тыс. смертей. С этой вспышкой эпидемиологически связаны 36 случаев БВВЭ и 15 летальных исходов на территории 7 эндемичных стран (Нигерия, Сенегал, Мали, США, Испания, Великобритания, Италия). В последующем практически каждый год сообщалось о вспышках БВВЭ в ДРК (2017–2023 гг. – 3692 сл.). За последние 5 лет вспышки наблюдали в Республике Гвинея – в 2021 г. с 16 случаями (12 смертей), в Республике Уганда – в 2022 г. со 164 случаями (55) и в 2025 г. с 14 случаями (4).

С момента открытия вируса Марбург зарегистрировано около 600 случаев заболевания в странах Африки: в Анголе, ДРК, Кении, Южно-Африканской Республике (ЮАР) и Уганде. Отмечено расширение ареала возбудителя лихорадки Марбург и возникновение вспышек на ранее эндемичных территориях (2021 г. – Гана, Республика Гвинея; 2023 г. – Танзания, Экваториальная Гвинея; 2024 г. – Руанда; 2025 г. – Танзания).

Лихорадка Ласса эндемична в 10 странах Западной Африки, где в настоящее время фиксируют спорадические случаи (в Гвинее, Либерии и Сьерра-Леоне) и крупные вспышки (Нигерия). Наибольший вклад в заболеваемость (>90 %) вносит Республика Нигерия, где регистрируют до 10 тыс. случаев в год. При этом, учитывая схожесть клинической картины лихорадки Ласса и малярии, а также частое отсутствие возможности лабораторного подтверждения, можно уверенно заключить, что истинная заболеваемость лихорадкой Ласса гораздо выше. Вместе с тем инфекция является одной из геморрагических лихорадок, наиболее часто завозимых на территорию эндемичных государств. Так, с 1969 г. и на текущий момент зарегистрировано более 50 случаев заноса болезни за пределы Африки [4].

В настоящее время малярия является эндемичной болезнью в 43 африканских странах, где свыше половины населения подвергаются риску заражения [5]. В последние годы на долю региона приходится 95 % случаев малярии в мире и 96 % летальных исходов, более половины смертей от малярии зафиксировано в Нигерии (31,9 %), ДРК (13,2 %), Танзании (4,1 %) и Мозамбике (3,8 %). При этом

именно из стран Африканского континента происходит основная доля импортированных случаев болезни в неэндемичные страны.

Африка входит в число регионов, в наибольшей степени затронутых арбовирусными инфекциями. Так, в настоящее время риску заболевания желтой лихорадкой подвергается население 28 эндемичных стран в тропических районах материка. За последние 10 лет ежегодно в структуре общемировой заболеваемости более 90 % числа регистрируемых случаев приходится на Африку. Крупные вспышки отмечаются в Анголе, ДРК, Гане, Уганде, Либерии, Республике Конго, Центральноафриканской Республике, Эфиопии и Южном Судане. ВОЗ подчеркивает, что официальные статистические данные не отражают полную картину заболеваемости. За всю историю регистрации лихорадки денге на континенте заболеваемость отмечена в 34 странах, из которых 22 сообщили о местной форме передачи вируса. Установлена циркуляция возбудителя Крымской геморрагической лихорадки (КГЛ) на территориях 22 стран региона [6], вируса Зика – по меньшей мере в 10 африканских государствах. Однако сведения о заболеваемости этими опасными инфекциями в доступных источниках публикуются редко и разрозненно и не подходят для качественного анализа эпидемиологической обстановки.

Циркуляция вируса Западного Нила (ВЗН) впервые подтверждена в 1937 г. в Республике Уганда, на сегодняшний день известный ареал возбудителя лихорадки Западного Нила (ЛЗН) включает территории 29 африканских государств. В то же время проблема ЛЗН продолжает оставаться малоизученной. Так, более чем в 20 странах до сих пор не проводились исследования серопревалентности к ВЗН среди населения. Единственная масштабная вспышка ЛЗН зарегистрирована в ЮАР в 1974 г., совокупное число заболевших составило более 18 тыс. человек [7]. Ежегодно в африканских странах выявляют в среднем всего 5–6 подтвержденных случаев ЛЗН. Предполагается, что уровень заболеваемости намного выше, так как чрезвычайно малое количество инфицированных обследуются лабораторно.

Возбудитель лихорадки Рифт-Валли (ЛРВ) впервые выделен в 1931 г. в ходе расследования необъяснимых случаев падежа и выкидышей в стаде овец на ферме в Рифтовой долине в Кении. В настоящее время ЛРВ на Африканском континенте распространена практически повсеместно, занимая территорию от 30° южной до 31° северной широты [8]. За последний 20-летний период вспышки с десятками и сотнями случаев регистрировали в Кении – в 2018, 2021 и 2024 гг. (94, 32 и 145 случаев соответственно), в Мавритании – в 2012 и 2022 гг. (36 и 52), на Мадагаскаре – в 2008–2009 гг. (712) и 2021 г. (109), в Нигере – в 2016 г. (348), Уганде – в 2023–2024 гг. (502), ЮАР – в 2010 г. (237).

Несмотря на искоренение натуральной оспы, сохраняется вероятность заражения близкородствен-

ным вирусом – возбудителем оспы обезьян. С 2022 г. продолжается крупнейшая вспышка за пределами Африки, связанная с завозом инфекции из Нигерии и последующим распространением в ранее свободных от этой опасной болезни странах. Кроме того, в 2024 г. в ДРК был зарегистрирован рост заболеваемости, обусловленный новым геновариантом клады Ib. С июля 2024 г. случаи оспы обезьян, вызванные вирусом клады Ib, выявлены в соседних с ДРК Бурунди, Кении, Руанде, Уганде и др., а также в государствах за пределами Африканского региона. В августе 2024 г. в связи с ростом уровня заболеваемости оспой обезьян ВОЗ расценила распространение болезни как чрезвычайную ситуацию в области общественного здравоохранения, имеющую международное значение. В общей сложности с 2022 по июнь 2025 г. ВОЗ уведомлена о более чем 148 тыс. случаев в 137 странах мира [9].

Стоит подчеркнуть, что в 17 государствах так называемого «менингитного пояса» (от Сенегала на западе до Эфиопии на востоке) присутствует высокий риск заражения *Neisseria meningitidis* (ежегодно в этих странах отмечается около 30 тыс. случаев) [10]. Крупные эпидемии менингококковой инфекции регистрируются каждые 5–10 лет, при этом заболеваемость достигает 1000 случаев на 100 тыс. населения.

Согласно методике расчета риска заноса инфекционных болезней на территорию Российской Федерации [1], наиболее вероятным является занос лихорадки денге (Маврикий), малярии (Бурунди, Кабо-Верде, Мадагаскар, Намибия, Эфиопия, Южный Судан) и холеры (Замбия, Зимбабве, Коморские острова).

**Американский регион** (35 стран Северной, Центральной и Южной Америки, Карибский бассейн) представляет значительный интерес с эпидемиологической точки зрения. Ситуация в этой части света остается напряженной за счет целого ряда факторов, в том числе активной миграции населения, социального неравенства, локальных гуманитарных кризисов, природных катаклизмов; биологические угрозы во многом определяются присутствием всех климатических зон и богатым фаунистическим разнообразием. Особенно стоит отметить серьезный вклад региона в общемировую заболеваемость арбовирусными инфекциями (лихорадки денге, Западного Нила, Зика, желтая лихорадка), наличие природных очагов чумы и сохраняющиеся риски возникновения вспышек холеры.

За последние три года (2022–2024 гг.) россияне посетили более 65 % стран региона – 23 государства, совокупное число выезжающих лиц при этом составило более 590 тыс. человек.

Природные очаги чумы располагаются на территориях 9 стран. За последние 60 лет случаи бубонной чумы в пределах энзоотичных районов регистрировали в Аргентине (в скобках здесь и далее – год, в который выявлен последний случай; 1959 г.), Бразилии

(2000 г.), Боливии (2018 г.), Венесуэле (1964 г.), Колумбии (1963 г.), Перу (2018 г.), Сальвадоре (1955 г.), США (2025 г.), Чили (1952 г.) и Эквадоре (1998 г.). Инфицированных животных обнаруживали в северных районах Мексики, на границе с США, в Канаде и на Гавайских островах. За период с 1990 по 2024 г. в Южной Америке выявлено 1945 инфицированных лиц (3,4 % от общемирового показателя) и 118 смертельных исходов (6,1 %) [11]. На Северо-Американском континенте постоянная эпизоотическая и эпидемическая активность наблюдается только на территории США, где в 1990–2024 гг. зарегистрировано 206 случаев, из них летальных – 26 (12,6 %) [12].

В числе значимых биологических угроз особое место занимает холера. Принимая во внимание относительно стабильную эпидемиологическую обстановку в странах региона на сегодняшний день, следует отметить, что в прошлом именно здесь неоднократно происходили масштабные холерные эпидемии. Предположительно завоз из Африки в Перу в 1991 г. положил начало крупнейшей вспышке в регионе, распространившейся на 21 страну обоих континентов, приведя к более чем 1 млн случаев заболевания и 12 тыс. смертей. Другим катастрофическим результатом завоза холеры стали вспышки на Гаити (2010–2019 гг. – около 820 тыс. выявленных случаев, в том числе 9,7 тыс. летальных) и связанные с ней заносы инфекции в страны Америки и Европы с возникновением вторичных вспышек (Доминиканская Республика, Куба, Мексика) и без последующего распространения (США, Канада, Чили, Багамские острова, Мартиника, Великобритания, Германия) [13]. Отдельные вспышки отмечались в Чили (2018 г. – 31 случай), Мексике (2012–2015, 2018, 2023 гг., с общим количеством случаев – 206), Бразилии (2024 г.) [14]. С 2022 г. вновь осложнилась эпидемиологическая ситуация на Гаити (2022–2024 гг., 76 675 подозрительных случаев; 4384 подтвержденных и 1186 летальных) и в Доминиканской Республике (232 сл.).

Широко распространенной и социально значимой проблемой в регионе остается малярия. Эндемичными территориями являются большинство стран Центральной и Южной Америки. Заболеваемость в них регистрируют практически круглогодично [15]. В официальную статистику ежегодно попадает более 500 тыс. случаев [16]. В этиологической структуре преобладает малярия, вызванная *Plasmodium vivax* (75 %), на *P. falciparum* и смешанные формы приходится порядка 25 %. Однако соотношение видов существенно варьируется. Например, в Венесуэле доля *P. falciparum* составляет 17,2 %, однако на эту страну приходится более 40 % всех случаев *P. falciparum* в регионе [17].

Арбовирусные лихорадки представляют собой наиболее актуальные инфекционные болезни для региона. Желтая лихорадка, в частности, эндемична почти во всей Латинской Америке, за исключением

Чили и Уругвая [18]. В период с 1990 по 2024 г. выявлено более 5,5 тыс. случаев (43,9 % от общемирового показателя) и 2,4 тыс. смертей [11]. Крупнейшая вспышка произошла в Бразилии в 2016–2018 гг.; тогда только по официальным данным было зарегистрировано 2155 случаев болезни, из которых 745 завершились летальным исходом. В 2024 г. вспышечные проявления отмечены на территории 5 стран региона с общим количеством случаев – 61, летальным исходом закончились 30 (Боливия, Бразилия, Гайана, Колумбия и Перу).

Интродукция в 1999 г. вируса Западного Нила, циркулировавшего в Израиле (предположительно связанная с содержащимися в неволе дикими птицами), в США привела к крупной вспышке болезни, которая в последующие годы распространилась по всей континентальной территории страны. Сегодня ЛЗН в США относится к числу приоритетных для общественного здравоохранения арбовирусных инфекций. Всего с 1999 по 2024 г. в США зарегистрировано более 56,4 тыс. случаев (в среднем ежегодно около 2,2 тыс.) со значительными эпидемическими подъемами в отдельные годы: в 2003 г. (9862) и 2012 г. (5674). Большая часть США, юг Канады, страны Латинской Америки (выявление маркеров возбудителя в объектах окружающей среды и наличие иммунной прослойки у населения) эндемичны по ЛЗН.

Нарастающую угрозу общественному здравоохранению представляет высокая заболеваемость лихорадкой денге. В современный период местная передача возбудителя происходит практически на всей территории региона, за исключением Канады и континентальной части Чили. Риск заражения присутствует в течение всего года. За 25 лет, с 1990 по 2024 г., совокупное число зарегистрированных случаев во всех странах региона превысило 48 млн [19]. Наиболее пораженными территориями являются Бразилия (63 % от общего числа в Южной Америке), Колумбия (6 %) и Венесуэла (4 %). В 2024 г. зафиксировано свыше 13 млн случаев болезни [20].

В 2015 г. в Бразилии произошла крупнейшая вспышка лихорадки Зика, ознаменовавшая выход возбудителя за пределы привычного ареала (Африка и Юго-Восточная Азия). После этого болезнь распространилась с высокой скоростью, затронув все страны региона, за период 2015–2024 гг. зарегистрировано 1 030 515 случаев [21]. В 2024 г. количество инфицированных лиц превысило 44 тыс.; особенно сложная эпидемиологическая ситуация отмечается в Бразилии (97 % от общей заболеваемости по региону), что делает ее наиболее эффективным донором завозных случаев лихорадки Зика в мире [22].

Согласно методике расчета риска заноса инфекционных болезней на территорию Российской Федерации [1], наиболее вероятным является риск заноса лихорадки денге (из большинства стран региона), малярии (Доминиканская Республика) и холеры (Гаити).

**Восточно-Средиземноморский регион (ВСР)**

включает 21 страну и охватывает значительную часть территорий Центральной, Юго-Западной и Южной Азии, севера и северо-востока Африки. Возникновению и распространению инфекционных болезней в регионе способствуют многие факторы, в том числе острые и затяжные гуманитарные кризисы, приводящие к ослаблению систем здравоохранения, повышению мобильности населения, недостаточному эпиднадзору и ограниченному лабораторно-диагностическому потенциалу, а также природно-климатические условия.

Только за последние три года (2022–2024 гг.) россияне посетили все государства региона, совокупное число выезжающих лиц при этом составило более 9 млн человек. Наибольшее число граждан России ежегодно отправляется в Объединенные Арабские Эмираты (ОАЭ) и Египет (более 91 % от пассажиропотока).

В регионе отмечается неблагоприятная эпидемиологическая обстановка по целому спектру нозологических форм, в том числе по возвращающимся инфекциям и болезням с высоким риском трансграничного распространения. За последние десятилетия по меньшей мере 11 государств сообщили о крупных вспышках и эпидемиях опасных инфекций (птичий грипп А, лихорадка денге, КГЛ и др.). Это единственный регион, где регистрируются местные (не связанные с завозом) случаи полиомиелита, вызванного диким полиовирусом, и ближневосточного респираторного синдрома (БВРС) (хотя существуют серологические исследования, указывающие на возможное заражение людей MERS-CoV в Африканском регионе) [23]. Ежегодные массовые паломничества (хадж, умра, зиярат), зачастую недостаточно организованные, создают существенные риски как регионального, так и глобального распространения инфекций, что подтверждается научными наблюдениями (в частности, исследовались риски завоза в другие регионы возбудителей менингитов, БВРС и др.) [24, 25].

Природные очаги чумы располагаются на территории 14 стран ВСР: Афганистана, Ирака, Ирана, Йемена, Кувейта, Ливана, Ливии, Марокко, Пакистана, Саудовской Аравии, Сирии, Сомали, Судана, Туниса. Также известно о существовании энзоотичных районов в Египте. В 1997 г. вспышка бубонной чумы зафиксирована на северо-востоке Иордании, все 12 заболевших выздоровели [26]. В конце 2007 г. вспышка с симптомами, не исключаяющими кишечную форму чумы, произошла в провинции Нимруз на юге Афганистана, 17 из 83 случаев закончились летальным исходом; биологический материал был отобран у 3 заболевших, 2 случая подтверждены серологическим исследованием, 1 – с помощью ПЦР-анализа [27]. В 2009 г. после 25 лет отсутствия чума выявлена в Ливии близ г. Тобрук (5 сл.), в мае 2011 г. также сообщено о вспышке в г. Тобрук (более 20 сл.). В Ливане чума у людей не регистриру-

ется с 1900 г., в Ираке – с 1924 г., Тунисе – с 1944 г., Египте – с 1947 г., Йемене – с 1969 г., Марокко – с 1977 г., Саудовской Аравии – с 1994 г. [28]. Следует отметить, что на значительной территории региона природные очаги чумы остаются малоизученными, а эпидемиологические данные отсутствуют.

Холера остается одним из основных рисков для общественного здравоохранения на территориях Юго-Западной Азии и Северной Африки. По крайней мере 13 стран ВСР сообщили о проявлениях холеры за последнее десятилетие. По оценкам ВОЗ, в регионе ежегодно регистрируется свыше 180 тыс. случаев холеры, однако точная количественная оценка ограничена из-за слабых систем эпидемиологического надзора. Эпидемические проявления болезни затрагивают почти все государства, основная доля случаев приходится на Афганистан (~80 %), Йемен, Сомали, Сирию, Пакистан, Ливан, Ирак и Иран.

В 14 государствах региона (Бахрейн, Египет, Ирак, Иордания, Кувейт, Ливан, Ливия, Марокко, Оман, Палестина, Катар, Сирия, Тунис и ОАЭ) в течение многих лет отсутствуют случаи местного заражения малярией, большая часть из этих стран прошла процедуру признания ВОЗ свободными от малярии. Остальные 8 государств (Афганистан, Джибути, Иран, Пакистан, Саудовская Аравия, Сомали, Судан и Йемен) еще фиксируют местные случаи [29]. Наибольшая доля инфицированных в регионе приходится на Судан (36 %), Пакистан (27 %) и Сомали (18 %). Преимущественно тропическая форма регистрируется в Саудовской Аравии, Джибути, Сомали, Йемене и Судане, трехдневная форма – в Пакистане, Иране и Афганистане. О завозных случаях заболевания ежегодно сообщается в Иране, Саудовской Аравии, Тунисе.

Случаи лихорадки денге в ВСР впервые зарегистрированы в 1998 г., и с тех пор их частота увеличивается, а ареал распространения возбудителя расширяется. Вспышки наблюдают в 9 эндемичных по инфекции странах: Афганистане, Джибути, Египте, Омане, Пакистане, Саудовской Аравии, Сомали, Судане и Йемене. На территории региона установлена циркуляция всех четырех серотипов вируса денге, наиболее высокая заболеваемость наблюдается в Пакистане [30].

ВСР – единственный регион, где зафиксированы лабораторно подтвержденные случаи БВРС, не связанные с завозом инфекции. В 12 странах ВСР с 2012 г. по состоянию на середину 2025 г. выявлено 2411 случаев, большинство из них – в Саудовской Аравии (91,6 % от случаев в регионе; 84,2 % от случаев в мире). За период с 1 марта по 21 апреля 2025 г. ВОЗ была уведомлена о 9 инфицированных [31].

Природные очаги лихорадки Западного Нила описаны на территории 13 государств региона. Спорадическая и вспышечная заболеваемость наблюдается в Бахрейне, Иране, Марокко, Сирии, Судане, Тунисе. Ежегодно сообщения о случаях ЛЗН

поступают из Туниса. Ареал КГЛ включает 14 стран региона. Спорадические случаи и вспышки регистрируются в Афганистане, Иордании, Ираке, Иране, Кувейте, Омане, Пакистане, Саудовской Аравии, Судане. Наиболее неблагоприятная эпидемиологическая обстановка наблюдается в Афганистане, где с 2018 по 2024 г. зафиксировано 4445 предполагаемых и 944 подтвержденных случая заболевания [32].

Лихорадка Рифт-Валли эндемична для Афганистана, Египта, Йемена, Саудовской Аравии, Сомали и Судана, на территории которых наблюдаются эпизоотии среди домашних животных и связанные с ними вспышки заболеваний среди людей. Последние официально зарегистрированные случаи в регионе произошли в Судане в 2010 г. (18 сл.).

Высокие показатели заболеваемости менингококковой инфекцией регистрируются почти на всей территории региона. Наибольшее количество заболевших отмечается в Судане, входящем в «менингитный пояс». После вспышки, охватившей более 33 тыс. человек в 1999 г., последующие вспышки с более чем 1 тыс. случаев произошли в 2000 г. (4031), 2003-м (1113), 2006-м (5000) и 2007 г. (6946). В период с 15 апреля 2023 по 5 сентября 2024 г. зарегистрировано 155 случаев в 10 штатах Судана с 19 летальными исходами [33]. Информация о заболеваемости в других странах региона носит фрагментарный характер. Ежегодные паломничества (хадж) играют ключевую роль в региональном распространении менингококковой инфекции [34].

Единственные страны, не достигшие статуса свободных от дикого полиовируса, – Афганистан и Пакистан, расположены на территории ВСР (в 2024 г. – 74 и 25 случаев заболевания соответственно). В Пакистане наиболее неблагоприятны провинции Хайбер-Пахтунхва, Синд и Белуджистан, в Афганистане – Южный регион. В странах, свободных от полиомиелита, сохраняется риск распространения инфекции, связанный с завозными случаями.

Согласно методике расчета риска заноса инфекционных болезней на территорию Российской Федерации [1], наиболее вероятным является риск заноса малярии (Афганистан, Йемен) и холеры (Афганистан, Йемен, Сомали).

**Западно-Тихоокеанский регион (ЗТР) и Юго-Восточная Азия (ЮВА).** На эти регионы приходится практически половина населения планеты. Вся территория этой части мира расположена в субтропических, тропических, субэкваториальных и экваториальных климатических поясах. В странах, входящих в ЗТР и ЮВА, широко распространены инфекционные и паразитарные болезни, представляющие чрезвычайную опасность для общественного здравоохранения. Благоприятный тропический климат способствует сохранению природных очагов инфекций, а социально-экономические условия в странах региона, особенности культурно-бытового уклада населения, местные обычаи обеспечивают их распространение.

Основные эпидемиологические риски в этом макрорегионе связаны с трансмиссивными болезнями, в частности лихорадкой денге и малярией. Кишечные инфекции, включая холеру, также широко распространены в связи с неудовлетворительными санитарно-гигиеническими условиями и отсутствием необходимого эпидемиологического надзора. Заметный вклад вносят и воздушно-капельные инфекции, что обусловлено высокой плотностью населения и несовершенством национальных механизмов эпидемиологического надзора [35].

Только за последние три года (2022–2024 гг.) россияне посетили более 55 % стран ЗТР (16 государств) и 7 из 10 стран ЮВА, совокупное число выезжающих лиц при этом составило более 4 млн человек. Большинство граждан отправляются на территорию Китайской Народной Республики (КНР) (78 % от пассажиропотока).

В ЗТР сохраняется тяжелое бремя арбовирусных инфекций, в первую очередь лихорадки денге. Несмотря на реализацию ВОЗ Регионального плана действий по профилактике лихорадки денге и борьбе с ней, ситуация по данной инфекции остается неблагоприятной. Эндемична практически вся территория региона, при этом в странах с высоким уровнем заболеваемости наблюдается увеличение длительности вспышек, которые приобретают все большую интенсивность и географические масштабы. Подтверждена циркуляция всех четырех серотипов вируса. Наиболее уязвимым в эпидемиологическом отношении является население Вьетнама, Филиппин, Малайзии, Индонезии. Так, в 2024 г. в этих государствах зарегистрировано суммарно более 570 тыс. случаев. Одна из крупнейших вспышек в мире на территории отдельной страны за последние 5 лет зафиксирована во Вьетнаме в 2022 г. (свыше 360 тыс. случаев).

Еще одной арбовирусной инфекцией, представляющей угрозу для стран Западной части Тихого океана, является лихорадка Зика. Информация о заболеваемости на территории региона ограничена. Местные случаи отмечены в Вануату (2015 г.), на Соломоновых островах (302 случая в 2015–2016 гг.), в Новой Каледонии (82 – в 2015 г., из них только 10 – импортированные), на Филиппинах (2012, 2016 гг.). В Сингапуре в 2016 г. зафиксирована крупная вспышка, в ходе которой выявлено 455 подтвержденных и 79 предполагаемых случаев, впоследствии данные об инфицированных поступали ежегодно [36]. Имеются данные, указывающие на вероятность циркуляции вируса Зика и в других странах ЗТР: обнаружение серопозитивных лиц среди местного населения, регистрация случаев заболевания в сопредельных государствах и наличие потенциальных переносчиков.

Японский энцефалит является эндемичным для ряда стран региона, включая Камбоджу, Вьетнам, Китай, Лаос и Малайзию. Однако проводимая кампания по вакцинации против данной инфекции

позволила добиться значительного снижения заболеваемости на территории ЗТР [37].

Странами, эндемичными по малярии, считаются Папуа – Новая Гвинея и Соломоновы острова, на которые приходится подавляющая доля заболевших (90 и 9 % соответственно), а также Вануату, Вьетнам, Индонезия, Камбоджа, Лаос, Китай, Малайзия, Республика Корея и Сингапур. Основными возбудителями в регионе являются *P. falciparum* (73 %) и *P. vivax* (27 %). Риск заражения сохраняется на протяжении всего года. В последние 10 лет отмечается тенденция к снижению уровня заболеваемости, во многом благодаря реализации программы по элиминации малярии. В 2021 г. Китай сертифицирован как страна, свободная от малярии, а Малайзия ежегодно в течение 5 лет сообщает об отсутствии случаев заболевания [16].

На территории Индонезии (о. Ява), Камбоджи, КНР, Монголии и Лаоса располагаются природные очаги чумы. За период с 2015 по 2024 г. эпизоотическая и эпидемическая активность наблюдается только на территории Китая и Монголии (22 и 20 случаев соответственно) [38]. На территорию Вьетнама чума была завезена из Гонконга с инфицированными крысами в конце XIX – XX в. Экспансия возбудителя чумы в стране сопровождалась формированием стойких антропоургических очагов. Общее число случаев с 1987 по 2002 г. составило 3425. После 2002 г. эпидемические осложнения по чуме во Вьетнаме не возникали, что связано с активным проведением противоэпидемических и профилактических мероприятий, а также улучшением санитарно-гигиенических условий проживания населения [39].

В ряде стран ЗТР значимой проблемой общественного здравоохранения остается холера. Эндемичны Бруней, Вьетнам, Индонезия, Камбоджа, КНР, Малайзия, Республика Корея, Папуа – Новая Гвинея, а также Филиппины, где наблюдается наиболее сложная эпидемиологическая обстановка (за последние 10 лет в стране выявлено свыше 14 тыс. заболевших). Спорадические случаи заболевания холерой отмечены на территории КНР.

Эндемичными по мелиоидозу территориями считаются Австралия, Бруней, Вьетнам, Индонезия, Камбоджа, Китай, Лаос, Малайзия, Мьянма, Папуа – Новая Гвинея и Сингапур. Наибольшее количество случаев ежегодно выявляют в Малайзии, Австралии, Сингапуре, которые в 2024 г. сообщили о 46, 62 и 54 больных соответственно. Стоит учесть, что мелиоидоз довольно трудно диагностировать, особенно при отсутствии настороженности со стороны первичного медицинского звена, большая часть случаев не регистрируется.

Новой угрозой для здоровья населения является инфекция, вызванная вирусом Нипах. Хотя вспышки в основном регистрируют в Юго-Восточной Азии, потенциал для распространения возбудителя и возникновения новых очагов в западной части Тихого океана сохраняется. Впервые случаи заболевания

были отмечены в Малайзии в 1998 г. среди фермеров-свиноводов (265 случаев острого энцефалита со 105 смертельными исходами) [40]. На Филиппинах во время вспышки 2014 г. выявлено 17 заболевших (летальность – 82 %) [41]. К территориям высокого риска распространения вируса Нипах также относят Вьетнам, Камбоджу, Китай и Палау.

Согласно методике расчета риска заноса инфекционных болезней на территорию Российской Федерации [1], наиболее вероятным является риск заноса лихорадки денге из Вьетнама, Лаоса, Малайзии, Сингапура, Фиджи, Филиппин.

**Юго-Восточная Азия (ЮВА).** В этом регионе проживает наибольшее количество населения, подверженного риску заражения холерой, которая является серьезной угрозой биологического характера для шести стран региона. Наибольший удельный вес больных приходится на Индию, где вспышки происходят ежегодно. Крайне напряженная ситуация складывается в Бангладеш, где заболеваемость в настоящее время фиксируют на юго-востоке среди беженцев из Мьянмы, массовая миграция которых началась в 2017 г. из-за вооруженного конфликта в стране. Крупнейшая вспышка в Бангладеш отмечена в 2022 г. с более чем 600 тыс. случаев. При более чем внушительных показателях официально регистрируемой заболеваемости, эпидемиологический учет, по мнению ВОЗ, не отражает истинной картины. Распространению холеры способствуют, в совокупности с климатическими факторами (наводнения, муссоны) [42], высокий уровень бедности [43], значительная плотность населения, неблагоприятные санитарные условия.

Несмотря на отсутствие на современном этапе эпидемических осложнений по чуме, природные очаги существуют на территории четырех государств региона: Индии, Мьянмы, Непала и Таиланда [44]. Последняя крупная вспышка в регионе отмечена в 1994 г. в Индии; ее масштабы были обусловлены тем, что большинство случаев приходилось на легочную форму чумы, общее количество заболевших тогда составило 876 человек [45].

Большая часть региона является эндемичной по малярии [46]. В 7 из 10 стран наблюдается местная форма передачи: в Индии (82,5 % от общего числа заболевших в регионе), Бангладеш, Бутане, Корейской Народно-Демократической Республике (КНДР), Мьянме, Непале, Таиланде. В Восточном Тиморе случаи отсутствуют в течение трех лет, что приближает страну к статусу свободной от малярии; Мальдивы и Шри-Ланка уже имеют этот статус. Заболевания ассоциированы в основном с *P. falciparum*, риск заражения присутствует круглогодично. По оценке ВОЗ, в 2023 г. (последние полноценные доступные данные из отчетов ВОЗ) в ЮВА произошло порядка 4 млн случаев заражения и 6 тыс. смертей [16].

Лихорадка денге является эндемичной и распространенной болезнью для всех стран ЮВА, за исключением КНДР (стоит отметить, что отсутствие

сведений об эпидемиологической ситуации по этой инфекции не означает ее отсутствия в Северной Корее в принципе). По данным ВОЗ, более 50 % случаев в мире фиксируется среди жителей ЮВА. Индия, Мьянма, Шри-Ланка и Таиланд входят в число 30 стран мира с наиболее неблагоприятной эпидемиологической ситуацией. По оценке ВОЗ, в настоящее время более 1,3 млрд человек, проживающих в ЮВА, подвергаются риску заболевания лихорадкой денге. За последние годы произошло значительное увеличение числа случаев во всех странах региона. Крупные вспышки ежегодно регистрируют в Бангладеш, Индии, Шри-Ланке и Непале [47].

Согласно историческим источникам, первое упоминание о вспышке болезни с клинико-эпидемиологическими признаками, соответствующими японскому энцефалиту, относится к 1870 г. (Япония), впоследствии болезнь широко распространилась и стала одной из наиболее частых причин энцефалита в ЮВА и ЗТР [48]. По данным ВОЗ, в настоящее время 24 страны этих двух регионов с населением более 3 млрд человек подвержены риску передачи вируса [49]. На территории региона обитают как минимум 10 видов комаров-переносчиков, основным из которых является *Culex tritaeniorhynchus*. Годовая заболеваемость варьируется между странами и внутри них, составляя от 10 до 100 и выше на 100 тыс. населения, наиболее уязвимый слой населения – дети, при этом стоит учитывать, что большая часть инфицированных остается вне поля зрения систем здравоохранения. Подъем заболеваемости происходит с мая по октябрь, с пиком в муссонный и постмуссонный периоды, когда численность популяций комаров выше. Эпидемиологическое неблагополучие по японскому энцефалиту отмечается в Бангладеш, Бутане, Индии, Мьянме, Непале, Таиланде, Восточном Тиморе и Шри-Ланке. Благодаря кампании по вакцинации против инфекции наблюдается снижение уровня заболеваемости [37].

В ЮВА мелиоидоз эндемичен повсеместно. Для этой болезни характерен значительный недоучет случаев ввиду стертой клинической картины, отсутствия настороженности врачей и низкой доступности лабораторной диагностики. Официально наибольшее число случаев практически ежегодно регистрируют в Малайзии и Таиланде, в последнем зафиксирована крупная вспышка в 2023 г. (110 сл.).

Инфекция, вызванная вирусом Нипах, является новой проблемой общественного здравоохранения в ЮВА. После определения этого вируса в качестве причины вспышки энцефалита в округе Мехерпур в Бангладеш в 2001 г. [50] случаи выявляют в западных и северо-западных районах страны почти ежегодно – на текущий момент зарегистрирован 341 случай в 34 из 64 округов, 242 закончились летально. Кроме того, неблагополучие по болезни, вызванной вирусом Нипах, отмечается на юге и северо-востоке Индии, с 2001 по 2023 г. зафиксировано 6 вспышек, с об-

щим числом заболевших – 102 человека. Имеются данные об обитании нескольких видов рукокрылых рода *Pteropus* – потенциальных резервуаров возбудителя – на территории Бутана, Мьянмы, Таиланда, Шри-Ланки. Несмотря на незначительные показатели заболеваемости, актуальность этой инфекции в регионе определяет высокая летальность – в диапазоне от 40 до 100 % в зависимости от имеющегося местного потенциала по раннему выявлению случаев и оказанию медицинской помощи заболевшим [51].

Согласно методике расчета риска заноса инфекционных болезней на территорию Российской Федерации [1], наиболее вероятным является занос лихорадки денге (Бангладеш, Индонезия, Мальдивы, Непал, Таиланд, Шри-Ланка) и холеры (Индия).

**Европейский регион** является самым благополучным в эпидемиологическом отношении. Тем не менее ситуация по ряду опасных инфекционных болезней вызывает в настоящее время обеспокоенность [52].

Только за последние три года (2022–2024 гг.) россияне посетили практически все государства региона, совокупное число выезжающих лиц при этом составило более 60,4 млн человек. Наибольшее число граждан России ежегодно отправляется в страны постсоветского пространства (более 66 % от пассажиропотока) и Турцию (более 27 %).

Из числа рассматриваемых в статье нозологических форм наиболее актуальными для региона являются арбовирусные лихорадки.

Наблюдается расширение ареала вируса Западного Нила (ВЗН). Случаи ЛЗН регистрируются как минимум в 26 странах, в основном в июле – сентябре – в период максимальной численности переносчиков вируса. С начала 2000-х гг. ВЗН вызывает ежегодные вспышки, подъемы заболеваемости в последние годы отмечены в 2018, 2022 и 2023 гг. Всего с 2010 по 2024 г. страны Европейского региона сообщили о 11 286 случаях ЛЗН. Наиболее высокие уровни заболеваемости фиксируются в Греции, Сербии, Израиле, Венгрии, Румынии и Италии (3,6–7,3 случая на 100 тыс. населения) [53]. В 2024 г. удельный вес случаев ЛЗН в Европейском регионе составил 36,6 % от всех зарегистрированных в мире [54].

Серьезной угрозой общественному здравоохранению остается Крымская геморрагическая лихорадка. Наличие природных очагов установлено на территориях 22 стран региона. Заболевания людей зарегистрированы в Восточной и Южной Европе: в Албании, Болгарии, Греции, Грузии, Испании, Португалии, Сербии, включая Косово, на Украине, в Казахстане, Таджикистане, Турции и Российской Федерации. Последние четыре страны считаются высокоэндемичными [6]. Периодически возникают нозокомиальные вспышки в условиях стационара в результате инфицирования при контакте с биологическими жидкостями больных людей. Расширение ареала КГЛ подтверждается обнаружением возбудителя на территориях, ранее рассматриваемых как

неэндемичные (например, в популяциях клещей на материковой части Франции) [55], и антител к вирусу у крупного рогатого скота (в частности, на юге Италии) [56].

Лихорадку денге все чаще упоминают в качестве угрозы здоровью населения Европы. Известно о значительном количестве незарегистрированных случаев, поскольку болезнь часто протекает бессимптомно или с легкими неспецифическими проявлениями. В настоящее время наблюдается рост числа местных заражений лихорадкой денге: по данным Европейского центра профилактики и контроля заболеваний (ECDC), в 2022–2024 гг. выявлено 66, 122 и 304 случая соответственно (преимущественно в Италии и Франции, единичные случаи в Испании). Для сравнения: за 2010–2021 гг. число местных случаев составило 74. В Испании риск заражения присутствует вдоль побережья Средиземного моря, в провинциях Мурсия и Мадрид, а также на Балеарских островах, во Франции – вдоль побережья Средиземного моря, в регионах Окситания, Прованс – Альпы – Лазурный берег, Овернь – Рона – Альпы, в Париже и его окрестностях (Иль-де-Франс), в Италии – только в двух самых туристических регионах, Милане и Риме [57]. Число импортируемых случаев в страны региона в 2014–2023 гг. увеличилось в 11,4 раза.

В Европейском регионе природные очаги чумы расположены на территориях 11 государств (географически относящихся преимущественно к Азии). За период с 1990 по 2024 г. в четырех странах зарегистрировано 45 случаев чумы, из них 10 – с летальным исходом (22,2 %). Свыше половины (62,2 %) случаев отмечено в Казахстане, где природные очаги занимают 41 % площади страны (28 случаев, 7 летальных). Известно о вспышках чумы в Узбекистане в 1990 и 1999 гг. (13 случаев, 2 летальных). В 2013 г. зарегистрирован 1 случай бубонной чумы в Кыргызстане (летальный) [58, 59], в 2014–2016 гг. – 3 случая в Российской Федерации, все – на фоне эпизоотии в результате контакта с носителем.

Холера не является эндемичной в Европейском регионе. С 2000 по 2024 г. зарегистрировано в общей сложности более 1 тыс. случаев холеры, почти все из них были завозными; местные случаи связаны с употреблением ввозимых в частном порядке продуктов питания из районов, неблагополучных по холере (в 2001 г. – рыбы из Нигерии, в 2022 г. – пищевых продуктов из Камеруна); в феврале 2025 г. в Германии и Великобритании зафиксировано 4 случая заражения холерой после употребления освященной воды, привезенной из Эфиопии. В клинических образцах и воде был обнаружен полирезистентный *Vibrio cholerae* O1, близкородственный штамму, явившемуся ранее причиной вспышек в Восточной и Центральной Африке [60].

Согласно методике расчета риска заноса инфекционных болезней на территорию Российской Федерации [1], наиболее вероятным явля-

ется риск заноса ЛЗН (Армения, Израиль) и КГЛ (Казахстан).

Проведенный анализ подтверждает сохранение сложной эпидемиологической обстановки по опасным инфекционным болезням в мире и, соответственно, наличие возможности завоза подобных инфекций с территории любого региона. В связи с неизбежно возникающими эпидемиологическими угрозами необходимо непрерывное осуществление оценки риска в рамках комплекса мероприятий по санитарной охране территории в отношении не теряющих актуальность известных инфекций из эндемичных стран, «возвращающихся» и новых инфекций, распространения инфекционных болезней на ранее неэндемичные области.

Полученные данные оценки рисков заноса инфекционных болезней послужат основой при принятии управленческих решений при проведении санитарно-противоэпидемических (профилактических) мероприятий.

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

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

#### Список литературы

1. Зубова А.А., Иванова А.В., Щербакова С.А., Куклев Е.В., Топорков В.П., Бойко А.В. Современные подходы к оценке риска завоза инфекционных болезней на территорию Российской Федерации. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2023; (2):120–6. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-2-120-126.
2. Выезд граждан РФ. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.fedstat.ru/indicator/38480> (дата обращения: 14.07.2025).
3. Иванова А.В., Зубова А.А., Касьян Ж.А., Дмитриева Л.Н., Чумачкова Е.А., Зимирова А.А., Щербакова С.А., Кутырев В.В. Обзор актуальных рисков заноса инфекционных болезней на территорию Российской Федерации из стран Африканского континента. *Дезинфекционное дело*. 2023; (4):33–45. DOI: 10.35411/2076-457X-2023-4-33-45.
4. Lassa fever. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.who.int/health-topics/lassa-fever> (дата обращения: 18.07.2025).
5. Malaria in Africa. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.afro.who.int/health-topics/malaria> (дата обращения: 02.06.2025).
6. Norman F.F., Arce O.A., Díaz-Menéndez M., Belhassen-García M., González-Sanz M. Changes in the epidemiology of Crimean-Congo hemorrhagic fever: Impact of travel and a One Health approach in the European region. *Travel Med. Infect. Dis.* 2025; 64:102806. DOI: 10.1016/j.tmaid.2025.102806.
7. Sule W.F., Oluwayelu D.O., Hernández-Triana L.M., Fooks A.R., Venter M., Johnson N. Epidemiology and ecology of West Nile virus in sub-Saharan Africa. *Parasit. Vectors*. 2018; 11(1):414. DOI: 10.1186/s13071-018-2998-y.
8. Маркин В.А. Лихорадка долины Рифт. *Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение*. 2015; (3):25–31.
9. Global Mpx Trends. [Электронный ресурс]. URL: [https://worldhealthorg.shinyapps.io/mpx\\_global](https://worldhealthorg.shinyapps.io/mpx_global) (дата обращения: 18.07.2025).
10. Meningitis. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/meningitis> (дата обращения: 02.06.2025).
11. Кутырев В.В., Щербакова С.А., Иванова А.В., Куклев В.Е., Касьян Ж.А., Карнаухов И.Г. Россия и Венесуэла: новое стратегическое партнерство в области реагирования на биологические угрозы и перспективы сотрудничества. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2024; (2):115–21. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-115-121.
12. Попов Н.В., Карнаухов И.Г., Кузнецов А.А., Матросов А.Н., Иванова А.В., Марцоха К.С., Куклев Е.В., Корзун В.М., Вержуцкий Д.Б., Чипанин Е.В., Холин А.В., Лопатин А.А., Дубянский В.М., Ашибаков У.М., Газиева А.Ю., Кутырев И.В., Балахонов С.В., Куличенко А.Н., Кутырев В.В.

Эпидемиологическая ситуация по чуме в мире. Прогноз эпизоотической активности природных очагов чумы Российской Федерации на 2024 г. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2024; (1):67–75. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-67-75.

13. Haiti reaches one-year free of Cholera. Pan American Health Organization. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.paho.org/en/news/23-1-2020-haiti-reaches-one-year-free-cholera> (дата обращения: 18.07.2025).

14. Moore S.M., Shannon K.L., Zelaya C.E., Azman A.S., Lessler J. Epidemic risk from cholera introductions into Mexico. *PLoS Curr.* 2014; (6):ecurrnts.outbreaks.c04478c7fbd9854ef6ba923cc81eb799. DOI: 10.1371/currents.outbreaks.c04478c7fbd9854ef6ba923cc81eb799.

15. Conn J.E., Grillet M.E., Correa M.M., Anice M., Sallum M.A.M. Malaria transmission in South America – present status and prospects for elimination. In: Manguin S., Vas Dev, editors. *Towards Malaria Elimination – A Leap Forward*. IntechOpen; 2018. P. 281–313. DOI: 10.5772/intechopen.76964.

16. World malaria report 2024: Addressing inequity in the global malaria response. Geneva: World Health Organization; 2024.

17. Sinka M.E., Bangs M.J., Manguin S., Rubio-Palis Y., Chareonviriyaphap T., Coetzee M., Mbogo C.M., Hemingway J., Patil A.P., Temperley W.H., Gething P.W., Kabaria C.W., Burkot T.R., Harbach R.E., Hay S.I. A global map of dominant malaria vectors. *Parasit. Vectors*. 2012; 5:69. DOI: 10.1186/1756-3305-5-69.

18. Yellow fever – America. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.cdc.gov/yellow-fever/south-america/index.html> (дата обращения: 18.07.2025).

19. Komar N., Clark G.G. West Nile virus activity in Latin America and the Caribbean. *Rev. Panam. Salud Publica*. 2006; 19(2):112–7. DOI: 10.1590/s1020-49892006000200006.

20. Dengue – the Region of the Americas. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2023-DON475> (дата обращения: 18.07.2025).

21. Musso D., Gubler D.J. Zika virus. *Clin. Microbiol. Rev.* 2016; 29(3):487–524. DOI: 10.1128/CMR.00072-15.

22. Zika – Subregions of the Americas. [Электронный ресурс]. URL: <https://www3.paho.org/data/index.php/en/mnu-topics/zika-subregions-en/> (дата обращения: 18.07.2025).

23. Zhou Z., Hui K.P.Y., So R.T.Y., Lv H., Perera R.A.P.M., Chu D.K.W., Gelaye E., Oyas H., Njagi O., Abayneh T., Kuria W., Walegn E., Wanglia R., El Masry I., Von Dobschuetz S., Kalpravidh W., Chevalier V., Miguel E., Fassi-Fihri O., Trarore A., Liang W., Wang Y., Nicholls J.M., Zhao J., Chan M.C.W., Poon L.L.M., Mok C.K.P., Peiris M. Phenotypic and genetic characterization of MERS coronaviruses from Africa to understand their zoonotic potential. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 2021; 118(25):e2103984118. DOI: 10.1073/pnas.2103984118.

24. Johari J., Hontz R.D., Pike B.L., Husain T., Chong C.K., Rusli N., Sulaiman L.H., Verasahib K., Mohd Zain R., Azman A.S., Khor C.S., Nor'e S.S., Tiong V., Lee H.Y., Teoh B.T., Sam S.S., Khoo J.J., Abd Jamil J., Loong S.K., Yacob C.N., Mahfodz N.H., Azizan N.S., Che Mat Seri N.A.A., Mohd-Rahim N.F., Hassan H., Yahaya H., Garcia-Rivera J.A., AbuBakar S. Multiyear prospective cohort study to evaluate the risk potential of MERS-CoV infection among Malaysian Hajj pilgrims (MERCURIAL): a study protocol. *BMJ Open*. 2021; 11(8):e050901. DOI: 10.1136/bmjopen-2021-050901.

25. Al-Tawfiq J.A., Lee S.S., Memish Z.A. Emergence of invasive meningococcal disease during Hajj pilgrimage – vigilance and preparedness, in the post-pandemic year. *Int. J. Infect. Dis.* 2024; 145:107092. DOI: 10.1016/j.ijid.2024.107092.

26. Arbaji A., Kharabsheh S., Al-Azab S., Al-Kayed M., Amr Z.S., Abu Baker M., Chu M.C. A 12-case outbreak of pharyngeal plague following the consumption of camel meat in north-eastern Jordan. *Ann. Trop. Med. Parasitol.* 2005; 99(8):789–93. DOI: 10.1179/136485905X65161.

27. Leslie T., Whitehouse C.A., Yingst S., Baldwin C., Kakar F., Mofleh J., Hami A.S., Mustafa L., Omar F., Ayazi E., Rossi C., Noormal B., Ziar N., Kakar R. Outbreak of gastroenteritis caused by *Yersinia pestis* in Afghanistan. *Epidemiol. Infect.* 2011; 139(5):728–35. DOI: 10.1017/S0950268810001792.

28. Overview of the Epidemiological Situation of Plague in EMR countries. [Электронный ресурс]. URL: [https://cdn.who.int/media/docs/default-source/documents/r-d-blueprint-meetings/global-consultation-on-plague-vaccines/1\\_chiiori-kodama\\_plague-in-emr\\_-12-oct-2023.pdf](https://cdn.who.int/media/docs/default-source/documents/r-d-blueprint-meetings/global-consultation-on-plague-vaccines/1_chiiori-kodama_plague-in-emr_-12-oct-2023.pdf) (дата обращения: 19.05.2025).

29. Nath A. Status of Malaria in the World Health Organization Eastern Mediterranean Region. *Egypt. J. Community Med.* 2023; 41(3):202–6. DOI: 10.21608/ejcm.2023.169486.1237.

30. Rana M.S., Usman M., Alam M.M., Ikram A., Salman M., Faryal R., Umair M. The outbreak of dengue during the COVID-19 pandemic in Pakistan: The emergence of overlapping crises. *Asian Pac. J. Trop. Med.* 2022; 15(2):53–5. DOI: 10.4103/1995-7645.338434.

31. В Саудовской Аравии зафиксирована вспышка ближневосточного коронавируса. [Электронный ресурс]. URL: <https://news.un.org/ru/story/2025/05/1464241> (дата обращения: 20.05.2025).

32. Hamdard E., Zahir A., Mujadidi N., Himmat N. The silent threat of Crimean-Congo hemorrhagic fever: an epidemiologic analysis from five key high-risk regions of Afghanistan (2018–2024). *IJID One Health*. 2025; 7:100067. DOI: 10.1016/j.ijidoh.2025.100067.

33. Sudan conflict and refugee crisis. [Электронный ресурс]. URL: [https://cdn.who.int/media/docs/default-source/documents/emergencies/20240919\\_sudan-emergency-sitrep-4.pdf](https://cdn.who.int/media/docs/default-source/documents/emergencies/20240919_sudan-emergency-sitrep-4.pdf) (дата обращения: 19.05.2025).

34. Ceyhan M., Anis S., Htun-Myint L., Pawinski R., Soriano-Gabarró M., Vyse A. Meningococcal disease in the Middle East and North Africa: an important public health consideration that requires further attention. *Int. J. Infect. Dis.* 2012; 16(8):e574–82. DOI: 10.1016/j.ijid.2012.03.011.

35. Coker R.J., Hunter B.M., Rudge J.W., Liverani M., Hanvoravongchai P. Emerging infectious diseases in Southeast Asia: regional challenges to control. *Lancet*. 2011; 377(9765):599–609. DOI: 10.1016/S0140-6736(10)62004-1.

36. Singapore Zika Study Group. Outbreak of Zika virus infection in Singapore: an epidemiological, entomological, virological, and clinical analysis. *Lancet. Infect. Dis.* 2017; 17(8):813–21. DOI: 10.1016/S1473-3099(17)30249-9.

37. Letson G.W., Marfin A.A., Mooney J., Minh H.V., Hills S.L.; JE Vaccine Global Impact Assessment Team. Impact of vaccination against Japanese encephalitis in endemic countries. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2024; 18(9):e0012390. DOI: 10.1371/journal.pntd.0012390.

38. Попов Н.В., Карнаухов И.Г., Кузнецов А.А., Матросов А.Н., Иванова А.В., Марцоха К.С., Магерамов Ш.В., Поспелов М.В., Корзун В.М., Вержуцкий Д.Б., Чипанин Е.В., Холин А.В., Лопатин А.А., Дубянский В.М., Ашибоков У.М., Газиева А.Ю., Кутырев И.В., Аязбаев Т.З., Бамматов Д.М., Балахонов С.В., Куличенко А.Н., Кутырев В.В. Эпидемиологическая обстановка по чуме в мире и прогноз ее развития на 2025 г. в Российской Федерации. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; (1):74–83. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-1-74-83.

39. Слудский А.А., Кузнецов А.А., Матросов А.Н., Бойко А.В., Куклев Е.В., Тарасов М.А. Эпидемиологическая активность современных антропоургических очагов чумы и факторы ее определяющие (на примере Вьетнама). *Медицинский вестник Северного Кавказа*. 2018; 13(4):680–4. DOI: 10.14300/mnnc.2018.13137.

40. Looi L.M., Chua K.B. Lessons from the Nipah virus outbreak in Malaysia. *Malays. J. Pathol.* 2007; 29(2):63–7.

41. Faus-Cotino J., Reina G., Pueyo J. Nipah virus: a multidimensional update. *Viruses*. 2024; 16(2):179. DOI: 10.3390/v16020179.

42. Cholera Global Snapshot. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.cdc.gov/cholera/about/global-epidemiology-of-cholera.html> (дата обращения: 14.07.2025).

43. Poorest Asian Countries. [Электронный ресурс]. URL: <https://worldpopulationreview.com/country-rankings/poorest-asian-countries> (дата обращения: 18.07.2025).

44. Попова А.Ю., Кутырев В.В., редакторы. Атлас природных очагов чумы России и зарубежных государств. Калининград: ПА Полиграфич; 2022. 348 с.

45. Barnes K.B. Social vulnerability and pneumonic plague: revisiting the 1994 outbreak in Surat, India. *Environ. Hazards*. 2014; 13(2):161–80. DOI: 10.1080/17477891.2014.892867.

46. Malaria in South-East Asia. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.who.int/southeastasia/health-topics/malaria> (дата обращения: 18.07.2025).

47. Communicable Disease Threats Report: Week 51, 2022. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/communicable-disease-threats-report-week-51-2022.pdf> (дата обращения: 18.07.2025).

48. Solomon T., Ni H., Beasley D.W., Ekkelenkamp M., Cardosa M.J., Barrett A.D. Origin and evolution of Japanese encephalitis virus in Southeast Asia. *J. Virol.* 2003; 77(5):3091–8. DOI: 10.1128/jvi.77.5.3091-8.2003.

49. Japanese Encephalitis. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/japanese-encephalitis> (дата обращения: 18.07.2025).

50. Hauser N., Gushiken A.C., Narayanan S., Kottlilil S., Chua J.V. Evolution of Nipah virus infection: past, present, and future considerations. *Trop. Med. Infect. Dis.* 2021; 6(1):24. DOI: 10.3390/tropicalmed6010024.

51. Вирусная инфекция Нипах – Бангладеш. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.who.int/ru/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON508> (дата обращения: 18.07.2025).

52. Иванова А.В., Удовиченко С.К., Шиянова А.Е., Дмитриева Л.Н., Поспелов М.В., Касьян Ж.А., Зимирова А.А. Распространение инфекционных болезней, значимых для санитарной охраны территории Российской Федерации, в Европейском регионе ВОЗ. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2021; (4):16–26. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-4-16-26.

53. Никитин Д.Н., Удовиченко С.К., Путинцева Е.В., Топорков А.В. Лихорадка Западного Нила: проявления эпидемического процесса в мире. *Инфекционные болезни: новости,*

мнения, обучение. 2024; 13(4):94–101. DOI: 10.33029/2305-3496-2024-13-4-94-101.

54. Путинцева Е.В., Удовиченко С.К., Никитин Д.Н., Бородай Н.В., Колоскова А.Ю., Антонов А.С., Бондарева О.С., Топорков А.В. Лихорадка Западного Нила в Российской Федерации в 2024 г., прогноз на 2025 г. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; (1):84–95. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-1-84-95.

55. Bernard C., Joly Kukla C., Rakotoarivony I., Duhayon M., Stachurski F., Huber K., Giupponi C., Zortman I., Holzmüller P., Pollet T., Jeanneau M., Mercey A., Vachery N., Lefrançois T., Garros C., Michaud V., Comtet L., Despois L., Pourquier P., Picard C., Journeaux A., Thomas D., Godard S., Moissonnier E., Mely S., Segal M., Pannetier D., Baize S., Vial L. Detection of Crimean-Congo haemorrhagic fever virus in *Hyalomma marginatum* ticks, southern France, May 2022 and April 2023. *Euro Surveill*. 2024; 29(6):2400023. DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2024.29.6.2400023.

56. Fanelli A., Buonavoglia D., Lanave G., Monaco F., Quaranta V., Catanzariti R., Ruiz-Fons F., Buonavoglia C. First serological evidence of Crimean-Congo haemorrhagic fever virus in transhumant bovines in Italy. *Transbound. Emerg. Dis.* 2022; 69:4022–7. DOI: 10.1111/tbed.14710.

57. Brem J., Elankeswaran B., Erne D., Hedrich N., Lovey T., Marzetta V., Salvado L.T., Züger C., Schlagenhauf P. Dengue “home-grown” in Europe (2022 to 2023). *New Microbes New Infect.* 2023; 56:101205. DOI: 10.1016/j.nmni.2023.101205.

58. Онищенко Г.Г., Кутырев В.В., редакторы. Санитарная охрана территории Российской Федерации в современных условиях. Саратов: Буква; 2014. 460 с.

59. Попова А.Ю., Кутырев В.В., редакторы. Кадастр эпидемических и эпизоотических проявлений чумы на территории Российской Федерации и стран ближнего зарубежья (с 1876 по 2016 год). Саратов: Амирит; 2016. 248 с.

60. Frank C., Jenkins C., Weis J.M., Brilmayer A., Schoeps A., Dupke S., Wilking H., Katwa P., Nair S., Barker C., Ready D., Godbole G., Hopkins S., Kirkbride H. Cholera due to exposure in Europe associated with consumption of holy water from Ethiopia, January to February 2025. *Euro Surveill*. 2025; 30(14):2500234. DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2025.30.14.2500234.

## References

1. Zubova A.A., Ivanova A.V., Shcherbakova S.A., Kuklev E.V., Toporkov V.P., Boiko A.V. [Advanced approaches to assessment of risk of infectious disease importation onto the territory of the Russian Federation]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2023; (2):120–6. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-2-120-126.

2. [Departure of citizens of the Russian Federation]. (Cited 14 July 2025). [Internet]. Available from: <https://www.fedstat.ru/indicator/38480>.

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

4. Lassa fever. (Cited 18 July 2025). [Internet]. Available from: <https://www.who.int/health-topics/lassa-fever>.

5. Malaria in Africa. (Cited 02 June 2025). [Internet]. Available from: <https://www.afro.who.int/health-topics/malaria>.

6. Norman F.F., Arce O.A., Diaz-Menéndez M., Belhassen-García M., González-Sanz M. Changes in the epidemiology of Crimean-Congo hemorrhagic fever: Impact of travel and a One Health approach in the European region. *Travel Med. Infect. Dis.* 2025; 64:102806. DOI: 10.1016/j.tmaid.2025.102806.

7. Sule W.F., Oluwayelu D.O., Hernández-Triana L.M., Fooks A.R., Venter M., Johnson N. Epidemiology and ecology of West Nile virus in sub-Saharan Africa. *Parasit. Vectors*. 2018; 11(1):414. DOI: 10.1186/s13071-018-2998-y.

8. Markin V.A. [Rift Valley Fever]. *Infektsionnye Bolezni: Novosti, Mneniya, Obuchenie [Infectious Diseases: News, Opinions, Training]*. 2015; (3):25–31.

9. Global Mpox Trends. (Cited 18 July 2025). [Internet]. Available from: [https://worldhealthorg.shinyapps.io/mpox\\_global/](https://worldhealthorg.shinyapps.io/mpox_global/).

10. Meningitis. (Cited 02 June 2025). [Internet]. Available from: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/meningitis>.

11. Kutyrev V.V., Shcherbakova S.A., Ivanova A.V., Kuklev E.V., Kas'yan Zh.A., Karnaukhov I.G. [Russia and Venezuela: new strategic partnership in the field of response to biological threats and prospects for cooperation]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2024; (2):115–21. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-115-121.

12. Popov N.V., Karnaukhov I.G., Kuznetsov A.A., Matrosov A.N., Ivanova A.V., Martoskha K.S., Kuklev E.V., Korzun V.M., Verzhutsky D.B., Chipanin E.V., Kholin A.V., Lopatin A.A., Dubynsky V.M., Ashibokov U.M., Gazieva A.Yu., Kutyrev I.V., Balakhonov S.V., Kulichenko A.N., Kutyrev V.V. [Epidemiological

situation on plague around the world. Forecast of epizootic activity of natural plague foci in the Russian Federation for 2024]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2024; (1):67–75. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-67-75.

13. Haiti reaches one-year free of Cholera. Pan American Health Organization. (Cited 18 July 2025). [Internet]. Available from: <https://www.paho.org/en/news/23-1-2020-haiti-reaches-one-year-free-cholera>.

14. Moore S.M., Shannon K.L., Zelaya C.E., Azman A.S., Lessler J. Epidemic risk from cholera introductions into Mexico. *PLoS Curr*. 2014; (6):ecurrents.outbreaks.c04478c7fbd9854ef6ba923cc81eb799. DOI: 10.1371/currents.outbreaks.c04478c7fbd9854ef6ba923cc81eb799.

15. Conn J.E., Grillet M.E., Correa M.M., Anice M., Sallum M.A.M. Malaria transmission in South America – present status and prospects for elimination. In: Manguin S., Vas Dev, editors. *Towards Malaria Elimination – A Leap Forward*. IntechOpen; 2018. P. 281–313. DOI: 10.5772/intechopen.76964.

16. World malaria report 2024: addressing inequity in the global malaria response. Geneva: World Health Organization; 2024.

17. Sinka M.E., Bangs M.J., Manguin S., Rubio-Palis Y., Chareonviriyaphap T., Coetzee M., Mbogo C.M., Hemingway J., Patil A.P., Temperley W.H., Gething P.W., Kabaria C.W., Burkot T.R., Harbach R.E., Hay S.I. A global map of dominant malaria vectors. *Parasit. Vectors*. 2012; 5:69. DOI: 10.1186/1756-3305-5-69.

18. Yellow fever – America. (Cited 18 July 2025). [Internet]. Available from: <https://www.cdc.gov/yellow-fever/south-america/index.html>.

19. Komar N., Clark G.G. West Nile virus activity in Latin America and the Caribbean. *Rev. Panam. Salud Publica*. 2006; 19(2):112–7. DOI: 10.1590/s1020-49892006000200006.

20. Dengue – the Region of the Americas. (Cited 18 July 2025). [Internet]. Available from: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2023-DON475>.

21. Musso D., Gubler D.J. Zika virus. *Clin. Microbiol. Rev.* 2016; 29(3):487–524. DOI: 10.1128/CMR.00072-15.

22. Zika – Subregions of the Americas. (Cited 18 July 2025). [Internet]. Available from: <https://www3.paho.org/data/index.php/en/mnu-topics/zika-subregions-en>.

23. Zhou Z., Hui K.P.Y., So R.T.Y., Lv H., Perera R.A.P.M., Chu D.K.W., Gelaye E., Oyas H., Njagi O., Abayneh T., Kuria W., Walelign E., Wanglia R., El Masry I., Von Dobschuetz S., Kalpravidh W., Chevalier V., Miguel E., Fassi-Fihri O., Trarore A., Liang W., Wang Y., Nicholls J.M., Zhao J., Chan M.C.W., Poon L.L.M., Mok C.K.P., Peiris M. Phenotypic and genetic characterization of MERS coronavirus from Africa to understand their zoonotic potential. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 2021; 118(25):e2103984118. DOI: 10.1073/pnas.2103984118.

24. Johari J., Hontz R.D., Pike B.L., Husain T., Chong C.K., Rusli N., Sulaiman L.H., Verasahib K., Mohd Zain R., Azman A.S., Khor C.S., Nor'e S.S., Tiong V., Lee H.Y., Teoh B.T., Sam S.S., Khoo J.J., Abd Jamil J., Loong S.K., Yaacob C.N., Mahfodz N.H., Azizian N.S., Che Mat Seri N.A.A., Mohd-Rahim N.F., Hassan H., Yahaya H., Garcia-Rivera J.A., AbuBakar S. Multiyear prospective cohort study to evaluate the risk potential of MERS-CoV infection among Malaysian Hajj pilgrims (MERCURIAL): a study protocol. *BMJ Open*. 2021; 11(8):e050901. DOI: 10.1136/bmjopen-2021-050901.

25. Al-Tawfiq J.A., Lee S.S., Memish Z.A. Emergence of invasive meningococcal disease during Hajj pilgrimage – vigilance and preparedness, in the post-pandemic year. *Int. J. Infect. Dis.* 2024; 145:107092. DOI: 10.1016/j.ijid.2024.107092.

26. Arbaji A., Kharabsheh S., Al-Azab S., Al-Kayed M., Amr Z.S., Abu Baker M., Chu M.C. A 12-case outbreak of pharyngeal plague following the consumption of camel meat in north-eastern Jordan. *Ann. Trop. Med. Parasitol.* 2005; 99(8):789–93. DOI: 10.1179/136485905X65161.

27. Leslie T., Whitehouse C.A., Yingst S., Baldwin C., Kakar F., Mofleh J., Hami A.S., Mustafa L., Omar F., Ayazi E., Rossi C., Noormal B., Ziar N., Kakar R. Outbreak of gastroenteritis caused by *Yersinia pestis* in Afghanistan. *Epidemiol. Infect.* 2011; 139(5):728–35. DOI: 10.1017/S0950268810001792.

28. Overview of the Epidemiological Situation of Plague in EMR countries. (Cited 19 May 2025). [Internet]. Available from: [https://cdn.who.int/media/docs/default-source/documents/r-d-blue-print-meetings/global-consultation-on-plague-vaccines/1\\_chiorikodama\\_plague-in-emr\\_-12-oct-2023.pdf](https://cdn.who.int/media/docs/default-source/documents/r-d-blue-print-meetings/global-consultation-on-plague-vaccines/1_chiorikodama_plague-in-emr_-12-oct-2023.pdf).

29. Nath A. Status of Malaria in the World Health Organization Eastern Mediterranean Region. *Egypt. J. Community Med.* 2023; 41(3):202–6. DOI: 10.21608/ejcm.2023.169486.1237.

30. Rana M.S., Usman M., Alam M.M., Ikram A., Salman M., Faryal R., Umair M. The outbreak of dengue during the COVID-19 pandemic in Pakistan: The emergence of overlapping crises. *Asian Pac. J. Trop. Med.* 2022; 15(2):53–5. DOI: 10.4103/1995-7645.338434.

31. [Middle East coronavirus outbreak reported in Saudi Arabia]. (Cited 20 May 2025). [Internet]. Available from: <https://news.un.org/ru/story/2025/05/1464241>.

32. Hamdard E., Zahir A., Mujadidi N., Himmat N. The silent threat of Crimean-Congo hemorrhagic fever: an epidemiologic analysis from five key high-risk regions of Afghanistan (2018–2024). *IJID One Health*. 2025; 7:100067. DOI: 10.1016/j.ijidoh.2025.100067.
33. Sudan conflict and refugee crisis. (Cited 19 May 2025). [Internet]. Available from: [https://cdn.who.int/media/docs/default-source/documents/emergencies/20240919\\_sudan-emergency-sitrep-4.pdf](https://cdn.who.int/media/docs/default-source/documents/emergencies/20240919_sudan-emergency-sitrep-4.pdf).
34. Ceyhan M., Anis S., Htun-Myint L., Pawinski R., Soriano-Gabarró M., Vyse A. Meningococcal disease in the Middle East and North Africa: an important public health consideration that requires further attention. *Int. J. Infect. Dis.* 2012; 16(8):e574–82. DOI: 10.1016/j.ijid.2012.03.011.
35. Coker R.J., Hunter B.M., Rudge J.W., Liverani M., Hanvoravongchai P. Emerging infectious diseases in Southeast Asia: regional challenges to control. *Lancet*. 2011; 377(9765):599–609. DOI: 10.1016/S0140-6736(10)62004-1.
36. Singapore Zika Study Group. Outbreak of Zika virus infection in Singapore: an epidemiological, entomological, virological, and clinical analysis. *Lancet. Infect. Dis.* 2017; 17(8):813–21. DOI: 10.1016/S1473-3099(17)30249-9.
37. Letson G.W., Marfin A.A., Mooney J., Minh H.V., Hills S.L., JE Vaccine Global Impact Assessment Team. Impact of vaccination against Japanese encephalitis in endemic countries. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2024; 18(9):e0012390. DOI: 10.1371/journal.pntd.0012390.
38. Popov N.V., Karnaukhov I.G., Kuznetsov A.A., Matrosov A.N., Ivanova A.V., Martsokha K.S., Magerramov Sh.V., Pospelov M.V., Korzun V.M., Verzhutsky D.B., Chipanin E.V., Kholin A.V., Lopatin A.A., Dubyansky V.M., Ashibokov U.M., Gazieva A.Yu., Kutyrev I.V., Ayazbaev T.Z., Bammamov D.M., Balakhonov S.V., Kulichenko A.N., Kutyrev V.V. [The epidemiological situation on plague in the world and the forecast of its development in the Russian Federation for 2025]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; (1):74–83. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-1-74-83.
39. Sludsky A.A., Kuznetsov A.A., Matrosov A.N., Boiko A.V., Kouklev E.V., Tarasov M.A. [Epidemic activity of modern anthropogenic plague foci and factors determining this activity (by the example of Vietnam)]. *Meditsinsky Vestnik Severnogo Kavkaza [Medical Bulletin of North Caucasus]*. 2018; 13(4):680–4. DOI: 10.14300/mnnc.2018.13137.
40. Looi L.M., Chua K.B. Lessons from the Nipah virus outbreak in Malaysia. *Malays. J. Pathol.* 2007; 29(2):63–7.
41. Faus-Cotino J., Reina G., Pueyo J. Nipah virus: a multidimensional update. *Viruses*. 2024; 16(2):179. DOI: 10.3390/v16020179.
42. Cholera Global Snapshot. (Cited 14 July 2025). [Internet]. Available from: <https://www.cdc.gov/cholera/about/global-epidemiology-of-cholera.html>.
43. Poorest Asian Countries. (Cited 18 July 2025). [Internet]. Available from: <https://worldpopulationreview.com/country-rankings/poorest-asian-countries>.
44. Popova A.Yu., Kutyrev V.V., editors. [Atlas of Natural Plague Foci of Russia and Foreign States]. Kaliningrad: "Polygrafich"; 2022. 348 p.
45. Barnes K.B. Social vulnerability and pneumonic plague: revisiting the 1994 outbreak in Surat, India. *Environ. Hazards*. 2014; 13(2):161–80. DOI: 10.1080/17477891.2014.892867.
46. Malaria in South-East Asia. (Cited 18 July 2025). [Internet]. Available from: <https://www.who.int/southeastasia/health-topics/malaria>.
47. Communicable Disease Threats Report: Week 51, 2022. (Cited 18 July 2025). [Internet]. Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/communicable-disease-threats-report-week-51-2022.pdf>.
48. Solomon T., Ni H., Beasley D.W., Ekkelenkamp M., Cardoso M.J., Barrett A.D. Origin and evolution of Japanese encephalitis virus in Southeast Asia. *J. Virol.* 2003; 77(5):3091–8. DOI: 10.1128/jvi.77.5.3091-8.2003.
49. Japanese Encephalitis. (Cited 18 July 2025). [Internet]. Available from: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/japanese-encephalitis>.
50. Hauser N., Gushiken A.C., Narayanan S., Kottitil S., Chua J.V. Evolution of Nipah virus infection: past, present, and future considerations. *Trop. Med. Infect. Dis.* 2021; 6(1):24. DOI: 10.3390/tropicalmed6010024.
51. [Nipah virus infection – Bangladesh]. (Cited 18 July 2025). [Internet]. Available from: <https://www.who.int/ru/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON508>.
52. Ivanova A.V., Udovichenko S.K., Shiyanova A.E., Dmitrieva L.N., Pospelov M.V., Kas'yan Zh.A., Zimirova A.A. [Distribution of infectious diseases significant for sanitary protection of the territory of the Russian Federation in the WHO European Region]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2021; (4):16–26. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-4-16-26.
53. Nikitin D.N., Udovichenko S.K., Putintseva E.V., Toporkov A.V. [West Nile fever: manifestations of the epidemic process in the world]. *Infektsionnye Bolezni: Novosti, Mneniya, Obuchenie [Infectious Diseases: News, Opinions, Training]*. 2024; 13(4):94–101. DOI: 10.33029/2305-3496-2024-13-4-94-101.
54. Putintseva E.V., Udovichenko S.K., Nikitin D.N., Boroday N.V., Koloskova A.Yu., Antonov A.S., Bondareva O.S., Toporkov A.V. [West Nile fever in the Russian Federation in 2024, forecast for 2025]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; (1):84–95. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-1-84-95.
55. Bernard C., Joly Kukla C., Rakotoarivony I., Duhayon M., Stachurski F., Huber K., Giupponi C., Zortman I., Holzmüller P., Pollet T., Jeanneau M., Mercey A., Vachery N., Lefrançois T., Garros C., Michaud V., Comtet L., Despois L., Pourquier P., Picard C., Journeaux A., Thomas D., Godard S., Moissonnier E., Mely S., Segal M., Pannetier D., Baize S., Vial L. Detection of Crimean-Congo haemorrhagic fever virus in *Hyalomma marginatum* ticks, southern France, May 2022 and April 2023. *Euro Surveill.* 2024; 29(6):2400023. DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2024.29.6.2400023.
56. Fanelli A., Buonavoglia D., Lanave G., Monaco F., Quaranta V., Catanzariti R., Ruiz-Fons F., Buonavoglia C. First serological evidence of Crimean-Congo haemorrhagic fever virus in transhumant bovines in Italy. *Transbound. Emerg. Dis.* 2022; 69:4022–7. DOI: 10.1111/tbed.14710.
57. Brem J., Elankeswaran B., Erne D., Hedrich N., Lovey T., Marzetta V., Salvado L.T., Züger C., Schlagenhauf P. Dengue “home-grown” in Europe (2022 to 2023). *New Microbes New Infect.* 2023; 56:101205. DOI: 10.1016/j.nmni.2023.101205.
58. Onishchenko G.G., Kutyrev V.V., editors. [Sanitary Protection of the Territory of the Russian Federation under Modern Conditions]. Saratov: “Bukva”; 2014. 460 p.
59. Popova A.Yu., Kutyrev V.V., editors. [Cadastre of Epidemic and Epizootic Manifestations of Plague in the Territory of the Russian Federation and Former Soviet Union (1876–2016)]. Saratov: “Amirit”; 2016. 248 p.
60. Frank C., Jenkins C., Weis J.M., Brilmayer A., Schoeps A., Dupke S., Wilking H., Katwa P., Nair S., Barker C., Ready D., Godbole G., Hopkins S., Kirkbride H. Cholera due to exposure in Europe associated with consumption of holy water from Ethiopia, January to February 2025. *Euro Surveill.* 2025; 30(14):2500234. DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2025.30.14.2500234.

#### Authors:

Pospelov M.V., Ivanova A.V., Zubova A.A., Kas'yan Zh.A., Chumachkova E.A., Martynova A.A., Dmitrieva L.N., Kuklev E.V. Russian Research Anti-Plague Institute “Microbe”. 46, Universitetskaya St., Saratov, 410005, Russian Federation. E-mail: [rusrapi@microbe.ru](mailto:rusrapi@microbe.ru).

#### Об авторах:

Поспелов М.В., Иванова А.В., Зубова А.А., Касьян Ж.А., Чумачкова Е.А., Мартынова А.А., Дмитриева Л.Н., Куклев Е.В. Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб». Российская Федерация, 410005, Саратов, ул. Университетская, 46. E-mail: [rusrapi@microbe.ru](mailto:rusrapi@microbe.ru).

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-39-44

УДК 616.98:579.881.13(470)

Н.В. Рудаков<sup>1,2</sup>, С.В. Штрек<sup>1,2</sup>, С.Н. Шпынов<sup>1,2</sup>, Д.В. Транквилевский<sup>3</sup>, О.Н. Скударева<sup>4</sup>,  
И.Е. Иришкова<sup>4</sup>, С.Н. Царёва<sup>5</sup>, Е.В. Вакалова<sup>6</sup>, Д.Н. Касаткин<sup>6</sup>, Н.В. Шитова<sup>7</sup>, А.В. Гончаров<sup>7</sup>,  
В.А. Хализева<sup>8</sup>, А.Н. Карпов<sup>9</sup>, Д.С. Жигаев<sup>10</sup>

**Анализ эпидемиологической и эпизоотологической ситуации по лихорадке Ку  
в Российской Федерации за 2013–2024 гг.  
и краткосрочный прогноз заболеваемости на 2025 г.**

<sup>1</sup>ФБУН «Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций», Омск, Российская Федерация;  
<sup>2</sup>ФГБОУ ВО «Омский государственный медицинский университет», Омск, Российская Федерация; <sup>3</sup>ФБУЗ «Федеральный центр  
гигиены и эпидемиологии», Москва, Российская Федерация; <sup>4</sup>Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав  
потребителей и благополучия человека, Москва, Российская Федерация; <sup>5</sup>ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии  
в Омской области», Омск, Российская Федерация; <sup>6</sup>ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Астраханской области», Астрахань,  
Российская Федерация; <sup>7</sup>ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Ростовской области», Ростов-на-Дону, Российская Федерация;  
<sup>8</sup>ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Ставропольском крае», Ставрополь, Российская Федерация; <sup>9</sup>ФБУЗ «Центр гигиены  
и эпидемиологии в Алтайском крае», Барнаул, Российская Федерация; <sup>10</sup>ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии  
в Приморском крае», Владивосток, Российская Федерация

Дана оценка эпидемиологической и эпизоотологической ситуации по лихорадке Ку (коксиеллезу) в Российской Федерации за 2013–2024 гг., без учета данных за 2020 и 2021 гг. – период противозидемических мер по профилактике COVID-19, определены актуальные аспекты борьбы с этой инфекцией. Дана оценка эпидемического потенциала лихорадки Ку в России и других странах, где отмечается повышение активности очагов инфекции. Осуществлено ранжирование неблагополучных по лихорадке Ку регионов Российской Федерации по показателям заболеваемости, где очень высокая степень эпидемического риска отмечена для Астраханской области (среднепогодный показатель заболеваемости – 9,31 на 100 тыс. населения). Проведен анализ заболеваемости лихорадкой Ку в Российской Федерации в 2024 г.: выявлено 286 случаев (0,20 на 100 тыс. населения), основной вклад (92,7 %) в количество зарегистрированных случаев коксиеллеза вносят Ставропольский край – 138 (4,78) и Астраханская область – 127 (13,39) случаев. Регистрация лихорадки Ку на территории РФ в 2024 г. осуществлялась с марта по декабрь включительно, с пиком заболеваемости в июне – июле. Представлен анализ результатов мониторинга за лихорадкой Ку в Ставропольском, Алтайском и Приморском краях, Астраханской, Ростовской и Омской областях в 2024 г. Антитела класса G к *Coxiella burnetii* были выявлены в сыворотках крови населения на всех территориях. В Астраханской области маркеры (ДНК) *C. burnetii* обнаружены при исследовании проб шерсти и шкур овец, проб корма, молока, почвы и подстилок для сельскохозяйственных животных. Суммарно ДНК/антиген *C. burnetii* выявлены в 5,3 % проб иксодовых клещей на всех шести территориях.

**Ключевые слова:** лихорадка Ку, заболеваемость, прогноз, Российская Федерация.

Корреспондирующий автор: Штрек Сергей Владимирович, e-mail: shtrek\_sv@oniipi.org.

Для цитирования: Рудаков Н.В., Штрек С.В., Шпынов С.Н., Транквилевский Д.В., Скударева О.Н., Иришкова И.Е., Царёва С.Н., Вакалова Е.В., Касаткин Д.Н., Шитова Н.В., Гончаров А.В., Хализева В.А., Карпов А.Н., Жигаев Д.С. Анализ эпидемиологической и эпизоотологической ситуации по лихорадке Ку в Российской Федерации за 2013–2024 гг. и краткосрочный прогноз заболеваемости на 2025 г. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 4:39–44. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-39-44

Поступила 01.08.2025. Отправлена на доработку 15.09.2025. Принята к публикации 21.10.2025.

N.V. Rudakov<sup>1,2</sup>, S.V. Shtrek<sup>1,2</sup>, S.N. Shpynov<sup>1,2</sup>, D.V. Trankvilevsky<sup>3</sup>, O.N. Skudareva<sup>4</sup>, I.E. Irishkova<sup>4</sup>,  
S.N. Tsareva<sup>5</sup>, E.V. Vakalova<sup>6</sup>, D.N. Kasatkin<sup>6</sup>, N.V. Shitova<sup>7</sup>, A.V. Goncharov<sup>7</sup>, V.A. Khalizeva<sup>8</sup>,  
A.N. Karpov<sup>9</sup>, D.S. Zhigaev<sup>10</sup>

**Analysis of Epidemiological and Epizootiological Situation on Q Fever  
in the Russian Federation over the Period of 2013–2024 and Short-Term Forecast  
of Morbidity for 2025**

<sup>1</sup>Omsk Research Institute of Natural-Focal Infections, Omsk, Russian Federation;

<sup>2</sup>Omsk State Medical University, Omsk, Russian Federation;

<sup>3</sup>Federal Center of Hygiene and Epidemiology, Moscow, Russian Federation;

<sup>4</sup>Federal Service for Surveillance on Consumers Rights Protection and Human Wellbeing, Moscow, Russian Federation;

<sup>5</sup>Center of Hygiene and Epidemiology in the Omsk Region, Omsk, Russian Federation;

<sup>6</sup>Center of Hygiene and Epidemiology in the Astrakhan Region, Astrakhan, Russian Federation;

<sup>7</sup>Center of Hygiene and Epidemiology in the Rostov Region, Rostov-on-Don, Russian Federation;

<sup>8</sup>Center of Hygiene and Epidemiology in the Stavropol Territory, Stavropol, Russian Federation;

<sup>9</sup>Center of Hygiene and Epidemiology in the Altai Territory, Barnaul, Russian Federation;

<sup>10</sup>Center of Hygiene and Epidemiology in the Primorsk Territory, Vladivostok, Russian Federation

**Abstract.** The review presents an assessment of the epidemiological and epizootiological situation regarding Q fever in the Russian Federation for the period from 2013 to 2024, excluding the data for 2020 and 2021 due to anti-epidemic measures aimed at COVID-19, as well as covers current aspects of combating this infection. An evaluation of the epidemic potential of Q fever in Russia and other countries, where an increase in activity of infection foci has been observed, is made. Ranking of the Q fever-affected regions in the Russian Federation has been carried out based on morbidity rates, with a very high level of epidemic risk noted for Astrakhan Region (average long-term morbidity rate is 9.31

per 100 thousand population). An analysis of Q fever cases in Russia during 2024 has revealed 286 registered cases (0.20 per 100 thousand population), where Stavropol Territory contributed significantly to the total number of *Coxiella* infections – 138 cases (4.78) – and Astrakhan Region added another 127 cases (13.39), accounting for 92.7 % of all recorded cases. Q fever registration within the territory of the Russian Federation occurred from March through December 2024 inclusively, reaching its peak in June–July. The results of monitoring Q fever in the Stavropol, Altai, and Primorsk Territories as well as Astrakhan, Rostov, and Omsk Regions are provided in the paper. Antibodies of class G against *Coxiella burnetii* were detected in blood serum samples taken across all surveyed areas. In the Astrakhan Region, markers (DNA) of *C. burnetii* were found in sheep wool and skin samples, feeding stuff, milk, soil, and bedding used by farm animals. Overall, DNA/antigen of *C. burnetii* was identified in 5.3 % of Ixodidae tick samples collected across six regions.

**Key words:** Q fever, incidence, forecast, Russian Federation.

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

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

**Corresponding author:** Sergey V. Shtrek, e-mail: shtrek\_sv@oniipi.org.

**Citation:** Rudakov N.V., Shtrek S.V., Shpynov S.N., Trankvilevsky D.V., Skudareva O.N., Irishkova I.E., Tsareva S.N., Vakalova E.V., Kasatkin D.N., Shitova N.V., Goncharov A.V., Khalizeva V.A., Karpov A.N., Zhigaev D.S. Analysis of Epidemiological and Epizootological Situation on Q Fever in the Russian Federation over the Period of 2013–2024 and Short-Term Forecast of Morbidity for 2025. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:39–44. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-39-44

Received 01.08.2025. Revised 15.09.2025. Accepted 21.10.2025.

Rudakov N.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9566-9214>

Shtrek S.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4509-1212>

Shpynov S.N., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4550-3459>

Trankvilevsky D.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4896-9369>

Irishkova I.E., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1474-6757>

Лихорадка Ку (коксиеллез) – зоонозная инфекция, вызываемая *Coxiella burnetii*, характеризуется длительным и самостоятельным существованием эпизоотических очагов среди сельскохозяйственных животных и наличием на отдельных территориях антропоургических очагов. *C. burnetii* относится к классу Gammaproteobacteria, порядку Legionellales, семейству Coxiellaceae и является единственным видом с валидным названием в роде *Coxiella*. Эта бактерия экологически связана с позвоночными и членистоногими, вызывая заболевание у большого числа видов домашних, промысловых и диких млекопитающих, птиц и человека [1, 2].

По данным Европейского центра по профилактике и контролю заболеваний (European Centre for Disease Presentation and Control, ECDC), в странах Евросоюза в период 2008–2020 гг. зарегистрировано 13 458 случаев лихорадки Ку [3], наибольшее количество случаев зафиксировано в Нидерландах – 4183 (31,1 %), Германии – 2703 (20,1 %), Франции – 2005 (14,9 %) и Испании – 1959 (14,6 %). Из стран Евросоюза, граничащих с Российской Федерацией, заболевания лихорадкой Ку у людей зарегистрированы в Норвегии, Финляндии, Польше и Латвии. В Нидерландах произошла крупнейшая эпидемия лихорадки Ку, как по продолжительности (2007–2010 гг.), так и по масштабам (4026 случаев острой инфекции), связанная с козьими молочными фермами по производству сыра [4, 5].

Случаи лихорадки Ку у людей в граничащих с Российской Федерацией странах (Литве, Беларуси, Украине, Грузии, Азербайджане, Абхазии, Южной Осетии, Казахстане, Монголии, Китае, КНДР) не регистрируют, несмотря на выявление природных очагов этой инфекции и заболеваемости населения ранее [6].

В материалах Россельхознадзора (информационное сообщение № 84, <https://fsvps.gov.ru/iac/>

информационное-сообщение-84-2) со ссылкой на данные Всемирной организации здравоохранения животных (ВОЗЖ) имеется информация о выявлении очага лихорадки Ку на ферме в Эстонии в 2025 г.

Лихорадка Ку распространена в странах и регионах с развитым животноводством и большим поголовьем крупного и мелкого рогатого скота [2, 7], поэтому отсутствие данных по лихорадке Ку в указанных странах, возможно, свидетельствует об отсутствии надлежащего эпидемиологического и эпизоотологического надзора за этой инфекцией.

В последние годы имеются лишь единичные работы по изучению лихорадки Ку у людей и животных на Украине, в Казахстане и Азербайджане [8–10].

**Цель** обзора – проанализировать эпидемиологическую и эпизоотологическую ситуацию по лихорадке Ку в Российской Федерации за 2013–2024 гг. и составить прогноз развития эпидемического процесса и актуальных направлений борьбы с этой инфекцией.

Анализ заболеваемости лихорадкой Ку в России проведен с использованием данных формы № 2 государственной статистической отчетности «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях» за период 2013–2024 гг. Показатели заболеваемости населения вычисляли на 100 тыс. ( $\text{‰}_{0000}$ ) среднегодового населения, используя сведения о численности населения из Единой межведомственной информационно-статистической системы (ЕМИСС). Доверительные интервалы (95 % ДИ) среднегодовых показателей заболеваемости рассчитывали по методу Вальда [11]. Во всех случаях проверки статистических гипотез критический уровень статистической значимости ( $p$ ) принимался равным 0,05. Для прогнозирования эпидемиологической ситуации на 2025 г. использовали авторскую программу для ЭВМ «Tick-cast: прогнозирование заболеваемости с выраженной периодичностью» [12].

Дифференциацию субъектов Российской Федерации по степени потенциальной эпидемической опасности осуществляли с помощью оценочной шкалы, включающей средние многолетние показатели для неблагополучных по лихорадке Ку территорий за период 2013–2024 гг. Градацию шкалы проводили с использованием интервала значений между доверительными границами медианы, определяемыми по ГОСТ ИСО 16269-7-2004 «Статистическое представление данных. Медиана, определение точечной оценки и доверительных интервалов» [13].

С целью оценки эпизоотолого-эпидемиологической ситуации сотрудниками центров гигиены и эпидемиологии производились сбор и исследование материала на трех территориях с наибольшим показателем заболеваемости (Ставропольский край, Астраханская и Ростовская области) и на трех – с отсутствием зарегистрированных случаев в течение 10 лет и более (Алтайский и Приморский края, Омская область). Консультативно-методическую и практическую помощь при анализе результатов исследований выполняли сотрудники Референс-центра по мониторингу за риккетсиозами ФБУН «Омский НИИ природно-очаговых инфекций» Роспотребнадзора.

Для проведения исследования на лихорадку Ку отбирались сыворотки крови у лиц, относящихся к контингенту риска, и здоровых доноров, материал из антропоургических очагов (молоко, сено, солома, почва, пух, шерсть, шкуры, подстилка для скота, патологический материал от сельскохозяйственных животных), материал из природных стаций (мелкие млекопитающие, клещи).

Выявление антител в сыворотках крови и антигенов *C. burnetii* в клещах (Ставропольский край) проводилось методом иммуноферментного анализа с применением «Тест-системы иммуноферментной для выявления антител класса IgG к антигенам коксиелл Бернета» (ИФА-анти-Ку-G) и «Тест-системы иммуноферментной для выявления антигена *Coxiella burnetii* в объектах внешней среды и материалах биологического происхождения» (ФБУН НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Пастера Роспотребнадзора, Санкт-Петербург). Для обнаружения ДНК *C. burnetii* использовали метод ПЦР в режиме реального времени с использованием «АмплиСенс® *Coxiella burnetii*-FL» (ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва).

Серологические исследования по мониторингу за возбудителем лихорадки Ку выполнены во всех шести субъектах, на территории Приморского края проводились только среди здоровых доноров, без обследования контингента групп риска.

В Ставропольском крае и Ростовской области клещей исследовали пулами, в других субъектах – индивидуально. Исследования мелких млекопитающих на наличие ДНК *C. burnetii* проводились на территориях Алтайского края, Ростовской, Астраханской и Омской областей. На территории Алтайского края

и Астраханской области проводились исследования сырья, продукции животного происхождения, а также проб объектов окружающей среды. Дополнительно в Астраханской области проанализированы образцы подстилок и биологического материала, взятые у сельскохозяйственных животных.

**Заболеваемость лихорадкой Ку в Российской Федерации в 2024 г.** Выявлено 286 случаев лихорадки Ку ( $0,20 \text{ ‰}$ ), зарегистрированных в 8 субъектах Российской Федерации. Основной вклад ( $92,7 \%$ ) в количество зарегистрированных случаев коксиеллеза вносят Ставропольский край – 138 ( $4,78 \text{ ‰}$ ) и Астраханская область – 127 ( $13,39 \text{ ‰}$ ) случаев. В остальных субъектах показатель заболеваемости на 100 тыс. населения составил: Республика Калмыкия –  $1,13 \text{ ‰}$  (3 случая), Ростовская область –  $0,29 \text{ ‰}$  (12), Псковская область –  $0,17 \text{ ‰}$  (1), Воронежская область –  $0,09 \text{ ‰}$  (2), Самарская область –  $0,03 \text{ ‰}$  (1) и г. Москва –  $0,02 \text{ ‰}$  (2). Показатель заболеваемости на 100 тыс. населения среди жителей сельской местности в Астраханской области –  $19,61 \text{ ‰}$ , Ставропольском крае –  $8,82 \text{ ‰}$ , Республике Калмыкия –  $2,13 \text{ ‰}$ . Показатель заболеваемости детского населения в Астраханской области –  $18,94 \text{ ‰}$ , Ставропольском крае –  $3,73 \text{ ‰}$ , Ростовской области –  $0,38 \text{ ‰}$ . Максимальный показатель заболеваемости коксиеллезом зарегистрирован в Астраханской области, где чаще болеет взрослое население, проживающее в сельской местности.

**Заболеваемость лихорадкой Ку в Российской Федерации в 2013–2024 гг.** За последние 10 лет (2013–2024 гг.), без учета данных за 2020 и 2021 гг. – период противоэпидемических мер по профилактике COVID-19, зарегистрировано 1534 случая лихорадки Ку в 16 субъектах Российской Федерации. Среднемноголетний показатель заболеваемости составил  $0,10 \text{ ‰}$ , варьировал от  $0,19 \text{ ‰}$  в 2019 и 2024 гг. (по 286 случаев) до  $0,02 \text{ ‰}$  в 2014 г. (34 случая). Отмечается умеренный рост показателей заболеваемости ( $T_{пр} = 6,32 \%$ ) (рис. 1).

**Ранжирование регионов России по показателям регистрируемой заболеваемости.** Дифференциацию 16 неблагополучных по лихорадке Ку субъектов Российской Федерации (рис. 2) осуществляли по среднемноголетним показателям регистрируемой заболеваемости за период 2013–2024 гг., исключив 2020 и 2021 гг.

Очень высокая степень эпидемического риска отмечена для Астраханской области (среднемноголетний показатель заболеваемости –  $9,31 \text{ ‰}$ ); высокая – для Ставропольского края ( $1,7 \text{ ‰}$ ), Республики Калмыкия ( $0,33 \text{ ‰}$ ); выше средней – для Ростовской ( $0,12 \text{ ‰}$ ), Воронежской ( $0,09 \text{ ‰}$ ) областей; средняя степень – для Псковской ( $0,033 \text{ ‰}$ ), Волгоградской ( $0,03 \text{ ‰}$ ), Ульяновской, Самарской, Новосибирской областей, Карачаево-Черкесской Республики (по  $0,02 \text{ ‰}$ ); низкая степень – для г. Санкт-Петербурга, Тверской ( $0,007 \text{ ‰}$ ), Белгородской ( $0,006 \text{ ‰}$ ),

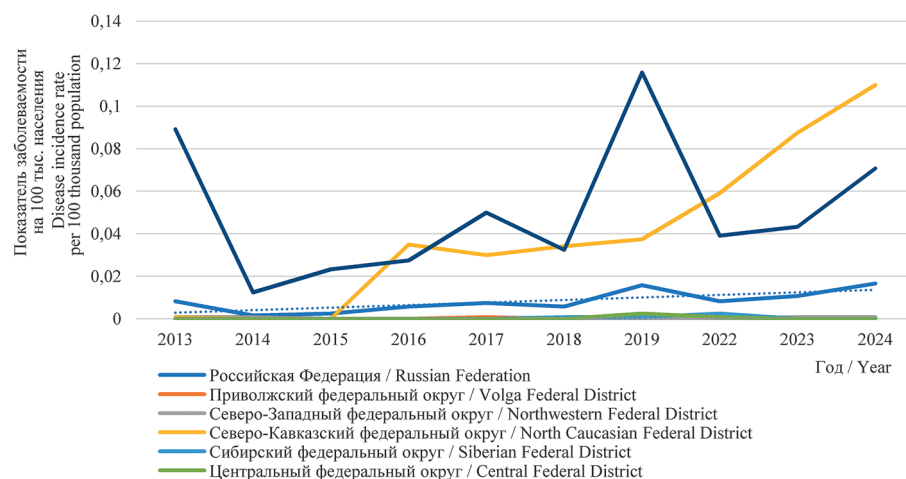


Рис. 1. Заболеваемость лихорадкой Ку в Российской Федерации, Южном, Северо-Кавказском, Сибирском, Северо-Западном, Центральном и Приволжском федеральных округах в 2013–2024 гг.

Fig. 1. Incidence of Q fever in the Russian Federation, Southern, North Caucasian, Siberian, Northwestern, Central and Volga Federal Districts for the period of 2013–2024

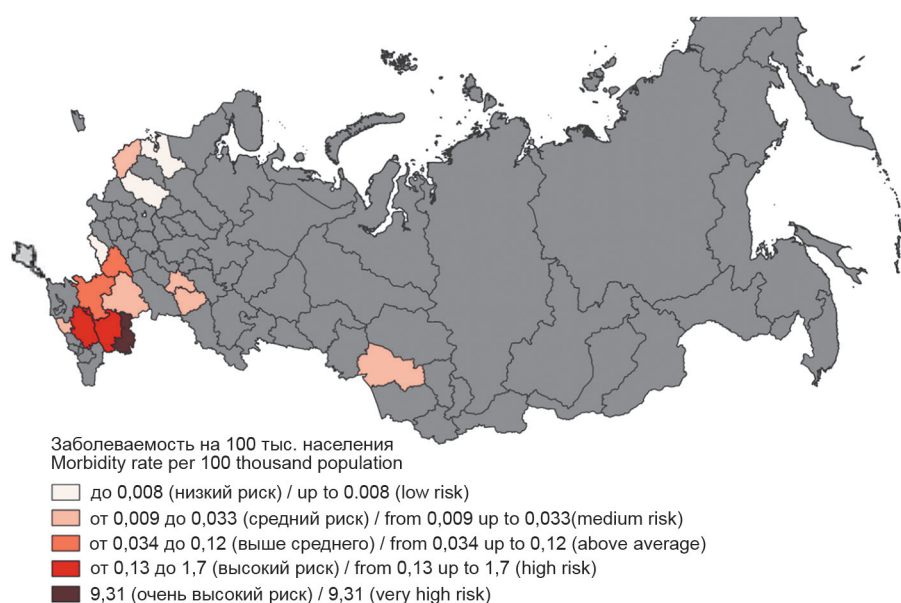


Рис. 2. Ранжирование субъектов Российской Федерации по среднемуголетнему показателю заболеваемости лихорадкой Ку на 100 тыс. населения в 2013–2024 гг. (без 2020 и 2021 гг.)

Fig. 2. Ranking of the constituent entities of the Russian Federation by the average long-term incidence rate of Q fever per 100 thousand population in 2013–2024 (excluding 2020 and 2021)

Ленинградской (0,005 ‰) областей, г. Москвы (0,004 ‰).

Регистрация лихорадки Ку на территории Российской Федерации в 2024 г. осуществлялась с марта по декабрь включительно (рис. 3). Пик заболеваемости приходился на июнь – июль. При анализе показателей заболеваемости за 2024 г. относительно средних значений внутригодового распределения за 2013–2023 гг. выявлена характерная сезонная закономерность.

Краткосрочные прогнозируемые показатели заболеваемости лихорадкой Ку на 2025 г. в Российской Федерации составили 0,16 (0,08–0,35) на 100 тыс. населения, в Астраханской области – 6,86 (0,72–65,81), в Ставропольском крае – 24,86 (3,54–74,52).

**Результаты мониторинга за лихорадкой Ку в Ставропольском, Алтайском, Приморском краях, Астраханской, Ростовской и Омской областях в 2024 г.** Антитела класса G (IgG) к *C. burnetii* были выявлены в сыворотках крови населения, собранных как на территориях с регистрируемой заболеваемостью лихорадкой Ку (от 4,2 % положительных результатов в Ростовской области до 11,6 % в

Ставропольском крае), так и на территориях, где заболеваемость не регистрировалась (от 0,8 % в Приморском крае до 11,9 % в Алтайском крае). На территориях без регистрации случаев лихорадки Ку (Омская область, Приморский и Алтайский края) суммарный показатель выявления антител к *C. burnetii* составил (9,1±0,9) % (92/1002). Это выше показателя, полученного при обследовании сывороток крови населения из регионов с регистрируемой заболеваемостью лихорадкой Ку – (6,6±0,5) % (144/2186). Наибольшее количество серопозитивных лиц выявлено в Алтайском крае – (26±2,5) % (78/300). Обнаружение иммуноглобулинов класса G к *C. burnetii* в сыворотках крови от невакцинированного населения может свидетельствовать о субклиническом контакте с коксиеллами Бернета или о перенесенном ранее заболевании.

В Астраханской области маркеры (ДНК) *C. burnetii* были обнаружены при исследовании проб шерсти и шкур овец в (43,0±5,1) % (40/93), в (35,3±6,7) % (18/51) проб корма (сено, солома), в (6,0±0,9) % (6/100) проб молока, в (2,0±1,4) % (2/102) проб почвы, в одной пробе подстилки для сельскохозяй-

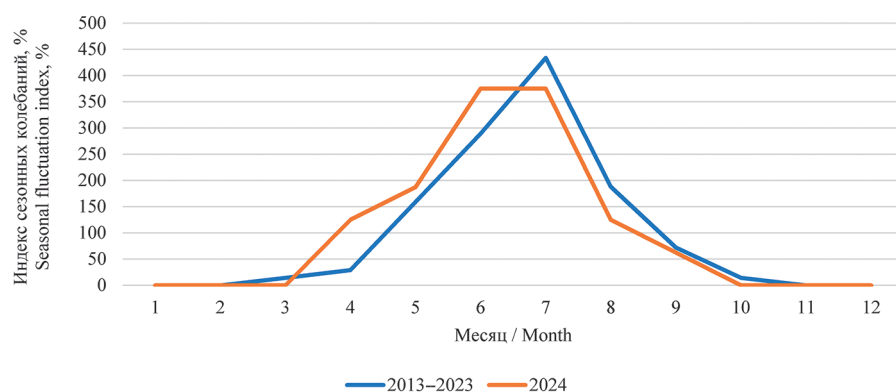


Рис. 3. Внутригодовое распределение заболеваемости лихорадкой Ку в Российской Федерации в 2013–2023 гг. и 2024 г.

Fig. 3. Intra-annual distribution of Q fever morbidity in the Russian Federation during 2013–2023 and in 2024

ственных животных из 8, что свидетельствует о циркуляции коксии Бернета и эпизоотологическом неблагополучии по лихорадке Ку обследованных территорий.

В Алтайском крае маркеры *C. burnetii* в пробах из окружающей среды не обнаружены.

На шести территориях было исследовано 3135 экземпляров клещей, из них 2760 исследованы в пулах (Ростовская область, Ставропольский край). Суммарно ДНК/антиген *C. burnetii* выявлены в  $(5,3 \pm 1,0)\%$  (29/546) проб иксодовых клещей (*Hyalomma marginatum*, *Rhipicephalus sanguineus*, *Rh. annulatus*, *Rh. rossicus* и *Dermacentor reticulatus*). Выявление маркеров *C. burnetii* в клещах и материале от мелких млекопитающих также подтверждает факт циркуляции возбудителя лихорадки Ку на обследованных территориях, однако не имеет эпидемиологического значения, поскольку трансмиссивный путь передачи является крайне редким в условиях России. В то же время высокий уровень выявления ДНК *C. burnetii* в биоматериалах от сельскохозяйственных животных (пробы шерсти, пуха, молока) и из объектов окружающей среды в очагах в Астраханской области свидетельствует об их эпидемической значимости и рисках возникновения случаев лихорадки Ку среди населения энзоотичных территорий. Результаты этих исследований свидетельствуют о возможном неполном выявлении заболеваний лихорадкой Ку, что требует более широкого лабораторного обследования групп риска и лихорадящих больных в отношении этой инфекции в соответствии с МР 3.1.0281-22 «Эпидемиологический надзор, лабораторная диагностика и профилактика лихорадки Ку».

В условиях недостаточного эпизоотологического надзора и отсутствия лабораторной диагностики лихорадки Ку у животных возможно осложнение эпизоотологической ситуации с возникновением эпидемических последствий в ряде животноводческих регионов с большим поголовьем мелкого рогатого скота (преимущественно коз), в том числе в индивидуальных хозяйствах. Для минимизации вероятности такого сценария необходимо наладить плановые эпизоотологические обследования животных с использованием лабораторных методов в эпидемических очагах.

Для улучшения координации взаимодействия при осуществлении эпизоотолого-эпидемиологического контроля и лабораторных исследований на лихорадку Ку людей и животных требуется совершенствование базы нормативно-методических документов, в том числе действующих ветеринарных правил и инструкций по применению диагностических препаратов, включая тест-систему для выявления ДНК *C. burnetii* методом полимеразной цепной реакции с гибридизационно-флуоресцентной детекцией в материале из антропоургических очагов (молоко, сено, солома, почва, пух, шерсть, шкуры, подстилки для скота, патологический материал от сельскохозяйственных животных), материале из природных стадий (мелкие млекопитающие, клещи).

В целом для решения проблемы лихорадки Ку необходим комплексный подход, который предусматривает комплекс мер в соответствии с СанПиН 3.3686-21 «Санитарно-эпидемиологические требования по профилактике инфекционных болезней» и мероприятий по борьбе с лихорадкой Ку среди животных.

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

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

## Список литературы

1. Рудаков Н.В., Зеликман С.Ю., Шпынов С.Н. Лихорадка Ку: эколого-эпидемиологические аспекты: информационное письмо. Омск: Издательский центр КАН; 2021. 28 с.
2. Шпынов С.Н., Рудаков Н.В., Зеликман С.Ю. Анализ заболеваемости лихорадкой Ку в Российской Федерации в период с 1957 по 2019 год. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2021; (3):134–40. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-3-141-146.
3. Christodoulou M., Malli F., Tsaras K., Billinis C., Papagiannis D. A narrative review of Q fever in Europe. *Cureus*. 2023; 15(4):e38031. DOI: 10.7759/cureus.38031.
4. Dijkstra F., van der Hoek W., Wijers N., Schimmer B., Rietveld A., Wijkman C.J., Vellema P., Schneeberger P.M. The 2007–2010 Q fever epidemic in the Netherlands: characteristics of notified acute Q fever patients and the association with dairy goat farming. *FEMS Immunol. Med. Microbiol.* 2012; 64(1):3–12. DOI: 10.1111/j.1574-695X.2011.00876.x.
5. Whelan J., Schimmer B., Schneeberger P., Meekelenkamp J., Ijff A., van der Hoek W., Robert-Du Ry van Beest Holle M. Q fever among culling workers, the Netherlands, 2009–2010. *Emerg. Infect. Dis.* 2011; 17(9):1719–23. DOI: 10.3201/eid1709.110051.
6. Федорова Н.И. Эпидемиология и профилактика Ку-риккетсиоза. М.: Медицина; 1968. 251 с.

7. Яковлев Э.А., Борисевич С.В., Попова А.Ю., Ежлова Е.Б., Демина Ю.В. Заболеваемость лихорадкой Ку в Российской Федерации и странах Европы: реалии и проблемы. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2015; (4):49–54. DOI: 10.21055/0370-1069-2015-4-49-54.
8. Дедок Л.А., Марушак Л.В., Полупан И.М., Меженский А.О. Серологический мониторинг лихорадки Ку среди сельскохозяйственных животных на территории Украины. *Ветеринарная биотехнология*. 2020; (37):31–6. DOI: 10.31073/vet\_biotech37-03.
9. Перфильева Ю.В., Машжан А.С., Жигайлов А.В., Остапчук Е.О., Мальцева Э.Р., Найзабаева Д.А., Бердыгулова Ж.А., Бисенбай А.О., Скиба Ю.А., Дмитриевский А.М., Мамадалиев С.М. Распространенность лихорадки Ку в южном регионе Казахстана. *Вестник КазНУ. Серия экологическая*. 2022; (4):99–110. DOI: 10.26577/EJE.2022.v73.i4.010.
10. Рустамова С.И., Сафи Н.В., Юсифова К.Ю. Сезонная распространенность *Coxiella burnetii* в хозяйствах Азербайджанской Республики в 2022–2023 гг. *Биология в сельском хозяйстве*. 2023; (4):27–30.
11. Савилов Е.Д., Астафьев В.А., Жданова С.Н., Заруднев Е.А. Эпидемиологический анализ: Методы статистической обработки материала. Новосибирск: Наука-Центр; 2011. 156 с.
12. Рудаков Н.В., Пеньевская Н.А., Кумпан Л.В., Блох А.И., Шпынов С.Н., Транквилевский Д.В., Штрек С.В. Эпидемиологическая ситуация по риккетсиозам группы клещевой пятнистой лихорадки в РФ в 2012–2021 гг. и прогноз на 2022–2026 гг. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2022; (1):54–63. DOI: 10.21055/0370-1069-2022-1-54-63.
13. Колпаков С.Л., Яковлев А.А. О методологии оценки эпидемиологической ситуации. *Эпидемиология и инфекционные болезни*. 2015; 20(4):34–9.

## References

1. Rudakov N.V., Zelikman S.Yu., Shpynov S.N. [Q Fever: Ecological and Epidemiological Aspects: Information Letter]. Omsk: Publishing center "KAN"; 2021. 28 p.
2. Shpynov S.N., Rudakov N.V., Zelikman S.Yu. [Analysis of Q fever incidence in the Russian Federation between 1957 and 2019]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2021; (3):134–40. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-3-141-146.
3. Christodoulou M., Malli F., Tsaras K., Billinis C., Papagiannis D. A narrative review of Q fever in Europe. *Cureus*. 2023; 15(4):e38031. DOI: 10.7759/cureus.38031.
4. Dijkstra F., van der Hoek W., Wijers N., Schimmer B., Rietveld A., Wijkman C.J., Vellema P., Schneeberger P.M. The 2007–2010 Q fever epidemic in the Netherlands: characteristics of notified acute Q fever patients and the association with dairy goat farming. *FEMS Immunol. Med. Microbiol.* 2012; 64(1):3–12. DOI: 10.1111/j.1574-695X.2011.00876.x.
5. Whelan J., Schimmer B., Schneeberger P., Meekelenkamp J., Ijff A., van der Hoek W., Robert-Du Ry van Beest Holle M. Q fever among culling workers, the Netherlands, 2009–2010. *Emerg. Infect. Dis.* 2011; 17(9):1719–23. DOI: 10.3201/eid1709.110051.
6. Fedorova N.I. [Epidemiology and Prevention of Q-Rickettsiosis]. M.: "Meditsina"; 1968. 251 p.
7. Yakovlev E.A., Borisevich S.V., Popova A.Yu., Ezhlova E.B., Demina Yu.V. [Morbidity rates of Q fever in the Russian Federation and European countries: realities and problems]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2015; (4):49–54. DOI: 10.21055/0370-1069-2015-4-49-54.
8. Dedok L.A., Marushchak L.V., Polupan I.M., Mezheny A.O. [Serological monitoring of Q fever in farm animals in Ukraine]. *Veterinarnaya Biotekhnologiya [Veterinary Biotechnology]*. 2020; (37):31–6. DOI: 10.31073/vet\_biotech37-03.
9. Perfil'eva Yu.V., Mashzhan A.S., Zhigailov A.V., Ostapchuk E.O., Maltseva E.R., Najzabaeva D.A., Berdygulova Zh.A., Bisenbay A.O., Skiba Yu.A., Dmitrovsky A.M., Mamadaliyev S.M. [Prevalence of Q fever in the southern region of Kazakhstan]. *Vestnik Kazakhskoy Natsional'noy Universiteta. Seriya Ekologicheskaya [Bulletin of the Kazakh National University. Ecological Series]*. 2022; (4):99–110. DOI: 10.26577/EJE.2022.v73.i4.010.
10. Rustamova S.I., Safi N.V., Yusifova K.Yu. [Seasonal prevalence of *Coxiella burnetii* in the farms of the Azerbaijan Republic

in 2022–2023]. *Biologiya v Sel'skom Hozyajstve [Biology in Agriculture]*. 2023; (4):27–30.

11. Savilov E.D., Astaf'ev V.A., Zhdanova S.N., Zarudnev E.A. [Epidemiological Analysis. Methods of Statistical Processing of the Material]. Novosibirsk: "Nauka-Tsentr"; 2011. 156 p.
12. Rudakov N.V., Pen'evskaya N.A., Kumpan L.V., Blokh A.I., Shpynov S.N., Trankvilevsky D.V., Shtrek S.V. [Epidemiological situation on tick-borne spotted fever group rickettsioses in the Russian Federation in 2012–2021, prognosis for 2022–2026]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2022; (1):54–63. DOI: 10.21055/0370-1069-2022-1-54-63.
13. Kolpakov S.L., Yakovlev A.A. [Regarding methodology for assessing the epidemiological situation]. *Epidemiologiya i Infektsionnye Bolezni [Epidemiology and Infectious Diseases]*. 2015; 20(4):34–9.

## Authors:

Rudakov N.V., Shtrek S.V., Shpynov S.N. Omsk Research Institute of Natural-Focal Infections; 7, Mira Avenue, Omsk, 644080, Russian Federation; e-mail: mail@oniipi.org. Omsk State Medical University; Omsk, Russian Federation.

Trankvilevsky D.V. Federal Center of Hygiene and Epidemiology. 19a, Varshavskoe Highway, Moscow, 117105, Russian Federation. E-mail: gsen@fcgie.ru.

Skudareva O.N., Irishkova I.E. Federal Service for Surveillance on Consumers Rights Protection and Human Wellbeing. 18, Bld. 5 and 7, Vadkovsky Lane, Moscow, 127994, Russian Federation.

Tsareva S.N. Center of Hygiene and Epidemiology in the Omsk Region. 42a, 27th North St., Omsk, 644116, Russian Federation. E-mail: fbuz55@mail.omsksanepid.ru.

Vakalova E.V., Kasatkin D.N. Center of Hygiene and Epidemiology in the Astrakhan Region. 122/89, N. Ostrovsky/Kirov St., Astrakhan, 414057, Russian Federation. E-mail: astrfguz@yandex.ru.

Shitova N.V., Goncharov A.V. Center of Hygiene and Epidemiology in the Rostov Region. 67, 7th Line St., Rostov-on-Don, 344019, Russian Federation. E-mail: osop@donses.ru.

Khalizeva V.A. Center of Hygiene and Epidemiology in the Stavropol Territory. 4, Fadeeva St., Stavropol, Stavropol Territory, 355008, Russian Federation. E-mail: pcr@fbuz26.ru.

Karpov A.N. Center of Hygiene and Epidemiology in the Altai Territory. 50, Radischev Lane, Barnaul, Altai Territory, 656049, Russian Federation. E-mail: epid4@altcge.ru.

Zhigaev D.S. Center of Hygiene and Epidemiology in the Primorsk Territory. 36, Utkinskaya St., Vladivostok, Primorsk Territory, 690091, Russian Federation. E-mail: fguz@pkprn.ru.

## Об авторах:

Рудаков Н.В., Штрек С.В., Шпынов С.Н. Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций; Российская Федерация, 644080, Омск, пр-т Мира, 7; e-mail: mail@oniipi.org. Омский государственный медицинский университет; Российская Федерация, Омск.

Транквилевский Д.В. Федеральный центр гигиены и эпидемиологии. Российская Федерация, 117105, Москва, Варшавское шоссе, 19а. E-mail: gsen@fcgie.ru.

Скударева О.Н., Иришкова И.Е. Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека. Российская Федерация, 127994, Москва, Вадковский пер., 18, стр. 5 и 7.

Царёва С.Н. Центр гигиены и эпидемиологии в Омской области. Российская Федерация, 644116, Омск, ул. 27-я Северная, 42а. E-mail: fbuz55@mail.omsksanepid.ru.

Вакалова Е.В., Касаткин Д.Н. Центр гигиены и эпидемиологии в Астраханской области. Российская Федерация, 414057, Астрахань, ул. Н. Островского/Кирова, 122/89. E-mail: astrfguz@yandex.ru.

Шитова Н.В., Гончаров А.В. Центр гигиены и эпидемиологии в Ростовской области. Российская Федерация, 344019, Ростов-на-Дону, ул. 7-я линия, 67. E-mail: osop@donses.ru.

Хализева В.А. Центр гигиены и эпидемиологии в Ставропольском крае. Российская Федерация, 355008, Ставропольский край, Ставрополь, ул. Фадеева, 4. E-mail: pcr@fbuz26.ru.

Карпов А.Н. Центр гигиены и эпидемиологии в Алтайском крае. Российская Федерация, 656049, Алтайский край, Барнаул, пер. Радищева, 50. E-mail: epid4@altcge.ru.

Жигаев Д.С. Центр гигиены и эпидемиологии в Приморском крае. Российская Федерация; 690091, Приморский край, Владивосток, ул. Уткинская, 36. E-mail: fguz@pkprn.ru.

С.В. Штрек<sup>1,2</sup>, Н.В. Рудаков<sup>1,2</sup>, С.Н. Шпынов<sup>1,2</sup>, А.И. Блох<sup>1,2</sup>, Д.В. Транквилевский<sup>3</sup>, Д.А. Савельев<sup>1</sup>,  
Н.А. Пен'евская<sup>1,2</sup>, А.В. Санников<sup>1,2</sup>, И.Е. Иришкова<sup>4</sup>, О.Н. Скударева<sup>4</sup>

## Эпидемиологическая ситуация по риккетсиозам в Российской Федерации за 2013–2024 гг. и краткосрочный прогноз заболеваемости на 2025 г.

<sup>1</sup>ФБУН «Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций», Омск, Российская Федерация;

<sup>2</sup>ФГБОУ ВО «Омский государственный медицинский университет» Минздрава России, Омск, Российская Федерация;

<sup>3</sup>ФБУЗ «Федеральный центр гигиены и эпидемиологии», Москва, Российская Федерация; <sup>4</sup>Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Москва, Российская Федерация

**Цель обзора** – провести сравнительный анализ эпидемиологической ситуации по риккетсиозам в субъектах Российской Федерации за 2013–2024 гг. и дать прогноз заболеваемости на 2025 г. Всего в 2024 г. в Российской Федерации зарегистрировано 1380 случаев риккетсиозов, из них: сибирский клещевой тиф (СКТ) составил 938 случаев, астраханская пятнистая лихорадка (АПЛ) – 73, риккетсиоз, вызываемый *Anaplasma phagocytophilum*, – 12, риккетсиоз, вызываемый *Ehrlichia chaffeensis* и *Ehrlichia muris*, – 8, марсельская лихорадка – 6. Не идентифицировано 57 (4,1 %) случаев риккетсиозов. В 2024 г. заболевания СКТ зарегистрированы в 17 субъектах Российской Федерации, относительный показатель составил 0,64 ‰. Наибольший вклад в заболеваемость СКТ внесли Сибирский и Дальневосточный федеральные округа. Рассчитанный прогнозируемый показатель на 2025 г. в Российской Федерации составил 0,67 ‰. Показатель заболеваемости АПЛ в России в 2024 г. составил 0,05 ‰, а рассчитанный прогнозируемый показатель заболеваемости АПЛ на 2025 г. – 0,05 ‰. В 2024 г. удалось верифицировать возбудителя СКТ в аутопсийном материале от трех погибших из Тюменской (n=1) и Новосибирской (n=2) областей. В результате филогенетического анализа в одной пробе обнаружен новый генотип (геномоизолат) *Rickettsia sibirica*.

**Ключевые слова:** сибирский клещевой тиф, астраханская пятнистая лихорадка, заболеваемость, прогноз, летальный случай, Российская Федерация.

Корреспондирующий автор: Штрек Сергей Владимирович, e-mail: shtrek\_sv@oniipi.org.

Для цитирования: Штрек С.В., Рудаков Н.В., Шпынов С.Н., Блох А.И., Транквилевский Д.В., Савельев Д.А., Пен'евская Н.А., Санников А.В., Иришкова И.Е., Скударева О.Н. Эпидемиологическая ситуация по риккетсиозам в Российской Федерации за 2013–2024 гг. и краткосрочный прогноз заболеваемости на 2025 г. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 4:45–53. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-45-53

Поступила 02.07.2025. Отправлена на доработку 21.11.2025. Принята к публикации 25.11.2025.

S.V. Shtrek<sup>1,2</sup>, N.V. Rudakov<sup>1,2</sup>, S.N. Shpynov<sup>1,2</sup>, A.I. Blokh<sup>1,2</sup>, D.V. Trankvilevsky<sup>3</sup>, D.A. Savel'ev<sup>1</sup>,  
N.A. Pen'evskaya<sup>1,2</sup>, A.V. Sannikov<sup>1,2</sup>, I.E. Irishkova<sup>4</sup>, O.N. Skudareva<sup>4</sup>

## Epidemiological Situation on Rickettsioses in the Russian Federation in 2013–2024 and Short-Term Incidence Forecast for 2025

<sup>1</sup>Omsk Research Institute of Natural-Focal Infections, Omsk, Russian Federation;

<sup>2</sup>Omsk State Medical University, Omsk, Russian Federation;

<sup>3</sup>Federal Center of Hygiene and Epidemiology, Moscow, Russian Federation;

<sup>4</sup>Federal Service for Surveillance on Consumers Rights Protection and Human Wellbeing, Moscow, Russian Federation

**Abstract.** The aim of the review was to conduct a comparative analysis of the epidemiological situation regarding rickettsioses in the constituent entities of the Russian Federation for the period of 2013–2024, and to provide a forecast of the incidence for 2025. In total, 1,380 rickettsiosis cases were registered in the Russian Federation in 2024, of which Siberian tick-borne typhus (STT) accounted for 938 cases, Astrakhan spotted fever (ASF) – 73 cases, rickettsiosis caused by *Anaplasma phagocytophilum* – 12 cases, rickettsiosis caused by *Ehrlichia chaffeensis* and *Ehrlichia muris* – 8 cases, Marseille fever – 6 cases. 57 (4.1 %) cases of rickettsiosis remained unidentified. In 2024, STT was recorded in 17 regions of the Russian Federation with an incidence rate of 0.64 ‰. The greatest contribution to STT morbidity came from the Siberian and Far Eastern Federal Districts. The calculated projected indicator for 2025 in Russia is expected to be 0.67 ‰. The ASF morbidity rate in Russia in 2024 was 0.05 ‰, while the calculated projected ASF morbidity rate for 2025 remains at 0.05 ‰. In 2024, it was possible to verify the causative agent of STT in autopsy material from three deceased individuals from Tyumen Region (n=1) and Novosibirsk Region (n=2). As a result of phylogenetic analysis, a new genovariant (genome isolate) of *Rickettsia sibirica* was identified in one sample.

**Key words:** Siberian tick-borne typhus, Astrakhan spotted fever, incidence, forecast, fatal case, Russian Federation.

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

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

Corresponding author: Sergey V. Shtrek, e-mail: shtrek\_sv@oniipi.org.

Citation: Shtrek S.V., Rudakov N.V., Shpynov S.N., Blokh A.I., Trankvilevsky D.V., Savel'ev D.A., Pen'evskaya N.A., Sannikov A.V., Irishkova I.E., Skudareva O.N. Epidemiological Situation on Rickettsioses in the Russian Federation in 2013–2024 and Short-Term Incidence Forecast for 2025. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2025; 4:45–53. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-45-53

Received 02.07.2025. Revised 21.11.2025. Accepted 25.11.2025.

Shtrek S.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4509-1212>  
Rudakov N.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9566-9214>  
Shpynov S.N., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4550-3459>  
Blokh A.I., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0756-2271>

Trankvilevsky D.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4896-9369>  
Pen'evskaya N.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7220-4366>  
Sannikov A.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3377-5374>  
Irishkova I.E., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1474-6757>

Риккетсиозы – специфическая группа инфекционных заболеваний человека и животных, вызываемых облигатными внутриклеточными микроорганизмами порядка *Rickettsiales* [1]. С момента первого описания *Rickettsia prowazekii* как этиологического агента эпидемического сыпного тифа в 1916 г. и до конца 1980-х гг. восемь видов были описаны как возбудители риккетсиозов: *R. rickettsii*, *R. typhi*, *R. conorii* subsp. *conorii*, *R. akari*, *R. sibirica*, *R. australis*, *R. conorii* subsp. *israelensis* и *Orientia tsutsugamushi* [2]. Однако с развитием и внедрением методов молекулярной биологии в 1990-х гг. этот список расширился и включает к настоящему времени более 30 видов и подвидов представителей рода *Rickettsia* [3]. Переносчиками риккетсий являются кровососущие беспозвоночные (клещи, вши и блохи), в качестве теплокровных хозяев выступают млекопитающие и птицы [1]. В последние годы благодаря применению молекулярно-биологических методов диагностики увеличилось число верифицированных случаев риккетсиозов, в том числе с летальным исходом [4].

В соответствии с современной классификацией риккетсий, основанной на данных филогенетического анализа, в составе рода выделяют пять групп: старейшая группа, предковая группа, группа сыпного тифа, группа клещевой пятнистой лихорадки I и II (ранее – «переходная» группа) [5]. По клиническим и эпидемиологическим проявлениям, антигенным связям исторически выделяют риккетсиозы группы сыпного тифа (СТ) и клещевых пятнистых лихорадок (КПЛ) [1].

В Российской Федерации в форме № 2 государственной статистической отчетности «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях» предусмотрена регистрация риккетсиозов группы КПЛ: «Сибирский клещевой тиф» (СКТ), вызываемый *R. sibirica*, «Астраханская пятнистая лихорадка» (АПЛ), вызываемая *R. conorii* подвид *caspaii*, и «Марсельская лихорадка» (МЛ), вызываемая *R. conorii* подвид *conorii*. Из группы СТ регистрируются «Эпидемический сыпной тиф» и «Болезнь Брилла» – рецидивная форма сыпного тифа, вызываемые *R. prowazekii*.

К патогенным для человека микроорганизмам порядка *Rickettsiales* также относятся представители родов *Anaplasma* и *Ehrlichia*, которые регистрируются как «Риккетсиоз, вызываемый *Anaplasma phagocytophilum*» (гранулоцитарный анаплазмоз человека, далее – ГАЧ) и «Риккетсиоз, вызываемый *Ehrlichia chaffeensis* и *Ehrlichia muris*» (моноцитарный эрлихиоз человека, далее – МЭЧ) [6].

Заболевания СКТ в 2024 г. были зарегистрированы на территории 17 субъектов Сибирского (СФО), Дальневосточного (ДФО) и Уральского (УФО) федеральных округов. Ежегодная регистрация АПЛ

осуществляется на территории Астраханской области и Республики Калмыкия. С 2014 г. МЛ регистрировалась на территории Республики Крым и города Севастополя в разделе «Риккетсиозы»; с 2025 г. регистрируется как «Марсельская лихорадка». Случаи ГАЧ и МЭЧ официально регистрируют на территории Центрального (ЦФО), Северо-Западного (СЗФО), Северо-Кавказского (СКФО), Приволжского (ПФО) федеральных округов, УФО и СФО.

СКТ характеризуется достаточно благоприятным прогнозом и медленным прогрессирующим течением даже среди пожилых пациентов. Анализ наблюдений начиная с 1950-х гг. выявил всего два летальных исхода именно на территории Красноярского края в указанный период, причем оба произошли еще до широкого внедрения антибиотикотерапии. Очаги инфекции в регионе в 1950-е гг. отличались тяжелым началом болезни с выраженной интоксикацией организма, иногда приводящей к развитию менингитоподобных состояний и энцефалитов. Тогда инфекция часто сопровождалась серьезными осложнениями, особенно пневмонией, однако уровень летальности оставался низким благодаря своевременному лечению. До появления эффективных антибактериальных препаратов лабораторные исследования носили второстепенный характер и использовались преимущественно в комплексе с клинической картиной и эпидемиологическими показателями. Это затрудняло точное подтверждение риккетсиальной природы некоторых случаев СКТ, которые нередко регистрировались как другие инфекционные заболевания, передающиеся клещами [7].

**Цель обзора** – провести сравнительный анализ эпидемиологической ситуации по риккетсиозам в субъектах Российской Федерации за 2013–2024 гг. и дать прогноз заболеваемости на 2025 г.

Ретроспективный эпидемиологический анализ материалов о заболеваемости СКТ, АПЛ, МЛ, ГАЧ и МЭЧ проведен с использованием данных государственной статистической отчетности «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях» за январь – декабрь 2024 г. в субъектах страны (форма № 1) и «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях» (форма № 2) за 2013–2024 гг. Показатели заболеваемости и обращаемости населения с «укусами клещами» вычисляли на 100 тыс. ( $\text{‰}_{0000}$ ) среднегодового населения из Единой межведомственной информационно-статистической системы (ЕМИСС). Во всех случаях проверки статистических гипотез критический уровень статистической значимости ( $p$ ) принимался равным 0,05. Для прогнозирования эпидемиологической ситуации на 2025 г. использовали авторскую программу «Tickcast: прогнозирование заболеваемости с выраженной периодичностью» [8].

При оценке внутригодового распределения заболеваемости использована стандартная методика расчета индекса сезонных колебаний [9].

При расчете показателя «темп прироста/снижения» использована стандартная методика. После вычисления показателей, составляющих временной (динамический) ряд, проведен регрессионный анализ (прямолинейное выравнивание по методу наименьших квадратов).

Линейный тренд описывался уравнением вида  $y = a + bx$ , где  $y$  – показатель динамического ряда;  $x$  – порядковый номер года;  $a$  – свободный член (пересечение), вычисляемый по формуле  $a = \bar{y} - b\bar{x}$ ;  $b$  – коэффициент простой регрессии (угол наклона тренда), вычисляемый по формуле:

$$b = \frac{\sum x_i y_i - \frac{\sum x_i \cdot \sum y_i}{n}}{\sum x_i^2 - \frac{(\sum x_i)^2}{n}}.$$

Темп прироста/снижения вычислялся по формуле:

$$T_{\text{пр/сн}} = \frac{b}{\bar{y}} \cdot 100 \, \%.$$

Для молекулярно-биологической характеристики возбудителей СКТ в аутопсийном материале ис-

пользовали метод nested-ПЦР и секвенирования по Сенгеру. В качестве мишеней для секвенирования использовали гены цитратсинтазы (*glTA*), *ompA*, кодирующий белок наружной мембраны риккетсий, и 16sРНК [10]. Анализ полученных нуклеотидных последовательностей проводили с использованием программы UniproUGENE v.50.0. Нуклеотидные последовательности были сопоставлены с известными последовательностями в базе данных GenBank посредством программы BLAST.

**Эпидемиологическая ситуация по риккетсиозам в 2024 г. в Российской Федерации.** Всего в 2024 г. в Российской Федерации зарегистрировано 1380 случаев риккетсиозов, из них: СКТ – 938 случаев, АПЛ – 73, риккетсиоз, вызываемый *Anaplasma phagocytophilum*, – 12, риккетсиоз, вызываемый *Ehrlichia chaffeensis* и *Ehrlichia muris*, – 8, марсельская лихорадка – 6. Не идентифицировано 57 (4,1 %) случаев риккетсиозов.

В 2024 г. заболевания СКТ зарегистрированы в 17 субъектах Российской Федерации, относительный показатель составил 0,64 ‰ (таблица).

Наибольший вклад в заболеваемость СКТ внесли СФО и ДФО (52,9 и 46,9 % соответственно), вклад УФО был минимален – 0,2 %. Среди субъектов СФО наибольшие показатели заболеваемости СКТ

Тенденции развития эпидемического процесса в эндемичных по клещевым риккетсиозам субъектах Российской Федерации в 2013–2024 гг. и прогноз на 2025 г.

Trends in the development of the epidemic process in constituent entities of the Russian Federation that are endemic for tick-borne rickettsiosis in 2013–2024 and forecast for 2025

| Территории<br>Territories                           | Показатели<br>заболеваемости<br>в 2024 г.<br>Morbidity rates<br>in 2024 | Среднеголетние показатели<br>заболеваемости СКТ в 2013–2024 гг.,<br>без 2020–2021 гг. (95 % ДИ)<br>Average long-term incidence of STT<br>in 2013–2024 (95 % CI)<br>excluding 2020–2021 | Темп прироста/<br>снижения<br>в 2013–2024 гг., %<br>Rate of increment/<br>decrement in 2013–2024, % | Прогнозируемые<br>показатели заболеваемости<br>на 2025 г.<br>Estimated morbidity rates<br>for 2025 |
|-----------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 1                                                   | 2                                                                       | 3                                                                                                                                                                                      | 4                                                                                                   | 5                                                                                                  |
| Сибирский клещевой тиф / Siberian tick-borne typhus |                                                                         |                                                                                                                                                                                        |                                                                                                     |                                                                                                    |
| Российская Федерация<br>Russian Federation          | 0,64                                                                    | 0,98<br>(0,89–1,07)                                                                                                                                                                    | –0,59                                                                                               | <b>0,67</b><br><b>(0,52–0,86)</b>                                                                  |
| СФО<br>Siberian Federal District                    | 2,66                                                                    | 5,62<br>(4,77–6,46)                                                                                                                                                                    | –0,53                                                                                               | <b>3,61</b><br><b>(2,64–4,93)</b>                                                                  |
| Республика Алтай<br>Republic of Altai               | 33,21                                                                   | 81,10<br>(61,65–100,55)                                                                                                                                                                | –0,59                                                                                               | 64,05<br>(31,76–129,15)                                                                            |
| Алтайский край<br>Altai Territory                   | 7,91                                                                    | 20,16<br>(16,87–23,46)                                                                                                                                                                 | –0,6                                                                                                | 15,71<br>(11,66–21,17)                                                                             |
| Республика Хакасия<br>Republic of Khakassia         | 3,40                                                                    | 6,52<br>(3,44–9,60)                                                                                                                                                                    | –0,48                                                                                               | 0,36<br>(0,03–5,27)                                                                                |
| Новосибирская область<br>Novosibirsk Region         | 3,40                                                                    | 6,43<br>(5,36–7,50)                                                                                                                                                                    | –0,47                                                                                               | 3,87<br>(2,36–6,34)                                                                                |
| Иркутская область<br>Irkutsk Region                 | 1,67                                                                    | 2,31<br>(2,01–2,61)                                                                                                                                                                    | –0,28                                                                                               | 1,34<br>(0,85–2,11)                                                                                |
| Республика Тыва<br>Republic of Tuva                 | 5,33                                                                    | 15,74<br>(10,70–20,79)                                                                                                                                                                 | –0,66                                                                                               | 4,33<br>(1,37–13,67)                                                                               |
| Красноярский край<br>Krasnoyarsk Territory          | 0,74                                                                    | 1,59<br>(1,13–2,05)                                                                                                                                                                    | –0,54                                                                                               | 0,52<br>(0,35–0,78)                                                                                |
| Омская область<br>Omsk Region                       | 0,60                                                                    | 0,16<br>(0,04–0,28)                                                                                                                                                                    | 2,68                                                                                                | 0,07<br>(0,01–0,68)                                                                                |
| Кемеровская область<br>Kemerovo Region              | 0,04                                                                    | 0,24<br>(0,16–0,32)                                                                                                                                                                    | –0,84                                                                                               | 0,07<br>(0,04–0,14)                                                                                |

Окончание таблицы / Ending of the table

| 1                                                                                                                                                                             | 2     | 3                      | 4     | 5                                  |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------|------------------------|-------|------------------------------------|
| <b>ДФО</b><br><b>Far Eastern Federal District</b>                                                                                                                             | 6,28  | 5,61<br>(5,01–6,22)    | 0,12  | <b>6,52</b><br><b>(3,97–10,71)</b> |
| Хабаровский край<br>Khabarovsk Territory                                                                                                                                      | 26,46 | 17,01<br>(13,45–20,56) | 0,56  | 27,87<br>(15,72–49,39)             |
| Еврейская АО<br>Jewish Autonomous Region                                                                                                                                      | 3,41  | 11,27<br>(7,38–15,17)  | –0,70 | 4,42<br>(1,75–11,17)               |
| Приморский край<br>Primorsky Territory                                                                                                                                        | 8,11  | 7,14<br>(5,90–8,38)    | 0,14  | 8,19<br>(5,08–13,21)               |
| Республика Бурятия<br>Republic of Buryatia                                                                                                                                    | 0,10  | 1,70<br>(1,17–2,22)    | –0,94 | 0,50<br>(0,20–1,28)                |
| Амурская область<br>Amur Region                                                                                                                                               | 0,13  | 1,24<br>(0,66–1,82)    | –0,89 | 0,04<br>(0,006–0,29)               |
| Забайкальский край<br>Trans-Baikal Territory                                                                                                                                  | 0,20  | 1,03<br>(0,38–1,68)    | –0,8  | 0,05<br>(0,02–0,11)                |
| <b>УФО</b><br><b>Ural Federal District</b>                                                                                                                                    | 0,02  | 0,04<br>(0,02–0,06)    | –0,54 | <b>0,05</b><br><b>(0,01–0,18)</b>  |
| Курганская область<br>Kurgan Region                                                                                                                                           | 0,13  | 0,19<br>(0,00–0,42)    | –0,31 | 0,09<br>(0,005–1,73)               |
| Тюменская область<br>Tyumen Region                                                                                                                                            | 0,06  | 0,19<br>(0,05–0,33)    | –0,67 | 0,24<br>(0,04–1,51)                |
| <b>Астраханская пятнистая лихорадка / Astrakhan spotted fever</b>                                                                                                             |       |                        |       |                                    |
| <b>Российская Федерация</b><br><b>Russian Federation</b>                                                                                                                      | 0,05  | 0,15<br>(0,10–0,20)    | –0,68 | <b>0,05</b><br><b>(0,03–0,09)</b>  |
| Астраханская область<br>Astrakhan Region                                                                                                                                      | 7,49  | 21,60<br>(14,62–28,58) | –0,65 | 5,71<br>(2,64–12,34)               |
| Республика Калмыкия<br>Republic of Kalmykia                                                                                                                                   | 0,38  | 1,43<br>(0,71–2,14)    | –0,74 | 0,09<br>(0,02–0,52)                |
| <b>Марсельская лихорадка / Boutonneuse Fever</b>                                                                                                                              |       |                        |       |                                    |
| Республика Крым<br>Republic of Crimea                                                                                                                                         | 1,83  | 1,44<br>(0,87–2,01)    | 0,27  | 6,38<br>(0,49–81,94)               |
| г. Севастополь<br>Sevastopol                                                                                                                                                  | 1,78  | 1,62<br>(0,93–2,33)    | 0,1   | 9,56<br>(0,8–113,85)               |
| <b>Риккетсиоз, вызываемый <i>Anaplasma phagocytophilum</i></b><br><b>Rickettsiosis caused by <i>Anaplasma phagocytophilum</i></b>                                             |       |                        |       |                                    |
| <b>Российская Федерация</b><br><b>Russian Federation</b>                                                                                                                      | 0,008 | 0,05<br>(0,01–0,06)    | –0,84 | 0,006<br>(0,002–0,01)              |
| <b>Риккетсиоз, вызываемый <i>Ehrlichia chaffeensis</i> и <i>Ehrlichia muris</i></b><br><b>Rickettsiosis caused by <i>Ehrlichia chaffeensis</i> and <i>Ehrlichia muris</i></b> |       |                        |       |                                    |
| <b>Российская Федерация</b><br><b>Russian Federation</b>                                                                                                                      | 0,005 | 0,01 (0,005–0,02)      | –0,54 | 0,01<br>(0,007–0,02)               |

зарегистрированы в Республике Алтай (33,21 ‰). В остальных субъектах СФО относительный показатель заболеваемости составил: в Алтайском крае – 7,91 ‰, Республике Тыва – 5,35 ‰, Новосибирской области – 3,40 ‰, Республике Хакасия – 3,40 ‰, Иркутской области – 1,67 ‰, Красноярском крае – 0,74 ‰, Омской области – 0,6 ‰, Кемеровской области – 0,04 ‰. В Омской области с 2019 по 2022 г. не было зарегистрировано ни одного случая СКТ, однако в 2023 г. выявлено 8 случаев заболевания, а в 2024 г. – 11.

В ДФО по показателям заболеваемости СКТ в 2024 г. лидируют Хабаровский край (26,46 ‰), Приморский край (8,11 ‰) и Еврейская автономная

область (АО) (3,41 ‰). В Республике Бурятия инцидентность СКТ составила 0,1 ‰, в Амурской области – 0,13 ‰, в Забайкальском крае – 0,20 ‰.

В УФО в 2024 г., как и в предыдущие годы, СКТ зарегистрирован в Курганской (0,13 ‰) и Тюменской (0,06 ‰) областях.

Наибольшая заболеваемость на 100 тыс. населения среди жителей сельской местности наблюдается на территории Хабаровского края (47,79 ‰), Республики Алтай (42,46 ‰), Приморского края (12,01 ‰), Алтайского края (12,00 ‰), Новосибирской области (11,85 ‰), Республики Хакасия (8,47 ‰), Еврейской АО (7,01 ‰) и Республики Тыва (6,00 ‰).

Наибольшая заболеваемость у детей отмечена в пяти территориях: в Республике Алтай (69,83 ‰), Хабаровском крае (5,97 ‰), Алтайском крае (4,12 ‰), республиках Хакасия (3,95 ‰) и Тыва (3,24 ‰).

В 2024 г. показатель смертности от СКТ составил 0,07 ‰.

Всего в 2024 г. зарегистрировано 73 случая АПЛ. Показатель заболеваемости АПЛ в России в 2024 г. составил 0,05 ‰. Основной вклад (98,6 %) в заболеваемость АПЛ вносит Астраханская область – единственный регион, в котором АПЛ регистрируется ежегодно, в 2024 г. заболеваемость составила 7,49 ‰. Показатель заболеваемости детей в Астраханской области за 2024 г. составил 1,80 ‰, жителей сельской местности – 11,12 ‰. Вклад в заболеваемость АПЛ внесли также республики Калмыкия (0,38 ‰) и Дагестан (0,03 ‰).

На территории Республики Крым в 2024 г. зарегистрировано 35 случаев МЛ (1,82 ‰) и в г. Севастополе – 10 случаев (1,81 ‰). Два случая зарегистрированы у жителей сельской местности, в том числе один – у ребенка до 14 лет.

В 2024 г. в Российской Федерации выявлено 8 случаев МЭЧ (0,01 ‰) и 12 случаев ГАЧ (0,01 ‰). Основной вклад (40,0 %) в заболеваемость вносит СФО. В ДФО, СЗФО, ПФО, УФО, ЦФО выявлено от 1 до 3 случаев.

Случаев эпидемического сыпного тифа и болезни Брилли в 2024 г. не выявлено.

**Оценка внутригодового распределения заболеваемости (сезонность) риккетсиозов в 2024 г.** Проведенный анализ позволил установить региональные особенности эпидемического процесса с учетом внутригодового распределения заболеваемости.

Случаи СКТ на территории России в 2024 г. регистрировали с апреля по декабрь включительно. Пик заболеваемости СКТ в Алтайском крае приходился на май и июнь. Пик заболеваемости СКТ в Хабаровском крае приходился в основном на летние месяцы: июнь, июль, август. В Республике Алтай с мая по июнь сезонная заболеваемость представляла «плато» с пиком в июле и августе (рис. 1).

Случаи АПЛ на территории Российской Федерации в 2024 г. зарегистрированы с апреля по октябрь включительно.

Случаи марсельской лихорадки на территории Российской Федерации в 2024 г. зарегистрированы с апреля по декабрь включительно, пик заболеваемости в Республике Крым приходился на июль, а в г. Севастополе – август.

Случаи ГАЧ на территории Российской Федерации в 2024 г. зарегистрированы с апреля по октябрь включительно, пик заболеваемости – в июле. МЭЧ регистрировался в январе и с апреля по август с пиком в июле.

**Характеристика субъектов Российской Федерации по уровню заболеваемости СКТ в 2013–2024 гг.** Для сравнительной оценки степени риска заболевания СКТ в отдельных субъектах проведена их группировка по СМП<sub>2013–2024</sub> инцидентности, исключив 2020 и 2021 гг. – период противоэпидемических мер начала пандемии COVID-19. Градацию шкалы проводили по методике, описанной ранее, с использованием интервала значений между доверительными границами медианы, определяемыми по ГОСТ Р ИСО 16269-7-2004 «Статистическое представление данных. Медиана. Определение точечной оценки и доверительных интервалов» [11]. В результате выделены группы территорий с низким, средним, высоким и очень высоким уровнями заболеваемости СКТ.

Очень высокая степень эпидемического риска отмечена для Республики Алтай (81,1 ‰), высокая – Алтайский (20,16 ‰), Хабаровский (17,01 ‰) края, Республика Тыва (15,74 ‰). Выше среднего – Еврейская АО (11,27 ‰). Средняя степень – Приморский край (7,14 ‰), Республика Хакасия (6,52 ‰), Новосибирская (6,43 ‰), Иркутская (2,31 ‰) области. Низкая степень – Республика Бурятия (1,7 ‰), Красноярский край (1,59 ‰), Амурская область (1,24 ‰), Забайкальский край (1,03 ‰), Кемеровская (0,24 ‰), Курганская (0,19 ‰), Тюменская (0,19 ‰), Омская (0,16 ‰) области.

Дифференциация очаговых территорий в разрезе муниципальных образований по указанным критериям представлена на рис. 2.

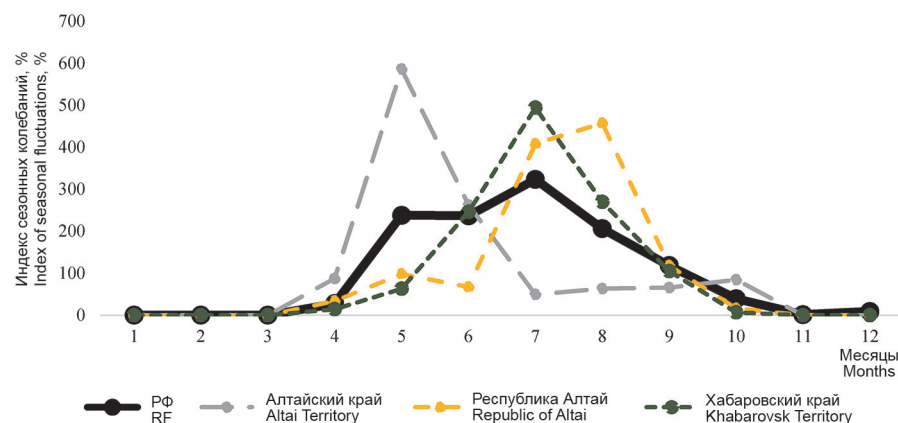


Рис. 1. Внутригодовое распределение заболеваемости СКТ в Российской Федерации в 2024 г.

Fig. 1. Intra-annual distribution of Siberian tick-borne typhus cases in the Russian Federation in 2024

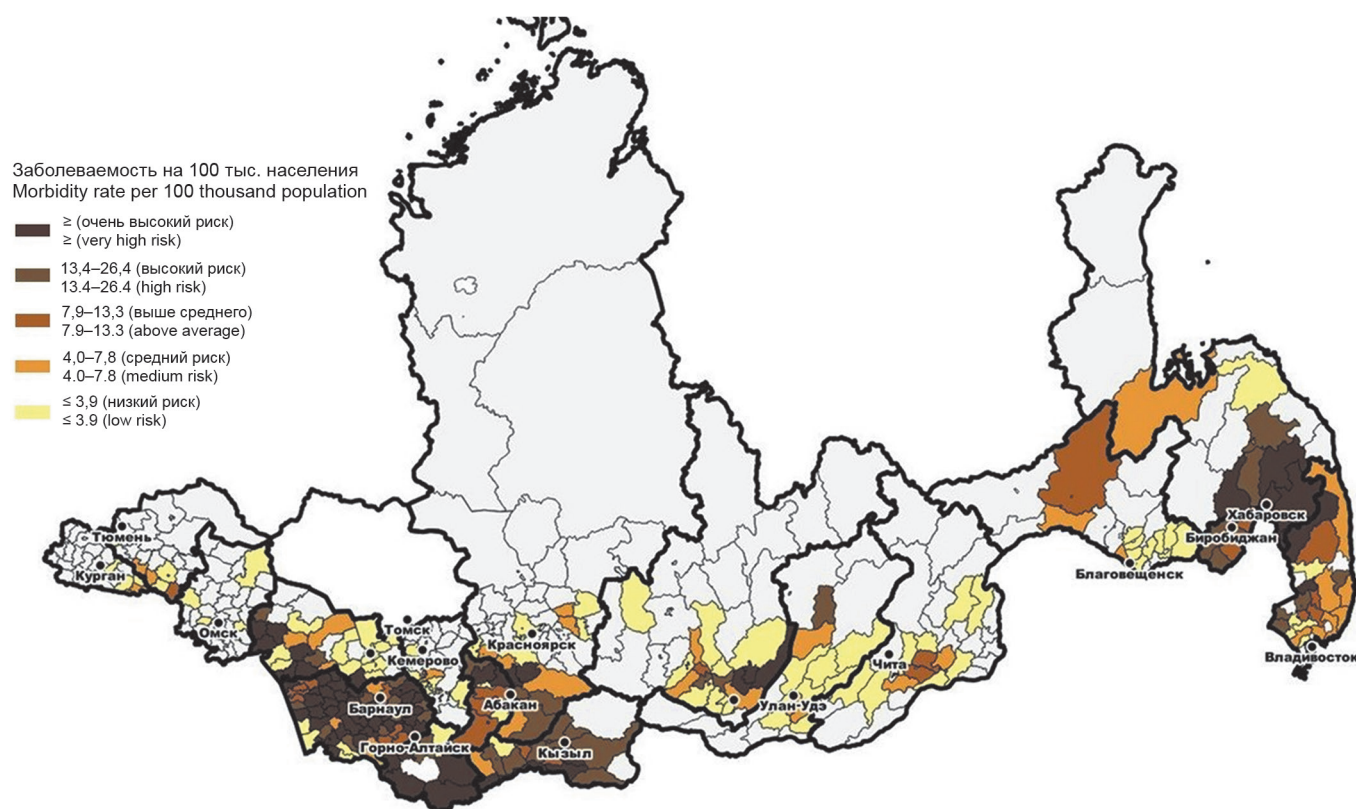


Рис. 2. Ранжирование субъектов Российской Федерации по среднемуголетнему показателю заболеваемости сибирским клещевым тифом на 100 тыс. населения с 2013 по 2024 г. (без учета 2020 и 2021 гг.)

Примечание. Серым цветом отмечены муниципальные образования, в которых не зарегистрировано случаев заболевания; белый цвет – муниципальные образования, по которым отсутствуют данные

Fig. 2. Ranking of the Russian Federation entities by the long-term average incidence rate of Siberian tick-borne typhus per 100,000 population between 2013 and 2024 (excluding 2020 and 2021)

Note. Grey color marks the municipalities where no cases of the disease were registered; white color – the municipalities for which there was no data available

**Тенденция развития эпидемического процесса риккетсиозов в 2013–2024 гг. и прогноз на 2025 г.** За 2013–2024 гг. в России зарегистрировано 16 270 случаев СКТ. В среднем по РФ уровень заболеваемости СКТ на 100 тыс. населения варьировал от 1,13 (1650 случаев) до 0,64 (938). За указанный период заболевания СКТ были зарегистрированы в 19 субъектах Российской Федерации.

Среднеголетний показатель заболеваемости СКТ в России за период 2013–2024 гг. составил 0,98 ‰ (за исключением показателей 2020 и 2021 гг., далее – СМП<sub>2013–2019,2022–2024</sub>). На протяжении изученного периода в Российской Федерации отмечался умеренный значимый спад показателей заболеваемости населения СКТ (рис. 3). Рассчитанный прогнозируемый показатель на 2025 г. в Российской Федерации составил 0,67 ‰, что предполагает в целом стабильную ситуацию по этой инфекции в текущем году.

Среднеголетний показатель заболеваемости АПЛ в России за период с 2013 по 2024 г. составил 0,15 ‰ (2355 случаев). Максимальное значение показателя отмечено в 2013 г. (0,28 ‰), минимальное – в 2020 г. (0,02 ‰). В Астраханской об-

ласти среднеголетний показатель заболеваемости – 27,70 ‰, в Республике Калмыкия – 1,93 ‰. Рассчитанный прогнозируемый показатель заболеваемости астраханской пятнистой лихорадкой в России на 2025 г. составил 0,05 ‰.

Среднеголетний показатель заболеваемости марсельской лихорадкой в России за период с 2013 по 2024 г. составил 1,55 ‰ (397 случаев). Максимальное значение показателя отмечено в 2018 г. (2,49 ‰), минимальное – в 2014 г. (0,30 ‰). Марсельская лихорадка регистрируется на территории Республики Крым (СМП<sub>2013–2019,2022–2024</sub> – 1,44 ‰) и г. Севастополе (СМП<sub>2013–2019,2022–2024</sub> – 1,63 ‰). Рассчитанный прогнозируемый показатель заболеваемости марсельской лихорадкой в Республике Крым и г. Севастополе на 2025 г. составил 6,38 и 9,56 ‰ соответственно.

За период с 2013 по 2024 г. в Российской Федерации зарегистрировано 727 и 174 случая ГАЧ и МЭЧ соответственно. Ежегодное количество случаев ГАЧ в России за изучаемый период – от 2 в 2020 г. до 258 в 2014 г. За этот же период регистрировалось от 2 в 2020 г. до 54 в 2014 г. случаев МЭЧ. Среднеголетний показатель заболеваемости ГАЧ в

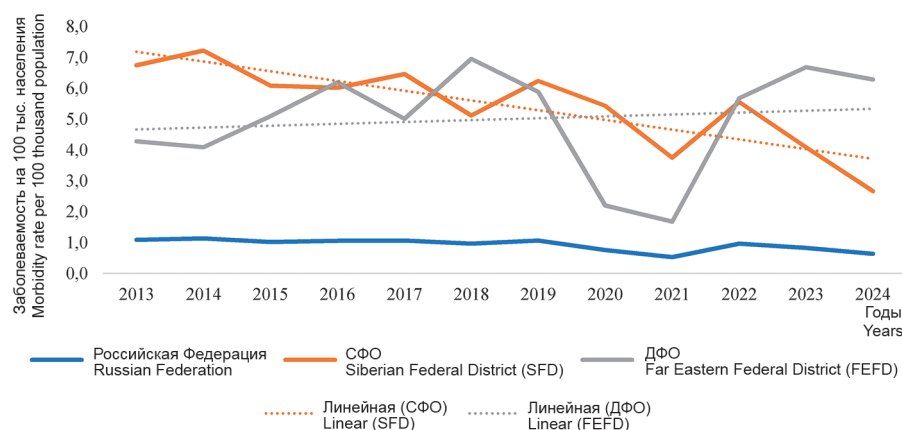


Рис. 3. Динамика заболеваемости сибирским клещевым тифом в Российской Федерации, СФО и ДФО с 2013 по 2024 г.

Fig. 3. Dynamics of Siberian tick-borne typhus morbidity in the Russian Federation, Siberian Federal District and Far Eastern Federal District over the period of 2013–2024

России за период с 2013 по 2024 г. (без 2020 и 2021 гг.) составил 0,05 ‰, МЭЧ – 0,01 ‰. Рассчитанный прогнозируемый показатель заболеваемости ГАЧ и МЭЧ на 2025 г. в Российской Федерации составил 0,006 и 0,01 ‰ соответственно.

#### Молекулярно-биологическая характеристика возбудителей случаев СКТ с летальным исходом.

Внедрение методов молекулярно-биологического анализа в диагностике СКТ и применение этих технологий при исследовании аутопсийного материала позволило описать пять летальных случаев СКТ в период с 2017 по 2024 г. Два случая описаны в Красноярском крае, где при исследовании аутопсийного материала от погибших в 2017 и 2022 гг. обнаружен этиологический агент СКТ – *R. sibirica*, в случае 2017 г. – в микст-варианте с *Candidatus R. tarasevichiae* [12].

В 2024 г. удалось верифицировать возбудителя СКТ в аутопсийном материале от трех погибших. В мае 2024 г. 58-летний мужчина в Тюменской области госпитализирован с симптомами острого нарушения мозгового кровообращения (слабость, головокружение, онемение в нижних конечностях, нарушение координации движений). На девятые сутки мужчина умер с симптомами отека головного мозга. При исследовании в продолговатом мозге обнаружена ДНК *R. sibirica*.

В Новосибирской области зарегистрировано два случая СКТ с летальным исходом в 2024 г. Погибшие – старше 60 лет, заболели в мае-июне, госпитализированы в тяжелом состоянии с жалобами на слабость, головную боль, подъем температуры до 39 °C. В обоих случаях удалось выявить только ДНК возбудителя сибирского клещевого тифа – *R. sibirica*, который постоянно присутствовал в тканях головного мозга, реже – в других органах.

Методом ПЦР в риккетсиях, выявленных у больных, в двух случаях амплифицированы фрагменты всех трех генов и в одном случае – только гена цитратсинтазы. При генотипировании установлено, что все полученные последовательности обладали

полной (100 %) идентичностью с *R. sibirica* subsp. *sibirica* (штамм 246, геномная версия ASM16693v1). В риккетсии, выделенной у третьего пациента из ткани ствола головного мозга, обнаружена мутация в гене *gltA*. Произошла точечная замена: на позиции 456 вместо обычного аденина находился тимин. Такая несущественная модификация привела к замене аминокислоты лизина на метионин. Однако важно отметить, что в риккетсии, выделенной в другом участке мозга того же больного (мозжечковый мост) подобное замещение отсутствовало. Ранее установлено, что у риккетсий может встречаться однонуклеотидный полиморфизм, который выявляли у разных штаммов одного вида риккетсий в зависимости от биологического материала, используемого для изоляции [13].

Для построения филогенетического дерева использовали 41 нуклеотидную последовательность гена *gltA* видов (из них 8 *Candidatus* spp.) риккетсий предковой группы, группы сыпного тифа, группы КПЛ и *Bartonella henselae* в качестве outgroup. Установлено, что данный фрагмент расположился в общей ветке *R. sibirica* и эволюционно ближе расположен к *R. sibirica* штамму BG-90 и *R. africae* (рис. 4). Эта последовательность гена *gltA* достоверно отличается от последовательностей *gltA* – *R. sibirica* subsp. *sibirica* и других видов *Rickettsia*, что позволяет сделать предположение об обнаружении нового геноварианта (геномоизолата) *R. sibirica*.

Благодаря появлению диагностических тест-систем, основанных на ПЦР, удалось верифицировать возбудителя СКТ и своевременно направить материал для углубленного изучения в Референс-центр по мониторингу за риккетсиозами. Этот опыт подтверждает необходимость расширения исследований клинического и аутопсийного материала при диагностике клещевых трансмиссивных инфекций на наличие возбудителей риккетсиозов.

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

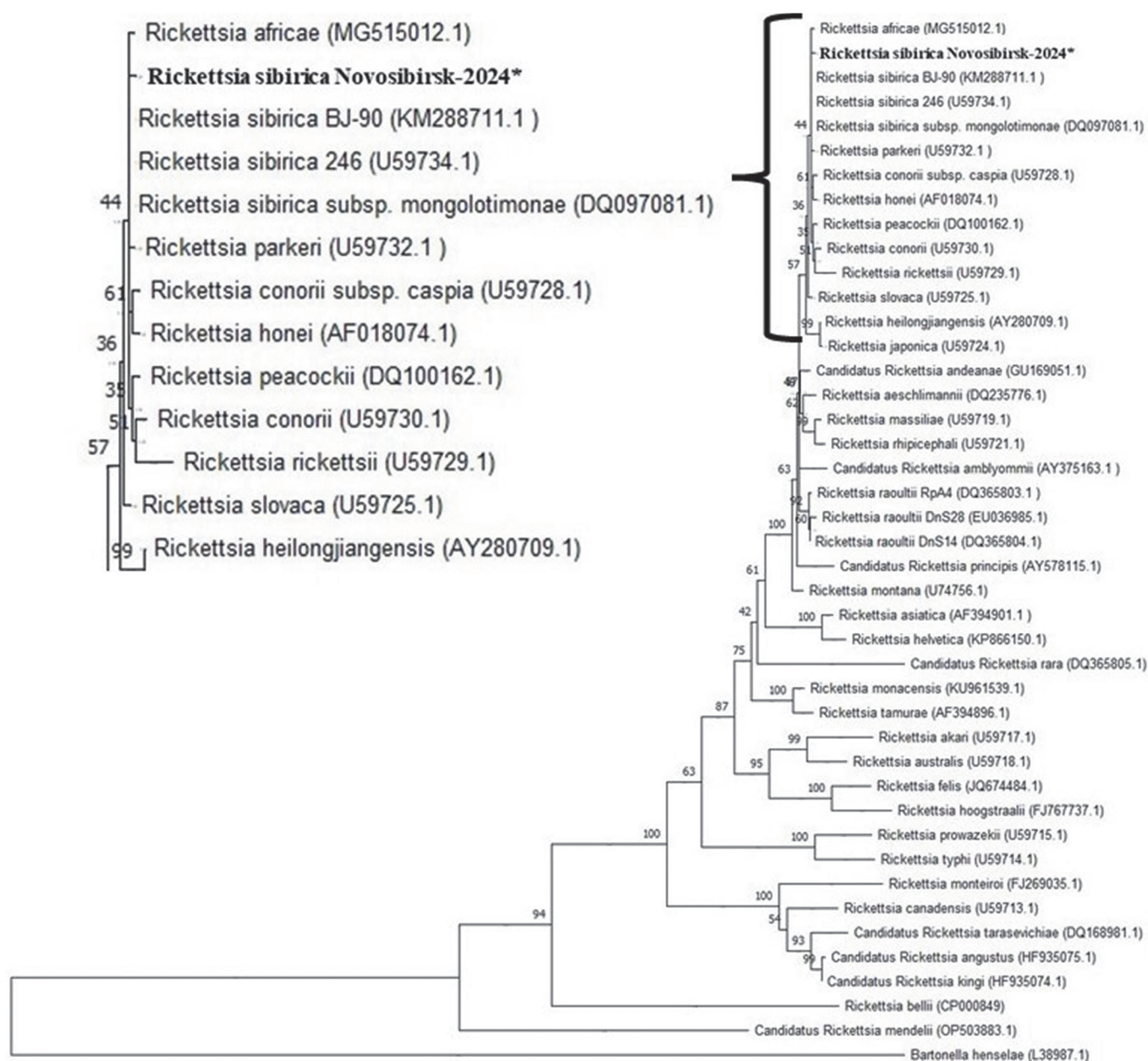


Рис. 4. Филогенетическое дерево на основе сравнительного анализа частичной последовательности гена *gltA* (875 п.н.) штаммов риккетсий и геномоизолата *R. sibirica* Novosibirsk-2024 (дендрограмма Neighbor-Joining, программа MEGA11, модель Tamura 3-parameter с 500 bootstrap подкреплением)

Fig. 4. Phylogenetic tree based on comparative analysis of partial sequence of *gltA* gene (875 bp) of rickettsial strains and genome isolate *R. sibirica* Novosibirsk-2024 (Neighbor-Joining dendrogram, MEGA11 software, Tamura 3-parameter model with 500 bootstrap replicates)

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

#### Список литературы

1. Рудаков Н.В. Риккетсии и риккетсиозы: руководство для врачей. Омск: ИЦ «Омский научный вестник»; 2016. 424 с.
2. Walker D.H., Fishbein D.B. Epidemiology of rickettsial diseases. *Eur. J. Epidemiol.* 1991; 7(3):237–45. DOI: 10.1007/BF00145672.
3. Eremeeva M.E. Molecular epidemiology of rickettsial diseases in North America. *Ticks Tick Borne Dis.* 2012; 3(5-6):332–7. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2012.10.022.
4. Stewart A.G., Stewart A.G.A. An update on the laboratory diagnosis of *Rickettsia* spp. infection. *Pathogens.* 2021; 10(10):1319. DOI: 10.3390/pathogens10101319.

5. El Karkouri K., Ghigo E., Raoult D., Fournier P.-E. Genomic evolution and adaptation of arthropod-associated *Rickettsia*. *Sci. Rep.* 2022; 12(1):3807. DOI: 10.1038/s41598-022-07725-z.

6. Красиков А.П., Рудаков Н.В. Риккетсиозы, коксидиоз и анаплазмозы человека и животных. Омск: ИЦ «Омский научный вестник»; 2013. 280 с.

7. Никонов В.А. Патологоанатомические изменения при клещевом сыпном тифе. *Сборник научных трудов Красноярского медицинского института.* 1958; (5):143–4.

8. Блох А.И., Штрек С.В., Кумпан Л.В., Шпынов С.Н., Рудаков Н.В., Пенъевская Н.А. Tick-cast: прогнозирование заболеваемости с выраженной периодичностью. Свидетельство о государственной регистрации программы для ЭВМ РФ № RU/2022668539, опублик. 07.10.2022.

9. Савилов Е.Д., Астафьев В.А., Жданова С.Н., Заруднев Е.А. Эпидемиологический анализ: Методы статистической обработки материала. Новосибирск: Наука-Центр, 2011. 156 с.

10. Штрек С.В., Шпынов С.Н., Рудаков Н.В. Панель праймеров для молекулярно-генетического мониторинга риккетсий.

Свидетельство о государственной регистрации базы данных РФ № 2024621518, опублик. 08.04.2024.

11. Колпаков С.Л., Яковлев А.А. О методологии оценки эпидемиологической ситуации. *Эпидемиология и инфекционные болезни*. 2015; 20(4):34–9.

12. Рудаков Н.В., Самойленко И.Е., Штрек С.В., Рудакова С.А., Кумпан Л.В., Иголкина Я.П., Пар В.А., Жираковская Е.В., Ткачев С.Е., Тикунова Н.В., Кострыкина Т.В., Блохина И.А., Ленц П.А. Клинико-лабораторная характеристика клещевого риккетсиоза, связанного с микст-инфицированием *Rickettsia sibirica* и *Candidatus Rickettsia tarasevichiae*. *Инфекция и иммунитет*. 2021; 11(6):1173–8. DOI: 10.15789/2220-7619-CAL-1597.

13. Ellison D.W., Clark T.R., Sturdevant D.E., Virtaneva K., Porcella S.F., Hackstadt T. Genomic comparison of virulent *Rickettsia rickettsii* Sheila Smith and avirulent *Rickettsia rickettsii* Iowa. *Infect. Immun.* 2008; 76(2):542–50. DOI: 10.1128/IAI.00952-07.

## References

1. Rudakov N.V. [Rickettsiae and Rickettsioses: Guidelines for Physicians]. Omsk: “Omsk Scientific Bulletin”; 2016. 424 p.

2. Walker D.H., Fishbein D.B. Epidemiology of rickettsial diseases. *Eur. J. Epidemiol.* 1991; 7(3):237–45. DOI: 10.1007/BF00145672.

3. Ereemeeva M.E. Molecular epidemiology of rickettsial diseases in North America. *Ticks Tick Borne Dis.* 2012; 3(5-6):332–7. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2012.10.022.

4. Stewart A.G., Stewart A.G.A. An update on the laboratory diagnosis of *Rickettsia* spp. infection. *Pathogens*. 2021; 10(10):1319. DOI: 10.3390/pathogens10101319.

5. El Karkouri K., Ghigo E., Raoult D., Fournier P.-E. Genomic evolution and adaptation of arthropod-associated *Rickettsia*. *Sci. Rep.* 2022; 12(1):3807. DOI: 10.1038/s41598-022-07725-z.

6. Krasikov A.P., Rudakov N.V. [Rickettsioses, Coxiellosis, and Anaplasmoses in Humans and Animals]. Omsk: “Omsk Scientific Bulletin”; 2013. 280 p.

7. Nikonov V.A. [Pathological changes in case of tick-borne typhus]. *[Collection of Scientific Works of the Krasnoyarsk Medical Institute]*. 1958; (5):143–4.

8. Blokh A.I., Shtrek S.V., Kumpan L.V., Shpynov S.N., Rudakov N.V., Pen'evskaya N.A., [Tick-cast: forecasting morbidity with pronounced periodicity]. Certificate of state registration of a computer program RF No. 2022668539, publ. October 7, 2022.

9. Savilov E.D., Astafiev V.A., Zhdanova S.N., Zarudnev E.A. [Epidemiological Analysis: Methods of Statistical Data Processing]. Novosibirsk: “Nauka-Tsentr”, 2011. 156 p.

10. Shtrek S.V., Shpynov S.N., Rudakov N.V. [Primer panel for molecular-genetic monitoring of Rickettsia]. Certificate of state registration of a database RF No. 2024621518, publ. April 8, 2024.

11. Kolpakov S.L., Yakovlev A.A. [Methodology of assessing epidemiological situation]. *Epidemiologiya i Infektsionnye Bolezni [Epidemiology and Infectious Diseases]*. 2015; 20(4):34–9.

12. Rudakov N.V., Samoilenko I.E., Shtrek S.V., Rudakova S.A., Kumpan L.V., Igolkina Ya.P., Rar V.A., Zhirakovskaya E.V., Tkachev S.E., Tikunova N.V., Kostrykina T.V., Blokhina I.A., Lents P.A. [Clinical and laboratory characteristics of tick-borne rickettsiosis related to mixed infection with *Rickettsia sibirica* and *Candidatus Rickettsia tarasevichiae*]. *Infektsiya i Immunitet [Infection and Immunity]*. 2021; 11(6):1173–8. DOI: 10.15789/2220-7619-CAL-1597.

13. Ellison D.W., Clark T.R., Sturdevant D.E., Virtaneva K., Porcella S.F., Hackstadt T. Genomic comparison of virulent *Rickettsia rickettsii* Sheila Smith and avirulent *Rickettsia rickettsii* Iowa. *Infect. Immun.* 2008; 76(2):542–50. DOI: 10.1128/IAI.00952-07.

## Authors:

*Shtrek S.V., Rudakov N.V., Shpynov S.N., Blokh A.I., Pen'evskaya N.A., Sannikov A.V.* Omsk Research Institute of Natural-Focal Infections; 7, Mira Avenue, Omsk, 644080, Russian Federation; e-mail: mail@oniipi.org. Omsk State Medical University; Russian Federation, 12, Lenina St., Omsk, 644099, Russian Federation.

*Savel'ev D.A.* Omsk Research Institute of Natural-Focal Infections. 7, Mira Avenue, Omsk, 644080, Russian Federation. E-mail: mail@oniipi.org.

*Trankvilevsky D.V.* Federal Center of Hygiene and Epidemiology. Russian Federation, 19a, Varshavskoe Highway, Moscow, 117105, Russian Federation. E-mail: gsen@fcgie.ru.

*Irishkova I.E., Skudareva O.N.* Federal Service for Surveillance on Consumers Rights Protection and Human Wellbeing. 18, Bld. 5 and 7, Vadkovsky Lane, Moscow, 127994, Russian Federation.

## Об авторах:

*Штрек С.В., Рудаков Н.В., Шпынов С.Н., Блох А.И., Пен'евская Н.А., Санников А.В.* Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций; Российская Федерация, 644080, Омск, пр-т Мира, 7; e-mail: mail@oniipi.org. Омский государственный медицинский университет; Российская Федерация, 644099, Омск, ул. Ленина, 12.

*Савельев Д.А.* Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций. Российская Федерация, 644080, Омск, пр-т Мира, 7. E-mail: mail@oniipi.org.

*Транквилевский Д.В.* Федеральный центр гигиены и эпидемиологии. Российская Федерация, 117105, Москва, Варшавское шоссе, 19а. E-mail: gsen@fcgie.ru.

*Иришкова И.Е., Скударева О.Н.* Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека. Российская Федерация, 127994, Москва, Вадковский пер., 18, стр. 5 и 7.

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-54-60

УДК 595.421:579.25

К.А. Голидонова<sup>1</sup>, Э.И. Коренберг<sup>1</sup>, Ю.В. Ковалевский<sup>1</sup>, Н.Б. Горелова<sup>1</sup>, В.А. Матросова<sup>2</sup>

**Аллельные варианты локусов гена *p66* у изолятов от клещей *Ixodes persulcatus* и *I. trianguliceps* – переносчиков возбудителя иксодового клещевого боррелиоза *Borrelia bavariensis***

<sup>1</sup>ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Российская Федерация; <sup>2</sup>ФГБУН Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта РАН, Москва, Российская Федерация

**Цель** исследования – изучение генетической variability локусов гена *p66* изолятов *Borrelia bavariensis*, выделенных от имаго и нимф *Ixodes persulcatus*, а также от нимф *I. trianguliceps*. **Материалы и методы.** Исследованы 123 изолята *B. bavariensis* от нимф и имаго таежного клеща и от нимф *I. trianguliceps*, отловленных в 1993–2003 гг. в природном очаге иксодового клещевого боррелиоза (ИКБ) Пермского края. Нуклеотидные последовательности получены методом полимеразной цепной реакции с последующим секвенированием ампликонов локусов гена *p66*. Результаты проанализированы с использованием сервиса BLAST. Дендрограмма построена методом максимального правдоподобия в MEGA11 (bootstrap 1000 повторов). **Результаты и обсуждение.** Среди исследованных изолятов обнаружены 8 аллельных вариантов локусов гена *p66* *B. bavariensis*, 6 из которых – у имаго таежного клеща. Изоляты от нимф *I. trianguliceps* имеют практически сходный набор таких вариантов с изолятами от нимф и имаго *I. persulcatus*. У изолятов от нимф (70,0±7,2 %) и имаго (67,2±6,2 %) таежного клеща чаще встречались аллельные варианты № 1 и 2. Они также преобладали среди изолятов от нимф *I. trianguliceps* (76,0±17,4 %). В исследуемом природном очаге клещи *I. persulcatus* и *I. trianguliceps* поддерживают циркуляцию различных аллельных вариантов *B. bavariensis*, что подтверждается наличием у них соответствующих локусов гена *p66*. Варианты аллелей № 1 и 2 по гену *p66* идентичны обнаруженным ранее у изолятов *B. bavariensis* от людей с ИКБ (К. Golidonova et al., 2022). Значительное преобладание двух выявленных аллельных вариантов боррелий у клещей-переносчиков при циркуляции возбудителя в природном очаге объясняет наиболее частые заражения людей ИКБ именно этими вариантами.

**Ключевые слова:** *Borrelia bavariensis*, иксодовые клещи, ген *p66*, аллельные варианты.

Корреспондирующий автор: Голидонова Кристина Андреевна, e-mail: kristi.dekor@mail.ru.

Для цитирования: Голидонова К.А., Коренберг Э.И., Ковалевский Ю.В., Горелова Н.Б., Матросова В.А. Аллельные варианты локусов гена *p66* у изолятов от клещей *Ixodes persulcatus* и *I. trianguliceps* – переносчиков возбудителя иксодового клещевого боррелиоза *Borrelia bavariensis*. Проблемы особо опасных инфекций. 2025; 4:54–60. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-54-60

Поступила 28.07.2025. Отправлена на доработку 11.11.2025. Принята к публикации 17.11.2025.

К.А. Golidonova<sup>1</sup>, E.I. Korenberg<sup>1</sup>, Yu.V. Kovalevsky<sup>1</sup>, N.B. Gorelova<sup>1</sup>, V.A. Matrosova<sup>2</sup>

**Allelic Variants of the *p66* Gene Loci in Isolates from *Ixodes persulcatus* and *I. trianguliceps* Ticks, Vectors of the Causative Agent of Tick-Borne Borreliosis, *Borrelia bavariensis***

<sup>1</sup>National Research Center of Epidemiology and Microbiology named after Honorary Academician N.F. Gamaleya, Ministry of Health of the Russian Federation, Moscow, Russian Federation;

<sup>2</sup>Institute of Molecular Biology named after V.A. Engelhardt of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russian Federation

**Abstract.** The aim of the study was to investigate the genetic variability of *p66* gene loci in *Borrelia bavariensis* isolates obtained from adults and nymphs of *Ixodes persulcatus* ticks, as well as from nymphs of *I. trianguliceps*. **Materials and methods.** 123 isolates of *B. bavariensis* from nymphs and adults of taiga tick and from nymphs of *I. trianguliceps* collected in 1993–2003 in the natural focus of Ixodid tick-borne borreliosis (ITBB) of Perm Territory were studied. Nucleotide sequences were obtained using polymerase chain reaction followed by sequencing of *p66* gene loci amplicons. The results were analyzed applying BLAST service. The dendrogram was constructed using the maximum likelihood method in MEGA11 software (a bootstrap value of 1000 repeats). **Results and discussion.** Among the studied isolates, 8 allelic variants of *p66* gene loci of *B. bavariensis* were found, 6 of which were in the adult taiga ticks. Isolates from nymphs of *I. trianguliceps* have an almost similar set of such variants as isolates from nymphs and adults of *I. persulcatus*. In isolates from nymphs (70.0±7.2 %) and adults (67.2±6.2 %) of the taiga tick, allelic variants No. 1 and 2 were more frequent. They also prevailed among isolates from *I. trianguliceps* nymphs (76.0±17.4 %). In the studied natural focus, *I. persulcatus* and *I. trianguliceps* ticks maintain the circulation of various allelic variants of *Borrelia bavariensis*, which is confirmed by the presence of corresponding *p66* gene loci in them. Variants No. 1 and 2 are identical to those previously detected in isolates *B. bavariensis* from humans with ITBB (Golidonova et al., 2022). The significant prevalence of the two identified allelic variants of *Borrelia* in tick vectors during circulation of the pathogen in the natural focus explains the most frequent infections of population with ITBB by these variants.

**Key words:** *Borrelia bavariensis*, Ixodid ticks, *p66* gene, allelic variants.

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

**Funding:** The work was carried out within the framework of the state assignment of the Ministry of Health of the Russian Federation “Study of ecological and genetic factors of increased pathogenicity of Ixodidae tick-borne borreliosis agents as a basis for predicting their epidemic hazard in the development of laboratory diagnostic tools” (121030900383-2).

**Corresponding author:** Kristina A. Golidonova, e-mail: kristi.dekor@mail.ru.

**Citation:** Golidonova K.A., Korenberg E.I., Kovalevsky Yu.V., Gorelova N.B., Matrosova V.A. Allelic Variants of the *p66* Gene Loci in Isolates from *Ixodes persulcatus* and *I. trianguliceps* Ticks, Vectors of the Causative Agent of Tick-Borne Borreliosis, *Borrelia bavariensis*. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:54–60. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-54-60

Received 28.07.2025. Revised 11.11.2025. Accepted 17.11.2025.

Golidonova K.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4832-6248>

Korenberg E.I., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4452-4231>

Kovalevsky Yu.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1936-7868>

Matrosova V.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2325-8584>

Иксодовые клещевые боррелиозы (ИКБ) – группа спирохетозных природно-очаговых облигатно-трансмиссивных инфекций. Возбудители ИКБ – комплекс спирохет *Borrelia burgdorferi* sensu lato, включающий более 22 видов, семь из которых патогенны для человека [1]. В России наибольшее эпидемиологическое значение, наряду с *B. garinii* и *B. afzelii* [1, 2], имеет *B. bavariensis*, ранее известная как *B. garinii* генетической подгруппы NT29 и распространенная в природных очагах Евразии [3, 4]. Боррелии, вызывающие ИКБ, формируют сложные трехчленные паразитарные системы, неразрывно связанные с жизненными схемами циклов развития основных переносчиков – таежного (*Ixodes persulcatus* Schulze 1930) и европейского лесного (*I. ricinus* Linnaeus 1758) клещей, широко распространенных в Евразии [1]. Клещ *I. trianguliceps* Birula 1895 не нападает на человека, но вовлекается в циркуляцию возбудителей ИКБ и распространен в лесной зоне от Калининграда до Байкала [2].

Факторы патогенности *B. bavariensis*, как и других возбудителей ИКБ, – поверхностные белки мембраны бактерий. Инфекционный процесс «запускается» адгезией боррелий к клеткам млекопитающих. Для этого процесса большое значение имеет белок P66, контролируемый одноименным геном [1, 5, 6].

В Пермском крае, где выделены исследованные изоляты боррелий, заражения людей ИКБ, как правило, происходят в результате нападения голодного инфицированного имаго таежного клеща. Предимагинальные фазы клещей *I. persulcatus* и *I. trianguliceps* кормятся на мелких млекопитающих сходного набора видов, причем нередко особи клещей обоих видов паразитируют совместно на одном зверьке [2].

**Цель** исследования – изучение генетической вариабельности локусов гена *p66* изолятов *B. bavariensis*, выделенных от имаго и нимф *I. persulcatus*, а также от нимф *I. trianguliceps*.

### Материалы и методы

Исследованы 123 изолята *B. bavariensis* из музеев боррелий на базе Государственной коллекции микроорганизмов – возбудителей инфекционных болезней человека II–IV групп патогенности (Москва). Они получены в 1993–2003 гг. от нимф и имаго кле-

щей *I. persulcatus*, а также от нимф *I. trianguliceps* (табл. 1) в природном очаге ИКБ в горно-таежных лесах Чусовского района Пермского края (58.32° с.ш., 57.43° в.д.). В исследованной экосистеме также циркулируют *B. afzelii* и *B. garinii* [2]. Отлов нимф и имаго *I. persulcatus* проведен на флаг с наземной растительности [7]. Нимфы *I. trianguliceps* собраны с мелких млекопитающих, пойманных живоловками Шермана [2]. Определения видовой принадлежности клещей, посев на среду BSK-комплекса их внутренних органов для изоляции боррелий, культивирование посевов, а также выделение ДНК, проведение ПЦР, очистка ПЦР-продуктов, праймеры, фланкирующие locus гена *p66* размером 280 п.н., описаны ранее [2, 7, 8]. Ампликоны секвенированы в Центре коллективного пользования «Геном» (ИМБ РАН, Москва). Результаты проанализированы с использованием сервиса BLAST, программ Chromas, MEGA11 и Jalview. Дендрограмма построена в MEGA11 с помощью 3-параметровой эволюционной модели Тамуры методом максимального правдоподобия при величине bootstrap 1000 повторов. В базу данных NCBI GenBank депонированы 33 нуклеотидные последовательности (Н.П.) локуса гена *p66* изолятов от клещей двух видов (номера доступа OR183688 – OR183707, PP940149 – PP940161). Статистическая обработка данных выполнена для  $p=0,95$  в программе Microsoft Excel.

### Результаты и обсуждение

Проведен филогенетический анализ последовательностей локусов гена *p66* всех 123 изолятов *B. bavariensis* от *I. persulcatus* и *I. trianguliceps*. На построенной дендрограмме все исследуемые локусы группировались в 9 кластеров, каждый из которых представляют от 1 до 27 изолятов (рис. 1). В связи с большим объемом этой рабочей дендрограммы, рис. 1, подготовленный для наглядности, отражает ее сокращенный вариант, который включает Н.П., принадлежащие не более чем 3 изолятам из каждого обнаруженного кластера. Нуклеотидные последовательности локуса гена *p66* внутри кластеров были сходными на 99,6–100 %, а различия между кластерами достигали 2,9 %.

Нуклеотидные последовательности ряда изолятов от *I. persulcatus* (например, изоляты Ip-891 и др.,

Таблица 1 / Table 1

Количество исследованных изолятов от клещей двух видов  
и число выявленных среди них вариантов нуклеотидных последовательностей локусов гена *p66*

The number of studied isolates from ticks of two species  
and the number of variants of the nucleotide sequences of *p66* gene loci identified among them

| Вид и фаза развития клещей<br>Species and phase<br>of development of ticks | Исследовано изолятов<br>Isolates analyzed | Из них, число каждого с одним из 8 [9] выявленных вариантов Н.П. локусов гена <i>p66</i><br>Of these, the number of each with one of the 8 [9] identified variants<br>of the nucleotide sequences of <i>p66</i> gene loci |    |   |   |   |   |   |   |   |
|----------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|---|---|---|---|---|---|---|
|                                                                            |                                           | 1                                                                                                                                                                                                                         | 2  | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 |
| Нимфа / Nymph<br><i>I. persulcatus</i>                                     | 40                                        | 21                                                                                                                                                                                                                        | 7  | – | 2 | – | 1 | 4 | 3 | 2 |
| Имаго / Adult<br><i>I. persulcatus</i>                                     | 58                                        | 27                                                                                                                                                                                                                        | 12 | – | 6 | – | 4 | 7 | 2 | – |
| Нимфа / Nymph<br><i>I. trianguliceps</i>                                   | 25                                        | 8                                                                                                                                                                                                                         | 11 | – | 1 | 2 | – | 1 | 2 | – |

рис. 1) и нимф *I. trianguliceps* (Itn-2083 и др.) оказались на 99,5 % и более сходными с последовательностями локусов гена *p66* аллельного варианта № 1 (изоляты Hs-1 и Hs-10), который выявлен нами ранее у людей, больных ИКБ [8]. Последовательности другой части изолятов от клещей обоих этих видов (изоляты от Ip-1502 до Ip-1539, рис. 1) были на 99,6–100 % сходными с аллельным вариантом № 2 изолятов от больных (например, с Hs-6). Последовательность изолята Hs-139, полученного от пациента с ИКБ и принадлежащего единичному аллельному варианту № 3, у клещей не выявлена [8]. На дендрограмме (рис. 1) в вариант № 7 объединены три ветви, включающие изоляты от Cg-1205 до Ip-2951, а также Mo-665 и Cg-2691, поскольку их нуклеотидное сходство последовательностей гена *p66* составило 99,5–100 % [9]. Нуклеотидные последовательности локуса гена *p66* изолятов Cg-2692 и Sb-3174 отличались больше чем на 1,1 %, поэтому они разделяются на варианты № 9 и 12 соответственно [9]. Варианты аллелей с номерами 10, 11 и 12, обнаруженные у изолятов от мелких млекопитающих, у изолятов от иксодовых клещей двух видов не найдены. Таким образом, у исследованных членистоногих обнаружены 8 кластеров (рис. 1, табл. 1), которые можно считать четко выраженными аллельными вариантами (А.В.) локусов гена *p66* *B. bavariensis*. Порядковые номера этих аллелей соответствуют их номерам у обнаруженных ранее изолятов от людей с ИКБ и резервуарных хозяев боррелий [8, 9].

Последовательности локуса гена *p66* аллельных вариантов, выявленных у изолятов от клещей двух видов из Пермского края, оказались сходными на 99,6–100 % с последовательностями ряда изолятов, имеющимися в базе данных NCBI GenBank (табл. 2). Для сокращения объема этой таблицы из каждого региона приведены по 1 изоляту, но звездочкой отмечены те, для которых в базе данных GenBank имеется более одного изолята из данного региона с аналогичной нуклеотидной последовательностью локуса гена *p66*. В совокупности эти данные свидетельствуют о широком распространении в Евразии различных А.В. гена *p66* *B. bavariensis*, которые

выявлены нами у иксодовых клещей двух видов из Среднего Урала.

Выравнивание некоторых аминокислотных последовательностей от клещей, выбранных случайным образом и представляющих 8 аллельных вариантов, а также варианты 10–12 от мелких млекопитающих [9], позволило продемонстрировать их различия (рис. 2). Аминокислотные выражения изолятов А.В. № 1 от клещей, людей и мелких млекопитающих оказались тождественными. У изолятов варианта № 2 аминокислотные последовательности также оказались идентичными (из-за синонимичных нуклеотидных замен), хотя на дендрограмме (рис. 1) они образовывали две ветви. Среди прочих вариантов были идентифицированы различные аминокислотные замены. Примечательно, что изолят Sb-3174 характеризовался наличием вставки триплета, как было установлено ранее [9], что приводило к inserции дополнительной аминокислоты в полипептидную последовательность. Это позволяет подтвердить разделение исходного кластера на рис. 1 на отдельные варианты № 9 и 12. Выравнивание последовательностей фрагментов белка Р66 изолятов *B. bavariensis* от клещей, как и от больных людей и от мелких млекопитающих – резервуарных хозяев боррелий [8, 9], выявило идентичный гетерогенный участок (рис. 2, позиции А.П. с 45-й по 62-ю), состоящий из 31 аминокислоты, где значительная часть замен произошла со сменой полярности определенных аминокислот. Такие замены аминокислот могут влиять на структуру петли белка Р66 и, предположительно, на его функции, включая степень адгезивности боррелий к клеткам человека, что требует дальнейших специальных исследований.

У изолятов от нимф и имаго *I. persulcatus* имеется практически сходный набор аллельных вариантов. Наиболее часто у таких изолятов встречались А.В. № 1 и 2 (табл. 1): у нимф – (70,0±13,2) %, у имаго – (67,2±6,2) %. Отличия между приведенными показателями оказались недостоверными ( $t=0,87$ ;  $t<1,98$ ). Это показывает, что голодные взрослые таежные клещи получают разные варианты аллелей

гена *p66 B. bavariensis* при их трансфазовой передаче от инфицированных напивавшихся и успешно метаморфизировавших нимф, что подтверждают данные других исследователей [1, 2, 10]. Преобладание этих

двух аллельных вариантов *B. bavariensis* у инфицированных взрослых таежных клещей в природных очагах определяет их роль как этиологического агента заболеваний ИКБ на Среднем Урале [2].

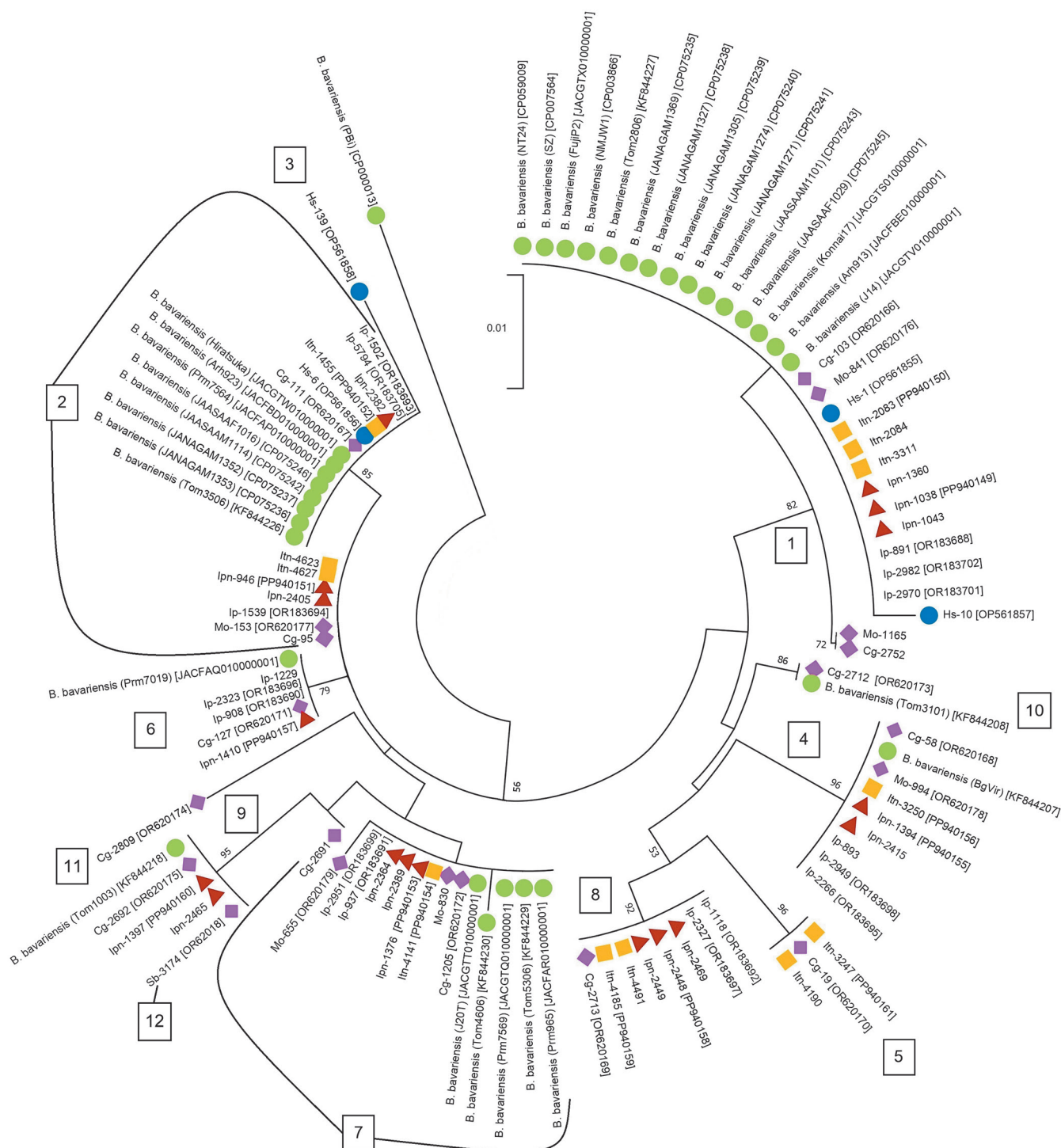


Рис. 1. Дендрогрaмма Н.П. локусов гена *p66 B. bavariensis* от голодных нимф (17 изолятов) и имаго *I. persulcatus* (16), от нимф *I. trianguliceps* (12). Изоляты от нимф таежного клеща обозначены красными треугольниками; от нимф *I. trianguliceps* – желтыми квадратами; 20 изолятов от мелких млекопитающих – фиолетовыми ромбами; 4 изолята от людей с ИКБ – синими кружками. Сходные с выявленными в данном исследовании Н.П. локусов гена *p66* у 33 штаммов *B. bavariensis*, обнаруженных в GenBank, отмечены зелеными кружками. В круглых скобках – наименование изолятов боррелий; в квадратных скобках – номера доступа в GenBank; в квадратах – порядковые номера А.Б.

Fig. 1. Dendrogram of nucleotide sequences of *p66 B. bavariensis* gene loci from unfed nymphs (17 isolates) and *I. persulcatus* imago (16), from *I. trianguliceps* nymphs (12). Isolates from nymphs of the taiga tick are marked with red triangles; from nymphs of *I. trianguliceps* – with yellow squares; 20 isolates from small mammals – with violet diamonds; 4 isolates from humans with ITBB – with blue circles. Similar to nucleotide sequences of *p66* gene loci identified in this study in 33 strains of *B. bavariensis*, found in GenBank, are marked with green circles. In parentheses – the name of *Borrelia* isolates; in square brackets – access numbers to GenBank; in squares – ordinal numbers of allelic variants

Таблица 2 / Table 2

Последовательности локусов гена *p66* *B. bavariensis* в базе NCBI GenBank (на 20.07.2025), сходные с выявленными нами на Среднем Урале (номера доступа – на рис. 1)

The sequences of *p66* gene loci of *B. bavariensis* in the NCBI GenBank (as of 20 July 2025), similar to those identified by us in the Middle Urals (access numbers – in Fig. 1)

| Номер А.В. исследованных изолятов боррелий по табл. 1 и рис. 1<br>No. of allelic variant of the studied <i>Borrelia</i> isolates according to table 1 and fig. 1 | Штаммы с аналогичными Н.П. из NCBI GenBank<br>Strains with similar nucleotide sequences in the NCBI GenBank |                                          |                                                                                                                 |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|                                                                                                                                                                  | Наименование<br>Name                                                                                        | Источник изоляции<br>Source of isolation | Страна, регион / Country, region                                                                                |
| 1                                                                                                                                                                | Arh913, Tom2806                                                                                             | <i>I. persulcatus</i>                    | Россия: Архангельская, Томская области<br>Russia: Arkhangelsk, Tomsk Regions                                    |
|                                                                                                                                                                  | NMJW1                                                                                                       |                                          | Китай / China                                                                                                   |
|                                                                                                                                                                  | NT24*, FujiP2, JAASAAF1029*, Konnai17                                                                       |                                          | Япония: Нагано, Сидзуока, Хоккайдо<br>Japan: Nagano, Shizuoka, Hokkaido                                         |
|                                                                                                                                                                  | SZ                                                                                                          | <i>Dermacentor</i> sp.                   | Китай / China                                                                                                   |
|                                                                                                                                                                  | J14                                                                                                         | Человек / Human                          | Япония: Хоккайдо / Japan: Hokkaido                                                                              |
| 2                                                                                                                                                                | Arh923, Prm7564, Tom3506                                                                                    | <i>I. persulcatus</i>                    | Россия: Архангельская и Томская области, Пермский край<br>Russia: Arkhangelsk and Tomsk Regions, Perm Territory |
|                                                                                                                                                                  | JANAGAM1352*, JAASAAF1016*                                                                                  |                                          | Япония: Нагано, Хоккайдо / Japan: Nagano, Hokkaido                                                              |
|                                                                                                                                                                  | Hiratsuka                                                                                                   | Человек / Human                          | Япония: Ниигата / Japan: Niigata                                                                                |
| 4                                                                                                                                                                | BgVir                                                                                                       | <i>I. persulcatus</i>                    | Россия: Томская область / Russia: Tomsk Region                                                                  |
| 6                                                                                                                                                                | Prm7019                                                                                                     | <i>I. persulcatus</i>                    | Россия: Пермский край / Russia: Perm Territory                                                                  |
| 7                                                                                                                                                                | Tom4606*, Prm965*                                                                                           | <i>I. persulcatus</i>                    | Россия: Пермский край, Томская область<br>Russia: Perm Territory, Tomsk Region                                  |
|                                                                                                                                                                  | J20T                                                                                                        | Человек / Human                          | Япония: Хоккайдо / Japan: Hokkaido                                                                              |
| 9                                                                                                                                                                | Tom1003                                                                                                     | <i>I. persulcatus</i>                    | Россия: Томская область / Russia: Tomsk Region                                                                  |

Примечание: \* изоляты, для которых в базе данных GenBank имеется более одного изолята из данного региона с аналогичной нуклеотидной последовательностью локуса гена *p66*.

Note: \* isolates for which there is one or more similar isolates from the given region with analogous nucleotide sequence of *p66* gene locus contained in NCBI GenBank.

Изоляты от нимф *I. trianguliceps* содержат сходный спектр аллельных вариантов с изолятами от имаго и нимф таежного клеща (рис. 1, табл. 1). Среди них преобладают (76,0±17,4 %) варианты № 1 и 2 последовательностей локусов гена *p66*, как и среди изолятов от нимф *I. persulcatus* (70,0±13,2 %), причем отличия между этими двумя показателями недостоверны ( $t=0,27$ ;  $t<2,0$ ). Приведенные данные свидетельствуют об участии предимагинальной фазы развития клеща *I. trianguliceps* в эпизоотическом процессе и поддержании генетической гетерогенности возбудителя ИКБ в паразитарной системе, основное значение которой имеют *I. persulcatus*, а также об отсутствии предпочтения аллельных вариантов *B. bavariensis* к одному из этих двух видов клещей.

Набор и соотношение А.В. локусов гена *p66* у изолятов от предимагинальных фаз клещей *I. persulcatus* и *I. trianguliceps* оказались практически идентичными таковым у изолятов от мелких млекопитающих [9]. Эти результаты показывают, что предимагинальные фазы клещей *I. persulcatus* и *I. trianguliceps*, имеющие сходный круг основных хозяев [2, 7], получают различные варианты аллелей *B. bavariensis* при раздельном или совместном пита-

нии на инфицированных зверьках-прокормителях. По нашим данным (табл. 1), подтверждающимся другими исследованиями [7, 10], *I. trianguliceps* не влияют на частоту и соотношение различных аллельных вариантов *B. bavariensis*. Нимфы *I. persulcatus* – ключевое звено вертикальной передачи и сохранения гетерогенности *B. bavariensis* (видимо, и других возбудителей ИКБ *B. burgdorferi* s.l.) голодным имаго основного переносчика этого вида. Незараженные нимфы таежного клеща, имеющие широкий круг прокормителей [7], могут получать боррелий от их зараженных резервуарных хозяев и передавать таким зверькам эти спирохеты. Поскольку трансвариальная передача маловероятна [10], голодные личинки основного переносчика заражаются при питании на мелких млекопитающих – носителях боррелий и могут передать их при метаморфозе нимфам. Таким образом, клещи *I. persulcatus* и *I. trianguliceps* сохраняют и поддерживают циркуляцию в природном очаге различных аллельных вариантов локусов гена *p66* *Borrelia bavariensis*, включая два аллеля, наиболее часто заражающие человека.

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

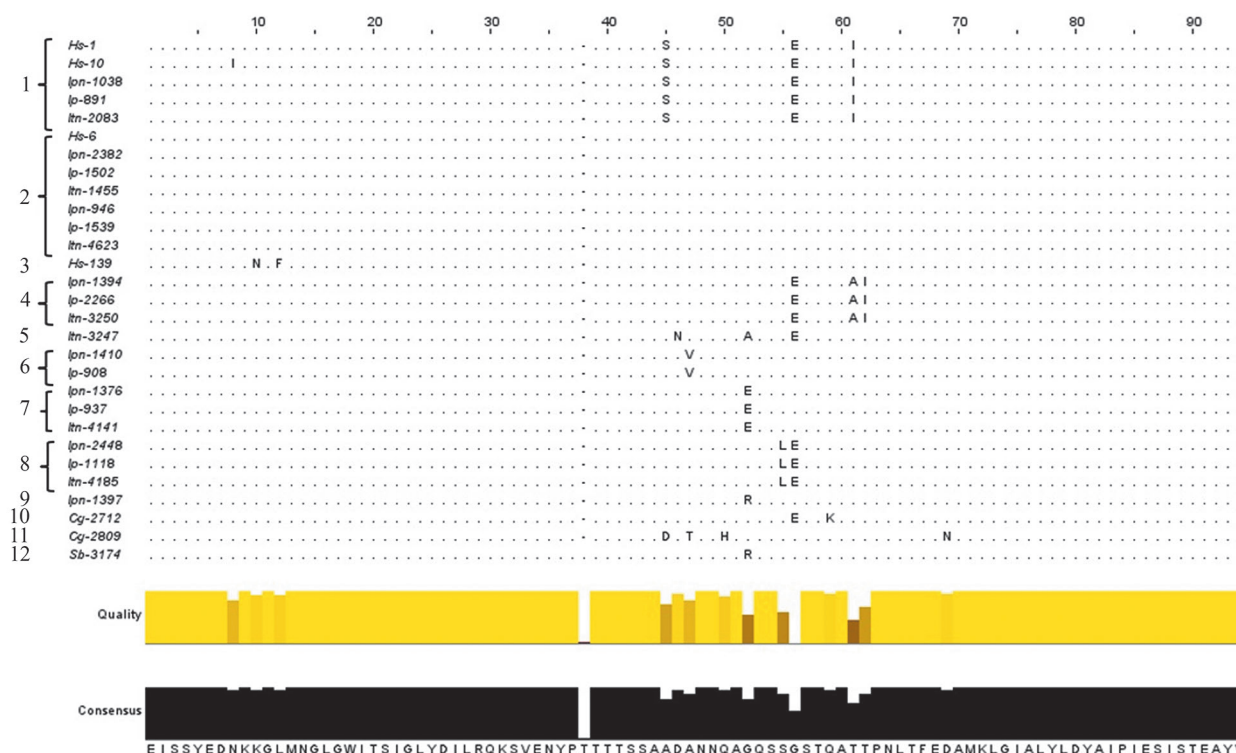


Рис. 2. Выравнивание аминокислотных последовательностей у выборочных изолятов от нимф (Ipn) и имаго (Ip) таежного клеща, от нимф клеща *I. trianguliceps* (Itn), которые представляют выявленные у клещей аллельные варианты *B. bavariensis*. На множественном выравнивании также представлены аминокислотные последовательности изолятов от людей с ИКБ (Hs) и от мелких млекопитающих (Cg и Sb), представляющие прочие варианты боррелий этого вида. Порядковые номера их A.B. приведены по вертикали перед номерами изолятов. Quality – качество выравнивания, Consensus – консенсусная последовательность

Fig. 2. Alignment of amino acid sequences in selected isolates from nymphs (Ipn) and adults (Ip) of the taiga tick, from nymphs of *I. trianguliceps* tick (Itn), which represent allelic variants of *B. bavariensis* identified in ticks. The amino acid sequences of isolates from humans with ITBB (Hs) and from small mammals (Cg and Sb), representing other variants of this *Borrelia* species, are also provided in multiple alignment. The sequence numbers of their allelic variants are given vertically before the isolate numbers. Quality – quality of the alignment, Consensus – consensus sequence

**Финансирование.** Работа выполнена в рамках государственного задания Минздрава России «Изучение эколого-генетических факторов повышенной патогенности возбудителей иксодовых клещевых боррелиозов как основа прогнозирования их эпидемической опасности в разработке средств лабораторной диагностики» (121030900383-2).

## Список литературы

1. Hunfeld K.-P., Gray J., editors. Lyme Borreliosis. Springer International Publishing; 2022. P. 1–30.
2. Korenberg E.I., Kovalevskii Y.V., Gorelova N.B., Nefedova V.V. Comparative analysis of the roles of *Ixodes persulcatus* and *I. trianguliceps* ticks in natural foci of ixodid tick-borne borrelioses in the Middle Urals, Russia. *Ticks Tick Borne Dis.* 2015; 6(3):316–21. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2015.02.004.
3. Рудакова С.А., Теслова О.Е., Муталинова Н.Е., Рудаков Н.В., Пенъевская Н.А., Кузьменко Ю.Ф., Транквилевский Д.В. Эпидемиологическая ситуация по иксодовым клещевым боррелиозам в Российской Федерации в 2010–2024 гг. и прогноз на 2025 г. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2025; (2):39–46. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-2-39-46.
4. Margos G., Fingerle V., Reynolds S. *Borrelia bavariensis*: vector switch, niche invasion, and geographical spread of a tick-borne bacterial parasite. *Front. Ecol. Evol.* 2019; 7:401. DOI: 10.3389/fevo.2019.00401.
5. Tan X., Castellanos M., Chaconas G. Choreography of Lyme disease spirochete adhesins to promote vascular escape. *Microbiol. Spectr.* 2023; 11(4):e0125423. DOI: 10.1128/spectrum.01254-23.
6. Kumar D., Ristow L.C., Shi M., Mukherjee P., Caine J.A., Lee W.Y., Kubes P., Coburn J., Chaconas G. Intravital imaging of vascu-

lar transmigration by the Lyme spirochete: requirement for the integrin binding residues of the *B. burgdorferi* P66 protein. *PLoS Pathog.* 2015; 11(12):e1005333. DOI: 10.1371/journal.ppat.1005333.

7. Ковалевский Ю.В., Коренберг Э.И., Горелова Н.Б. Многолетняя динамика эпизоотического процесса природных очагов иксодовых клещевых боррелиозов в горно-таежных лесах Среднего Урала. *Паразитология.* 2004; 38(2):105–21.

8. Golidonova K., Korenberg E., Krupinskaya E., Matrosova V., Gintsburg A. Allelic variants of *P66* gene in *Borrelia bavariensis* isolates from patients with ixodid tick-borne borreliosis. *Microorganisms.* 2022; 10(12):2509. DOI: 10.3390/microorganisms10122509.

9. Голитонова К.А., Коренберг Э.И., Ковалевский Ю.В., Горелова Н.Б., Матросова В.А. Аллельные варианты локусов гена *p66* у изолятов от мелких млекопитающих – резервуарных хозяев возбудителя иксодового клещевого боррелиоза *Borrelia bavariensis*, циркулирующего в природных очагах среднего Урала. *Бактериология.* 2025; 10(1):50–7. DOI: 10.20953/2500-1027-2025-1-50-57.

10. Григорьева Л.А., Митева О.А., Самойлова Е.П. Паразитарная система *Ixodes persulcatus* (Ixodinae) – *Borrelia garinii* – мелкие млекопитающие на северо-западе России. *Труды Зоологического института РАН.* 2024; 328(2):308–22. DOI: 10.31610/trudyzin/2024.328.2.308.

## References

1. Hunfeld K.-P., Gray J., editors. Lyme Borreliosis. Springer International Publishing; 2022. P. 1–30.
2. Korenberg E.I., Kovalevskii Y.V., Gorelova N.B., Nefedova V.V. Comparative analysis of the roles of *Ixodes persulcatus* and *I. trianguliceps* ticks in natural foci of ixodid tick-borne borrelioses in the Middle Urals, Russia. *Ticks Tick Borne Dis.* 2015; 6(3):316–21. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2015.02.004.
3. Rudakova S.A., Teslova O.E., Mutalino N.E., Rudakov N.V., Pen'evskaya N.A., Kuz'menko Yu.F., Trankvilevsky D.V.

[Review of the epidemiological situation on ixodidae tick-borne borrelioses in the Russian Federation in 2010–2024 and forecast for 2025]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; (2):39–46. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-2-39-46.

4. Margos G., Fingerle V., Reynolds S. *Borrelia bavariensis*: vector switch, niche invasion, and geographical spread of a tick-borne bacterial parasite. *Front. Ecol. Evol.* 2019; 7:401. DOI: 10.3389/fevo.2019.00401.

5. Tan X., Castellanos M., Chaconas G. Choreography of Lyme disease spirochete adhesins to promote vascular escape. *Microbiol. Spectr.* 2023; 11(4):e0125423. DOI: 10.1128/spectrum.01254-23.

6. Kumar D., Ristow L.C., Shi M., Mukherjee P., Caine J.A., Lee W.Y., Kubes P., Coburn J., Chaconas G. Intravital imaging of vascular transmigration by the Lyme spirochete: requirement for the integrin binding residues of the *B. burgdorferi* P66 protein. *PLoS Pathog.* 2015; 11(12):e1005333. DOI: 10.1371/journal.ppat.1005333.

7. Kovalevskii Yu.V., Korenberg E.I., Gorelova N.B. [Long-term dynamics of epizootic process in natural foci of Ixodidae tick-borne borrelioses in the mountain taiga forests of the middle Urals]. *Parazitologiya [Parasitology]* 2004; 38(2):105–21.

8. Golidonova K., Korenberg E., Krupinskaya E., Matrosova V., Gintsburg A. Allelic variants of *P66* gene in *Borrelia bavariensis* isolates from patients with ixodid tick-borne borreliosis. *Microorganisms*. 2022; 10(12):2509. DOI: 10.3390/microorganisms10122509.

9. Golidonova K.A., Korenberg E.I., Kovalevskii Yu.V., Gorelova N.B., Matrosova V.A. [Allelic variants of the *p66* gene loci in isolates from small mammals – reservoir hosts of the tick-borne

borreliosis agent *Borrelia bavariensis* circulating in natural foci of the middle Urals]. *Bakteriologiya [Bacteriology]*. 2025; 10(1):50–7. DOI: 10.20953/2500-1027-2025-1-50-57.

10. Grigor'eva L.A., Miteva O.A., Samoilova E.P. [Parasitic system *Ixodes persulcatus* (Ixodinae) – *Borrelia garinii* – small mammals in the northwest of Russia]. *Trudy Zoologicheskogo Instituta Rossiiskoi Akademii Nauk [Proceedings of the Zoological Institute of RAS]*. 2024; 328(2):308–22. DOI: 10.31610/trudyzin/2024.328.2.308.

#### Authors:

*Golidonova K.A., Korenberg E.I., Kovalevskiy Yu.V., Gorelova N.B.* National Research Center of Epidemiology and Microbiology named after Honorary Academician N.F. Gamaleya. 18, Gamaleya St., Moscow, 123098, Russian Federation. E-mail: info@gamaleya.org.

*Matrosova V.A.* Institute of Molecular Biology named after V.A. Engelhardt. 32, Vavilova St., Moscow, 119334, Russian Federation. E-mail: isinfo@eimb.ru.

#### Об авторах:

*Голидонова К.А., Коренберг Э.И., Ковалевский Ю.В., Горелова Н.Б.* Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф. Гамалеи. Российская Федерация, 123098, Москва, ул. Гамалеи, 18. E-mail: info@gamaleya.org.

*Матросова В.А.* Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта. Российская Федерация, 119334, Москва, ул. Вавилова, 32. E-mail: isinfo@eimb.ru.

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-61-67

УДК 578.833.28:616-07(470)

Е.А. Гусев, С.К. Удовиченко, Е.В. Путинцева, А.Ю. Колоскова, Л.А. Печенкина,  
Н.Г. Плеханова, А.В. Топорков

## Выявление серологических маркеров к вирусу Западного Нила в сыворотках крови лошадей, собранных на отдельных территориях европейской части России

ФКУЗ «Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт», Волгоград, Российская Федерация

**Цель** работы – выявить антитела к возбудителю лихорадки Западного Нила (ЛЗН) в собранных на отдельных территориях южного и центрального регионов европейской части России сыворотках крови лошадей. **Материалы и методы.** Конкурентным иммуноферментным методом исследовано на наличие суммарных антител к вирусу Западного Нила (ВЗН) 396 образцов сывороток крови лошадей из 7 субъектов Российской Федерации: республик Адыгея, Калмыкия, Мордовия, Калужской, Орловской, Оренбургской и Кировской областей. **Результаты и обсуждение.** Контакт с возбудителем ЛЗН подтвержден у лошадей на территории 4 субъектов России. Уровень иммунной прослойки к ВЗН в среднем составил 8,3 % (95 % ДИ: 4,4–12,3 %). Наиболее высокая частота встречаемости антител к возбудителю ЛЗН зарегистрирована в Республике Калмыкия (27,8 %; 95 % ДИ: 14,6–41,0 %), в том числе в г. Элисте (13,6 %; 95 % ДИ: 7,2–20,1 %), Ики-Бурульском и Целинном (по 48,0 %; 95 % ДИ: 25,2–70,8 %) районах. Удельный вес серопозитивных лошадей в Республике Калмыкия сопоставим по своим значениям с показателями, полученными в более ранних исследованиях на территории Волгоградской и Астраханской областей. В Кировской области доля положительных проб составила 2,0 % (95 % ДИ: 1,1–2,9 %), в Орловской области – 2,0 % (95 % ДИ: 1,1–3,0 %), Республике Мордовия – 8,0 % (95 % ДИ: 4,2–11,8 %). До 2024 г. в этих субъектах отсутствовали доказательства местной циркуляции ВЗН. Проведение серологического обследования лошадей важно для получения объективной оценки интенсивности течения и распространенности эпизоотического процесса ЛЗН в России.

**Ключевые слова:** лихорадка Западного Нила, вирус Западного Нила, лошади, выявление серологических маркеров, эпидемиологический надзор.

Корреспондирующий автор: Гусев Евгений Александрович, e-mail: info@vnipchi.rosпотреbnadzor.ru.

Для цитирования: Гусев Е.А., Удовиченко С.К., Путинцева Е.В., Колоскова А.Ю., Печенкина Л.А., Плеханова Н.Г., Топорков А.В. Выявление серологических маркеров к вирусу Западного Нила в сыворотках крови лошадей, собранных на отдельных территориях европейской части России. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 4:61–67. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-61-67

Поступила 13.08.2025. Отправлена на доработку 05.11.2025. Принята к публикации 27.11.2025.

E.A. Gusev, S.K. Udovichenko, E.V. Putintseva, A.Yu. Koloskova, L.A. Pechenkina,  
N.G. Plekhanova, A.V. Toporkov

## Detection of Serological Markers for West Nile Virus in Blood Sera of Horses, Collected in Selected Areas of the European Part of Russia

Volgograd Research Anti-Plague Institute, Volgograd, Russian Federation

**Abstract.** The aim of the work was to detect antibodies to the West Nile fever (WNV) agent in horse blood sera collected in selected areas of the southern and central regions of the European part of Russia. **Materials and methods.** A competitive enzyme immunoassay was used to test 396 horse blood sera samples from 7 constituent entities of the Russian Federation: the Republics of Adygea, Kalmykia, Mordovia, as well as Kaluga, Oryol, Orenburg and Kirov Regions for the presence of total antibodies to West Nile virus (WNV). **Results and discussion.** Contact with the WNV was confirmed in horses in 4 regions of Russia. The average immunity level to WNV was 8.3 % (95 % CI: 4.4–12.3). The highest frequency of antibodies to the WNV pathogen was registered in the Republic of Kalmykia (27.8 %; 95 % CI: 14.6–41.0), including the city of Elista (13.6 %; 95 % CI: 7.2–20.1), Iki-Burulsky and Tselinny districts (48.0 % each; 95 % CI: 25.2–70.8). The proportion of seropositive horses in the Republic of Kalmykia is comparable in its values with the indicators obtained in earlier studies in the Volgograd and Astrakhan Regions. In the Kirov Region, the proportion of positive samples was 2.0 % (95 % CI 1.1–2.9), in the Oryol Region – 2.0 % (95 % CI: 1.1–3.0), and in the Republic of Mordovia – 8.0 % (95 % CI: 4.2–11.8). Until 2024, there was no evidence of local circulation of WNV in these regions. Serological testing of horses is important for obtaining an objective assessment of the intensity and prevalence of the WNV epizootic process in Russia.

**Key words:** West Nile fever, West Nile virus, horses, identification of serological markers, epidemiological surveillance.

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

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

**Bioethics:** The study was approved by the Bioethics Committee of the Volgograd Research Anti-Plague Institute of the Роспотреbnadzor (Protocol No. 1 of January 14, 2024).

**Acknowledgements:** The authors express their sincere gratitude to the staff of the veterinary service and the Federal Budgetary Institution “Center of Hygiene and Epidemiology” in the constituent entities of the Russian Federation for their assistance.

Corresponding author: Evgeny A. Gusev, e-mail: info@vniipchi.rospotrebnadzor.ru.

Citation: Gusev E.A., Udovichenko S.K., Putintseva E.V., Koloskova A.Yu., Pechenkina L.A., Plekhanova N.G., Toporkov A.V. Detection of Serological Markers for West Nile Virus in Blood Sera of Horses, Collected in Selected Areas of the European Part of Russia. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:61–67. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-61-67

Received 13.08.2025. Revised 05.11.2025. Accepted 27.11.2025.

Gusev E.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9143-7907>

Udovichenko S.K., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8682-1536>

Putintseva E.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9368-6165>

Koloskova A.Yu., ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-4086-0327>

Pechenkina L.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9368-6165>

Plekhanova N.G., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2471-8776>

Toporkov A.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3449-4657>

Лихорадка Западного Нила (ЛЗН) в Российской Федерации в соответствии с требованиями нормативных документов (СанПиН 3.3686-21) отнесена к числу природно-очаговых инфекционных болезней, требующих проведения мероприятий эпидемиологического надзора. Известная область регистрации местных случаев ЛЗН включает южные и центральные регионы европейской части страны, юг Урала, Сибири и Дальнего Востока [1–4]. Вместе с тем имеются отдельные находки маркеров вируса Западного Нила (ВЗН) на территориях, находящихся севернее (республики Карелия, Коми), что не позволяет считать ареал ЛЗН окончательно установленным [3].

Учитывая вышеизложенное, представляется перспективным проведение научных исследований по уточнению области распространения этой инфекции в России. Основные направления поисковых исследований могут включать изучение зараженности носителей и переносчиков ВЗН, скрининговое обследование населения с целью выявления случаев заболевания и иммунной прослойки к возбудителю ЛЗН, а также проведение серологического мониторинга среди сельскохозяйственных животных [2, 3, 5–7]. Результаты последнего из направлений, несмотря на сложность процесса организации и лабораторного обеспечения исследований (необходимость привлечения специалистов ветеринарной службы для отбора образцов, наличие зарегистрированных диагностических тест-систем только импортного производства), потенциально имеют высокую информативность. Сельскохозяйственные животные в сезон возможной передачи ВЗН (апрель – октябрь) пребывают на открытых участках местности, в том числе расположенных вблизи водоемов, и подвергаются высокому риску контакта с кровососущими комарами – переносчиками возбудителя ЛЗН. В отличие от людей, у которых заражение ВЗН может произойти при посещении других природно-очаговых территорий, животные, как правило, привязаны к определенным местностям [5, 6]. Кроме того, в России, в отличие от ряда эндемичных по ЛЗН стран мира [7, 8], не внедрена программа вакцинации животных против этой инфекции. С учетом вышеизложенного наличие иммунной прослойки к возбудителю ЛЗН среди сельскохозяйственных животных следует рассматривать как объективное доказательство местной передачи ВЗН на изучаемой территории [5–7].

Лошади, крупный и мелкий рогатый скот и другие животные имеют различную восприимчивость к возбудителю ЛЗН, однако после контакта с ВЗН у них

регистрируют иммунный ответ [6, 9]. Основным индикаторным видом животных для определения активности циркуляции ВЗН на территории при осуществлении мероприятий эпидемиологического надзора являются лошади [5–10].

В рамках настоящего исследования организовано оценочное серологическое обследование лошадей из 7 субъектов России: республик Адыгея, Калмыкия, Мордовия, Калужской, Орловской, Оренбургской и Кировской областей. Мониторинг в субъектах Центральной России выполнен с целью подтверждения местной циркуляции ВЗН. Животные из южных субъектов России обследованы для получения актуальных данных о наличии активных очагов ЛЗН ввиду отсутствия таковых при плановом зоолого-эпидемиологическом обследовании, проводимом практическими учреждениями Роспотребнадзора.

**Цель работы** – выявить антитела к возбудителю ЛЗН в собранных на отдельных территориях южного и центрального регионов европейской части России сыворотках крови лошадей.

## Материалы и методы

Образцы крови животных в объеме 5 мл собраны специалистами ветеринарных служб вышеперечисленных субъектов в июне – августе 2024 г. от лошадей, содержащихся в частных хозяйствах и/или государственных предприятиях и находившихся на этих территориях с рождения. Возраст животных составлял от 1 года до 5 лет. Признаки инфекционного заболевания на момент взятия крови у животных отсутствовали. Всего получено 396 образцов.

Пробы доставляли в лабораторию в сумках-холодильниках при температуре 4 °С. Перед исследованием кровь центрифугировали при 5000 об/мин в течение 10 мин. Полученные сыворотки исследованы конкурентным иммуноферментным методом на наличие суммарных (IgM+IgG) антител к домену III белка E ВЗН с помощью диагностического препарата Ingezim West Nile Compac 10.WNV.K3 (Ingenasa, Испания) согласно инструкции по применению. Выбор указанного набора реагентов обусловлен его высокой диагностической чувствительностью (99,9 %) и специфичностью (96,0 %), превышающей аналогичные показатели другого официально зарегистрированного в России (на момент проведения исследования) диагностического препарата ID Screen West Nile Competition Multispecies (ID. Vet, Франция) [11]. Регистрацию полученных

данных осуществляли на анализаторе Multiskan FC (Thermo Fisher Scientific, США) с основным фильтром 450 нм. Дополнительные исследования сывороток на наличие антител класса IgM к ВЗН не проводились, поскольку материал получен от здоровых животных и, согласно литературным данным, в подобных скринингах наблюдалась низкая частота выявления маркеров острой фазы ЛЗН [12].

При статистической обработке данных рассчитан удельный вес положительных проб в каждой выборке, 95 % доверительные интервалы (ДИ) с применением средств табличного процессора Microsoft Excel 2016.

В работе использованы отчетные данные управлений Роспотребнадзора по субъектам Российской Федерации о результатах эпидемиологического надзора за ЛЗН, поступившие в Референс-центр по мониторингу за возбудителем ЛЗН (на базе ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора) за период с 2010 по 2024 г., материалы научных публикаций и интернет-ресурсов.

### Результаты и обсуждение

Обобщенные результаты исследования сывороток крови лошадей представлены в таблице. Исходя из приведенных данных, наличие иммунной прослойки к ВЗН у лошадей установлено в 4 из 7 обследованных субъектов. Наиболее высокая частота встречаемости антител к возбудителю ЛЗН ожидаемо зарегистрирована у животных на юге европейской части России – в Республике Калмыкия. Здесь маркеры иммунного ответа к ВЗН выявлены при обследовании животных в 3 из 4 административных территорий. Полученные результаты, подтверждающие интенсивный контакт лошадей с ВЗН и, следовательно, наличие активных очагов этой инфекции, не согласуются с данными об эпидемиологической и эпизоотологической ситуации по ЛЗН в субъекте. Всего за период 2010–2024 гг. в Республике Калмыкия зарегистрировано 5 случаев ЛЗН среди местных жителей (в 2010 и 2011 гг. – по 1 случаю, 2012 г. – 3), а зараженные ВЗН носители и переносчики не выявлялись практическими учреждениями Роспотребнадзора в 2020–2024 гг. Вероятно, объяснить данное противоречие можно только отсутствием эффективной системы эпидемиологического мониторинга.

Среди субъектов центрального региона европейской части России контакт с ВЗН установлен у лошадей в Республике Мордовия, Кировской и Орловской областях. Поскольку животные находились на указанных территориях с рождения, полученные данные подтверждают, что заражение ВЗН происходило в местных биотопах. До 2024 г. в этих субъектах отсутствовали доказательства циркуляции ВЗН, однако наличие очагов ЛЗН подтверждено на приграничных с ними территориях [3].

Единичные положительные находки в Центральной России с учетом малой выборки обследованных животных вполне закономерны, поскольку климатические условия на изучаемых территориях определяют умеренный и низкий риск заражения ВЗН.

Представляет интерес сравнение полученных нами результатов с данными серологического обследования лошадей на других территориях России. Сопоставимые с Республикой Калмыкия значения уровня иммунной прослойки к ВЗН зафиксированы в Астраханской области в 2002–2005 гг., где в среднем доля положительных результатов при исследовании сывороток крови лошадей составила 23,6 % [6] (современные сведения в этом субъекте отсутствуют), и Волгоградской области в 2019 г. (28,0 %) [13]. По величине иммунной прослойки у лошадей эти территории характеризуются сходной (высокой) активностью очагов ЛЗН. Из субъектов центральной части России в Курской области доля серопозитивных образцов в среднем составляла 9,9 % (2016–2024 гг.), в Саратовской области – 15,9 % (2012–2017 гг.) [5]. Различия в показателях иммунной прослойки на этих и обследованных нами территориях, по-видимому, могут быть связаны с различной активностью очагов ЛЗН и структурой обследуемой выборки животных.

При таком интенсивном контакте с возбудителем ЛЗН лошадей, особенно на юге России, очевидно, что у отдельных особей, учитывая их высокую восприимчивость к ВЗН, должны были наблюдаться клинические проявления заболевания. Согласно литературным данным, после инфицирования ВЗН признаки инфекционного заболевания появляются в среднем у 20 % лошадей, в том числе в 10 % случаев – симптомы поражения центральной нервной системы (атаксия, парезы и параличи одной или нескольких конечностей и т.д.) [14]. Около 30 % этих животных погибает или подвергается эвтаназии. В ходе отдельных вспышек ЛЗН летальность среди лошадей достигала более высоких показателей: 42 % в Италии (1998 г.) и максимально 57 % во Франции (2000 г.). Вместе с тем, согласно сведениям Информационно-аналитического центра Россельхознадзора, представленным в 2008–2024 гг., в России эпизоотии ЛЗН среди лошадей не зарегистрированы [15]. В научных публикациях единственное упоминание о клинически выраженных и лабораторно подтвержденных случаях ЛЗН среди лошадей относится к Астраханской области (2002 и 2003 гг.) [16]. Наиболее вероятно, что животные, имеющие неврологические или иные симптомы болезни, не подлежат обследованию на наличие маркеров ЛЗН даже на территориях России, характеризующихся наличием стойких очагов болезни.

Вместе с тем наблюдение за состоянием здоровья популяций высоковосприимчивых к ЛЗН животных и своевременное выявление эпизоотий имеют первостепенное значение для прогнозирования развития эпидемиологической ситуации и проведения профилактических мероприятий, поскольку эпизоо-

Результаты исследования сывороток крови лошадей на наличие суммарных (IgM+IgG) антител к ВЗН  
Results of the study of horse blood sera for the presence of total (IgM+IgG) antibodies to WNV

| №              | Субъект Российской Федерации,<br>административная территория<br>Entity of the Russian Federation,<br>administrative territory | Обследовано особей<br>The number<br>of the evaluated specimens | Количество<br>положительных проб<br>Number of positive samples | % положительных результатов<br>(95 % ДИ)<br>% of positive results (95 % CI) |
|----------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------|
| 1              | Республика Адыгея<br>Republic of Adygea                                                                                       | 50                                                             | 0                                                              | —                                                                           |
|                | Майкопский район<br>Maikop district                                                                                           | 20                                                             | 0                                                              | —                                                                           |
|                | г. Майкоп<br>Maikop City                                                                                                      | 30                                                             | 0                                                              | —                                                                           |
| 2              | Республика Калмыкия<br>Republic of Kalmykia                                                                                   | 97                                                             | 27                                                             | 27,8 (14,6–41,0)                                                            |
|                | г. Элиста<br>Elista city                                                                                                      | 22                                                             | 3                                                              | 13,6 (7,2–20,1)                                                             |
|                | Ики-Бурульский район<br>Iki-Burulsky district                                                                                 | 25                                                             | 12                                                             | 48,0 (25,2–70,8)                                                            |
|                | Целинный район<br>Tselinny district                                                                                           | 25                                                             | 12                                                             | 48,0 (25,2–70,8)                                                            |
|                | Яшкульский район<br>Yashkul district                                                                                          | 25                                                             | 0                                                              | —                                                                           |
| 3              | Республика Мордовия<br>Republic of Mordovia                                                                                   | 50                                                             | 4                                                              | 8,0 (4,2–11,8)                                                              |
|                | Ромодановский район<br>Romodanovsky district                                                                                  | 15                                                             | 4                                                              | 26,7 (4,4–49,0)                                                             |
|                | Ичкаловский район<br>Ichkalovsky district                                                                                     | 20                                                             | 0                                                              | —                                                                           |
|                | г. Саранск<br>Saransk                                                                                                         | 15                                                             | 0                                                              | —                                                                           |
| 4              | Калужская область<br>Kaluga Region                                                                                            | 50                                                             | 0                                                              | —                                                                           |
|                | Малоярославецкий район<br>Maloyaroslavetsky district                                                                          | 46                                                             | 0                                                              | —                                                                           |
|                | Жуковский район<br>Zhukovsky district                                                                                         | 4                                                              | 0                                                              | —                                                                           |
| 5              | Кировская область<br>Kirov Region                                                                                             | 50                                                             | 1                                                              | 2,0 (1,1–2,9)                                                               |
|                | Слободской район<br>Slobodskoy district                                                                                       | 14                                                             | 1                                                              | 7,1 (3,8–10,5)                                                              |
|                | Кировский городской округ<br>Kirov urban county                                                                               | 36                                                             | 0                                                              | —                                                                           |
| 6              | Оренбургская область<br>Orenburg Region                                                                                       | 50                                                             | 0                                                              | —                                                                           |
|                | Алексеевский район<br>Alekseevsky district                                                                                    | 50                                                             | 0                                                              | —                                                                           |
| 7              | Орловская область<br>Oryol Region                                                                                             | 49                                                             | 1                                                              | 2,0 (1,1–3,0)                                                               |
|                | Орловский муниципальный округ<br>Oryol municipal county                                                                       | 15                                                             | 0                                                              | —                                                                           |
|                | Урицкий район<br>Uritsky district                                                                                             | 34                                                             | 1                                                              | 2,9 (0–8,2)                                                                 |
| Всего<br>Total |                                                                                                                               | 396                                                            | 33                                                             | 8,3 (4,4–12,3)                                                              |

тический процесс ЛЗН предшествует (как правило, на 2–3 недели) эпидемическому [7]. Наблюдение за такими группами животных, как врановые, хищные виды птиц, лошади, является ключевым компонен-

том эпидемиологического надзора за ЛЗН в эндемичных странах (США, Канада, страны Европы) [7, 8].

В образцах сывороток крови лошадей, собранных на территории Республики Адыгея, Калужской

и Оренбургской областей, антитела к ВЗН не обнаружены.

Среди указанных субъектов наибольшие вопросы вызывает отсутствие положительных находок в Республике Адыгея. На этой территории присутствие ВЗН установлено еще в 1980-е гг. Существующие здесь ландшафтно-экологические условия и видовой спектр носителей и переносчиков ВЗН [17] обеспечивают поддержание местной циркуляции ВЗН вне зависимости от климатических особенностей конкретного года. Активное состояние очагов ЛЗН в 2024 г. подтверждает регистрация в республике случаев заболеваний населения (16 больных) [3]. Из общего числа заболевших ЛЗН в 2024 г. 37,5 % случаев отмечено среди животноводов. Очевидно, что при пребывании на территории природных и природно-антропоургических очагов ЛЗН заражению ВЗН подвергались не только люди, но и животные.

В Калужской и Оренбургской областях в сезон 2024 г. также доказана активность очагов ЛЗН с регистрацией случаев местного заражения ВЗН населения [3].

На результаты нашего исследования могли повлиять качество выборки животных и время сбора материала. Во-первых, нельзя исключить, что лошади, контактировавшие с ВЗН на изучаемой территории, не попали в выборку. Все обследуемые лошади являлись молодыми (до 5 лет). Данная возрастная группа, по литературным сведениям, характеризуется относительно невысокой частотой встречаемости антител к ВЗН (в 3–5 раз ниже по сравнению с животными от 11 лет и старше) [18, 19]. Во-вторых, наиболее высокий уровень иммунной прослойки у животных регистрируется по завершении сезона активной передачи ВЗН (осень) [18]. Однако выбор летнего периода обусловлен проведением нами на вышеперечисленных территориях комплексного рекогносцировочного мониторинга за ЛЗН, включавшего не только сбор материала от лошадей, но и отбор кровососущих комаров в сезон их высокой численности и активности и образцов крови людей, потенциально контактировавших с ВЗН во время максимального эпидемиологического риска. Необходимо в качестве возможной причины отсутствия положительных находок указать и серореверсию, то есть естественное снижение количества антител к ВЗН до уровня, не диагностируемого тест-системами. При обследовании лошадей на высокоэндемичной по ЛЗН территории (Испания) в динамике серореверсия достоверно подтверждена в 17,0 % случаев [18].

Принимая это во внимание, уровень иммунной прослойки к ВЗН у животных, наиболее вероятно, является показателем интенсивности их контакта с возбудителем ЛЗН в конкретный сезон. Соответственно, изучение данного показателя в динамике будет иметь важное значение для оценки активности очага ЛЗН.

Учитывая реальную и предполагаемую циркуляцию на территории России других флавиви-

русов, следует отдельно остановиться на вопросе специфичности выявленных антител к ВЗН. Ряд обследованных нами субъектов (Оренбургская и Кировская области) относятся к эндемичным по клещевому вирусному энцефалиту территориям. Согласно инструкции к используемой диагностической тест-системе, перекрестные реакции между антителами к вирусам Западного Нила и клещевого энцефалита не регистрировались, однако были возможны в отношении вирусов японского энцефалита и Усуту. Проведенные нами скрининговые исследования охватывали европейскую часть России и не включали субъекты, граничащие с эндемичными по японскому энцефалиту территориями, откуда может быть осуществлен занос вируса. Что касается вируса Усуту, то его циркуляция в Центральной, Южной и Западной Европе не вызывает сомнений [20]. Однако доказательства присутствия вируса Усуту в России до настоящего времени не получены [20], а нормативными документами (СанПиН 3.3686-21) вызываемая им инфекция не отнесена к числу эндемичных для России. При выборе метода обследования мы также руководствовались позицией Референс-лаборатории по диагностике болезней лошадей Европейского союза, согласно которой иммуноферментный метод может быть использован при проведении оценочных скрининговых обследований [11].

Подводя итог, необходимо отметить, что действующими нормативными и методическими документами Российской Федерации (СанПиН 3.3686-21, МУ 3.1/4.2.4069-24) слежение за состоянием популяции и заболеваемостью маркерных видов животных регламентировано как обязательный компонент системы эпидемиологического надзора за ЛЗН. Реальное проведение таких исследований позволит получить объективную оценку интенсивности течения и распространенности эпизоотического процесса ЛЗН в России, а также доказательства циркуляции ВЗН на ранее неэндемичных территориях.

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

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

**Биоэтика.** Исследование одобрено комитетом по биоэтике ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора (протокол от 14.01.2024 № 1).

**Благодарность.** Авторский коллектив выражает свою искреннюю благодарность за помощь в работе сотрудникам ветеринарной службы и ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии» в субъектах Российской Федерации.

#### Список литературы

1. Прислегина Д.А., Малецкая О.В., Таран Т.В., Василенко Н.Ф. Трансмиссивные комариные инфекции на юге России (2013–2022 гг.). *Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы.* 2024; 14(1):14–21. DOI: 10.18565/epidem.2024.14.1.14-21.

2. Якименко В.В., Рудакова С.А., Василенко А.Г. Лихорадка Западного Нила в Западной Сибири: информационное письмо. Омск: Омский научный вестник; 2020. 16 с.

3. Путинцева Е.В., Удовиченко С.К., Никитин Д.Н., Бородай Н.В., Колоскова А.Ю., Антонов А.С., Бондарева О.С., Топорков А.В. Лихорадка Западного Нила в Российской Федерации в 2024 г., прогноз на 2025 г. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; (1):84–95. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-1-84-95.

4. Vasilakis F.N., Kramer L.D., editors. History of Arbovirology: Memories from the Field. Volume II: Virus Family and Regional Perspectives, Molecular Biology and Pathogenesis. Springer; 2023. 535 p.

5. Казорина Е.В., Красовская Т.Ю., Казанцев А.В., Щербаклова С.А., Частов А.А., Кутырев В.В. Изучение иммунной прослойки сельскохозяйственных животных к вирусу Западного Нила на территории Саратовской области. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2020; (1):97–102. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-1-97-102.

6. Львов Д.Н., Шелканов М.Ю., Джаркенев А.Ф., Галкина И.В., Колобухина Л.В., Аристова В.А., Альховский С.В., Прилипов А.Г., Самохвалов Е.И., Дерябин П.Г., Воронина А.Г., Васильев А.В., Безжоннова О.В., Львов Д.К. Популяционные взаимодействия вируса Западного Нила (Flaviviridae, Flavivirus) с членистоногими переносчиками, позвоночными животными, людьми в среднем и нижнем поясах дельты Волги, 2001–2006 гг. *Вопросы вирусологии*. 2009; 54(2):36–43.

7. Surveillance, prevention and control of West Nile virus and Usutu virus infections in the EU/EEA. Technical report. [Электронный ресурс]. URL: [https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/Surveillance\\_prevention\\_and\\_control\\_of\\_WNV\\_and\\_Usutu\\_virus\\_infections\\_in\\_the\\_EU-EEA.pdf](https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/Surveillance_prevention_and_control_of_WNV_and_Usutu_virus_infections_in_the_EU-EEA.pdf) (дата обращения 04.08.2025).

8. Guidelines for West Nile Virus Surveillance and Control. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.cdc.gov/west-nile-virus/php/surveillance-and-control-guidelines/index.html> (дата обращения 01.07.2025).

9. Angenvoort J., Brault A.C., Bowen R.A., Groschup M.H. West Nile viral infection of equids. *Vet. Microbiol.* 2013; 167(1-2): 168–80. DOI: 10.1016/j.vetmic.2013.08.013.

10. Olufemi O.T., Barba M., Daly J.M. A scoping review of West Nile virus seroprevalence studies among African equids. *Pathogens*. 2021; 10(7):899. DOI: 10.3390/pathogens10070899.

11. EU Reference Laboratory For equine diseases. Co-circulation of flaviviruses and vaccination within Europe. Evaluation of serological diagnostic tools in horses. [Электронный ресурс]. URL: <https://sitesv2.anses.fr/en/system/files/Cocirculation%20flavivirus%20and%20vaccination%20Europe.pdf> (дата обращения 07.08.2025).

12. Abad-Cobo A., Llorente F., Barbero M.D.C., Cruz-López F., Forés P., Jiménez-Clavero M.A. Serosurvey reveals exposure to West Nile virus in asymptomatic horse populations in Central Spain prior to recent disease foci. *Transbound. Emerg. Dis.* 2017; 64(5):1387–92. DOI: 10.1111/tbed.12510.

13. Негоденко А.О., Молчанова Е.В., Прилепская Д.Р., Коновалов П.Ш., Павлюкова О.А., Скрынникова Е.А., Карунина И.В., Фомина В.К., Бородай Н.В., Лучинин Д.Н. Анализ результатов мониторинга арбовирусных инфекций на территории Волгоградской области в 2019 г. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2021; 20(1):51–9. DOI: 10.31631/2073-3046-2021-20-1-51-59.

14. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Factsheet about West Nile virus infection. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.ecdc.europa.eu/en/west-nile-fever/facts> (дата обращения 07.08.2025).

15. Сообщения Информационно-аналитического центра Россельхознадзора. [Электронный ресурс]. URL: [https://fsvps.gov.ru/jepizooticheskajasituacija/iac/?iac\\_numb=&iac\\_year=2024&iac\\_sort=date\\_begin&iac\\_order=ASC](https://fsvps.gov.ru/jepizooticheskajasituacija/iac/?iac_numb=&iac_year=2024&iac_sort=date_begin&iac_order=ASC) (дата обращения 07.08.2025).

16. Онищенко Г.Г., редактор. Сборник материалов по вспышке лихорадки Западного Нила в Российской Федерации в 2010 году. Волгоград: Волга-Паблицер; 2011. 244 с.

17. Пиликова О.М., Дерлято С.К., Белова М.В., Гальцева Г.В., Классовская А.Е., Малай В.И. Арбовирусы и арбовирусные инфекции на территории Краснодарского края и Республики Адыгея. *Инфекция и иммунитет*. 2012; 2(1-2):179–80.

18. Magallanes S., Llorente F., Ruiz-López M.J., Martínez-de la Puente J., Soriguer R., Calderon J., Jimenez-Clavero M.A., Aguilera-Sepúlveda P., Figuerola J. Long-term serological surveillance for West Nile and Usutu virus in horses in south-West Spain. *One Health*. 2023; 17:100578. DOI: 10.1016/j.onehlt.2023.100578.

19. Gothe L.M.R., Ganzenberg S., Ziegler U., Obiegala A., Lohmann K.L., Sieg M., Vahlenkamp T.W., Groschup M.H., Hörügel U., Pfeffer M. Horses as sentinels for the circulation of flaviviruses in Eastern-Central Germany. *Viruses*. 2023; 15(5):1108. DOI: 10.3390/v15051108.

20. Найденова Е.В., Захаров К.С., Блинова К.Д., Швиденко И.Г., Бойко А.В., Щербаклова С.А. Вирус Усуту (Flaviviridae, Orthoflavivirus). Потенциальная опасность и возможность рас-

пространения на территории Российской Федерации. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2023; (3):22–32. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-3-22-32.

## References

1. Prislegina D.A., Maletskaya O.V., Taran T.V., Vasilenko N.F. [Vector-borne mosquito infections in the south of Russia (2013–2022)]. *Epidemiologiya i Infektsionnye Bolezni Aktual'nye Voprosy [Epidemiology and Infectious Diseases. Current Items]*. 2024; 14(1):14–21. DOI: 10.18565/epidem.2024.14.1.14-21.

2. Yakimenko V.V., Rudakova S.A., Vasilenko A.G. [West Nile Fever in Western Siberia: Information Letter]. Omsk: “Omsk Scientific Bulletin”; 2020. 16 p.

3. Putintseva E.V., Uдовиченко S.K., Nikitin D.N., Boroday N.V., Koloskova A.Yu., Antonov A.S., Bondareva O.S., Toporkov A.V. [West Nile fever in the Russian Federation in 2024, forecast for 2025]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; (1):84–95. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-1-84-95.

4. Vasilakis F.N., Kramer L.D., editors. History of Arbovirology: Memories from the Field. Volume II: Virus Family and Regional Perspectives, Molecular Biology and Pathogenesis. Springer; 2023. 535 p.

5. Kazorina E.V., Krasovskaya T.Yu., Kazantsev A.V., Shcherbakova S.A., Chastov A.A., Kutyrev V.V. [Investigation of live-stock animals seroprevalence to West Nile virus in the territory of the Saratov Region]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2020; (1):97–102. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-1-97-102.

6. Lvov D.N., Shchelkanov M.Yu., Dzharckenov A.F., Galkina I.V., Kolobukhina L.V., Aristova V.A., Alkhovsky S.V., Prilipov A.G., Samokhvalov E.I., Deryabin P.G., Voronina A.G., Vasiliev A.V., Bezzhonova O.V., Lvov D.K. [Population interactions of West Nile virus (Flaviviridae, Flavivirus) with arthropod vectors, vertebrates, and humans in the middle and lower belts of the Volga Delta, 2001–2006]. *Voprosy Virusologii [Problems of Virology]*. 2009; 54(2):36–43.

7. Surveillance, prevention and control of West Nile virus and Usutu virus infections in the EU/EEA. Technical report. [Internet]. (Cited 04 Aug 2025). Available from: [https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/Surveillance\\_prevention\\_and\\_control\\_of\\_WNV\\_and\\_Usutu\\_virus\\_infections\\_in\\_the\\_EU-EEA.pdf](https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/Surveillance_prevention_and_control_of_WNV_and_Usutu_virus_infections_in_the_EU-EEA.pdf).

8. Guidelines for West Nile Virus Surveillance and Control. [Internet]. (Cited 01 Jul 2025). Available from: <https://www.cdc.gov/west-nile-virus/php/surveillance-and-control-guidelines/index.html>.

9. Angenvoort J., Brault A.C., Bowen R.A., Groschup M.H. West Nile viral infection of equids. *Vet. Microbiol.* 2013; 167(1-2): 168–80. DOI: 10.1016/j.vetmic.2013.08.013.

10. Olufemi O.T., Barba M., Daly J.M. A scoping review of West Nile virus seroprevalence studies among African equids. *Pathogens*. 2021; 10(7):899. DOI: 10.3390/pathogens10070899.

11. EU Reference Laboratory For equine diseases. Co-circulation of flaviviruses and vaccination within Europe. Evaluation of serological diagnostic tools in horses [Internet]. (Cited 08 Aug 2025). Available from: <https://sitesv2.anses.fr/en/system/files/Cocirculation%20flavivirus%20and%20vaccination%20Europe.pdf>.

12. Abad-Cobo A., Llorente F., Barbero M.D.C., Cruz-López F., Forés P., Jiménez-Clavero M.A. Serosurvey reveals exposure to West Nile virus in asymptomatic horse populations in Central Spain prior to recent disease foci. *Transbound. Emerg. Dis.* 2017; 64(5):1387–92. DOI: 10.1111/tbed.12510.

13. Negodenko A.O., Molchanova E.V., Prilepskaya D.R., Kononov P.Sh., Pavlyukova O.A., Skrynnikova E.A., Karunina I.V., Fomina V.K., Borodai N.V., Luchinin D.N. [Analysis of the results of monitoring arbovirus infections in the Volgograd region in 2019]. *Epidemiologiya i Vaksino profilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2021; 20(1):51–9. DOI: 10.31631/2073-3046-2021-20-1-51-59.

14. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Factsheet about West Nile virus infection. [Internet]. (Cited 08 Aug 2025). Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/en/west-nile-fever/facts>.

15. Messages of the Information and Analytical Center of the Rosselkhoz nadzor. [Internet]. (Cited 08 Aug 2025). Available from: [https://fsvps.gov.ru/jepizooticheskajasituacija/iac/?iac\\_numb=&iac\\_year=2024&iac\\_sort=date\\_begin&iac\\_order=ASC](https://fsvps.gov.ru/jepizooticheskajasituacija/iac/?iac_numb=&iac_year=2024&iac_sort=date_begin&iac_order=ASC).

16. Onishchenko G.G., editor. [Collection of materials on the West Nile fever outbreak in the Russian Federation in 2010]. Volgograd: “VolgaPublisher”; 2011. 244 p.

17. Pilikova O.M., Derlyatko S.K., Belova M.V., Galtseva G.V., Klassovskaya A.E., Malay V.I. [Arboviruses and arbovirus infections in the territory of Krasnodar region and the Republic of Adygea]. *Infektsiya i Immunitet [Russian Journal of Infection and Immunity]*. 2012; 2(1-2):179–80.

18. Magallanes S., Llorente F., Ruiz-López M.J., Martínez-de la Puente J., Soriguer R., Calderon J., Jimenez-Clavero M.A.,

Aguilera-Sepúlveda P., Figuerola J. Long-term serological surveillance for West Nile and Usutu virus in horses in south-West Spain. *One Health*. 2023; 17:100578. DOI: 10.1016/j.onehlt.2023.100578.

19. Gothe L.M.R., Ganzenberg S., Ziegler U., Obiegala A., Lohmann K.L., Sieg M., Vahlenkamp T.W., Groschup M.H., Hörügel U., Pfeffer M. Horses as sentinels for the circulation of flaviviruses in Eastern-Central Germany. *Viruses*. 2023; 15(5):1108. DOI: 10.3390/v15051108.

20. Naidenova E.V., Zakharov K.S., Blinova K.D., Shvidenko I.G., Boiko A.V., Shcherbakova S.A. [Usutu virus (*Flaviviridae*, *Orthoflavivirus*). Potential hazard and a possibility of spread on the territory of the Russian Federation]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2023; (3):22–32. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-3-22-32.

**Authors:**

Gusev E.A., Udovichenko S.K., Putintseva E.V., Koloskova A.Yu., Pechenkina L.A., Plekhanova N.G., Toporkov A.V. Volgograd Research Anti-Plague Institute. 7, Golubinskaya St., Volgograd, 400131, Russian Federation. E-mail: info@vnipchi.rospotrebnadzor.ru.

**Об авторах:**

Гусев Е.А., Удовиченко С.К., Путинцева Е.В., Колоскова А.Ю., Печенкина Л.А., Плеханова Н.Г., Топорков А.В. Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт. Российская Федерация, 400131, Волгоград, ул. Голубинская, 7. E-mail: info@vnipchi.rospotrebnadzor.ru.

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-68-74

УДК 616.98:579.841.95(470.63)

А.А. Зайцев, О.А. Белова, О.А. Гнусарева, Д.С. Агапитов, В.В. Остапович, Ю.М. Тохов

### Совершенствование эпизоотологического мониторинга в природном очаге туляремии степного типа в Ставропольском крае

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

Эффективность профилактики туляремии у людей зависит от своевременного выделения культур возбудителя в природных очагах. **Цель** исследования – повышение результативности выделения культур *Francisella tularensis* при эпизоотологическом мониторинге в природном очаге туляремии степного типа путем учета зависимости инфицированности носителей, переносчиков и объектов окружающей среды от степени активности эпизоотий и сезона обследования. **Материалы и методы.** Эпизоотологическое обследование проведено на территории Ставропольского края в период 2003–2018 гг. Исследовано на туляремию 5692 мелких млекопитающих, 865 проб погадок птиц и помета хищных млекопитающих, 71 387 имаго иксодовых клещей, 94 пробы воды из местных водопроводов и 93 пробы полевого материала из прочих объектов окружающей среды. **Результаты и обсуждение.** Культуры *F. tularensis* выделены от иксодовых клещей, собранных весной (88,2 %) и летом (12,8 %), от мелких млекопитающих – преимущественно осенью и зимой (по 43,7 % соответственно), из объектов окружающей среды – зимой. Все изоляты идентифицированы как *F. tularensis holarctica*, *biovar II*. Во время разлитых эпизоотий зимой в I квартале 2017 г. изолировано 23 штамма *F. tularensis*. Инфицированность среди мелких млекопитающих составила 5,7 % особей, для проб воды местных водопроводов – 28,8 % и проб сена, фуража – 16,6 %. В период локальных эпизоотий выделен 31 штамм *F. tularensis*. Инфицированность мелких млекопитающих составила 0,14 % особей, проб воды местных водопроводов – 11,9 % и иксодовых клещей – 0,024 % экземпляров. В природном очаге туляремии степного типа в осенне-зимний период возрастает интенсивность эпизоотий, и для выделения культур *F. tularensis* наиболее эффективно исследование мелких млекопитающих и объектов окружающей среды. В весенне-летний период, когда эпизоотии не проявляются, обязательному изучению подлежат имаго иксодовых клещей.

**Ключевые слова:** туляремия, лабораторная диагностика, иксодовые клещи, мелкие млекопитающие, природный очаг, эпизоотия.

Корреспондирующий автор: Зайцев Александр Алексеевич, e-mail: stavnipchi@mail.ru.

Для цитирования: Зайцев А.А., Белова О.А., Гнусарева О.А., Агапитов Д.С., Остапович В.В., Тохов Ю.М. Совершенствование эпизоотологического мониторинга в природном очаге туляремии степного типа в Ставропольском крае. Проблемы особо опасных инфекций. 2025; 4:68–74. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-68-74

Поступила 23.04.2024. Отправлена на доработку 18.05.2024. Принята к публикации 14.05.2025.

A.A. Zaitsev, O.A. Belova, O.A. Gnusareva, D.S. Agapitov, V.V. Ostapovich, Yu.M. Tokhov

### Improvement of Epizootiological Monitoring in the Natural Tularemia Focus of Steppe Type in the Stavropol Territory

Stavropol Research Anti-Plague Institute, Stavropol, Russian Federation

**Abstract.** The effectiveness of tularemia prevention in humans depends on the timely detection of pathogen cultures in natural foci. **The aim** of the study was to increase the efficiency of isolating *Francisella tularensis* cultures during epizootiological monitoring in natural foci of steppe type through taking into account the dependence of the infection rate of carriers, vectors and environmental objects on the degree of epizootic activity and the survey season. **Materials and methods.** An epizootiological survey was conducted in the Stavropol Territory in the period of 2003–2018. A total of 5,692 small mammals, 865 bird pellets and droppings of predatory mammals, 71,387 adult Ixodidae ticks, 94 water samples from local water supplies and 93 field samples from other environmental objects were tested for tularemia. **Results and discussion.** *F. tularensis* cultures were isolated from Ixodidae ticks collected in spring (88.2 %) and summer (12.8 %), from small mammals – mainly in autumn and winter (43.7 % each, respectively), from environmental objects – in winter. All isolates were identified as *F. tularensis holarctica*, *biovar II*. During diffuse epizootics in winter in the first quarter of 2017, 23 strains of *F. tularensis* were isolated. Infection rate among small mammals was 5.7 % of specimens, for water samples from local water supplies – 28.8 %, and for hay and forage samples – 16.6 %. During local epizootics, 31 strains of *F. tularensis* were isolated. Infection of small mammals was 0.14 %, water samples from local water supplies – 11.9 %, and Ixodidae ticks – 0.024 % of specimens. In the natural steppe tularemia focus, the intensity of epizootics increases in the autumn-winter period, and the most effective way to isolate *F. tularensis* cultures is to study small mammals and environmental objects. In the spring-summer period, when epizootics do not occur, adult Ixodidae ticks must be studied.

**Key words:** tularemia, laboratory diagnostics, Ixodidae ticks, small mammals, natural focus, epizooty.

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

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

**Bioethics:** All stages of the study complied with the Russian legislation, international ethical standards, and institutional regulations.

Corresponding author: Aleksandr A. Zaitsev, e-mail: stavnipchi@mail.ru.

Citation: Zaitsev A.A., Belova O.A., Gnusareva O.A., Agapitov D.S., Ostapovich V.V., Tokhov Yu.M. Improvement of Epizootiological Monitoring in the Natural Tularemia Focus of Steppe Type in the Stavropol Territory. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2025; 4:68–74. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-68-74

Received 23.04.2024. Revised 18.05.2024. Accepted 14.05.2025.

Zaitsev A.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2516-4813>

Belova O.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3624-7913>

Gnusareva O.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9044-1808>

Agapitov D.S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4405-7530>

Ostapovich V.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4934-4813>

Tokhov Yu.M., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0562-6040>

Эпизоотические и эпидемические проявления туляремии регистрируют в разных странах Северной Америки [1, 2], Европы [2–6], Азии [7] и в Австралии [8].

Природные очаги туляремии степного типа на территории Российской Федерации характеризуются своей стойкостью и способностью при формировании благоприятных условий накапливать инфекционный материал, тем самым создавая потенциальную угрозу для населения в эндемичных районах [1, 9–20].

В последние годы нередко активизацию природных очагов выявляли лишь после регистрации случаев туляремии у людей [1, 2, 10, 12, 13]. Поэтому имеются основания к совершенствованию тактики исследований на туляремию при эпизоотологическом мониторинге, необходимые для своевременного выявления эпизоотий и проведения профилактических мероприятий.

Многочисленными исследованиями показано, что резервуаром и переносчиком возбудителя туляремии в очаге степного типа часто служат иксодовые клещи, а изоляция возбудителя туляремии от них очень важна в период локальных эпизоотий [11–13, 21–23].

Для повышения эффективности изоляции культур *Francisella tularensis* при эпизоотологическом обследовании актуальной задачей остается определение необходимого количества проб полевого материала (иксодовые клещи, мелкие млекопитающие и объекты окружающей среды), подлежащего исследованию в разные сезоны года и при различной степени активности очага.

**Цель** исследования – повышение результативности выделения культур *F. tularensis* при эпизоотологическом мониторинге в природном очаге туляремии степного типа с учетом зависимости инфицированности носителей, переносчиков и объектов окружающей среды от степени активности эпизоотий и сезона обследования.

### Материалы и методы

В работе использованы данные о зараженности полевого материала (иксодовые клещи, мелкие млекопитающие и объекты окружающей среды), полученные специалистами ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора в период с 2003 по 2018 г. в ходе многолетнего мониторинга природного очага туляремии на территории Ставропольского края. Отлов проводился в соответ-

ствии с действующими методическими указаниями МУ 3.1.1029-01 «Отлов, учет и прогноз численности мелких млекопитающих и птиц в природных очагах инфекций». Все стадии исследования соответствовали законодательству РФ, международным этическим нормам и нормативным документам учреждения.

В этот период собрано и исследовано 5692 особи мелких млекопитающих (*Microtus arvalis*, *M. socialis*, *Mus musculus*, *Apodemus agrarius*, *Cricetulus suaveolens*, *Sylviaemus uralensis*, *Lepus europaeus*, *Erinaceus roumanicus* и др.), 865 проб погадок хищных птиц и помета хищных млекопитающих, 71 387 имаго иксодовых клещей (*Dermacentor marginatus*, *D. reticulatus*, *Rhipicephalus rossicus*, *Hyalomma marginatum*, *Ixodes ricinus* и др.), 94 пробы воды местных водопроводов, 87 проб воды открытых водоемов и 6 различных проб из объектов окружающей среды (фураж – 2, сено из стога – 4).

Пробы воды из открытых водоемов брали в весенне-летний период во время эпизоотологического мониторинга, а из местных водопроводов – в осенне-зимний период при проведении эпидемиологических расследований случаев заболевания туляремией людей.

Сбор полевого материала, его первичную обработку, проведение лабораторной диагностики туляремии, определение степени активности природного очага проводили в соответствии с инструктивно-методическими документами (МУ 3.1.2007-05, МУК 4.2.2939-11, СанПиН 3.3686-21).

Для выделения культур микроба туляремии из полевого материала (мелкие млекопитающие, иксодовые клещи, вода открытых водоемов и местных водопроводов) использовали биологический метод.

Поиск туляремийного антигена в погадках хищных птиц и помете хищных млекопитающих осуществляли с помощью РНГА, используя набор реагентов диагностикум эритроцитарный туляремийный иммуноглобулиновый жидкий «РНГА-Тул-Иг-СтавНИПЧИ», РНАт, используя набор реагентов диагностикум эритроцитарный антигенный жидкий «РНГА-Тул-Аг-СтавНИПЧИ», или иммуноферментного анализа, используя тест-систему «ИФА-Тул-СтавНИПЧИ» производства ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора.

### Результаты и обсуждение

Многолетнее изучение показало, что на Ставрополье существует обширный и стойкий природный очаг степного типа, имеющий полигосталь-

ный и поливекторный характер. В очаге регистрируются локальные и разлитые эпизоотии и сопутствующие им эпидемические осложнения [9, 20, 22].

В осенне-зимние периоды 1952–1953, 1961–1962, 1981–1982, 1988–1989 и 2016–2017 гг. наблюдался значительный подъем эпизоотической активности, обычно на фоне роста численности грызунов в начале осеннего периода, который сопровождался ростом заболеваемости людей туляремией. В последовавшие за ними весенне-летние периоды происходил резкий спад эпизоотической активности и эпидемических проявлений [22].

Согласно результатам выделения культур возбудителя туляремии от мелких млекопитающих за период 1972–2010 гг., повышение активности эпизоотического процесса начинается осенью, продолжается зимой и снижается в начале весны, а иксодовые клещи являются резервуаром и фактором передачи возбудителя туляремии на территории очага [9].

Весенняя и осенняя численность мелких млекопитающих в открытых стациях за 2003–2018 гг. представлена в табл. 1.

В природном очаге туляремии степного типа на территории Ставропольского края за годы исследования (2003–2018 гг.) периодически выявляли эпизоотии (выделение культур возбудителя туляремии, выявление его антигена) и регистрировали местные случаи заболевания людей туляремией. Исключение составил только 2006 г. (табл. 2).

За весь период наблюдения изолировано 54 культуры *F. tularensis*, идентифицированные как штаммы

*F. tularensis holarctica, biovar II*. Из них 37,0 % штаммов выделено из воды местных водопроводов, что составило 22,5 % от всех исследованных проб данного вида материала. При употреблении инфицированной воды регистрировали случаи заболевания людей туляремией водного эпидемиологического типа. 31,5 % штаммов изолированы от 0,024 % экземпляров иксодовых клещей; 29,6 % штаммов – от 0,26 % особей мелких млекопитающих и 1,9 % штаммов – из пробы сена из стога, что составило 1,08 % от всех исследованных проб объектов окружающей среды.

В 2005, 2007, 2009, 2011, 2014 гг. зарегистрированы местные случаи заболевания людей туляремией, но в эти годы не выделены культуры *F. tularensis* и не обнаружен туляремийный антиген в погачках птиц и помете хищных млекопитающих, что указало на необходимость повышения эффективности выделения возбудителя из полевого материала (табл. 2).

Анализ эпизоотической активности за период 2003–2016 гг. позволил установить следующее. Выделенные 8 культур *F. tularensis* от мелких млекопитающих (2003, 2013, 2015, 2016 гг.) составили 0,16 % от общего количества исследованных особей, косвенно подтверждая локальный характер протекавших эпизоотий [22]. Видовой состав инфицированных осенью грызунов и насекомых был представлен в 2003 г. по одной особи полевки обыкновенной (*M. arvalis*), мыши домовая (*M. musculus*) и мыши полевой (*A. agrarius*), в 2013 г. – полевкой обыкновенной (*M. arvalis*), в 2015 г. – зайцем-русаком (*L. europaeus*), в 2016 г. – полевкой обыкновенной (*M. arvalis*). Летом 2015 г. культуры возбудителя туляремии выделены от мыши малой лесной (*S. uralensis*) и ежа южного (*E. roumanicus*).

Изолированные 17 культур туляремии от имаго иксодовых клещей (2008, 2010, 2012, 2013, 2015 и 2016 гг.) составили 0,03 % от исследованных экземпляров. В том числе от *D. reticulatus* в 2008 г. выделено 9 культур и в 2016 г. – одна, от *D. marginatus* в 2008, 2010, 2015 гг. – по одной и в 2012 г. – 2 культуры, а от *Rh. rossicus* и *H. marginatum* в 2013 г. – соответственно по одной культуре.

В период 2003–2016 гг. выделено 5 культур из воды местных водопроводов (2003–2004 гг.), что составило 23,8 % от поступивших на исследование проб. Антиген возбудителя туляремии обнаружен в погачках птиц и помете хищных млекопитающих: в 2008 г. при исследовании 2,4 % проб, в 2015 г. – 6,8 % проб, что свидетельствовало о локальном течении эпизоотий (табл. 2).

В I квартале 2017 г. антиген возбудителя туляремии в исследованных погачках птиц и помете хищных млекопитающих обнаружен в 27,2 % проб, что соответствовало разлитому характеру протекавших эпизоотий [22]. Культуры *F. tularensis* были изолированы от 7 мелких млекопитающих, что составило 5,69 % от общего количества исследованных проб данного вида полевого материала, 15 проб водопроводной воды (28,84 %) и 1 пробы сена из стога. В ка-

Таблица 1 / Table 1

Сезонная численность мелких млекопитающих в открытых стациях в природном очаге туляремии на территории Ставропольского края

Seasonal abundance of small mammals in open habitats in the natural focus of tularemia in the Stavropol Territory

| Годы<br>Years | Весенняя численность<br>мелких млекопитающих, %<br>Spring abundance<br>of small mammals, % | Осенняя численность<br>мелких млекопитающих, %<br>Autumn abundance<br>of small mammals, % |
|---------------|--------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------|
| 2003          | 2,5                                                                                        | 7,7                                                                                       |
| 2004          | 2,6                                                                                        | 3,0                                                                                       |
| 2005          | 8,5                                                                                        | 8,5                                                                                       |
| 2006          | 5,6                                                                                        | 3,1                                                                                       |
| 2007          | 1,1                                                                                        | 2,9                                                                                       |
| 2008          | 0,5                                                                                        | 5,0                                                                                       |
| 2009          | 1,5                                                                                        | 3,8                                                                                       |
| 2010          | 1,7                                                                                        | 5,9                                                                                       |
| 2011          | 2,2                                                                                        | 5,6                                                                                       |
| 2012          | 1,7                                                                                        | 7,3                                                                                       |
| 2013          | 1,0                                                                                        | 3,8                                                                                       |
| 2014          | 0,6                                                                                        | 7,7                                                                                       |
| 2015          | 1,0                                                                                        | 8,0                                                                                       |
| 2016          | 1,6                                                                                        | 13,2                                                                                      |
| 2017          | 1,2                                                                                        | 8,9                                                                                       |
| 2018          | 2,0                                                                                        | 2,9                                                                                       |

Таблица 2 / Table 2

**Результаты исследования проб полевого материала на туляремию и регистрация больных туляремией в Ставропольском крае в 2003–2018 гг.**

**The number of studied for tularemia field material samples and registered patients with tularemia in the Stavropol Territory in the period of 2003–2018**

| Годы<br>Years   | Мелкие<br>млекопитающие<br>Small mammals               | Погадки птиц и помет<br>хищных<br>млекопитающих<br>Bird pellets and droppings<br>of predatory mammals | Иксодовые клещи<br>Ixodidae ticks  | Вода местных<br>водопроводов<br>Water samples from local<br>water supply systems | Вода<br>открытых<br>водоемов<br>Water from<br>open water<br>bodies | Люди, больные<br>туляремией,<br>абс. число / ‰ <sub>0000</sub><br>Patients with<br>tularemia,<br>abs. number / ‰ <sub>0000</sub> |
|-----------------|--------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 2003            | 905<br>(3, осень) / (3, autumn)                        | 0                                                                                                     | 9                                  | 9<br>(1, зима) / (1, winter)                                                     | 0                                                                  | 3 / 0,109                                                                                                                        |
| 2004            | 186                                                    | 0                                                                                                     | 1420                               | 13<br>(4, зима) / (4, winter)                                                    | 0                                                                  | 12 / 0,440                                                                                                                       |
| 2005            | 791                                                    | 40                                                                                                    | 0                                  | 0                                                                                | 0                                                                  | 11 / 0,404                                                                                                                       |
| 2006            | 226                                                    | 0                                                                                                     | 139                                | 0                                                                                | 0                                                                  | 0                                                                                                                                |
| 2007            | 1090                                                   | 42                                                                                                    | 353                                | 0                                                                                | 0                                                                  | 7 / 0,259                                                                                                                        |
| 2008            | 132                                                    | 290<br>(7, зима) / (7, winter)                                                                        | 2622<br>(10, весна) / (10, spring) | 0                                                                                | 6                                                                  | 0                                                                                                                                |
| 2009            | 68                                                     | 0                                                                                                     | 316                                | 0                                                                                | 0                                                                  | 2 / 0,074                                                                                                                        |
| 2010            | 49                                                     | 0                                                                                                     | 1144<br>(1, весна) / (1, spring)   | 0                                                                                | 0                                                                  | 0                                                                                                                                |
| 2011            | 196                                                    | 16                                                                                                    | 6128                               | 0                                                                                | 12                                                                 | 1 / 0,036                                                                                                                        |
| 2012            | 202                                                    | 124                                                                                                   | 10312<br>(2, весна) / (2, spring)  | 0                                                                                | 14                                                                 | 9 / 0,322                                                                                                                        |
| 2013            | 138<br>(1, осень) / (1, autumn)                        | 116                                                                                                   | 6780<br>(2, весна) / (2, spring)   | 0                                                                                | 15                                                                 | 0                                                                                                                                |
| 2014            | 105                                                    | 18                                                                                                    | 1876                               | 0                                                                                | 33                                                                 | 3 / 0,107                                                                                                                        |
| 2015            | 332<br>(2, лето, 1, осень) /<br>(2, summer, 1, autumn) | 29<br>(2, зима) / (2, winter)                                                                         | 11854<br>(1, лето) / (1, summer)   | 0                                                                                | 7                                                                  | 0                                                                                                                                |
| 2016            | 342<br>(1, осень) / (1, autumn)                        | 3<br>(1, осень) / (1, autumn)                                                                         | 11220<br>(1, лето) / (1, summer)   | 0                                                                                | 0                                                                  | 0                                                                                                                                |
| 2017<br>(I кв.) | 123<br>(7, зима) / (7, winter)                         | 169<br>(46, зима) / (46, winter)                                                                      | 1002                               | 52<br>(15, зима) / (15, winter)                                                  | 0                                                                  | 42 / 1,498                                                                                                                       |
| 2017            | 180<br>(7, зима) / (7, winter)                         | 189<br>(46, зима) / (46, winter)                                                                      | 8636                               | 67<br>(15, зима) / (15, winter)                                                  | 0                                                                  | 49 / 1,747                                                                                                                       |
| 2018            | 750<br>(1, осень) / (1, autumn)                        | 1                                                                                                     | 8578                               | 5                                                                                | 0                                                                  | 2 / 0,071                                                                                                                        |
| Всего<br>Total  | 5692 (16)                                              | 865 (56)                                                                                              | 71387 (17)                         | 94 (20)                                                                          | 87                                                                 | 100                                                                                                                              |

Примечание. В скобках указано количество культур, выделенных от мелких млекопитающих, имаго иксодовых клещей и проб воды, а также число проб с антигеном возбудителя туляремии при исследовании погядок птиц и помета хищных млекопитающих в соответствии со временем года их сбора.

Note. The number of cultures isolated from small mammals, adult Ixodidae ticks and water samples, as well as the number of samples with the tularemia pathogen antigen in the study of bird pellets and excrement of predatory mammals, are given in brackets, in accordance with the time of year they were collected.

честве источника выделения возбудителя первое место по значимости занимали пробы воды из местных водопроводов (65,2 %), следующее – от мелких млекопитающих (30,4 %) и пробы из стога сена (4,4 %). Видовой состав инфицированных грызунов представлен тремя общественными полевками (*M. socialis*), двумя белозубками малыми (*C. suaveolens*), домовою мышью (*M. musculus*) и зайцем-русаком (*L. europaeus*) [23].

В последующий период (II–IV кварталы 2017 г., 2018 г.) осенью выделена одна культура *F. tularensis* от полевки обыкновенной (*M. arvalis*) – 0,13 % от общего количества исследованных мелких млекопитающих, что соответствовало среднегодовым значениям 2003–2016 гг.

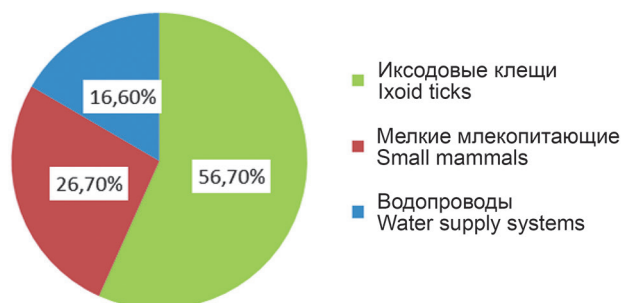
Всего за период локальных эпизоотий выделен 31 штамм *F. tularensis*, в том числе от иксодовых клещей – 17 штаммов (56,7 %) от 0,024 % экземпля-

ров; от 9 особей мелких млекопитающих (26,7 %) из 0,14 % особей и из местных водопроводов – 5 штаммов (16,6 %) из 11,9 % проб.

Сравнительный анализ исследованных объектов показал, что в период локальных эпизоотий наибольшее количество штаммов туляремии микроба изолировано от иксодовых клещей (рисунок).

За весь период наблюдения от мелких млекопитающих наиболее часто культуры *F. tularensis* выделяли в осенне-зимний период (2003, 2013, 2015, 2016, 2017 и 2018 гг.). Из объектов окружающей среды (вода местных водопроводов, сено из стога) их изолировали зимой 2003, 2004 и 2017 гг. В весенний период (март – апрель) 2008, 2010, 2012 и 2013 гг. культуры туляремии были выделены только от проб имаго иксодовых клещей. Они составляли 0,008–0,38 % от всех добытых за год клещей. В целом за весь период обследования культуры *F. tularensis* выделены из иксодовых клещей, собранных весной (88,2 %) и летом (12,8 %), от мелких млекопитающих – преимущественно осенью и зимой (по 43,7 % соответственно), а из объектов окружающей среды – зимой.

Из анализа сезонности выделения культур *F. tularensis* явно прослеживается тенденция более частого выделения возбудителя туляремии осенью и зимой от мелких млекопитающих и из объектов окружающей среды, а весной и летом – от имаго иксодовых клещей, которые могли быть инфицированы в предыдущем году. Возможно, это связано с сезонной численностью мелких млекопитающих. Нами установлено, что осенью численность мелких млекопитающих колебалась от 2,9 до 13,2 %, а весной периодически составляла всего 0,5–1,7 %, что не способствовало развитию эпизоотий туляремии в этот период [22]. Это коррелирует с исследованиями за период 1972–2010 гг. [9]. Сезонная активность иксодовых клещей тоже является важным фактором, определяющим их численность и количество отобранных для исследований проб. Весной она повышается, а в осенне-зимний период значительно снижается [9, 10, 20–22].



Распределение количества штаммов (%) туляремии микроба, выделенных из различных объектов в период локальных эпизоотий (2003–2016 гг., II–IV кварталы 2017 г., 2018 г.) на территории природного очага туляремии степного типа Ставропольского края

Distribution of the number of tularemia microbe strains (%) isolated from various objects during local epizootics (2003–2016, II–IV quarter 2017, 2018) on the territory of the natural tularemia focus of the steppe type in the Stavropol Territory

Объяснением более высокой результативности изоляции штаммов *F. tularensis* от имаго иксодовых клещей по сравнению с мелкими млекопитающими в период локальных эпизоотий могут служить четыре фактора. Во-первых, это существенное превышение собранного количества проб иксодовых клещей (в 12,6 раза), в отличие от числа проб от мелких млекопитающих. Во-вторых, весной 2003, 2004, 2008 и 2010 гг. и осенью 2008, 2011, 2013, 2017 гг. отмечалось снижение численности мелких млекопитающих. В-третьих, с 2003 г. наблюдалось уменьшение количества скирд на полях и, соответственно, снижение количества обитающих в них мелких млекопитающих, которые являлись основным источником для отлова и выделения культур в предыдущие годы. В-четвертых, возбудитель туляремии выделяли от имаго иксодовых клещей, которые могли быть инфицированы от мелких млекопитающих ранее, сроком до года и более, во время паразитирования на больных грызунах [9].

Во время разлитых эпизоотий в I квартале 2017 г. больные туляремией мелкие млекопитающие являлись основным источником инфицирования переносчиков, носителей и обсеменения субстратов окружающей среды, что подтверждается положительными результатами бактериологического исследования мелких млекопитающих и объектов окружающей среды. Среднее количество инфицированных мелких млекопитающих от общего количества исследованных, увеличилось примерно в 35,6 раза по сравнению со всем периодом локальных эпизоотий.

Культуры от имаго иксодовых клещей в I квартале 2017 г. не выделены. Во время эпизоотологического обследования в январе – феврале имаго иксодовых клещей на прокормителях и объектах окружающей среды отсутствовали в связи с неблагоприятными для них условиями окружающей среды. Лабораторное исследование иксодовых клещей провели в ранневесенний период, когда их удалось собрать в открытых стациях на флаг и с крупного и мелкого рогатого скота (первая декада марта 2017 г.). Отсутствие выделенных культур возбудителя туляремии от имаго иксодовых клещей в последующий период 2017 г. и в 2018 г. указывает на невысокую их роль в качестве переносчика.

Таким образом, тактика эпизоотологического мониторинга в природном очаге туляремии степного типа должна учитывать, что в осенне-зимний период необходимо делать акцент на отлов и исследование мелких млекопитающих, с увеличением количества обследуемых проб из объектов окружающей среды зимой. А в весенне-летний период, если возбудитель туляремии не выделяется от мелких млекопитающих и (или) из объектов окружающей среды, – увеличивать сбор исследуемых имаго иксодовых клещей для его изоляции. Таким образом, корректируя количество и вид собранного полевого материала в соответствии с сезоном года, можно увеличить вероятность выделения из него культур туляремии.

В результате проведенного исследования можно сделать выводы о том, что в природном очаге туляремии степного типа в осенне-зимний период с нарастанием интенсивности эпизоотий повышается результативность выделения возбудителя туляремии от мелких млекопитающих и из объектов окружающей среды, поэтому тактика эпизоотологического мониторинга в этот период должна быть направлена на исследование мелких млекопитающих и объектов окружающей среды. В весенне-летний период возможность изоляции возбудителя туляремии от имаго иксодовых клещей выше, чем при исследовании мелких млекопитающих и объектов окружающей среды. В таких случаях на территории природного очага туляремии степного типа, где в весенне-летний период на момент эпизоотологического обследования локальные эпизоотии не проявляются, обязательному изучению подлежат имаго иксодовых клещей.

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

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

**Биоэтика.** Все стадии исследования соответствовали законодательству РФ, международным этическим нормам и нормативным документам учреждения.

## Список литературы

1. Tomaso H., Hotzel H. Tularemia from a one-health perspective. *Curr. Clin. Microbiol. Rep.* 2017; 4(1):36–42. DOI: 10.1007/s40588-017-0056-8.
2. Кудрявцева Т.Ю., Мокриевич А.Н. Туляремия в мире. *Инфекция и иммунитет.* 2021; 11(2):249–64. DOI: 10.15789/2220-7619-TTW-1380.
3. Sissonen S., Rossow H., Karlsson E., Hemmälä H., Henttonen H., Isomursu M., Kinnunen P.M., Pelkola K., Pelkonen S., Tarkka E., Myrtenäs K., Forsman M. Phylogeography of *Francisella tularensis* subspecies *holarctica* in Finland, 1993–2011. *Infect. Dis. (Lond)*. 2015; 47(10):701–6. DOI: 10.3109/23744235.2015.1049657.
4. Mailles A., Vaillant V. 10 years of surveillance of human tularemia in France. *Euro Surveill.* 2014; 19(45):20956. DOI: 10.2807/1560-7917.es2014.19.45.20956.
5. Faber M., Heuner K., Jacob D., Grunow R. Tularemia in Germany – A re-emerging zoonosis. *Front. Cell. Infect. Microbiol.* 2018; 8:40. DOI: 10.3389/fcimb.2018.00040.
6. Desvars A., Furberg M., Hjertqvist M., Vidman L., Sjöstedt A., Rydén P., Johansson A. Epidemiology and ecology of tularemia in Sweden, 1984–2012. *Emerg. Infect. Dis.* 2015; 21(1):32–9. DOI: 10.3201/eid2101.140916.
7. Kilic S., Birdsall D.N., Karagöz A., Celebi B., Bakkaloglu Z., Arikian M., Sahl J.W., Mitchell C., Rivera A., Maltinsky S., Keim P., Üstek D., Durmaz R., Wagner D.M. Water as Source of *Francisella tularensis* infection in Humans, Turkey. *Emerg. Infect. Dis.* 2015; 21(12):2213–6. DOI: 10.3201/eid2112.150634.
8. Jackson J., McGregor A., Cooley L., Ng J., Brown M., Ong C.W., Darcy C., Sintchenko V. *Francisella tularensis* subspecies *holarctica*, Tasmania, Australia, 2011. *Emerg. Infect. Dis.* 2012; 18(9):1484–6. DOI: 10.3201/eid1809.111865.
9. Левченко Б.И., Дегтярева Л.В., Зайцев А.А., Григорьев М.П., Остапович В.В. Роль отдельных видов мелких млекопитающих в поддержании природной очаговости на территории лесостепной части природного очага туляремии Ставропольского края. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2014; (3):30–3. DOI: 10.21055/0370-1069-2014-3-30-33.
10. Кудрявцева Т.Ю., Попов В.А., Мокриевич А.Н., Пакскина Н.Д., Холин А.В., Мазепа А.В., Куликалова Е.С., Косилко С.А., Бирковская Ю.А., Транквиловский Д.В., Храмов М.В., Дятлов И.А. Эпидемиологическая активность природных очагов туляремии на территории Российской Федерации в 2018 г. и прогноз ситуации на 2019 г. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2019; (1):32–41. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-1-32-41.

11. Кудрявцева Т.Ю., Попов В.А., Мокриевич А.Н., Холин А.В., Мазепа А.В., Куликалова Е.С., Транквиловский Д.В., Храмов М.В., Дятлов И.А. Эпизоотолого-эпидемиологическая ситуация по туляремии на территории Российской Федерации в 2019 г. и прогноз на 2020 г. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2020; (1):21–32. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-1-21-32.
12. Кудрявцева Т.Ю., Попов В.А., Мокриевич А.Н., Куликалова Е.С., Холин А.В., Мазепа А.В., Транквиловский Д.В., Храмов М.В., Дятлов И.А. Эпизоотолого-эпидемиологическая ситуация по туляремии на территории России в 2020 г. и прогноз на 2021 г. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2021; (1):32–42. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-1-32-42.
13. Кудрявцева Т.Ю., Попов В.А., Мокриевич А.Н., Куликалова Е.С., Холин А.В., Мазепа А.В., Борзенко М.А., Пичурина Н.Л., Павлович Н.В., Носков А.К., Транквиловский Д.В., Храмов М.В., Дятлов И.А. Множественная лекарственная устойчивость клеток *F. tularensis* subsp. *holarctica*, анализ эпизоотологической и эпидемиологической ситуации по туляремии на территории Российской Федерации в 2022 г. и прогноз на 2023 г. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2023; (1):37–47. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-1-37-47.
14. Рубис Л.В. Эпизоотолого-эпидемиологическая ситуация по туляремии на территории Республики Карелия. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2021; (4):105–11. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-4-105-111.
15. Демидова Т.Н., Рубис Л.В., Семихин А.С., Гурина Е.А., Амирханян А.В., Шенков Н.В., Горшенко В.В., Бирковская Ю.А. Эпидемиологическая ситуация по туляремии на территории Карелии в настоящее время. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика.* 2023; 22(6):175–82. DOI: 10.31631/2073-3046-2023-4-175-182.
16. Цимбалистова М.В., Сорокин В.М., Аронова Н.В., Анисимова А.С., Пичурина Н.Л., Пасюкова Н.И., Селянская Н.А., Водопьянов С.О., Водопьянов А.С., Писанов Н.В., Ковалев Е.В., Носков А.К. Биологические свойства и генетическая характеристика штаммов *Francisella tularensis*, изолированных на территории Ростовской области в 2020 г. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2021; (3):134–40. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-3-134-140.
17. Ковалев Е.В., Карпушенко Г.В., Швагер М.М., Полонский А.В., Сидельников В.В., Гончаров А.Ю., Половинка Н.В. Особенности распространения туляремийной инфекции в Ростовской области. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика.* 2017; 16(6):37–40. DOI: 10.31631/2073-3046-2017-16-6-37-40.
18. Демидова Т.Н., Попов В.П., Михайлова Т.В., Семихин А.С., Подобедова Я.С. Эпидемиологическая ситуация по туляремии в Дальневосточном федеральном округе (2007–2017 гг.). *Эпидемиология и вакцинопрофилактика.* 2019; (3):40–53. DOI: 10.31631/2073-3046-2019-18-3-40-53.
19. Зинич Л.С., Коваленко И.С., Пидченко Н.Н., Тихонов С.Н. Результаты изучения природных очагов туляремии в Крыму. *Здоровье населения и среда обитания.* 2019; (7):50–5. DOI: 10.35627/2219-5238-2019-316-7-50-55.
20. Попова А.Ю., Мефодьев В.В., Степанова Т.Ф., Ежлова Е.Б., Демина Ю.В., Марченко А.Н. Эпидемиология и профилактика туляремии на эндемичных территориях России. Тюмень; 2016. 316 с.
21. Олсуфьев Н.Г., Дунаева Т.Н. Природная очаговость, эпидемиология и профилактика туляремии. М.: Медицина; 1970. 272 с.
22. Зайцев А.А., Агапитов Д.С., Газиева А.Ю., Гнусарева О.А., Остапович В.В., Ашибов Ю.М. Анализ динамики и прогноз интенсивности эпидемических проявлений туляремии в природном очаге степного типа на территории Ставропольского края. *Национальные приоритеты России.* 2021; (3):161–5.
23. Герасименко Е.В., Цапко Н.В., Гнусарева О.А., Шкарлет Г.П., Белова О.А. Эпизоотологический мониторинг природного очага туляремии в Ставропольском крае за 2010–2017 гг. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2019; (4):109–12. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-4-109-112.

## References

1. Tomaso H., Hotzel H. Tularemia from a one-health perspective. *Curr. Clin. Microbiol. Rep.* 2017; 4(1):36–42. DOI: 10.1007/s40588-017-0056-8.
2. Kudryavtseva T.Yu., Mokrievich A.N. [Tularemia in the world]. *Infektsiya i Immunitet [Infection and Immunity]*. 2021; 11(2):249–64. DOI: 10.15789/2220-7619-TTW-1380.
3. Sissonen S., Rossow H., Karlsson E., Hemmälä H., Henttonen H., Isomursu M., Kinnunen P.M., Pelkola K., Pelkonen S., Tarkka E., Myrtenäs K., Forsman M. Phylogeography of *Francisella tularensis* subspecies *holarctica* in Finland, 1993–2011. *Infect. Dis. (Lond)*. 2015; 47(10):701–6. DOI: 10.3109/23744235.2015.1049657.
4. Mailles A., Vaillant V. 10 years of surveillance of human tularemia in France. *Euro Surveill.* 2014; 19(45):20956. DOI: 10.2807/1560-7917.es2014.19.45.20956.

5. Faber M., Heuner K., Jacob D., Grunow R. Tularemia in Germany – A re-emerging zoonosis. *Front. Cell. Infect. Microbiol.* 2018; 8:40. DOI: 10.3389/fcimb.2018.00040.
6. Desvars A., Furberg M., Hjertqvist M., Vidman L., Sjöstedt A., Rydén P., Johansson A. Epidemiology and ecology of tularemia in Sweden, 1984–2012. *Emerg. Infect. Dis.* 2015; 21(1):32–9. DOI: 10.3201/eid2101.140916.
7. Kilic S., Birdsell D.N., Karagöz A., Çelebi B., Bakkaloglu Z., Arikian M., Sahl J.W., Mitchell C., Rivera A., Maltinsky S., Keim P., Üstek D., Durmaz R., Wagner D.M. Water as Source of *Francisella tularensis* infection in Humans, Turkey. *Emerg. Infect. Dis.* 2015; 21(12):2213–6. DOI: 10.3201/eid2112.150634.
8. Jackson J., McGregor A., Cooley L., Ng J., Brown M., Ong C.W., Darcy C., Sintchenko V. *Francisella tularensis* subspecies *holarctica*, Tasmania, Australia, 2011. *Emerg. Infect. Dis.* 2012; 18(9):1484–6. DOI: 10.3201/eid1809.111865.
9. Levchenko B.I., Degtyareva L.V., Zaitsev A.A., Grigor'ev M.P., Ostapovich V.V. The role of certain species of small mammals in the persistence of natural focalities in the territory of forest-steppe zone of the natural tularemia focus of the Stavropol Region. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2014; (3):30–3. DOI: 10.21055/0370-1069-2014-3-30-33.
10. Kudryavtseva T.Yu., Popov V.P., Mokrievich A.N., Pakskina N.D., Kholin A.V., Mazepa A.V., Kulikalova E.S., Kosilko S.A., Birkovskaya Yu.A., Trankvilevsky D.V., Khramov M.V., Dyatlov I.A. Epidemic activity of natural tularemia foci in the territory of the Russian Federation in 2018 and forecast of the situation for 2019. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2019; (1):32–41. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-1-32-41.
11. Kudryavtseva T.Yu., Popov V.P., Mokrievich A.N., Kholin A.V., Mazepa A.V., Kulikalova E.S., Trankvilevsky D.V., Khramov M.V., Dyatlov I.A. Epidemiological and epizootiological situation on tularemia in Russia and neighboring countries in 2019, the forecast for 2020. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2020; (1):21–32. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-1-21-32.
12. Kudryavtseva T.Yu., Popov V.P., Mokrievich A.N., Kulikalova E.S., Kholin A.V., Mazepa A.V., Trankvilevsky D.V., Khramov M.V., Dyatlov I.A. Epizootiological and epidemiological situation on tularemia in Russia in 2020, the forecast for 2021. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2021; (1):32–42. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-1-32-42.
13. Kudryavtseva T.Yu., Popov V.P., Mokrievich A.N., Kulikalova E.S., Kholin A.V., Mazepa A.V., Borzenko M.A., Pichurina N.L., Pavlovich N.V., Noskov A.K., Trankvilevsky D.V., Khramov M.V., Dyatlov I.A. Multidrug resistance of *F. tularensis* subsp. *holarctica*, epizootiological and epidemiological analysis of the situation on tularemia in the Russian Federation in 2022 and forecast for 2023. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2023; (1):37–47. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-1-37-47.
14. Rubis L.V. [Epizootiological and epidemiological situation on tularemia in the Republic of Karelia]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2021; (4):105–11. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-4-105-111.
15. Demidova T.N., Rubis L.V., Semikhin A.S., Gurina E.A., Amirkhanyan A.V., Sheenkov N.V., Gorshenko W., Birkovskaya Yu.A. [The epidemiological situation on tularemia in Karelia at the present time]. *Epidemiologiya i Vaksino profilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2023; 22(6):175–82. DOI: 10.31631/2073-3046-2023-4-175-182.
16. Tsimbalistova M.V., Sorokin V.M., Aronova N.V., Anisimova A.S., Pichrina N.L., Pasyukova N.I., Selyanskaya N.A., Vodop'yanov S.O., Vodop'yanov A.S., Pisanov N.V., Kovalev E.V., Noskov A.K. Biological properties and genetic characteristics of *F. tularensis* strains isolated in the territory of the Rostov Region in 2020. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2021; (3):134–40. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-3-134-140.
17. Kovalev E.V., Karpuschenko G.V., Schwager M.M., Polonsky A.V., Sidel'nikov V.V., Goncharov A.Yu., Poplovinka N.V. [Features of the spread of tularemia infection in the Rostov Region]. *Epidemiologiya i Vaksino profilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2017; 16(6):37–40. DOI: 10.31631/2073-3046-2017-16-6-37-40.
18. Demidova T.N., Popov V.P., Mikhailova T.N., Semikhin A.S., Podobedova Ya.S. [Epidemiological situation on tularemia in the Far Eastern Federal District (2000–2017)]. *Epidemiologiya i Vaksino profilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2019; (3):40–53. DOI: 10.31631/2073-3046-2019-18-3-40-53.
19. Zinich L.S., Kovalenko I.S., Pidchenko N.N., Tikhonov S.N. [Study results of natural foci of tularemia in the Crimea]. *Zdorovie Naseleniya i Sreda Obitaniya. [Public health and Life Environment]*. 2019; (7):50–5. DOI: 10.35627/2219-5238-2019-316-7-50-55.
20. Popova A.Yu., Mefodiev V.V., Stepanova T.F., Ezhlova E.B., Demina Yu.V., Marchenko A.N. [Epidemiology and Prevention of Tularemia in Endemic Territories of Russia]. Tyumen; 2016. 316 p.
21. Olsuf'ev N.G., Dunaeva T.N. [Natural Focality, Epidemiology and Prevention of Tularemia]. Moscow: "Medicine"; 1970. 272 p.
22. Zaitsev A.A., Agapitov D.S., Gazieva A.Yu., Gnusareva O.A., Ostapovich V.V., Ashibokov U.M. [Analysis of dynamics and forecast of intensity of epidemic manifestations of tularemia in a natural focus of steppe type in the Stavropol Territory]. *Natsional'nye Prioritety Rossii [National Priorities of Russia]*. 2021; (3):161–5.
23. Gerasimenko E.V., Tsapko N.V., Gnusareva O.A., Shkarlet G.P., Belova O.A. Epizootiologic monitoring of natural focus of tularemia in the Stavropol Region in 2010–2017. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2019; (4):109–12. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-4-109-112.

#### Authors:

Zaitsev A.A., Belova O.A., Gnusareva O.A., Agapitov D.S., Ostapovich V.V., Tokhov Yu.M. Stavropol Research Anti-Plague Institute. 13–15, Sovetskaya St., Stavropol, 355035, Russian Federation. E-mail: stavnipchi@mail.ru.

#### Об авторах:

Зайцев А.А., Белова О.А., Гнусарева О.А., Агапитов Д.С., Остапович В.В., Тохов Ю.М. Ставропольский научно-исследовательский противочумный институт. Российская Федерация, 355035, Ставрополь, ул. Советская, 13–15. E-mail: stavnipchi@mail.ru.

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-75-81

УДК 595.775:574

Р.И. Исмаилова, З.И. Расулзаде, М.К. Мамедов

## Сравнительный анализ эколого-фаунистических особенностей блох в Апшеронском и Кобыстанском мезоочагах чумы

*Центр по контролю за особо опасными инфекциями, Баку, Азербайджанская Республика*

**Цель** исследования – определение в сравнительном аспекте разнообразия видов блох, их распространения и численности по результатам эпизоотологических исследований, проведенных в Апшеронском и Кобыстанском мезоочагах чумы. **Материалы и методы.** Исследованы образцы блох, полученные в результате эпизоотологического наблюдения и обследований, проведенных сотрудниками эпидемиологической группы Центра по контролю за особо опасными инфекциями в весенний (с апреля по июнь) и осенний (сентябрь – ноябрь) сезоны 2020–2024 гг. в находящихся на территории Апшеронского полуострова мезоочагах чумы – Кобыстанском и Апшеронском, площадью 6700 и 11 300 га соответственно. Эколого-фаунистическая характеристика блох проводилась на основании изучения комплекса данных, отражающих их биологические, экологические и таксономические особенности. Рассчитан индекс обилия блох на изучаемых территориях. Исследование проб эктопаразитов на наличие *Yersinia pestis* проводилось бактериологическим и молекулярно-генетическим (ПЦР) методами. Всего обследовано 3797 образцов из 21 421 гнезда грызунов. **Результаты и обсуждение.** Установлено, что Кобыстанский и Апшеронский мезоочаги чумы незначительно отличаются друг от друга по фауне блох. Блохи рода *Xenopsylla conformis* являются ведущим видом в обоих очагах, с варьированием численности по сезонам и территориям. По сезонной динамике выявлены достоверные различия для большинства видов. Для *X. conformis* ( $\chi^2=916,2$ ;  $p<0,0001$ ) и *Mesopsylla apscheronica* ( $\chi^2=207,4$ ;  $p<0,0001$ ) выявлены статистически значимые наибольшие колебания. Определены годовые и сезонные пики индекса, что указывает на периоды повышенного риска передачи возбудителей чумы. Установленные достоверные различия по видам блох подтверждают необходимость учета локальных и сезонных факторов при планировании профилактических и санитарных мероприятий на изученных мезоочагах.

**Ключевые слова:** чума, Апшеронский мезоочаг, Кобыстанский мезоочаг, индекс обилия, эколого-фаунистические особенности.

Корреспондирующий автор: Рита Исрафил кызы Исмаилова, e-mail: ritaismayil@gmail.com.

Для цитирования: Исмаилова Р.И., Расулзаде З.И., Мамедов М.К. Сравнительный анализ эколого-фаунистических особенностей блох в Апшеронском и Кобыстанском мезоочагах чумы. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 4:75–81. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-75-81

Поступила 22.05.2025. Отправлена на доработку 09.06.2025. Принята к публикации 22.09.2025.

R.I. Ismailova, Z.I. Rasulzade, M.K. Mamedov

## Comparative Analysis of Ecological and Faunistic Features of Fleas in the Absheron and Kobystan Meso-Foci of Plague

*Centre for Control of Particularly Dangerous Infections, Baku, Azerbaijan Republic*

**Abstract.** The aim of this study was to determine the comparative aspect of the diversity of flea species, their distribution and abundance based on the results of epizootiological survey conducted in the Absheron and Kobystan meso-foci of plague. **Materials and methods.** The study material was flea samples obtained during epizootiological observation and examinations carried out by employees of the epidemiological group of the Centre for Control of Particularly Dangerous Infections in the spring (May-June) and autumn (September-October) seasons of 2020–2024 from the meso-foci of plague located on the territory of the Absheron Peninsula – Kobystan and Absheron ones, with a total area of 6,700 hectares and 11,300 hectares, respectively. The ecological and faunistic characterization of fleas was performed on the basis of a study of a data set reflecting their biological, ecological and taxonomic features. The flea abundance index in the studied areas was calculated. The testing of ectoparasite samples for the presence of *Yersinia pestis* was carried out using bacteriological and molecular-genetic (PCR) methods. A total of 3,797 samples from 21,421 rodent nests were examined. **Results and discussion.** It has been established that the Kobystan and Absheron meso-foci of plague differ slightly from each other in flea fauna. Fleas of the genus *Xenopsylla conformis* are the dominant species in both studied foci, with variations in numbers by season and territory. Reliable differences were found for most species in terms of seasonal dynamics. Statistically significant most pronounced fluctuations were found for *X. conformis* ( $\chi^2=916.2$ ,  $p<0.0001$ ) and *Mesopsylla apscheronica* ( $\chi^2=207.4$ ,  $p<0.0001$ ). Annual and seasonal peaks of the index were identified, indicating periods of increased risk of transmission of plague pathogen. The established reliable differences in flea species confirm the need to take into account local and seasonal factors when planning preventive and sanitary measures in the studied meso-foci.

**Key words:** plague, Absheron meso-focus, Kobystan meso-focus, abundance index, ecological and faunistic features.

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

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

Corresponding author: Rita I. Ismailova, e-mail: ritaismayil@gmail.com.

Citation: Ismailova R.I., Rasulzade Z.I., Mamedov M.K. Comparative Analysis of Ecological and Faunistic Features of Fleas in the Absheron and Kobystan Meso-Foci of Plague. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:75–81. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-75-81

Received 22.05.2025. Revised 09.06.2025. Accepted 22.09.2025.

Ismailova R.I., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9026-9430>

Rasulzade Z.I., ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-5189-0088>

Mamedov M.K., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9777-1914>

Экологические и климатические различия могут существенно влиять на активность блох, их распространение и взаимодействие с грызунами – основными носителями чумы [1, 2]. Сравнительное изучение этих факторов позволяет выявить, как разные климатические условия и типы почв влияют на выживаемость и распространение блох в каждом регионе. Это знание помогает точнее прогнозировать эпидемиологическую ситуацию и принять соответствующие меры профилактики. Из существующих на территории Азербайджанской Республики трех природных очагов чумы Закавказский равнинно-предгорный очаг чумы – самый крупный и самый небезопасный в эпидемиологическом аспекте. Очаг охватывает территории Апшеронского полуострова, предгорий Кобыстана, Мильско-Карабахской и Гянджа-Газахской равнин, Боздагской, Бозчельской и Джейранчельской степей [3–5]. Известно также, что Кобыстанский и Апшеронский мезоочаги имеют общие черты, такие как жаркий и сухой климат с низким уровнем осадков, что может влиять на активность блох и экосистему в целом. Анализ различий в климате, почвах и растительности позволит точнее прогнозировать, в какой сезон или при каких условиях вероятность возникновения эпидемий будет наибольшей [6–8]. Это важно для планирования эпизоотологического мониторинга и профилактических мероприятий. Например, в одном мезоочаге эпидемии могут быть связаны с засушливыми летними месяцами, а в другом – с влажными осенними сезонами. К тому же сравнительный подход позволяет изучить, как разные экологические условия влияют на взаимодействие блох с их хозяевами (грызунами). Понимание этого взаимодействия помогает выработать стратегии борьбы с инфекцией, ориентированные на конкретные условия каждого мезоочага, что значительно повысит эффективность профилактических и контролируемых мер [9, 10].

Такой анализ помогает разрабатывать адаптированные к каждому региону рекомендации по профилактике чумы, например в виде мониторинга популяций блох и грызунов в различные сезоны года.

**Цель работы** – определить в сравнительном аспекте разнообразие видов блох, их распространение и численность по результатам эпизоотологических исследований, проведенных в Апшеронском и Кобыстанском мезоочагах чумы.

### Материалы и методы

Изучены образцы блох, полученные в результате эпизоотологического наблюдения и обследования, проведенных сотрудниками эпидемиологиче-

ской группы Центра по контролю за особо опасными инфекциями в весенний и осенний сезоны 2020–2024 гг. в находящихся на территории Апшеронского полуострова мезоочагах чумы – Кобыстанском и Апшеронском. Непосредственными районами исследования явились секторы Кобыстанского (Чейилдаг, Заярдаг, Ахтарма, Календартепе, Торагай, Кехниздаг, Дурандаг) и Апшеронского (Тюркян, Зирия, Говсаны, Северная ГРЭС) мезоочагов, общей площадью 6700 и 11 300 га соответственно. Исследования велись по секторам в весенний (с апреля по июнь) и осенний (сентябрь – ноябрь) сезоны. Эктопаразитов собирали из нор полевых грызунов в соответствии со стандартными операционными процедурами, разработанными Всемирной организацией здравоохранения и Центром по контролю за особо опасными инфекциями, и доставляли в соответствии с правилами биологической безопасности в лабораториях (Руководство по биобезопасности в лабораториях. 3-е изд. ВОЗ, Женева, 2004; Правила биобезопасности в лабораториях. Министерство здравоохранения Азербайджанской Республики, 2010). В ходе лабораторных исследований проводился разбор полевого материала (просмотр субстрата гнезд), определялись видовая принадлежность эктопаразитов и показатели, характеризующие физиологическое и генеративное состояние переносчиков. Основными хозяевами гнезд на исследуемых мезоочагах являлись краснохвостая песчанка, лесная мышь, обыкновенная полевая мышь, заяц-русак, песчанка Виноградова, общественная полевка и другие мелкие млекопитающие. Видовое определение эктопаразитов проводилось с применением идентификационных справочников [11–14]. Формирование проб для анализа проводилось индивидуально и путем объединения в пулы в соответствии с действующим нормативно-методическим документом по безопасности работы с патогенными биологическими агентами (ПБА) I–IV групп патогенности (МУ 3.1.0322-23 «Сбор, учет и подготовка к лабораторному исследованию кровососущих членистоногих в природных очагах инфекционных болезней»).

Исследование проб эктопаразитов на наличие *Yersinia pestis* проводилось бактериологическим методом – посевом на селективную среду CIN (Cefsulodin-irgasan-novobiocin agar) и агар МакКонки с параллельным культивированием на кровяном (Sheep blood agar SBA) агаре, приготовленном на овечьей крови [15]. Параллельно пробы исследовались молекулярно-генетическим (ПЦР) методом с использованием набора реагентов «АмплиСенс® *Yersinia pestis*-FL» на аппарате Biorad CFX-96 в режиме реального времени.

Индекс обилия блох рассчитан по формуле:

$$L = \frac{N}{\sum i},$$

где  $N$  – число эктопаразитов вида;  $\sum i$  – число гнезд.

Всего обследовано 3797 образцов из 21 421 гнезда грызунов. Достоверность различий по годам рассчитывалась с применением стандартных статистических методов расчета.

Данные о почвенно-климатических особенностях получены с использованием ресурса Всемирной метеорологической организации (WMO) [16].

## Результаты и обсуждение

**Краткая сравнительная климатическая характеристика Апшеронского и Кобыстанского мезоочагов чумы.** Оба изучаемых региона обладают субтропическим климатом с жарким, сухим летом и мягкой зимой. Однако значительные различия в уровне осадков, температурных колебаниях и почвенных условиях делают эти регионы уникальными. Кобыстан характеризуется более экстремальными условиями с низкой влажностью и засушливым климатом, тогда как Апшерон имеет умеренные условия с более благоприятной почвенно-климатической средой для существования животных и блох. В обоих районах присутствуют сухие почвы, что ограничивает рост растительности и влияет на биоценоз. Почвы преимущественно солевые, с высоким содержанием минералов, что снижает биологическую продуктивность территории. Почвы в обоих мезоочагах имеют также низкую водообеспеченность и склонны к засухам, что влияет на миграцию и численность грызунов, являющихся хозяевами блох. В обоих мезоочагах присутствуют полевые и степные грызуны, такие как полевки и землеройки, которые являются важными носителями блох и, соответственно, чумы. Изучаемые биоценозы ограничены по количеству пищи и воды, что может способствовать концентрации животных в определенных местах.

Кобыстанский мезоочаг характеризуется более жарким и сухим климатом. Летние температуры могут превышать 40 °C. Зимой температура здесь может быть ниже (5–10 °C), чем в Апшероне. Климат в Апшеронском мезоочаге мягче – с летними температурами до 35 °C и более теплой зимой. В Апшероне также наблюдается более высокое среднегодовое количество осадков (200–300 мм). Как указывают Б.К. Котти, М.В. Жильцова [14], И.А. Прохорова, П.В. Остапчук [17] и др., теплое лето способствует более интенсивному размножению блох, так как повышенная температура поддерживает активность этих паразитов. Однако высокие температуры также могут снижать выживаемость блох в экстремальных условиях, особенно при дефиците влаги. Осадки в осенний и зимний периоды создают более комфортные условия. Однако слишком высокая влажность может также снизить активность блох. Из-за спе-

цифики климата эпидемии чумы могут наблюдаться преимущественно в теплые месяцы, когда активность блох и их способность к передаче инфекции выше. Периоды дождей также могут усилить распространение инфекции, так как повышенная влажность способствует увеличению популяции грызунов и блох.

В Кобыстанском мезоочаге растительность преимущественно полупустынная и степная, что ограничивает количество пищи для грызунов и снижает их плотность. В Апшеронском – растительность разнообразнее благодаря большому количеству осадков и более мягкому климату. Это способствует повышенному разнообразию животных, а значит, и большему числу потенциальных носителей блох.

Таким образом, при сравнении биоценозов этих двух регионов выделены общие и отличительные факторы, которые могут способствовать или препятствовать распространению чумы.

**Эколого-фаунистические особенности блох в Апшеронском и Кобыстанском мезоочагах чумы.** Всего из обоих мезоочагов обследовано 13 видов блох из 10 родов. В сравнительном аспекте за три года число изученных блох, отловленных в Кобыстанском мезоочаге, было в 3,3 раза больше (табл. 1). Причем из 13 выявленных видов блох доминирующее положение в обоих мезоочагах занимает *Xenopsylla conformis*, чья доля составила 68,8 % от всех отловленных особей. Как видно из табл. 1, существенные различия по численности между Апшеронским и Кобыстанским очагами установлены у следующих видов: *X. conformis* ( $\chi^2=504,5$ ;  $p<0,0001$ ), *Mesopsylla apscheronica* ( $\chi^2=308,5$ ;  $p<0,0001$ ), *Pulex irritans* ( $\chi^2=248,3$ ;  $p<0,0001$ ) и др. Таким образом, в изучаемых мезоочагах наблюдается территориальная специфика популяций блох, возможно обусловленная различиями в микроклимате, биотопах и составе хозяев. Индекс обилия всех отловленных блох в изучаемых мезоочагах чумы был одинаковым как в целом, так и по отдельным изучаемым мезоочагам.

Наряду с вышеизложенным, в отношении численности других видов блох достоверных различий между изучаемыми мезоочагами не выявлено: *C. consimilis* ( $\chi^2=2,9$ ;  $p=0,0854$ ), *E. gallinacea* ( $\chi^2=2,7$ ;  $p=0,0983$ ), *S. tripectinata* ( $\chi^2=2,0$ ;  $p=0,1537$ ), *C. canis* ( $\chi^2=0,03$ ;  $p=0,86$ ), *C. secundus* ( $\chi^2=0,00$ ;  $p=1,00$ ).

В табл. 2 представлена численность исследованных блох по сезонам года за 2022–2024 гг.

Интересно отметить, что по сезонной динамике выявлены достоверные различия для большинства видов. Так, наибольшие колебания наблюдались у *X. conformis* ( $\chi^2=916,2$ ;  $p<0,0001$ ) и *M. apscheronica* ( $\chi^2=207,4$ ;  $p<0,0001$ ), вносящих основной вклад в структуру фауны изучаемых мезоочагов. Остальные виды проявляли менее выраженную сезонную активность или были представлены единичными экземплярами. Данный факт можно объяснить сочетанием динамики популяций грызунов и микросреды убежищ животных. Многие авторы [13, 18 и др.] от-

Таблица 1 / Table 1

Численность и видовой состав блох из Апшеронского и Кобыстанского природных мезоочагов чумы  
Number and species composition of fleas from the Absheron and Kobystan natural meso-foci of plague

| №  | Виды блох<br>Species of fleas              | Численность за изучаемый период, абс.<br>Total for the period under study, abs. |                          |                            | Индекс доминирования, %<br>Dominance index, % |
|----|--------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------|--------------------------|----------------------------|-----------------------------------------------|
|    |                                            | Апшеронский<br>Absheron                                                         | Кобыстанский<br>Kobystan | Всего, абс.<br>Total, abs. |                                               |
| 1  | <i>Xenopsylla conformis</i>                | 639                                                                             | 2012                     | 2651                       | 71,3                                          |
| 2  | <i>Mesopsylla apscheronica</i>             | 6                                                                               | 471                      | 477                        | 12,84                                         |
| 3  | <i>Nosopsyllus mokrzecky</i>               | 6                                                                               | 148                      | 154                        | 4,15                                          |
| 4  | <i>Nosopsyllus leaviceps</i>               | 30                                                                              | 100                      | 130                        | 3,50                                          |
| 5  | <i>Nosopsyllus consimilis</i>              | 0                                                                               | 9                        | 9                          | 0,24                                          |
| 6  | <i>Pulex irritans</i>                      | 120                                                                             | 8                        | 128                        | 3,45                                          |
| 7  | <i>Ophthalmopsylla volgensis</i>           | 0                                                                               | 48                       | 48                         | 1,29                                          |
| 8  | <i>Coptopsylla caucasica</i>               | 0                                                                               | 34                       | 34                         | 0,92                                          |
| 9  | <i>Ctenocephalides felis</i>               | 30                                                                              | 0                        | 30                         | 0,81                                          |
| 10 | <i>Ctenocephalides canis</i>               | 19                                                                              | 0                        | 19                         | 0,51                                          |
| 11 | <i>Echidnophaga gallinacea</i>             | 3                                                                               | 18                       | 21                         | 0,57                                          |
| 12 | <i>Stenoponia tripectinata</i>             | 7                                                                               | 6                        | 13                         | 0,35                                          |
| 13 | <i>Ctenophtalmus secundus</i>              | 1                                                                               | 0                        | 1                          | 0,03                                          |
|    | Всего<br>Total                             | 861                                                                             | 2854                     | 3715                       |                                               |
|    | Индекс обилия блох<br>Flea abundance index | 0,16                                                                            | 0,17                     |                            |                                               |

Таблица 2 / Table 2

Численность блох, отловленных в Апшеронском и Кобыстанском природных мезоочагах чумы  
в весенний и осенний сезоны в 2022–2024 гг.

Number of fleas collected in the Absheron and Kobystan natural meso-foci of plague in the spring and autumn seasons in 2022–2024

| Виды блох<br>Species of fleas              | Апшеронский<br>Absheron         |                                | Кобыстанский<br>Kobystan        |                                | Всего<br>Total                  |                                |
|--------------------------------------------|---------------------------------|--------------------------------|---------------------------------|--------------------------------|---------------------------------|--------------------------------|
|                                            | Весенний сезон<br>Spring season | Осенний сезон<br>Autumn season | Весенний сезон<br>Spring season | Осенний сезон<br>Autumn season | Весенний сезон<br>Spring season | Осенний сезон<br>Autumn season |
| <i>Xenopsylla conformis</i>                | 157                             | 482                            | 1103                            | 909                            | 1260                            | 1391                           |
| <i>Mesopsylla apscheronica</i>             | 0                               | 6                              | 267                             | 204                            | 267                             | 210                            |
| <i>Nosopsyllus mokrzecky</i>               | 6                               | 0                              | 60                              | 88                             | 66                              | 88                             |
| <i>Nosopsyllus leaviceps</i>               | 21                              | 9                              | 39                              | 61                             | 60                              | 70                             |
| <i>Nosopsyllus consimilis</i>              | 0                               | 0                              | 2                               | 7                              | 2                               | 7                              |
| <i>Pulex irritans</i>                      | 90                              | 30                             | 0                               | 8                              | 90                              | 38                             |
| <i>Ophthalmopsylla volgensis</i>           | 0                               | 0                              | 26                              | 22                             | 26                              | 22                             |
| <i>Coptopsylla caucasica</i>               | 0                               | 0                              | 0                               | 34                             | 0                               | 34                             |
| <i>Ctenocephalides felis</i>               | 2                               | 28                             | 0                               | 0                              | 2                               | 28                             |
| <i>Ctenocephalides canis</i>               | 7                               | 12                             | 0                               | 0                              | 7                               | 12                             |
| <i>Echidnophaga callinacea</i>             | 1                               | 2                              | 18                              | 0                              | 19                              | 2                              |
| <i>Stenoponia tripectinata</i>             | 0                               | 7                              | 0                               | 6                              | 0                               | 13                             |
| <i>Ctenophtolmus secundus</i>              | 1                               | 0                              | 0                               | 0                              | 1                               | 0                              |
| Всего<br>Total                             | 285                             | 576                            | 1515                            | 1339                           | 1800                            | 1915                           |
| Индекс обилия блох<br>Flea abundance index | 0,12                            | 0,19                           | 0,18                            | 0,3                            | 0,16                            | 0,17                           |

мечают, что для более точного объяснения следует учитывать конкретные данные по погодным условиям, видам грызунов и блох в каждом мезоочаге.  
По сезонам же в отдельные годы в Апшеронском и Кобыстанском мезоочагах чумы мы можем видеть

существенные различия как в видовом составе, так и в численном (табл. 3). Этот факт можно объяснить тем, что дожди могут влиять на выживаемость и распространение блох. Например, повышенная влажность способствует развитию личинок блох в почве,

Таблица 3 / Table 3

Сезонная динамика численности блох, отловленных в Апшеронском и Кобыстанском природных мезоочагах чумы в 2022–2024 гг.  
Seasonal dynamics of the number of fleas collected in the Absheron and Kobustan natural meso-foci of plague in 2022–2024

| Сезон исследований<br>Season of study      | 2022                               |                                      |                                    |                                      | 2023                               |                                      |                                    |                                      | 2024                               |                                      |                                    |                                      |
|--------------------------------------------|------------------------------------|--------------------------------------|------------------------------------|--------------------------------------|------------------------------------|--------------------------------------|------------------------------------|--------------------------------------|------------------------------------|--------------------------------------|------------------------------------|--------------------------------------|
|                                            | Апшеронский<br>Absheron            |                                      | Кобыстанский<br>Kobustan           |                                      | Апшеронский<br>Absheron            |                                      | Кобыстанский<br>Kobustan           |                                      | Апшеронский<br>Absheron            |                                      | Кобыстанский<br>Kobustan           |                                      |
|                                            | Весенний<br>сезон<br>Spring season | Осенний<br>сезон<br>Autumn<br>season | Весенний<br>сезон<br>Spring season | Осенний<br>сезон<br>Autumn<br>season | Весенний<br>сезон<br>Spring season | Осенний<br>сезон<br>Autumn<br>season | Весенний<br>сезон<br>Spring season | Осенний<br>сезон<br>Autumn<br>season | Весенний<br>сезон<br>Spring season | Осенний<br>сезон<br>Autumn<br>season | Весенний<br>сезон<br>Spring season | Осенний<br>сезон<br>Autumn<br>season |
|                                            |                                    |                                      |                                    |                                      |                                    |                                      |                                    |                                      |                                    |                                      |                                    |                                      |
| <i>Xenopsylla conformis</i>                | 42 (82,4)                          | 150 (75,4)                           | 86 (34,8)                          | 671 (84,7)                           | 56 (98,3)                          | 258 (85,7)                           | 538 (84,4)                         | 169 (43,7)                           | 59 (33,3)                          | 74 (98,7)                            | 479 (76,0)                         | 69 (43,4)                            |
| <i>Mesopsylla apscheronica</i>             | –                                  | –                                    | 134 (54,3)                         | 20 (2,5)                             | –                                  | 6 (2,0)                              | 78 (12,2)                          | 127 (32,7)                           | –                                  | –                                    | 55 (8,7)                           | 57 (35,8)                            |
| <i>Nosopsyllus mokrzeckyi</i>              | 3 (5,9)                            | –                                    | 14 (5,7)                           | 35 (4,4)                             | –                                  | –                                    | 5 (0,8)                            | 36 (9,3)                             | 3 (1,7)                            | –                                    | 41 (6,5)                           | 17 (10,7)                            |
| <i>Nosopsyllus leaviceps</i>               | –                                  | 1 (0,5)                              | 4 (1,6)                            | 11 (1,4)                             | –                                  | 8 (2,7)                              | 6 (0,9)                            | 34 (8,8)                             | 21 (11,9)                          | –                                    | 29 (4,6)                           | 16 (10,1)                            |
| <i>Nosopsyllus consimilis</i>              | –                                  | –                                    | 1 (0,4)                            | 5 (0,6)                              | –                                  | –                                    | –                                  | 2 (0,5)                              | –                                  | –                                    | 1 (0,2)                            | –                                    |
| <i>Pulex irritans</i>                      | 1 (2,0)                            | 30 (15,1)                            | –                                  | –                                    | –                                  | –                                    | –                                  | 8 (2,0)                              | 89 (50,3)                          | –                                    | –                                  | –                                    |
| <i>Ophtalmopsylla volgensis</i>            | –                                  | –                                    | 8 (3,2)                            | 22 (2,8)                             | –                                  | –                                    | 4 (0,6)                            | –                                    | –                                  | –                                    | 14 (2,2)                           | –                                    |
| <i>Coptopsylla caucasica</i>               | –                                  | –                                    | –                                  | 26 (3,3)                             | –                                  | –                                    | –                                  | 8 (2,0)                              | –                                  | –                                    | –                                  | –                                    |
| <i>Stenopscephalides felis</i>             | –                                  | 5 (2,5)                              | –                                  | –                                    | –                                  | 23 (7,6)                             | –                                  | –                                    | 2 (1,1)                            | –                                    | –                                  | –                                    |
| <i>Stenopscephalides canis</i>             | 4 (7,7)                            | 12 (6,0)                             | –                                  | –                                    | –                                  | –                                    | –                                  | –                                    | 3 (1,7)                            | –                                    | –                                  | –                                    |
| <i>Echidnophaga callinacea</i>             | 1 (2,0)                            | 1 (0,5)                              | –                                  | –                                    | –                                  | –                                    | 7 (1,1)                            | –                                    | –                                  | 1 (1,3)                              | 11 (1,8)                           | –                                    |
| <i>Stenopronia tripectinata</i>            | –                                  | 1 (0,5)                              | –                                  | 2 (0,3)                              | –                                  | 6 (2,0)                              | –                                  | 4 (1,0)                              | –                                  | –                                    | –                                  | –                                    |
| <i>Stenophtalmus secundus</i>              | –                                  | –                                    | –                                  | –                                    | 1 (1,7)                            | –                                    | –                                  | –                                    | –                                  | –                                    | –                                  | –                                    |
| Всего<br>Total                             | 51                                 | 199                                  | 247                                | 792                                  | 57                                 | 301                                  | 638                                | 388                                  | 177                                | 75                                   | 630                                | 159                                  |
| Индекс обилия блох<br>Flea abundance index | 1,8                                | 0,3                                  | 3,8                                | 0,2                                  | 0,1                                | 0,1                                  | 0,3                                | 0,1                                  | 0,4                                | 0,4                                  | 0,2                                | 0,2                                  |

Примечание. Во всех столбцах указаны абсолютные значения, в скобках – относительные (%).  
Note. All columns show absolute values, relative values are in parentheses (%).

тогда как засушливые годы могут приводить к снижению численности определенных видов.

Что касается индекса обилия – показателя, отражающего среднюю численность особей на единицу отлова, то он также продемонстрировал значительную территориальную и сезонную вариабельность. Так, в Апшеронском очаге отмечены высокие значения весной (до 3,8 в 2023 г.), что может свидетельствовать о благоприятных условиях для размножения переносчиков в этот период. В Кобыстане же индекс обилия оставался устойчиво низким (0,1–0,4), несмотря на высокую абсолютную численность, что может быть связано с особенностями учета или равномерным распределением по ловушкам. В осенние сезоны в обоих мезоочагах наблюдалось падение индекса до 0,1–0,2, что может быть связано с окончанием активного периода размножения.

### Исследование проб на наличие *Yersinia pestis*.

За весь период наблюдений возбудитель чумы не был обнаружен ни бактериологическим, ни молекулярно-генетическим методами в отобранных пробах эктопаразитов, что свидетельствует об отсутствии микробного фона в изучаемых мезоочагах.

Итак, Кобыстанский и Апшеронский мезоочаги чумы по своему расположению находятся в пределах Апшеронского полуострова и незначительно отличаются друг от друга по своим климатическим условиям, рельефу местности, флоре и фауне. Настоящим исследованием установлено, что *X. conformis* является ведущим видом в обоих изучаемых очагах, однако его численность существенно варьирует по сезонам и территориям. Индекс обилия блох показал себя чувствительным индикатором эпизоотической активности и может быть рекомендован для регулярного эпидемиологического мониторинга. Годовые и сезонные пики индекса могут указывать на периоды повышенного риска передачи возбудителей природно-очаговых инфекций. Установленные достоверные различия по видам подтверждают необходимость учета локальных и сезонных факторов при планировании профилактических и санитарных мероприятий.

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

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

### Список литературы

1. Попов Н.В., Безсмертный В.Е., Удовиков А.И., Кузнецов А.А., Слудский А.А., Матросов А.Н., Князева Т.В., Федоров Ю.М., Попов В.П., Гражданов А.К., Аязбаев Т.З., Яковлев С.А., Караваева Т.Б., Кутырев В.В. Влияние современного изменения климата на состояние природных очагов чумы России и других стран СНГ. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2013; (3):23–8. DOI: 10.21055/0370-1069-2013-3-23-28.
2. Абдуллаев Р.М., Исмаилова Р.М., Мамедов М.К. Основы эпидемиологии и профилактики чумы. Баку: Сада; 2014. 224 с.
3. Попова А.Ю., Кутырев В.В., редакторы. Реализация Международных медико-санитарных правил (2005 г.) на про-

странстве Восточной Европы и Центральной Азии. Саратов: Амирит; 2019. 360 с.

4. Мамедов М.К., Абдуллаев Р.М., Чума: общая характеристика и принципы профилактики. Баку: Сада; 2014. 240 с.

5. Исмаилова Р.И., Нагиева Б.А., Садыхова С.А., Расулзаде З.И., Амирова К.Р., Рустамова М.К., Гаджиалиева Г.Г. Эколого-фаунистические особенности блох в Закавказском предгорном природном очаге чумы Азербайджана. *Паразитология*. 2024; 58(4):267–76. DOI: 10.31857/S003118472404001X.

6. Попова А.Ю., Кутырев В.В., редакторы. Обеспечение эпидемиологического благополучия в природных очагах чумы на территории стран СНГ и Монголии в современных условиях. Ижевск: Принт; 2018. 336 с.

7. Попов Н.В., Куклев Е.В., Слудский А.А., Тарасов М.А., Матросов А.Н., Князева Т.В., Караваева Т.Б., Кутырев В.В. Ландшафтные приуроченности и биоценологическая структура природных очагов чумы дальнего зарубежья. Северная и Южная Америка, Африка, Азия. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2005; 1(89):9–15.

8. Beugnet F., Chalvet-Monfray K., Loukos H. FleaTickRisk: a meteorological model developed to monitor and predict the activity and density of three tick species and the cat flea in Europe. *Geospat. Health*. 2009; 4(1):97–113. DOI: 10.4081/gh.2009.213.

9. Медведев С.Г., Вержуцкий Д.Б., Котти Б.К. Блохи рода *Xenopsylla* (Siphonaptera; Pulicidae) как переносчики в природных очагах чумы. *Паразитология*. 2023; 57(4):267–309. DOI: 10.31857/S0031184723040014.

10. Ващенко В.С. Роль блох (Siphonaptera) в эпизоотологии чумы. *Паразитология*. 1999; 33(3):198–209.

11. Тифлов В.Е., Скалон О.И., Ростигаев Б.А. Определитель блох Кавказа. Ставрополь: Ставропольское кн. изд-во; 1977. 280 с.

12. Котти Б.К. Каталог блох (Siphonaptera) фауны России и сопредельных стран. 2-е изд., доп. Ставрополь: Изд-во СКФУ; 2018. 129 с.

13. Котти Б.К., Климова Л.И., Ермолова Н.В., Артющина Ю.С., Бамматов Д.М. Блохи (Siphonaptera) грызунов Восточно-Кавказского высокогорного природного очага чумы. *Паразитология*. 2021; 55(5):398–407. DOI: 10.31857/S0031184721050045.

14. Котти Б.К., Жильцова М.В. Значение блох (Siphonaptera) в природных очагах чумы. *Паразитология*. 2019; 53(6):506–17. DOI: 10.1134/S0031184719060061.

15. Домотенко Л.В., Подкопаев Я.В., Храмов М.В., Дятлов И.А. Питательные среды для диагностики чумы. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2009; (4):60–5.

16. Всемирная метеорологическая организация. Члены ВМО – Азербайджан. [Электронный ресурс]. URL: <https://wmo.int/ru/about-us/wmo-members/azerbaijan> (дата обращения 05.05.2025).

17. Прохорова И.А., Остапчук О.В. Эпидемиологическое значение блох, вшей и власоедов на территории Костромской области. *Вестник Костромского государственного университета им. Н.А. Некрасова*. 2014; (6):36–8.

18. Miarinjara A., Christophe R., Mireille H., Ramihangihajason T.R., Boyer S. *Xenopsylla brasiliensis* fleas in plague focus areas, Madagascar. *Emerg. Infect. Dis*. 2016; 22(12):2207–8. DOI: 10.3201/eid2212.160318.

### References

1. Popov N.V., Bezsmertny V.E., Udovikov A.I., Kuznetsov A.A., Sludsky A.A., Matrosov A.N., Knyazeva T.V., Fedorov Yu.M., Popov V.P., Grazhdanov A.K., Ayazbaev T.Z., Yakovlev S.A., Karavaeva T.B., Kutyrev V.V. [Influence of modern climate change on the state of natural plague foci in Russia and other CIS countries]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2013; (3):23–8. DOI: 10.21055/0370-1069-2013-3-23-28.
2. Abdullaev R.M., Ismailova R.I., Mamedov M.K. [Fundamentals of Epidemiology and Prevention of Plague]. Baku: "Sada"; 2014. 224 p.
3. Popova A.Yu., Kutyrev V.V., editors. Implementation of the International Health Regulations (2005) in Eastern Europe and Central Asia. Saratov: "Amirit"; 2019. 360 p.
4. Mamedov M.K., Abdullaev R.M. [Plague: General Characteristics and Principles of Prevention]. Baku: "Sada"; 2014. 240 p.
5. Ismailova R.I., Nagieva B.A., Sadykhova S.A., Rasulzade Z.I., Amirova K.R., Rustamova M.K., Gadzhialieva G.G. [Ecological and faunistic features of fleas in the Trans-Caucasian piedmont natural plague focus of Azerbaijan]. *Parazitologiya [Parasitology]*. 2024; 58(4):267–76. DOI: 10.31857/S003118472404001X.
6. Popova A.Yu., Kutyrev V.V., editors. [Ensuring Epidemiological Well-Being in Natural Plague Foci in the CIS Countries and Mongolia under Modern Conditions]. Izhevsk: "Print"; 2018. 336 p.

7. Popov N.V., Kuklev E.V., Sludsky A.A., Tarasov M.A., Matrosov A.N., Knyazeva T.V., Karavaeva T.B., Kutyrev V.V. [Landscape confinedness and biocenotic structure of natural plague foci abroad. North and South America, Africa, and Asia]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2005; 1(89):9–15.
8. Beugnet F., Chalvet-Monfray K., Loukos H. FleaTickRisk: a meteorological model developed to monitor and predict the activity and density of three tick species and the cat flea in Europe. *Geospat. Health*. 2009; 4(1):97–113. DOI: 10.4081/gh.2009.213.
9. Medvedev S.G., Verzhutsky D.B., Kotti B.K. Fleas of the genus *Xenopsylla* (Siphonaptera; Pulicidae) as vectors in natural plague foci. *Parazitologiya* [Parasitology]. 2023; 57(4):267–309. DOI: 10.31857/S0031184723040014.
10. Vashchenok V.S. [The role of fleas (Siphonaptera) in the epizootiology of plague]. *Parazitologiya* [Parasitology]. 1999; 33(3):198–209.
11. Tiflov V.E., Skalon O.I., Rostigaev B.A. [Guide to the Fleas of the Caucasus]. Stavropol: Stavropol Book Printing House; 1977. 280 p.
12. Kotti B.K. [Catalogue of Fleas (Siphonaptera) of the Fauna of Russia and Adjacent Countries]. 2nd ed. Stavropol: Publishing House of the North-Caucasian Federal University; 2018. 129 p.
13. Kotti B.K., Klimova L.I., Ermolova N.V., Artyushina Yu.S., Bammatov D.M. [Fleas (Siphonaptera) of rodents in the East Caucasian high-mountain natural plague focus]. *Parazitologiya* [Parasitology]. 2021; 55(5):398–407. DOI: 10.31857/S0031184721050045.
14. Kotti B.K., Zhil'tsova M.V. [The role of fleas (Siphonaptera) in natural plague foci]. *Parazitologiya* [Parasitology]. 2019; 53(6):506–17. DOI: 10.1134/S0031184719060061.
15. Domotenko L.V., Podkopaev Ya.V., Khamov M.V., Dyatlov I.A. [Nutrient media for plague diagnostics]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2009; (4):60–5.
16. World Meteorological Organization. WMO Members – Azerbaijan. [Internet]. Available from: <https://wmo.int/ru/about-us/wmo-members/azerbaijan> (Cited 05 May 2025).
17. Prokhorova I.A., Ostapchuk O.V. [Epidemiological significance of fleas, lice, and biting lice in the Kostroma Region]. *Vestnik Kostromskogo Gosudarstvennogo Universiteta imeni N.A. Nekrasova* [Bulletin of the Kostroma State University named after N.A. Nekrasov]. 2014; (6):36–8.
18. Miarinjara A., Christophe R., Mireille H., Ramihangihajason T.R., Boyer S. *Xenopsylla brasiliensis* fleas in plague focus areas, Madagascar. *Emerg. Infect. Dis.* 2016; 22(12):2207–8. DOI: 10.3201/eid2212.160318.

#### Authors:

Ismailova R.I., Rasulzade Z.I., Mamedov M.K. Centre for Control of Particularly Dangerous Infections. 159, M. Sharifli St., Baku, AZ1002, Azerbaijan Republic. E-mail: [xtinm@esehiyye.az](mailto:xtinm@esehiyye.az)

#### Об авторах:

Исмаилова Р.И., Расулзаде З.И., Мамедов М.К. Центр по контролю за особо опасными инфекциями. Азербайджанская Республика, АЗ1002, Баку, ул. М. Шарифли, 159. E-mail: [xtinm@esehiyye.az](mailto:xtinm@esehiyye.az)

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-82-87

УДК 579.841.93:579(470.4+470.31/.33)

Д.А. Ковалев, С.В. Писаренко, И.В. Кузнецова, В.И. Коломыцева, Д.Г. Пономаренко,  
Н.А. Шапаков, А.А. Хачатурова, Н.С. Сафонова

## Филогения и биологические свойства штаммов *Brucella abortus*, выделенных на территории Приволжского и Центрального федеральных округов в 2017–2024 гг.

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

**Цель работы** – изучение биологических, молекулярно-генетических свойств и определение филогенетической принадлежности штаммов *Brucella abortus*, выделенных на территории Приволжского (ПФО) и Центрального (ЦФО) федеральных округов. **Материалы и методы.** Проведено исследование 21 штамма *B. abortus*, выделенных на территории ПФО и ЦФО в 2017–2024 гг. Секвенирование геномов выполняли на платформе DNBSEQ G50RS (MGI, Китай) с использованием набора реагентов MGIEasy FAST FS DNA Library Prep Set V2.1 (MGI, Китай) по стандартному протоколу. Филогенетическую реконструкцию выполняли по методу максимального правдоподобия в программе RealPhy. **Результаты и обсуждение.** Все штаммы имели характерные для *B. abortus* тинкториальные, морфологические и культуральные свойства. Топология филогенетического дерева свидетельствует об общем происхождении штаммов, выделенных на территории ПФО и ЦФО в 2017–2024 гг. Установлено, что исследуемые изоляты генетически близки к штаммам *B. abortus*, выделенным из биоматериала от больных бруцеллезом животных и пищевых продуктов животного происхождения из Липецкой области (2017 г.), Самарской области (2016 г.), Ставропольского края (2015 г.), Республики Дагестан (2015 г.), Республики Калмыкия (2012 г.). Общая кластеризация штаммов из ПФО и ЦФО и из разных субъектов Северо-Кавказского и Южного федеральных округов указывает на наличие ретроспективной эпидемиологической связи очагов бруцеллеза с длительно неблагополучной территорией юга европейской части России, в том числе Северного Кавказа.

**Ключевые слова:** *Brucella abortus*, полногеномное секвенирование, филогенетический анализ.

Корреспондирующий автор: Ковалев Дмитрий Анатольевич, e-mail: kovalev\_da.stv@list.ru.

Для цитирования: Ковалев Д.А., Писаренко С.В., Кузнецова И.В., Коломыцева В.И., Пономаренко Д.Г., Шапаков Н.А., Хачатурова А.А., Сафонова Н.С. Филогения и биологические свойства штаммов *Brucella abortus*, выделенных на территории Приволжского и Центрального федеральных округов в 2017–2024 гг. Проблемы особо опасных инфекций. 2025; 4:82–87. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-82-87

Поступила 22.07.2025. Отправлена на доработку 03.10.2025. Принята к публикации 06.10.2025.

D.A. Kovalev, S.V. Pisarenko, I.V. Kuznetsova, V.I. Kolomytseva, D.G. Ponomarenko,  
N.A. Shapakov, A.A. Khachaturova, N.S. Safonova

## Phylogeny and Biological Properties of *Brucella abortus* Strains Isolated in the Volga and Central Federal Districts in 2017–2024

Stavropol Research Anti-Plague Institute, Stavropol, Russian Federation

**Abstract.** The aim of the work was to study biological, molecular-genetic properties and to determine the phylogenetic affiliation of *Brucella abortus* strains isolated in the Volga and Central Federal Districts. **Materials and methods.** A research of 21 strains of *B. abortus* isolated in the Volga Federal District and the Central Federal District in 2017–2024 was conducted. Genome sequencing was performed on the DNBSEQ G50RS platform (MGI, China) using the MGI Easy FAST FS DNA Library Prep Set V2.1 reagent kit (MGI, China) according to a standard protocol. Phylogenetic reconstruction was performed using the maximum likelihood method in the “RealPhy” software. **Results and discussion.** All strains have tinctorial, morphological, and cultural properties characteristic of typical *B. abortus* strains. The topology of the phylogenetic tree indicates the common origin of the strains isolated in the Volga Federal District and the Central Federal District in 2017–2024. It has been found that the studied isolates are genetically close to the *B. abortus* strains isolated from biomaterial from animals with brucellosis and food products of animal origin from the Lipetsk Region (2017), Samara Region (2016), Stavropol Territory (2015), Republic of Dagestan (2015), Republic of Kalmykia (2012). The general clustering of strains from the Volga Federal District and the Central Federal District and from different entities of the North Caucasus Federal District and the Southern Federal District indicates the presence of a retrospective epidemiological link between brucellosis foci and the affected over the long period territory of the southern European part of Russia, including the North Caucasus.

**Key words:** *Brucella abortus*, genome-wide sequencing, phylogenetic analysis.

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

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

**Acknowledgements:** The reference center for monitoring the causative agent of brucellosis “Stavropol Anti-Plague Institute of the Rospotrebnadzor” expresses deep gratitude to the heads and employees of the Rospotrebnadzor Administrations, Centers of Hygiene and Epidemiology in the constituent entities of the Russian Federation, as well as anti-plague institutions of the Rospotrebnadzor for providing information and analytical materials for this study.

Corresponding author: Dmitry A. Kovalev, e-mail: kovalev\_da.stv@list.ru.

Citation: Kovalev D.A., Pisarenko S.V., Kuznetsova I.V., Kolomytseva V.I., Ponomarenko D.G., Shapakov N.A., Khachaturova A.A., Safonova N.S. Phylogeny and Biological Properties of *Brucella abortus* Strains Isolated in the Volga and Central Federal Districts in 2017–2024. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:82–87. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-82-87

Received 22.07.2025. Revised 03.10.2025. Accepted 06.10.2025.

Kovalev D.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9366-5647>

Pisarenko S.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6458-6790>

Kuznetsova I.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9513-0761>

Ponomarenko D.G., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0422-6755>

Shapakov N.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9152-4026>

Khachaturova A.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7459-7204>

Safonova N.S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8974-1053>

Бруцеллез – инфекционное зоонозное заболевание, представляющее значительную опасность для здоровья людей и наносящее большой экономический ущерб животноводству [1, 2]. Этиологическим агентом бруцеллеза являются представители рода *Brucella*. В последние годы в Российской Федерации источником бруцеллезной инфекции для людей чаще бывает крупный рогатый скот (КРС) – основной хозяин вида бруцелл *Brucella abortus* [3].

По данным Референс-центра по мониторингу за возбудителем бруцеллеза ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора, за последние 20 лет в мире отмечается почти двукратное увеличение числа неблагополучных по бруцеллезу территорий. Относительно высокая заболеваемость бруцеллезом регистрируется в ряде стран Европейского союза, Африки, Ближнего Востока, Центральной, Южной и Юго-Восточной Азии, Центральной и Южной Америки.

За последние 10 лет на территории Российской Федерации более 70 % случаев заболевания бруцеллезом людей и животных зарегистрировано в Северо-Кавказском (СКФО) и Южном (ЮФО) федеральных округах. Также регистрируются случаи завоза инфекции, спорадическая заболеваемость и групповые вспышки на территориях Приволжского (ПФО) и Центрального (ЦФО) федеральных округов, относительно благополучных по бруцеллезу [3].

Например, в 2023 г. эпизоотия бруцеллеза среди КРС на территории холдинга по производству молочной продукции в Пензенской области стала причиной заболевания бруцеллезом 33 сотрудников предприятия. Выявлены случаи завоза и дальнейшего распространения инфекции среди КРС, с последующим возникновением групповых вспышек бруцеллеза среди работников животноводческих ферм и индивидуальных владельцев животных на территории Республики Татарстан, Пензенской, Брянской, Смоленской областей. Заболевание людей обусловлено несоблюдением мер профилактики при контакте с больными бруцеллезом животными, их биоматериалом и продуктами убоя, а также несвоевременной изоляцией и ликвидацией больного поголовья.

Одним из актуальных направлений в эпидемиологическом надзоре за бруцеллезом является биологическая и молекулярно-генетическая характеристика штаммов *B. abortus*, выделенных на территории различных регионов Российской Федерации. Полученные данные могут использоваться с целью

проведения оперативных и ретроспективных исследований эпизодов и вспышек бруцеллеза, изучения эволюционно-филогеографических и филогенетических связей штаммов бруцелл, изолированных на различных территориях.

**Цель исследования** – изучение биологических, молекулярно-генетических свойств и определение филогенетической принадлежности штаммов *B. abortus*, выделенных на территории Приволжского и Центрального федеральных округов.

## Материалы и методы

Проведено исследование 21 штамма *B. abortus*, выделенных на территории ПФО и ЦФО в 2017–2024 гг. (таблица).

Бактерии культивировали на Бруцелла-агаре (ФБУН ГНЦ ПМБ, Россия) при 37 °C в течение 48 ч. Из культур бруцелл готовили суспензии в 2 мл 0,9 % раствора натрия хлористого по отраслевому стандартному образцу мутности 10 единиц, что соответствует  $1,7 \cdot 10^9$  м.к./мл для *Brucella* spp.

Фенотипические свойства штаммов определяли в соответствии со схемой идентификации бруцеллезного микроба, приведенной в методических указаниях (МУК 4.2.3010-12, МУК 3.1.7.3402-16, МУК 4.2.2495-09).

Геномную ДНК выделяли с использованием набора PureLink Genomic DNA Kits (Life Technologies, США) из обеззараженной в соответствии с требованиями действующих нормативных документов микробной взвеси (СанПиН 3.3686-21 «Санитарно-эпидемиологические требования по профилактике инфекционных болезней»). Концентрацию ДНК определяли с использованием набора Qubit dsDNA HS (ThermoFisher Scientific, США) в соответствии с инструкцией производителя.

Для индикации и идентификации ДНК возбудителя бруцеллеза применяли наборы реагентов «АмплиСенс *Brucella* spp.-FL» (ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, Россия) и «ОМ-Скрин-Бруцеллез-РВ» (ООО «Синтол», Россия).

Подготовку фрагментов ДНК-библиотек для полногеномного секвенирования проводили по стандартному протоколу FS DNA Library Prep Set User Manual (Manual Version B4) с набором FS DNA Library Prep Set (Kit Version V2.1) (MGI, Китай). Секвенирование выполняли с использованием генетического анализатора DNBSEQ-G50RS и набора реагентов DNBSEQ-G50RS High-throughput Sequencing

**Штаммы *B. abortus*, изученные в работе**  
***B. abortus* strains studied in the work**

| Штамм<br>Strain                                                   | Место выделения<br>Site of isolation                                             | Год выделения<br>Year of isolation | Источник выделения<br>Source of isolation |
|-------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------|-------------------------------------------|
| <b>Центральный федеральный округ<br/>Central Federal District</b> |                                                                                  |                                    |                                           |
| C-613<br>C-614<br>C-615                                           | Липецкая область<br>Lipetsk Region                                               | 2017                               | KPC / Cattle                              |
| C-669<br>C-670<br>C-671<br>C-672<br>C-673                         | Смоленская область, Хиславичский район<br>Smolensk Region, Khislavichi district  | 2022                               | KPC/<br>Cattle                            |
| C-679<br>C-683<br>C-684<br>C-685<br>C-686                         | Смоленская область, Хиславичский район<br>Smolensk Region, Khislavichi district  | 2022                               | KPC / Cattle                              |
| C-702                                                             | Смоленская область, Починковский район<br>Smolensk Region, Pochinkovsky district | 2023                               | KPC / Cattle                              |
| C-712                                                             | Брянская область, Трубчевский район<br>Bryansk Region, Trubchevsky district      | 2023                               | KPC / Cattle                              |
| C-721                                                             | Брянская область, Клиновский район<br>Bryansk Region, Klintsovsky district       | 2023                               | KPC / Cattle                              |
| C-729                                                             | Брянская область, Суражский район<br>Bryansk Region, Surazhsky district          | 2024                               | KPC / Cattle                              |
| <b>Приволжский федеральный округ<br/>Volga Federal District</b>   |                                                                                  |                                    |                                           |
| N1                                                                | Самарская область<br>Samara Region                                               | 2018                               | KPC / Cattle                              |
| C-662                                                             | Пензенская область<br>Penza Region                                               | 2021                               | KPC / Cattle                              |
| C-750                                                             | Чувашская Республика<br>Chuvash Republic                                         | 2021                               | KPC / Cattle                              |
| C-751                                                             | Республика Татарстан<br>Republic of Tatarstan                                    | 2024                               | KPC / Cattle                              |

Set (FCL PE100) (Set version V3.1) по протоколу High-throughput (Rapid) Sequencing Set User Manual (Manual Version 6.0) (MGI, Китай).

Качество полученных прочтений анализировали с помощью программы FastQC [4]. Удаление последовательностей адаптеров и прочтений с качеством ниже  $Q < 20$  выполняли в программе Trimmomatic [5].

Сборку геномных последовательностей осуществляли с использованием программного обеспечения SPAdes v3.15.3 [6]. Оценку качества сборки геномов проводили с помощью программы Quast 5.2.0 [7]. Для аннотации полученных геномов использовали программу Dfast [8].

Полногеномный SNP-анализ проводили согласно MP 3.1.0288-22. Выборка была сформирована из

геномов 121 штамма, относящихся к генотипу С4 в соответствии с классификацией, предложенной А.М. Whatmore et al. [9], в том числе 32 генома из международной базы NCBI и 89 геномов (включая исследуемые) из коллекции ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора.

Филогенетическую реконструкцию выполняли по методу максимального правдоподобия (Maximum Likelihood method) в программе RealPhy [10]. Визуализацию филогенетического дерева проводили в программе FigTree [11].

### Результаты и обсуждение

Все штаммы имели характерные для типичных штаммов *B. abortus* тинкториальные, морфо-

логические и культуральные свойства: в течение 18–36 ч ферментировали D-глюкозу, маннозу, рамнозу и в течение 72 ч наблюдения не сбрасывали мальтозу и маннит. Тест на оксидазную активность у всех штаммов дал положительный результат по истечении 30 мин, каталазная активность проявилась мгновенно. Тест на уреазную активность учитывали в течение 45 мин: штаммы *B. abortus* C-702, C-712, C-721, C-729 дали положительный результат за 6–15 мин, штаммы *B. abortus* C-750, C-751, N1, C-662, C-613, C-614, C-615 – за 15–30 мин, штаммы *B. abortus* C-669, C-670, C-671, C-672, C-673, C-679, C-683, C-684, C-685, C-686 – за 30–45 мин. При определении фаголизательности исследуемых штаммов установлено, что при нанесении бруцеллезного бактериофага Тб на свежесейанный газон наблюдается частичный лизис в виде корпускул по истечении 18 ч от засева, а полный лизис фагом Тб в диагностическом титре разведения при инкубации при 37 °С наступает в течение 24–36 ч, что типично для вида *B. abortus*.

Диско-диффузионным методом (ДДМ) показано, что штаммы чувствительны к препаратам выбора при лечении бруцеллеза: рифампицину (5 мкг) и доксициклину (10 мкг). Также отмечена высокая чувствительность к тетрациклину (30 мкг) и аминогликозидам: стрептомицину (30 мкг), канамицину (30 мкг), гентамицину (10 мкг).

В результате полногеномного секвенирования исследуемых штаммов получено 1 381 679 – 2 956 051 нуклеотидное прочтение (рид) на геном. Геномные сборки включали от 2 до 64 контигов, средняя глубина покрытия составила x154. В результате аннотации определено 3157–3687 генов на геном, среднее значение GC-состава составило 57,23 %, все исследуемые изоляты обладают набором генов, ассоциированным с вирулентностью, характерным для вида *B. abortus*.

Исследуемые штаммы занимают отдельный кластер в структуре подгенотипа С4 (рисунок). Топология филогенетического дерева свидетельствует об общем происхождении штаммов, выделенных на территории ПФО и ЦФО в 2017–2024 гг. Базальную ветвь указанного кластера занимают штаммы C-613, C-614, C-615, выделенные от животных из эпизоотических очагов бруцеллеза в Липецкой области в 2017 г. Изолят C-712 из эпизоотического очага в д. Котляково Брянской области занимает соседнюю ветвь кластера. Следует отметить филогенетическую близость штаммов N1 и C-751, выделенных из эпизоотических очагов бруцеллеза в Самарской области и Республике Татарстан в 2018 и 2024 гг. соответственно.

Результаты филогенетического анализа свидетельствуют, что штаммы, выделенные из эпизоотических очагов бруцеллеза КРС в хозяйствах и на предприятиях Смоленской области (C-669 –

C-673, C-679, C-683 – C-686, C-702) в 2022–2023 гг., Брянской области (C-721, C-729) в 2023–2024 гг. и Чувашской Республики (C-750) в 2021 г., имеют общее происхождение со штаммом C-662 из Пензенской области. В ходе сравнительного анализа геномов установлено, что штаммы C-669 – C-673 и C-702 из Смоленской области отличаются от генома штамма C-662 из Пензенской области на 7–9 SNP, штамм C-721 из Брянской области – на 10 SNP, штамм C-750 из Чувашии – на 12 SNP, а штаммы C-679, C-683 – C-686 из Смоленской области и штамм C-729 из Брянской области – на 19–25 SNP. Полученные результаты указывают на наличие эпидемиологической связи между очагами бруцеллеза. Принимая во внимание результаты изучения хронологии регистрации эпизоотий бруцеллеза в ЦФО, можно предположить, что возбудитель бруцеллеза с большой долей вероятности мог быть завезен с больным бруцеллезом скотом на территории Чувашской Республики (2021 г.), Смоленской (2022, 2023 гг.) и Брянской (2023, 2024 гг.) областей с больными бруцеллезом животными (или биоматериалом от них) из неблагополучных по бруцеллезу ферм агропромышленных комплексов в Пензенской области.

Вместе с тем анализ филогении бруцелл из ПФО и ЦФО показал, что исследуемые изоляты генетически близки к штаммам *B. abortus*, выделенным из биоматериала от больных бруцеллезом животных и пищевых продуктов животного происхождения из Липецкой области (2017 г.), Самарской области (2016 г.), Ставропольского края (2015 г.), Республики Дагестан (2015 г.), Республики Калмыкия (2012 г.). Общая кластеризация штаммов из ПФО и ЦФО и из разных субъектов СКФО и ЮФО указывает на наличие ретроспективной эпидемиологической связи очагов бруцеллеза с длительно неблагополучной территорией юга европейской части России, в том числе Северного Кавказа (вынос, вывоз инфекции).

В результате проведенного исследования описаны биологические и молекулярно-генетические свойства штаммов *B. abortus*, ставших причиной эпизоотий бруцеллеза на территории ПФО и ЦФО в 2017–2024 гг. Полученные сведения существенно расширяют современное представление о генетическом разнообразии и филогении штаммов *B. abortus*, циркулирующих на территории России. Генотипирование изолятов методом полногеномного SNP-анализа позволило установить наличие эпидемиологической связи между эпизоотическими очагами бруцеллеза КРС на территории ПФО и ЦФО в 2017–2024 гг.

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

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



Филогенетическое дерево на основе данных wgSNP штаммов *B. abortus*, выделенных на территории ПФО и ЦФО в 2017–2024 гг.

Phylogenetic tree based on wgSNP data of *B. abortus* strains isolated in the Volga Federal District and the Central Federal District in 2017–2024

**Благодарность.** Референс-центр по мониторингу за возбудителем бруцеллеза ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора выражает глубокую признательность руководителям и сотрудникам управлений Роспотребнадзора, ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии» в субъектах Российской Федерации, а также противочумных учреждений Роспотребнадзора за предоставление информационных и аналитических материалов для проведения настоящего исследования.

### Список литературы

1. Corbel M.J. Brucellosis in humans and animals. World Health Organization; 2006.
2. Hayoun M.A., Muco E., Shorman M. Brucellosis. In: StatPearls [Internet]. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2025 Jan. PMID 28722861.
3. Пономаренко Д.Г., Матвиенко А.Д., Хачатурова А.А., Жаринова И.В., Скударева О.Н., Транквиловский Д.В., Логвиненко О.В., Ракитина Е.Л., Костюченко М.В., Кондратьева Ю.В., Малецкая О.В., Куличенко А.Н. Анализ ситуации по бруцеллезу в мире и Российской Федерации. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2024; (2):36–50. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-36-50.
4. Andrews S. FastQC: A quality control tool for high throughput sequence data. [Электронный ресурс]. URL: <https://github.com/s-andrews/FastQC> (дата обращения 07.07.2025).
5. Bolger A.M., Lohse M., Usadel B. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics*. 2014; 30(15):2114–20. DOI: 10.1093/bioinformatics/btu170.
6. Prjibelski A., Antipov D., Meleshko D., Lapidus A., Korobeynikov A. Using SPAdes de novo Assembler. *Curr. Protoc. Bioinformatics*. 2020; 70(1):e102. DOI: 10.1002/cpbi.102.
7. Mikheenko A., Prjibelski A., Saveliev V., Antipov D., Gurevich A. Versatile genome assembly evaluation with QUAST-LG. *Bioinformatics*. 2018; 34(13):i142–i150. DOI: 10.1093/bioinformatics/bty266.
8. Tanizawa Y., Fujisawa T., Nakamura Y. DFAST: a flexible prokaryotic genome annotation pipeline for faster genome publication. *Bioinformatics*. 2018; 34(6):1037–9. DOI: 10.1093/bioinformatics/btx713.
9. Whatmore A.M., Koylass M.S., Muchowski J., Edwards-Smallbone J., Gopaul K.K., Perrett L.L. Extended multilocus sequence analysis to describe the global population structure of the genus *Brucella*: phylogeography and relationship to biovars. *Front. Microbiol.* 2016; 7:2049. DOI: 10.3389/fmicb.2016.02049.
10. Bertels F., Silander O.K., Pachkov M., Rainey P.B., van Nimwegen E. Automated reconstruction of whole-genome phylogenies from short-sequence reads. *Mol. Biol. Evol.* 2014; 31(5):1077–88. DOI: 10.1093/molbev/msu088.
11. Rambaut A. FigTree v1.4.2. A Graphical Viewer of Phylogenetic Trees. [Электронный ресурс]. URL: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/> (дата обращения 07.07.2025).

### References

1. Corbel M.J. Brucellosis in humans and animals. World Health Organization; 2006.
2. Hayoun M.A., Muco E., Shorman M. Brucellosis. In: StatPearls [Internet]. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2025 Jan. PMID 28722861.
3. Ponomarenko D.G., Matvienko A.D., Khachaturova A.A., Zharinova I.V., Skudareva O.N., Trankvilevsky D.V., Logvinenko O.V., Rakitina E.L., Kostyuchenko M.V., Kondrat'eva Yu.V., Maletskaya O.V., Kulichenko A.N. [Analysis of the situation on brucellosis around the world and in the Russian Federation]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2024; (2):36–50. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-36-50.
4. Andrews S. FastQC: A quality control tool for high throughput sequence data. (Cited 07 July 2025). [Internet]. Available from: <https://github.com/s-andrews/FastQC>.
5. Bolger A.M., Lohse M., Usadel B. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics*. 2014; 30(15):2114–20. DOI: 10.1093/bioinformatics/btu170.
6. Prjibelski A., Antipov D., Meleshko D., Lapidus A., Korobeynikov A. Using SPAdes de novo Assembler. *Curr. Protoc. Bioinformatics*. 2020; 70(1):e102. DOI: 10.1002/cpbi.102.
7. Mikheenko A., Prjibelski A., Saveliev V., Antipov D., Gurevich A. Versatile genome assembly evaluation with QUAST-LG. *Bioinformatics*. 2018; 34(13):i142–i150. DOI: 10.1093/bioinformatics/bty266.
8. Tanizawa Y., Fujisawa T., Nakamura Y. DFAST: a flexible prokaryotic genome annotation pipeline for faster genome publication. *Bioinformatics*. 2018; 34(6):1037–9. DOI: 10.1093/bioinformatics/btx713.
9. Whatmore A.M., Koylass M.S., Muchowski J., Edwards-Smallbone J., Gopaul K.K., Perrett L.L. Extended multilocus sequence analysis to describe the global population structure of the genus *Brucella*: phylogeography and relationship to biovars. *Front. Microbiol.* 2016; 7:2049. DOI: 10.3389/fmicb.2016.02049.
10. Bertels F., Silander O.K., Pachkov M., Rainey P.B., van Nimwegen E. Automated reconstruction of whole-genome phylogenies from short-sequence reads. *Mol. Biol. Evol.* 2014; 31(5):1077–88. DOI: 10.1093/molbev/msu088.
11. Rambaut A. FigTree v1.4.2. A Graphical Viewer of Phylogenetic Trees. (Cited 07 July 2025). [Internet]. Available from: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>.

### Authors:

Kovalev D.A., Pisarenko S.V., Kuznetsova I.V., Kolomyitseva V.I., Ponomarenko D.G., Shapakov N.A., Khachaturova A.A., Safonova N.S. Stavropol Research Anti-Plague Institute. 13–15, Sovetskaya St., Stavropol, 355035, Russian Federation. E-mail: stavnipchi@mail.ru.

### Об авторах:

Ковалев Д.А., Писаренко С.В., Кузнецова И.В., Коломыцева В.И., Пономаренко Д.Г., Шапаков Н.А., Хачатурова А.А., Сафонова Н.С. Ставропольский научно-исследовательский противочумный институт. Российская Федерация, 355035, Ставрополь, ул. Советская, 13–15. E-mail: stavnipchi@mail.ru.

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-88-96

УДК 573:599.32+595.775

К.Х. Мавланов<sup>1</sup>, А.Х. Тачмухаммедова<sup>2</sup>

### Оценка влияния факторов внешней среды на численность большой песчанки *Rhombomus opimus* и ее блох в Восточных Каракумах

<sup>1</sup>Центр профилактики особо опасных инфекций Государственной санитарно-эпидемиологической службы Министерства здравоохранения и медицинской промышленности Туркменистана, Ашхабад, Туркменистан; <sup>2</sup>Государственный медицинский университет Туркменистана имени Мырата Гаррыева, Ашхабад, Туркменистан

Каракумский автономный пустынный очаг чумы, расположенный на территории Туркменистана, характеризуется периодическим развитием местных эпизоотий с возможным возникновением эпидемических осложнений. В связи с потеплением климата изменились структура сообществ грызунов и ход их многолетней динамики численности. Изменились и социальные проблемы, в частности произошло значительное территориальное перераспределение населения, связанное с его современной приуроченностью к относительно немногочисленным постоянным источникам пресной воды. **Целью** работы является изучение влияния температуры внешней среды, осадков и растительности на динамику численности носителя *Yersinia pestis* – большой песчанки (*Rhombomus opimus*) – и ее блох в Восточных Каракумах. **Материалы и методы.** Представлены многолетние собственные материалы зоопаразитологических исследований, полученные в ежегодных экспедициях, проводимых весной и осенью в государственном биосферном заповеднике «Репетек», расположенном в Восточных Каракумах. Организовано 182 экспедиции, отловлено 1600 экземпляров большой песчанки. Для выяснения плотности колоний использовали маршрутно-колонийный метод. На обследуемом массиве закладывали не менее двух учетных маршрутов. **Результаты и обсуждение.** Температура воздуха и период вегетации растительности в Восточных Каракумах колебались волнообразно: периоды повышения температуры сменялись периодами снижения среднегодовых значений, вслед за этим колебались периоды вегетации растений. Состояние кормовой базы большой песчанки напрямую влияло на ее численность. На фазе падения численности популяции снижается частота половых и других внутривидовых контактов большой песчанки. Мониторинг за блохами, обитающими в шерсти большой песчанки и в ее колониях, а также удельный вес на 1 га показали, что общий тренд динамики численности стремится к понижению. В настоящее время эпизоотологическое состояние оценивается как межэпизоотический период. Уровень плотности большой песчанки и численность ее блох свидетельствуют о наличии условий для развития эпизоотий чумы.

**Ключевые слова:** *Yersinia pestis*, большая песчанка, блохи, Восточные Каракумы, климат, осадки, фенологическая фаза, кормовая база.

Корреспондирующий автор: Мавланов Кемал Хусаинович, e-mail: spooi2024@sanly.tm.

Для цитирования: Мавланов К.Х., Тачмухаммедова А.Х. Оценка влияния факторов внешней среды на численность большой песчанки *Rhombomus opimus* и ее блох в Восточных Каракумах. Проблемы особо опасных инфекций. 2025; 4:88–96. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-88-96

Поступила 06.02.2025. Отправлена на доработку 29.04.2025. Принята к публикации 03.10.2025.

K.Kh. Mavlanov<sup>1</sup>, A.Kh. Tachmukhammedova<sup>2</sup>

### Assessment of the Influence of Environmental Factors on the Number of the Great Gerbil *Rhombomus opimus* and its Fleas in the Eastern Karakum

<sup>1</sup>Center for Prevention of Particularly Dangerous Infections of the State Sanitary and Epidemiological Service of the Ministry of Health and Medical Industry of Turkmenistan, Ashgabat, Turkmenistan;

<sup>2</sup>Myrat Garryev State Medical University of Turkmenistan, Ashgabat, Turkmenistan

**Abstract.** The Karakum autonomous desert plague focus, located on the territory of Turkmenistan, is characterized by the periodic development of local epizootics with the possible emergence of epidemic complications. Due to climate warming, the structure of rodent communities and the course of their long-term population dynamics have changed. Social problems have also changed, in particular, there has been a significant territorial redistribution of the population, associated with its modern confinement to relatively few permanent sources of fresh water. **The aim** of this work is to study the influence of ambient temperature, precipitation and vegetation on the population dynamics of the *Yersinia pestis* carrier – the great gerbil (*Rhombomus opimus*) and its fleas in the Eastern Karakum. **Materials and methods.** This paper presents long-term zooparasitological research data obtained during annual expeditions conducted in the spring and fall at the Repetek State Biosphere Reserve, located in the Eastern Karakum Desert. A total of 182 expeditions were organized, with capturing of 1,600 great gerbil specimens. A route-colony method was used to determine colony density. At least two survey routes were laid out within the surveyed area. **Results and discussion.** Air temperature and vegetation growth in the Eastern Karakum Desert fluctuated in waves – periods of rising temperatures were replaced with periods of decreased average annual values, followed by fluctuations in plant growth seasons. The state of the great gerbil's food supply directly impacted its population. During a decline in the great gerbil population, the frequency of mating and other intrapopulation contacts decreased. Monitoring of fleas living in the fur of the great gerbil and in their colonies, as well as the specific weight per 1 hectare, showed that the general trend in population dynamics tends to decrease. The current epizootic status is considered as inter-epizootic period. The density of great gerbils and their flea populations indicate the presence of conditions conducive to the development of plague epizootics.

**Key words:** *Yersinia pestis*, great gerbil, fleas, Eastern Karakum, climate, precipitation, phenological phase, food supply.

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

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

**Bioethics:** All the stages of the study were in compliance with the legislation of the Russian Federation, international ethical norms and normative documents of the institution. They were approved by the Committee on Bioethics of the Center for Prevention of Particularly Dangerous Infections of the State Sanitary and Epidemiological Service of the Ministry of Health and Medical Industry of Turkmenistan (Protocol of the Bioethics Committee No. 2, dated 03 February, 2025).

**Corresponding author:** Kemal Kh. Mavlanov, e-mail: spool2024@sanly.tm.

**Citation:** Mavlanov K.Kh., Tachmukhammedova A.Kh. Assessment of the Influence of Environmental Factors on the Number of the Great Gerbil *Rhombomys opimus* and its Fleas in the Eastern Karakum. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:88–96. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-88-96

**Received** 06.02.2025. **Revised** 29.04.2025. **Accepted** 03.10.2025.

Mavlanov K.Kh., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7201-7395>

Tachmukhammedova A.Kh., ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-6059-4157>

Активизация эпизоотий в природных очагах чумы остается достаточно острой проблемой в Туркменистане, несмотря на некоторые успехи в профилактике зоонозных инфекций [1, 2]. В современных социально-экономических условиях необходима оптимизация эпидемиологических исследований и прогнозирование эпизоотологических проявлений – основы для сохранения эпидемиологического благополучия. Каракумский автономный пустынный очаг чумы, расположенный на территории Туркменистана, характеризуется периодическим развитием местных эпизоотий с возможным возникновением эпидемических осложнений. Однако ситуация здесь как в эпизоотологическом, так и в эпидемическом отношении в начале XXI в. существенно изменилась. В связи с потеплением климата изменились структура сообществ грызунов и ход их многолетней динамики численности [3]. Имели место перемены и в области социальных проблем, в частности произошло значительное территориальное перераспределение населения, связанное с его современной приуроченностью к относительно немногочисленным постоянным источникам пресной воды. Существенно увеличилось движение населения собственно по пустыне, что привело к исчезновению понятия «труднодоступные участки». Из особенностей проведения эпизоотологических исследований в современных условиях отметим общее увеличение финансирования и, как следствие, увеличение общего объема наблюдений. Произошло и территориальное увеличение качества гидрометеорологической информации, что привело к повышению точности климатических прогнозов. В таких условиях в борьбе с зоонозными заболеваниями уместно использовать концепцию «Единое здоровье», разработанную четырьмя агентствами Организации Объединенных Наций: Всемирной организацией здравоохранения, Всемирной организацией по охране здоровья животных, Продовольственной и сельскохозяйственной организацией и Программой ООН по окружающей среде, – в рамках которой мы провели исследование [4–6].

В современных условиях в большинстве случаев причиной появления особо опасных зоонозных

инфекционных заболеваний, передающихся от грызунов трансмиссивным путем через эктопаразитов, является деятельность человека. Возникновение подобных заболеваний связано с вторжением человека в естественную среду обитания основных носителей и переносчиков инфекций [7–9]. Зоонозные инфекции возникают, когда люди напрямую или косвенно через эктопаразитов взаимодействуют с дикими грызунами. Интенсивное освоение территорий природных очагов чумы сопровождается усилением контактов населения с их паразитарными системами [10, 11].

Глобальное потепление является причиной экстремальных погодных явлений, таких как ураганы, ливни, наводнения, засухи. В связи с этим появляются новые и активируются известные возбудители опасных инфекционных заболеваний. Наряду с этим изменение климата приводит к удлинению фенологической фазы растительного мира пустынь, увеличивая кормовую базу основного носителя *Yersinia pestis* – большой песчанки (*Rhombomys opimus*). В результате увеличивается численность блох – переносчиков *Y. pestis* [12–15].

Восточные Каракумы занимают центральную часть восточного региона Туркменистана – Лебапской области, представляют собой обширную равнину, сложенную четвертичными речными отложениями с преимущественно грядово-бугристой поверхностью. Разнообразие в ландшафт вносят барханные пески, пятна такыров и солончаков. Подвижные оголенные пески представлены исключительно мощными барханными цепями, почти лишенными растительности. Грядово-бугристые пески представляют собой ландшафт заросших песков. Гряды и разделяющие их понижения ориентированы в направлениях, близких к меридианам (с севера на юг). Такыры всегда гладкие, глинистая поверхность почти лишена растительности. Солончаки приурочены к замкнутым солончаковым котловинам с плоским дном. Растительный покров грядово-бугристых песков однороден, господствуют белосаксаульники и кандымы – белосаксаульники с хорошо развитым покровом илака (песчаная осока) и примесью селина (полевица), являющиеся одним

из основных растений, входящих в кормовую базу грызунов пустыни.

Уникальность экосистемы биосферного заповедника «Репетек» состоит в том, что здесь встречаются заросли черного саксаула – своеобразные саксауловые «леса», прибежища и корм для многих животных.

В Восточных Каракумах Туркменистана во многих биотопах, за исключением мокрых солончаков и высокогорий, основным носителем *Y. pestis* является большая песчанка (*Rh. opimus*). Второстепенные носители – краснохвостая песчанка (*Meriones libycus*) и полуденная песчанка (*Meriones meridianus*). Эпизоотологический мониторинг за Восточными Каракумами ведется уже более 70 лет. Впервые возбудитель чумы *Y. pestis* в этом автономном очаге среди большой песчанки выделен в 1949 г., в последний раз – в 1969 г. [16, 17].

Большая песчанка является самым экологически выносливым видом, способным существовать в разнообразных условиях среды. В годы высокой численности в колонии обитают до полусотни зверьков, и благодаря запасам кормов они могут не выходить на поверхность полтора-два месяца. Возраст таких поселений на плотных грунтах, не заносимых песком, может достигать нескольких десятилетий [18].

Восточные Каракумы входят в состав Каракумского пустынного автономного очага чумы, состоящего из 20 ландшафтно-экологических районов. Мониторинг природных очагов возбудителей особо опасных инфекций является неотъемлемой частью комплекса мероприятий, позволяющих снизить экономические затраты по их профилактике. Составной частью мониторинга является контроль за состоянием популяций основных носителей и переносчиков возбудителей особо опасных зоонозных инфекций. Чума в современном мире, несмотря на успехи медицины в лечении, диагностике и профилактике этой болезни, остается одной из серьезных угроз санитарно-эпидемиологическому благополучию населения [19, 20]. В связи с этим изучение влияния климатоэкологических показателей на динамику численности носителей *Y. pestis* и их переносчиков, эктопаразитов, в Восточных Каракумах является актуальной проблемой.

Целью работы является изучение влияния температуры внешней среды, осадков и растительности на динамику численности носителя *Y. pestis* – большой песчанки (*Rhombomys opimus*) – и ее блох в Восточных Каракумах.

### Материалы и методы

В работе представлены многолетние (2009–2024 гг.) собственные материалы зоопаразитологических исследований, полученные в ежегодных экспедициях, проводимых весной и осенью в Восточных Каракумах, в государственном биосферном заповеднике «Репетек», расположенном в 70 км к юго-западу от города Туркменабада. Координаты –

38°35'11" с.ш., 63°11'25" в.д., высота над уровнем моря – 180–220 м.

Зоопаразитологические исследования проводены сотрудниками Лебапского областного отдела Центра профилактики особо опасных инфекций в полевых условиях на базе мобильной бактериологической лаборатории. Такие лаборатории повсеместно широко используются [21].

В рамках научно-исследовательской работы было организовано 182 экспедиции, в течение которых отловлено 1600 экземпляров большой песчанки.

Для выяснения плотности колоний использовали маршрутно-колониальный метод. Согласно этому методу на обследуемом массиве закладывали не менее двух учетных маршрутов шириной 20 м и длиной 4 км. На маршруте подсчитывали все колонии, попавшие в учетную полосу. Затем количество учетных колоний пересчитывали на 1 га.

Обитаемость колоний определяли одновременно с подсчетом их плотности на учетном маршруте, для этого осматривали подряд, без выбора, 40–50 колоний и подсчитывали, сколько из них являются обитаемыми (жилыми) и необитаемыми (нежилыми).

Среднее число песчанок на одну колонию определяли визуально на 10 обитаемых колоний. Визуальное определение числа зверьков в колонии проводили путем подсчета песчанок с помощью бинокля в часы максимальной активности зверьков, весной – с восхода солнца до начала жары, осенью – в утренние и послеполуденные часы.

Для определения плотности песчанок на 1 га среднее количество песчанок, приходящееся на одну обитаемую колонию, умножали на плотность обитаемых колоний в 1 га.

С целью выявления показателя интенсивности размножения (ПИР) большой песчанки определяли процент размножающихся самок, среднее число эмбрионов, соотношение молодых и взрослых особей в популяции, соотношение самок и самцов (МУ 3.1.1029-01 «Эпидемиология. Профилактика инфекционных болезней. Отлов, учет и прогноз численности мелких млекопитающих и птиц в природных очагах инфекций»).

Эктопаразитов собирали методом очеса отловленных грызунов. С шерсти большой песчанки собрано и исследовано 48 тыс. экземпляров блох. Эктопаразиты большой песчанки в основном представлены блохами рода *Xenopsylla*. Из них более 90 % – *Xenopsylla hirtipes* и около 10 % – *Xenopsylla conformis*. В связи с этим при анализе динамики численности блох использованы данные только в отношении *X. hirtipes*. Запас блох в колонии большой песчанки определяли с помощью формулы:

$$I = i \cdot a \cdot 100 / F,$$

где *i* – индекс обилия блох в шерсти; *a* – среднее количество песчанок на 1 колонию; *F* – индекс приуроченности блох хозяину на конкретный месяц.

Запас блох на 1 га вычисляли по формуле:

$$L = I_1 \cdot a + I_2 \cdot b,$$

где  $I_1$  – индекс обилия блох на зверьках;  $a$  – количество больших песчанок на 1 га;  $I_2$  – индекс обилия блох в колонии;  $b$  – количество обитаемых нор на 1 га (МУ 3.1.1027-01 «Сбор, учет и подготовка к лабораторному исследованию кровососущих членистоногих – переносчиков возбудителей природно-очаговых инфекций»).

Растительный мир изучали по обилию растительности в четырех контрольных точках, расположенных в разных местах биосферного заповедника «Репетек». Площадь каждой из контрольных точек составила 1 га. Оценку растительности проводили в начале, середине и в конце каждого сезона текущего года. Климатологические данные получали на метеорологической станции г. Туркменабада. Полученные данные обработаны статистическим методом с помощью программы Excel-2019.

### Результаты и обсуждение

Погода в Восточных Каракумах отличается резко континентальным характером: летом температура воздуха достигает  $+45...+50^\circ\text{C}$ , зимой опускается до  $-15...-20^\circ\text{C}$ . Наблюдения в течение 16 лет показывают, что колебания среднегодовой температуры в Восточных Каракумах происходят волнообразно. Результаты исследований представлены на рис. 1.

16-летнее наблюдение за погодой показало, что в биосферном заповеднике «Репетек» температура за наблюдаемый период поднялась на  $0,6^\circ\text{C}$ , с  $(17,7 \pm 3,7)^\circ\text{C}$  до  $(18,3 \pm 5,5)^\circ\text{C}$ . Выявлено, что в 2009 и 2010 гг. в Восточных Каракумах фиксиро-

валась относительно высокая температура воздуха, превышающая среднееголетние показатели.

Температура воздуха, понизившаяся в 2011 г., имела тенденцию к повышению в 2012–2013 гг. Однако среднегодовая температура в 2014 г. снизилась до  $(16,6 \pm 4,4)^\circ\text{C}$ . В 2015–2018 гг. среднегодовая температура воздуха практически держалась на одном уровне.

В 2019 г. в биосферном заповеднике «Репетек» отмечался самый низкий показатель среднегодовой температуры воздуха. Начиная с 2020 г. среднегодовая температура имела тенденцию к постепенному повышению, достигнув пика в 2022 г., далее – постепенно снижалась.

На рис. 2 представлены данные по многолетнему уровню и основному тренду осадков в Восточных Каракумах в период с 2009 по 2024 г. В 2009–2010 гг. в зимне-весенний период наблюдались существенно низкие уровни осадков по сравнению со среднееголетними показателями в этом автономном очаге чумы. В дальнейшем, в 2011–2012 гг., в Восточных Каракумах в сезон дождей наблюдались обильные осадки, приведшие к удлинению фенологической фазы пустынных растений.

В 2013–2015 гг. в Восточных Каракумах наблюдалась засуха, количество осадков снизилось до минимального уровня, из-за чего пострадала растительность, являющаяся основным кормом многочисленных позвоночных животных.

В 2016–2018 гг. отмечалось обилие осадков, приведшее к обилию растительности. Засуха 2019 г. в биосферном заповеднике «Репетек» привела к снижению растительности во всем заповеднике. Последовавшее за этим обилие осадков в 2020 г. сменилось трехлетней засухой, завершившейся только в 2024 г.

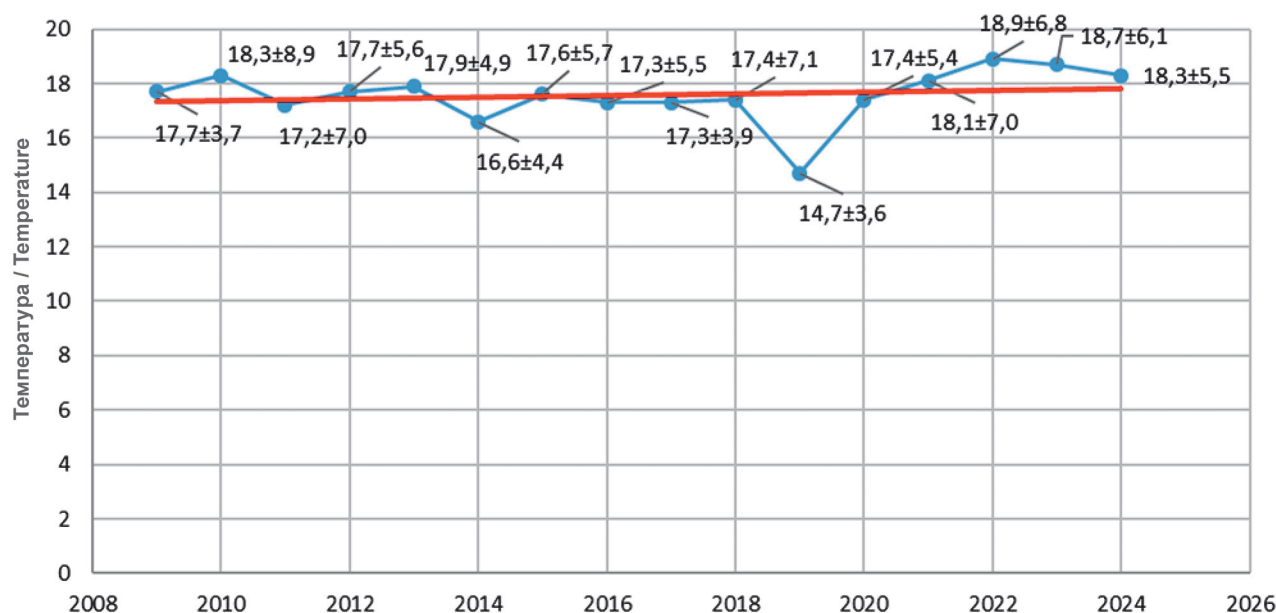


Рис. 1. Динамика температуры воздуха в Восточных Каракумах в 2009–2024 гг.

Fig. 1. Dynamics of air temperature in the Eastern Karakum Desert in 2009–2024

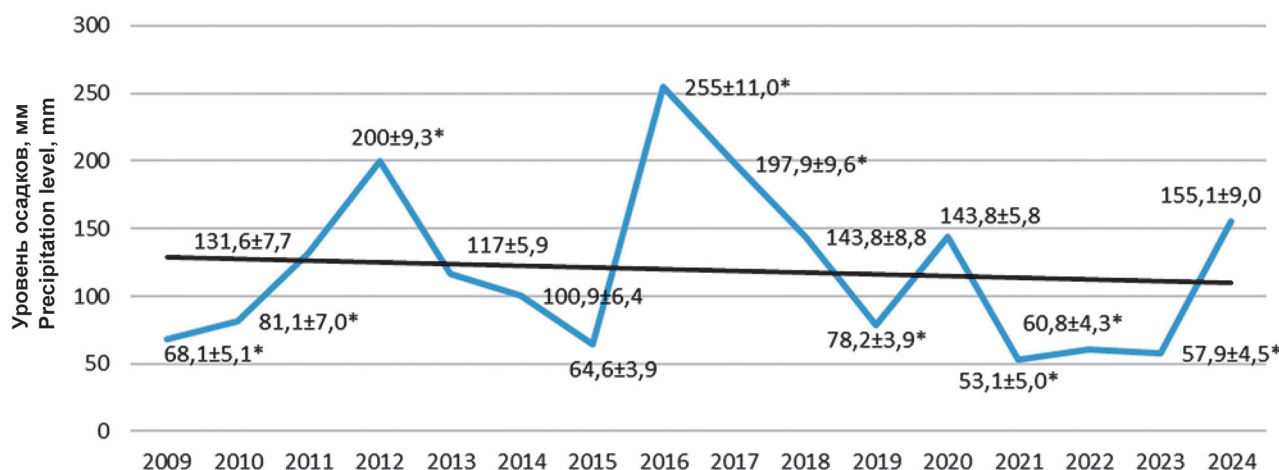


Рис. 2. Многолетний уровень и тренд осадков в Восточных Каракумах в 2009–2024 гг.

Примечание: \*по сравнению со среднемноголетними показателями статистически существенно достоверно,  $p < 0,05$ 

Fig. 2. Long-term precipitation level and trends in the Eastern Karakum Desert in the period of 2009–2024

Note: \*compared to long-term averages, statistically significant,  $p < 0.05$ 

Наблюдение за климатом в Восточных Каракумах в течение 16 лет показывает, что постепенное снижение уровня осадков является общим трендом.

В 2009–2010 гг. в Восточных Каракумах из-за низких осадков пострадал растительный покров, являющийся кормовой базой для большой песчанки. Из-за недостатка кормов в этот период численность *Rh. opimus* существенно снизилась, в результате чего существенно понизилась и плотность грызунов на 1 га (рис. 3). Показатель индекса размножения (ПИР) в этот период снизился с 188 в 2009 г. до 153 в 2010 г.

Как видно из рис. 4, в неблагоприятные годы количество самок среди *Rh. opimus* снижается, в популяции грызунов в основном встречаются самцы. Наблюдалось уменьшение количества молодняка, а также беременных самок. Количество эмбрионов у беременных самок сократилось в среднем с

5–7 до 3. Биологическая целесообразность этого очевидна. Изменчивость плодовитости приспособлена к изменчивым кормовым условиям. На фазе падения численности популяции *Rh. opimus*, возможного носителя зоонозных инфекций, снижается частота половых и других внутривидовых контактов.

В 2011–2012 гг. в результате обильных осадков наблюдался интенсивный рост растений – основных кормов грызунов. Вслед за этим в весенне-летний сезон удельный вес грызунов повысился до уровня среднемноголетних значений. ПИР в этот период повысился с 153,7 в 2011 г. до 191 в 2012 г.

В 2013 г., хотя осадков было намного меньше, чем в предыдущем году, из-за благоприятных условий в весенне-летний период наблюдалось достаточно интенсивное размножение *Rh. opimus*. ПИР в этот период повысился до 643.

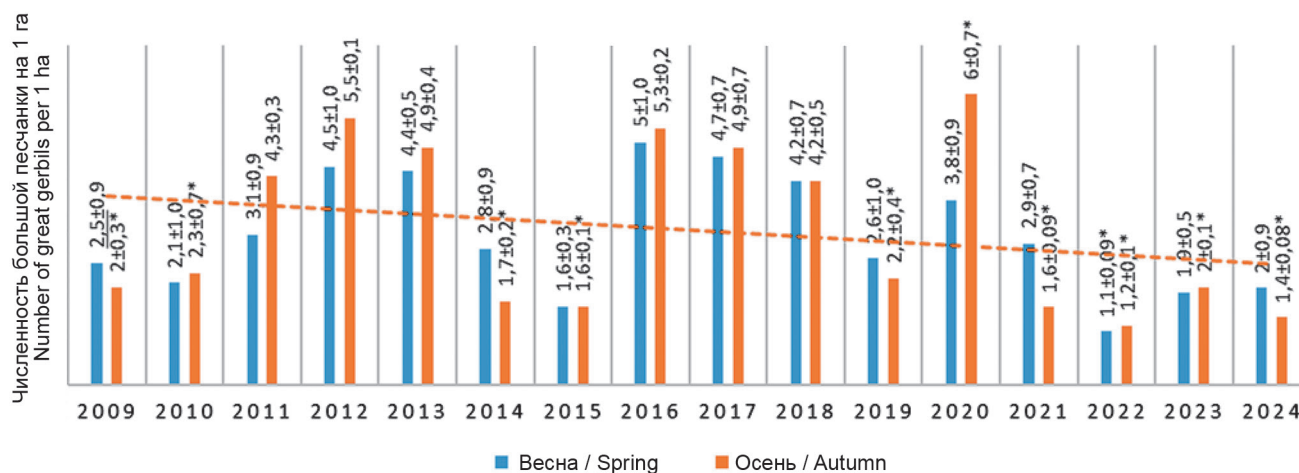


Рис. 3. Динамика и общий тренд численности большой песчанки на 1 га в биосферном заповеднике «Репетек» в 2009–2024 гг.

Примечание: \*по сравнению со среднемноголетними показателями статистически существенно достоверно,  $p < 0,05$ 

Fig. 3. Dynamics and general trend of the great gerbil population per 1 ha in the Repetek Biosphere Reserve in 2009–2024

Note: \*compared to long-term averages, statistically significant,  $p < 0.05$

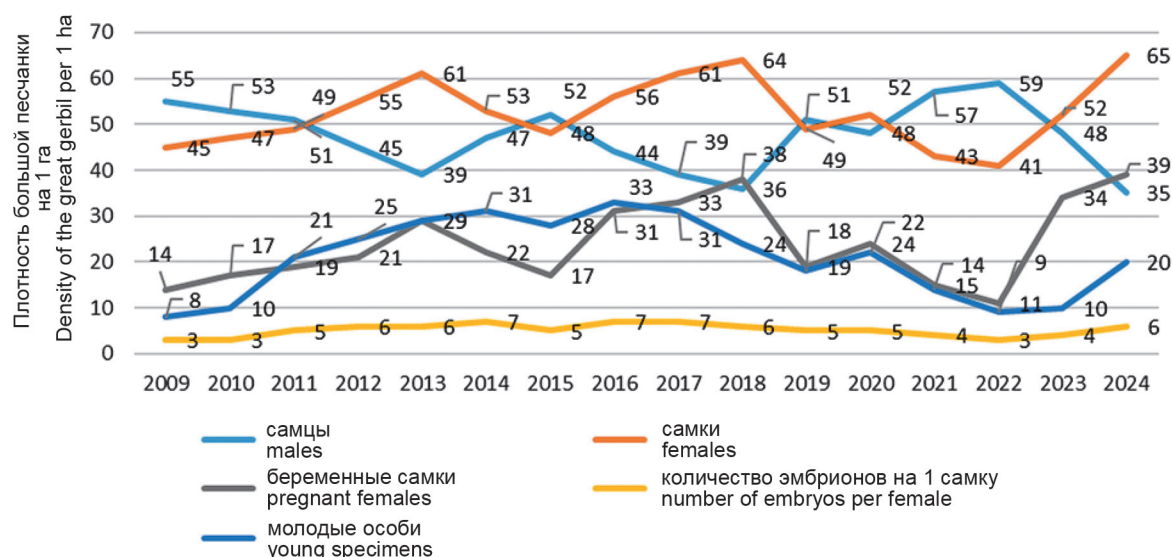


Рис. 4. Динамика численности самцов, самок, беременных самок, количество эмбрионов на 1 самку и количество молодых особей в период в 2009–2024 гг.

Fig. 4. Dynamics of the number of males, females, pregnant females, the number of embryos per female and the number of young specimens in the period of 2009–2024

В 2014 г. наблюдались холодная зима и жаркое лето – среднегодовая температура воздуха по сравнению с прошедшим годом снизилась на 1,3 °C. Из-за низкого уровня осадков в зимне-весенний период вегетация флоры пустыни была недостаточной для полноценного существования и размножения *Rh. opimus*, и к осени фиксировалось существенное снижение количества грызунов. ПИР в этот период понизился до 93.

В 2015 г. среднегодовая температура воздуха в Восточных Каракумах по сравнению с предыдущим годом повысилась на 1,0 °C. Существенно снизился уровень осадков, что привело к сокращению вегетационного периода растений и оскудению кормовой базы большой песчанки. В результате количество *Rh. opimus* существенно снизилось ( $p < 0,05$ ). ПИР в этот период понизился до минимума – 22,3.

В 2016–2017 гг. среднегодовая температура воздуха по сравнению с предыдущим годом снизилась на 0,3 °C. В весенние сезоны в данный период наблюдений отмечались обилие осадков, высокий травостой. Запас кормов в колониях *Rh. opimus* был достаточным для успешного преодоления зимних холодов. В этот период наблюдалось интенсивное размножение больших песчанок. ПИР повысился с 121 в 2016 г. до 161 в 2017 г.

В 2018 г. в Восточных Каракумах среднегодовая температура воздуха по сравнению с предыдущим годом повысилась на 0,1 °C. Для существования грызунов зима была суровой. Хотя в зимне-весенний период уровень осадков был достаточным, лето выдалось очень сухим, что повлияло на вегетационный рост растений. Количество *Rh. opimus* на 1 га в этот период сохранилось на уровне выше среднееголетних показателей. ПИР по сравнению с предыдущим годом повысился до 269,4. Однако упитанность большой песчанки равнялась 0.

В 2019 г. среднегодовая температура воздуха по сравнению с предыдущим годом понизилась на 2,7 °C. Зима была очень холодной, короткая весна – с минимальным количеством дождей, вследствие чего отмечался короткий вегетационный период растений, входящих в кормовую базу *Rh. opimus*. ПИР в этот промежуток времени продолжил снижаться и достиг уровня 94. В результате этих неблагоприятных климатических условий поголовье большой песчанки существенно снизилось.

В 2020 г. ввиду благоприятных погодных условий и достаточной кормовой базы численность *Rh. opimus* весной находилась в пределах среднееголетних показателей, к осени этот показатель существенно превысил среднееголетние значения. ПИР повысился до 172.

Климат в биосферном заповеднике «Репетек» с 2021 по 2024 г. отличался суровой зимой и жарким летом: в 2022–2023 гг. количество атмосферных осадков находилось в минимальных пределах. Вегетация основных растений не была достаточной, чтобы грызуны могли запастись кормами. В результате количество *Rh. opimus* снизилось до статистически достоверно низких уровней ( $p < 0,05$ ). ПИР снизился с 25 в 2021 г. до 4,5 в 2023 г.

Только весной 2024 г. уровень осадков превысил среднееголетние показатели, что незначительно положительно отразилось на количестве *Rh. opimus*. ПИР был на уровне 119,6.

Мониторинг в течение 16 лет показал общий тренд к понижению численности *Rh. opimus*.

Как видно из рис. 5, в Восточных Каракумах в 2009–2010 гг. из-за низкой плотности *Rh. opimus* – прокормителей блох – удельный вес эктопаразитов находился ниже среднееголетних показателей.

В 2011–2012 гг. в весенне-летний сезон удельный вес грызунов повысился до уровня среднеего-

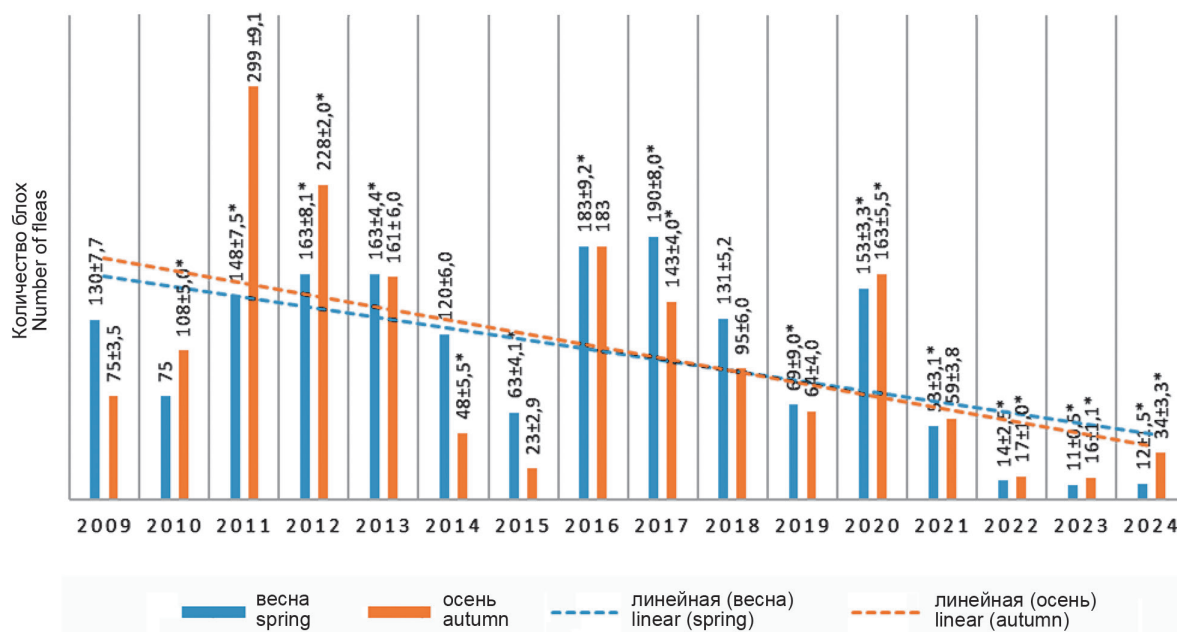


Рис. 5. Динамика и тренд численности блох рода *Xenopsylla*, собранных с шерсти большой песчанки методом очеса в биосферном заповеднике «Репетек» в 2009–2024 гг.

Примечание: \*по сравнению со среднегодовыми показателями статистически существенно достоверно,  $p < 0,05$

Fig. 5. Dynamics and trend of the number of fleas of the genus *Xenopsylla* collected from the great gerbil by the combing method in the Repetek Biosphere Reserve in 2009–2024

Note: \*compared to long-term averages statistically significant,  $p < 0.05$

летних значений, что привело к резкому скачку численности блох. В 2013 г. из-за благоприятных условий в весенне-летний период наблюдалось достаточно интенсивное размножение *Rh. opimus*. Однако лето было жарким, из-за чего удельный вес блох приблизился к среднегодовым показателям.

В 2014–2015 гг. наблюдались неблагоприятные условия к существованию *Rh. opimus*, что отразилось на размножении блох, особенно это заметно по осенним показателям.

В 2016–2017 гг. отмечалось интенсивное размножение основных прокормителей блох – *Rh. opimus*. В этот период наблюдалось достаточно интенсивное размножение и эктопаразитов (рис. 5).

В 2018 г. количество *Rh. opimus* на 1 га хоть и сохранилось на уровне выше среднегодовых показателей, однако их упитанность равнялась 0, в результате к осеннему сезону удельный вес блох снизился. Снижение количества блох на *Rh. opimus* продолжилось и в 2019 г., достигнув показателя ниже среднегодовых.

В 2020 г. в течение всего сезона отмечался рост числа грызунов. Вследствие этого мы отмечали и рост удельного веса блох, собранных с шерсти большой песчанки.

В 2021–2024 гг. в связи суровым климатом количество эктопаразитов на грызунах находилось в депрессивном состоянии.

На рис. 6 приводятся данные по динамике численности блох рода *Xenopsylla* в биосферном заповеднике «Репетек» в 2009–2024 гг. в колониях *Rh. opimus* и на 1 га площади. Удельный вес блох

на 1 га в основном связан с климатологической динамикой, происходящей в зоне исследований. Чем больше количество блох на 1 га, тем больше блох в колониях и на шерсти грызунов.

Таким образом, мониторинг в течение 16 лет блох, обитающих в шерсти *Rh. opimus* и в их колониях, а также удельный вес на 1 га показали, что общий тренд динамики численности стремится к понижению, как в весенний, так и в осенний периоды наблюдений.

Бактериологический и иммунологический мониторинги в течение 16 лет за грызунами и их блохами не выявили эпизоотий, вызванных *Y. pestis*.

Мы считаем, что в Восточных Каракумах наблюдается межэпизоотический период. По мнению некоторых авторов, мобильные экологические параметры носителей и переносчиков действительно способны поддерживать эпизоотический процесс.

*Y. pestis* укореняется там, куда бывает занесен возбудитель и где есть носители и переносчики, обладающие необходимыми параметрами, даже если раньше энзоотий там никогда не было.

Наблюдения в течение последних 16 лет в Восточных Каракумах показали длительное отсутствие эпизоотий, хотя имелись все возможные условия для циркуляции *Y. pestis*. Таким образом, на данном участке циркуляция *Y. pestis* отсутствует.

По мнению некоторых авторов, единственно реальным критерием оценки возможности закрепления возбудителя в том или ином поселении грызунов и блох является их численность. При относительно низком уровне численности носителей и переносчи-

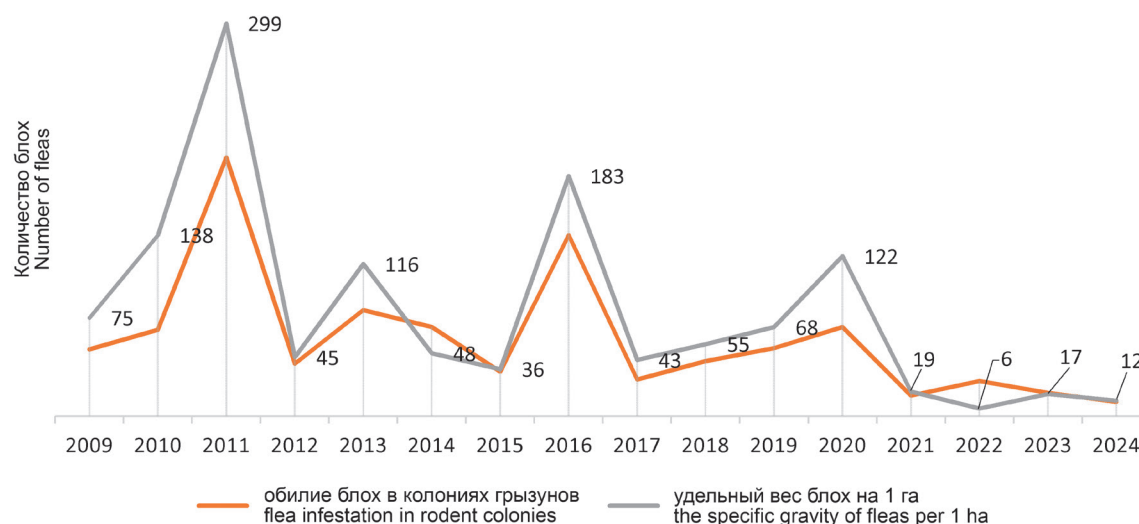


Рис. 6. Динамика численности блох рода *Xenopsylla* в колониях *Rh. opimus* и удельный вес блох на 1 га в биосферном заповеднике «Репетек» в 2009–2024 гг.

Fig. 6. Dynamics of the number of fleas of the genus *Xenopsylla* in colonies of the great gerbil and the proportion of fleas per 1 ha in the Repetek Biosphere Reserve in 2009–2024

ков, характеризующемся плотностью в 1 песчанку на 1 га и индексами обилия блох порядка 1–3, параметры подвижности зверьков и форезии блох весьма высоки и обеспечивают формирование обширной и монолитной сети паразитарных контактов в поселениях песчанок. В таких поселениях возможно распространение возбудителя чумы, если обилие блох – эффективных переносчиков – может обеспечить заражение достаточного количества реципиентов [9, 11].

Таким образом, в настоящее время в автономном очаге чумы в восточной части Каракумов эпизоотологическая ситуация оценивается как межэпизоотийный период. Однако плотность *Rh. opimus* и ее блох свидетельствует о наличии здесь условий для развития эпизоотий чумы. Проведенные нами исследования наглядно подтверждают взаимосвязь климатозоологических показателей с растительным и животным миром, а также их возможное влияние на здоровье человека. Климат окружающей среды может как снизить удельный вес грызунов и их эктопаразитов, так и стимулировать их плотность. Так, сочетание высокой температуры окружающей среды с обилием осадков стимулирует рост числа грызунов и их блох. Высокая температура окружающей среды при отсутствии осадков неблагоприятно влияет на размножение грызунов и их эктопаразитов.

В результате проведенного исследования влияние факторов внешней среды можно оценить следующим образом: рост и распространение *Rh. opimus* и ее блох в Восточных Каракумах связаны с температурой окружающей среды и уровнем осадков; температура окружающей среды колеблется волнообразно, с общим трендом к повышению на 0,6 °C; периоды высокой температуры окружающей среды и обилия осадков в весенние сезоны приводят к росту растительности, числа грызунов и их блох;

продолжающийся в Восточных Каракумах с 2020 г. засушливый период привел к снижению удельного веса блох, обитающих в шерсти *Rh. opimus* и в их колониях, а также удельного веса на 1 га.

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

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

**Биоэтика.** Все этапы исследования соответствовали законодательству Российской Федерации, международным этическим нормам и нормативным документам учреждения, а также одобрены комиссией по биоэтике Центра профилактики особо опасных инфекций ГСЭС МЗ и МП Туркменистана (протокол заседания Комиссии по биоэтике от 03.02.2025 № 2).

## Список литературы

- Ерошенко Г.А., Оглодин Е.Г., Балыкова А.Н., Краснов Я.М., Нарышкина Е.А., Аязбаев Т.З., Попов Н.В., Кутырев В.В. Реконструкция пространственной циркуляции *Yersinia pestis* средневекового бивара в Восточном Прикаспии в XX веке по данным полногеномного SNP-анализа. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2022; (2):75–85. DOI: 10.21055/0370-1069-2022-2-75-85.
- Тальских В.Н., Митропольский О.В. Реакция биологического разнообразия на изменения климата и меры адаптации. *Бюл. н.-и. Гидрометеорологического института: Последствия изменения климата в Узбекистане, вопросы адаптации*. 2008; (7):62–7.
- Каримова Т.Ю., Неронов В.М. Природные очаги чумы Палеарктики. М.: Наука; 2007. 199 с.
- World Health Organization. One Health (2023). [Электронный ресурс]. URL: <https://www.who.int/europe/initiatives/one-health> (дата обращения 14.10.2023).
- Centers for Disease Control and Prevention. One Health (2023). [Электронный ресурс]. URL: <https://www.cdc.gov/onehealth/index.html> (дата обращения 14.10.2023).
- One World One Health. The Manhattan Principles (2005). [Электронный ресурс]. URL: <https://oneworldonehealth.wcs.org/About-Us/Mission/The-Manhattan-Principles> (дата обращения 14.10.2023).
- Ерошенко Г.А., Куклева Л.М., Альхова Ж.В., Балыкова А.Н., Попов Н.В., Краснов Я.М., Червякова Н.С., Кутырев В.В.

Филогенетическая история Каракумского пустынного очага. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2020; (3):56–61. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-3-56-61.

8. Базарова Г.Р., Нейматов А.С., Хусанов О.А., Ахмадбек Кизи С. Оптимизация эпидразведки и прогнозирование эпизоотий в Кызылкумском автономном очаге чумы в современных условиях в пределах Узбекистана. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2009; (3):19–21. DOI: 10.21055/0370-1069-2009-3(101)-19-21.

9. Тарасов М.А., Кутырев В.В., Попов Н.В., Куклев Е.В., Куличенко А.Н., Корнеев Г.А., Караваева Т.Б., Матросов А.Н., Шилов М.М., Ефимов С.В., Удвиков А.И., Князева Т.Б., Головинская О.Н., Пионтовский С.А., Чекашев В.Н., Гаранина С.Б., Щербакова С.А. К вопросу об энзоотичности по чуме юго-восточной части территории Саратовской области. *Карантинные и зоонозные инфекции в Казахстане*. 2001; (3):251–4.

10. Тарасов М.А., Попов Н.В., Кутырев И.В., Яковлев С.А., Меркулова Т.К., Слудский А.А., Кузнецов А.А., Удвиков А.И., Развух В.М., Толоконникова С.И. Новые эколого-эпизоотологические и эпидемиологические индексы количественной оценки состояния очагов некоторых зоонозов. *Эпидемиология и инфекционные болезни*. 2008; (1):14–8.

11. Поршаков А.М., Чумачкова Е.А., Касьян Ж.А., Оглодин Е.Г., Лыонг Тхи Мо, Во Вьет Кьонг, Чинь Ван Тоан, Буй Тхи Тхань Нга. Результаты эпизоотологического обследования на чуму и другие зоонозы в северных провинциях Социалистической Республики Вьетнам весной 2019 г. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2020; (1):133–8. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-1-133-138.

12. Павленко А.В. Флористический состав и жизненные формы растений зоны Туркменского озера «Алтын асыр». *Проблемы освоения пустынь*. 2014; (1-2):8–22.

13. Pawlenko A.W. "Altyn asyr" Türkmen köli: ekolojiya we biodiversitligi. Ashgabat: TDNG; 2015. S. 280.

14. Бекиева Г., Нурбердыев М. Агрометеорологический прогноз засухи и урожайности пастбищ Каракумов. *Проблемы освоения пустынь*. 2010; (1-2):14–7.

15. Рустамов И.Г., Кепбанов П.А. Влияние лимитирующих факторов на состояние популяций редких и эндемичных видов флоры Туркменистана. *Проблемы освоения пустынь*. 2002; (2):10–4.

16. Попова А.Ю., Кутырев В.В., редакторы. Подвиг во имя жизни. 125 лет противочумным учреждениям России и стран СНГ. Калининград: РА Полиграфич; 2022. 544 с.

17. Попова А.Ю., Кутырев В.В., редакторы. Атлас природных очагов чумы России и зарубежных государств. Калининград: РА Полиграфич; 2022. 348 с.

18. Слудский А.А. Эпизоотология чумы (обзор исследований и гипотез). Ч. 2 (Деп. в ВИНТИ 11.08.2014, № 232-В 2014). Саратов; 2014. 182 с.

19. Попов Н.В., Калошина Л.А., Куклев Е.В., Корнеев Г.А., Кузнецов А.А., Матросов А.Н., Князева Т.В., Ермаков Н.М., Санджиев В.Б., Козлова Т.А., Колнобритская О.А. Современные аспекты стратегии и тактики мониторинга природных очагов чумы РФ. *РЭТ-инфо*. 2001; (2):14–6.

20. Матросов А.Н., Кузнецов А.А., Князева Т.В. Экологические аспекты контроля численности грызунов в природных очагах чумы на территории Российской Федерации. *Экология*. 2011; (4):266–71.

21. Бугоркова С.А., Кудрявцева О.М., Щербакова С.А., Кутырев В.В. Возможности мобильной лаборатории для обеспечения задач иммунологического мониторинга на территориях природных очагов чумы. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2024; (3):178–81. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-3-178-181.

## References

1. Eroshenko G.A., Oglodin E.G., Balykova A.N., Krasnov Ya.M., Naryshkina E.A., Ayazbaev T.Z., Popov N.V., Kutyrev V.V. [Tracing the spatial circulation of *Yersinia pestis* of medieval biovar in the Eastern Caspian Sea Region in the 20th century based on genome-wide SNP analysis]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2022; (2):75–85. DOI: 10.21055/0370-1069-2022-2-75-85.

2. Talskikh V.N., Mitropolsky O.V. [Response of biological diversity to climate change and adaptation measures]. *Byulleten Gidrometeorologicheskogo Instituta: Posledstviya Izmeneniya Klimata v Uzbekistane [Bulletin of the Hydrometeorological Institute: Consequences of Climate Change in Uzbekistan, Adaptation Issues]*. 2008; (7):62–7.

3. Karimova T.Yu., Neronov V.M. [Natural Foci of Plague in the Palearctic]. Moscow; 2007. 199 p.

4. World Health Organization. One Health (2023). (Cited 14 Oct 2023). Available from: <https://www.who.int/europe/initiatives/one-health>.

5. Centers for Disease Control and Prevention. One Health (2023). (Cited 14 Oct 2023). Available from: <https://www.Cdc.gov/one-health/index.html>.

6. One World One Health. The Manhattan Principles (2005). (Cited 14 Oct 2023). Available from: <https://oneworldonehealth.wcs.org/About-Us/Mission/The-Manhattan-Principles>.

7. Eroshenko G.A., Kukleva L.M., Al'khova Zh.V., Balykova A.N., Popov N.V., Krasnov Ya.M., Chervyakova N.S., Kutyrev V.V. [Phylogenetic history of Kara Kum desert focus]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2020; (3):56–61. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-3-56-61.

8. Bazarova G.R., Nematov A.S., Khusanov O.A., Akhmadbek Kizi S. [Optimization of epidemiological reconnaissance and forecasting of epizootics in the Kyzylkum autonomous plague focus in modern conditions within Uzbekistan]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2009; (3):19–21. DOI: 10.21055/0370-1069-2009-3(101)-19-21.

9. Tarasov M.A., Kutyrev V.V., Popov N.V., Kulev E.V., Kulichenko A.N., Korneev G.A., Karavaeva T.B., Matrosov A.N., Shilov M.M., Efimov S.V., Udovikov A.I., Knyazeva T.B., Golovinskaya O.N., Piontkovsky S.A., Chekashev V.N., Garanina S.B., Shcherbakova S.A. [On the issue of enzootic plague in the southeastern part of the Saratov Region]. *Karantinnye i Zoonoznye Infektsii v Kazakhstane [Quarantine and Zoonotic Infections in Kazakhstan]*. 2001; (3):251–4.

10. Tarasov M.A., Popov N.V., Kutyrev I.V., Yakovlev S.A., Merkulova T.K., Sludsky A.A., Kuznetsov A.A., Udovikov A.I., Razvykh V.M., Tolokonnikova S.I. [New ecological, epizootiological and epidemiological indices for quantitative assessment of the state of foci of some zoonoses]. *Epidemiologiya i Infektsionnye Bolezni [Epidemiology and Infectious Diseases]*. 2008; (1):14–8.

11. Porshakov A.M., Chumachkova E.A., Kasyan Zh.A., Oglodin E.G., Luong Thi Mo, Vo Viet Cuong, Trinh Van Toan, Bui Thi Thanh Nga. [Results of an epizootiological survey for plague and other zoonoses in the northern provinces of the Socialist Republic of Vietnam in the spring of 2019]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2020; (1):133–8. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-1-133-138.

12. Pavlenko A.V. [Floristic composition and life forms of plants in the zone of the Turkmen Lake "Altyn Asyr"]. *Problemy Osvoeniya Pustyn' [Problems of Desert Development]*. 2014; (1-2):18–22.

13. Pavlenko A.W. "Altyn Asyr" Turkmen Lake: ecology and biodiversity]. Ashgabat: TDNG; 2015. P. 280.

14. Bekieva G., Nurberdyev M. [Agrometeorological forecast of drought and productivity of Karakum pastures]. *Problemy Osvoeniya Pustyn' [Problems of Desert Development]*. 2010; (1-2):14–7.

15. Rustamov I.G., Kepbanov P.A. [The influence of limiting factors on the state of populations of rare and endemic species of the flora of Turkmenistan]. *Problemy Osvoeniya Pustyn' [Problems of Desert Development]*. 2002; (2):10–4.

16. Popova A.Yu., Kutyrev V.V., editors. [Feat in the Name of Life. 125 Years of Anti-Plague Institutions in Russia and the CIS Countries]. Kaliningrad: RA Poligrafich; 2022. 544 p.

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

18. Sludsky A.A. [Epizootiology of the Plague (Review of Research and Hypotheses)]. Part 2 (Deposited in VINITI 11 Aug 2014, No. 232-B 2014). Saratov; 2014. 182 p.

19. Popov N.V., Kaloshina L.A., Kuklev E.V., Korneev G.A., Kuznetsov A.A., Matrosov A.N., Knyazeva T.V., Ermakov N.M., Sandzhiev V.B., Kozlova T.A., Kolnobritskaya O.A. [Modern aspects of the strategy and tactics of monitoring natural foci of plague in the Russian Federation]. *RET-info*. 2001; (2):14–6.

20. Matrosov A.N., Kuznetsov A.A., Knyazeva T.V. [Ecological aspects of rodent population control in natural plague foci on the territory of the Russian Federation]. *Ekologiya [Ecology]*. 2011; (4):266–71.

21. Bugorkova S.A., Kudryavtseva O.M., Shcherbakova S.A., Kutyrev V.V. [Performance capabilities of a mobile laboratory for supporting immunological monitoring in natural plague foci]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2024; (3):178–81. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-3-178-181.

## Authors:

Mavlanov K.Kh. Center for Prevention of Particularly Dangerous Infections of the State Sanitary and Epidemiological Service of the Ministry of Health and Medical Industry of Turkmenistan. 81, O. Annaev Street, Ashgabat, 744020, Turkmenistan. E-mail: [ahykoam2021@sanly.tm](mailto:ahykoam2021@sanly.tm).

Tachmukhammadova A.Kh. Myrat Garryev State Medical University of Turkmenistan. 18, Archabil Avenue, Ashgabat, 744000, Turkmenistan.

## Об авторах:

Мавланов К.Х. Центр профилактики особо опасных инфекций Государственной санитарно-эпидемиологической службы Министерства здравоохранения и медицинской промышленности Туркменистана. Туркменистан, 744020, Ашхабад, ул. О. Аннаева, 81. E-mail: [ahykoam2021@sanly.tm](mailto:ahykoam2021@sanly.tm).

Тачмухаммедова А.Х. Государственный медицинский университет Туркменистана имени Мырата Гаррыева. Туркменистан, 744000, Ашхабад, пр-т Арчабиль, 18.

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-97-103

УДК 614.7:616.932(470)

Э.А. Москвитина, Е.Г. Соболева, И.В. Савина, А.С. Водопьянов, В.Д. Кругликов, Н.Е. Гаевская

**Анализ данных мониторинга контаминации *V. cholerae* O1 водных объектов в Российской Федерации, 2015–2024 гг.**

ФКУЗ «Ростовский-на-Дону научно-исследовательский противочумный институт», Ростов-на-Дону, Российская Федерация

**Цель** – анализ данных мониторинга контаминации водных объектов *Vibrio cholerae* O1 при осуществлении эпидемиологического надзора за холерой в Российской Федерации. **Материалы и методы.** Анализ данных о выделении холерных вибрионов O1 из водных объектов (2015–2024 гг.) осуществляли с использованием официальной статистической отчетности управлений Роспотребнадзора по субъектам Российской Федерации и противочумных учреждений. Исследования биологических свойств штаммов проводили в соответствии с МУК 4.2.3745-22, полногеномное секвенирование выполнено на платформе MiSeq (Illumina, США). **Результаты и обсуждение.** Проанализирована информация о 848 штаммах *V. cholerae* O1, в том числе *V. cholerae* O1 *ctxA*<sup>+</sup>*tcpA*<sup>+</sup> (3), *V. cholerae* O1 *ctxA**tcpA*<sup>+</sup> (48) и *V. cholerae* O1 *ctxA**tcpA*<sup>–</sup> (797) в 30 субъектах Российской Федерации. *V. cholerae* O1 El Tor *ctxA**tcpA*<sup>–</sup> и *V. cholerae* O1 El Tor *ctxA**tcpA*<sup>+</sup> были выделены из 72 водных объектов: 46 рек, 13 прудов, 8 озер и других объектов – в различных климато-географических областях, преимущественно в атлантико-континентальной европейской (лесной) области, а также в континентальной восточно-сибирской и муссонной дальневосточной. Приведены данные о контаминации *V. cholerae* O1 водных объектов в административных территориях РФ, различных по типам эпидемических проявлений холеры, федеральных округах; точках отбора проб; результатах эпидемиологических расследований с применением полногеномного секвенирования штаммов *V. cholerae* O1 *ctxA**tcpA*<sup>–</sup>.

**Ключевые слова:** мониторинг, контаминация, водные объекты, *V. cholerae* O1, эпидемиологический надзор.

Корреспондирующий автор: Москвитина Эльза Афанасьевна, e-mail: elza\_epid@mail.ru.

Для цитирования: Москвитина Э.А., Соболева Е.Г., Савина И.В., Водопьянов А.С., Кругликов В.Д., Гаевская Н.Е. Анализ данных мониторинга контаминации *V. cholerae* O1 водных объектов в Российской Федерации, 2015–2024 гг. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 4:97–103. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-97-103

Поступила 17.06.2025. Принята к публикации 18.07.2025.

E.A. Moskvitina, E.G. Soboleva, I.V. Savina, A.S. Vodop'yanov, V.D. Kruglikov, N.E. Gaevskaya

**Analysis of Monitoring Data on Contamination of Water Bodies with *V. cholerae* O1 in the Russian Federation, 2015–2024**

Rostov-on-Don Research Anti-Plague Institute, Rostov-on-Don, Russian Federation

**Abstract.** The aim of the work was to analyze the monitoring data on contamination of water bodies with *Vibrio cholerae* O1 during epidemiological surveillance of cholera in Russia. **Materials and methods.** The analysis of the data on the isolation of cholera vibrios O1 from water bodies (2015–2024) was carried out using official statistical reports from the Rospotrebnadzor Administrations in the constituent entities of the Russian Federation and anti-plague institutions. Studies of biological properties of the strains were performed in accordance with MR 4.2.3745-22; genome-wide sequencing was conducted on the MiSeq platform (Illumina, USA). **Results and discussion.** Information about 848 strains of *V. cholerae* O1, including *V. cholerae* O1 *ctxA*<sup>+</sup>*tcpA*<sup>+</sup> (3), *V. cholerae* O1 *ctxA**tcpA*<sup>+</sup> (48) and *V. cholerae* O1 *ctxA**tcpA*<sup>–</sup> (797) in 30 entities of the Russian Federation has been investigated. *V. cholerae* O1 El Tor *ctxA**tcpA*<sup>–</sup> and *V. cholerae* O1 El Tor *ctxA**tcpA*<sup>+</sup> were isolated from 72 water bodies: 46 rivers, 13 ponds, 8 lakes, and other objects in various climatic regions, mainly in the Atlantic-continent European (forest) part, as well as in the continental East Siberian and monsoon Far Eastern areas. The data on contamination of water bodies with *V. cholerae* O1 in the administrative territories of the Russian Federation, varying by types of epidemic manifestations of cholera, federal districts; sampling points; on the results of epidemiological investigations using genome-wide sequencing of *V. cholerae* O1 *ctxA**tcpA*<sup>–</sup> strains are provided in the paper.

**Key words:** monitoring, contamination, water bodies, *V. cholerae* O1, epidemiological surveillance.

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

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

Corresponding author: Elza A. Moskvitina, e-mail: elza\_epid@mail.ru.

Citation: Moskvitina E.A., Soboleva E.G., Savina I.V., Vodop'yanov A.S., Kruglikov V.D., Gaevskaya N.E. Analysis of Monitoring Data on Contamination of Water Bodies with *V. cholerae* O1 in the Russian Federation, 2015–2024. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2025; 4:97–103. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-97-103

Received 17.06.2025. Accepted 18.07.2025.

Moskvitina E.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5020-1466>  
Soboleva E.G., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7571-7848>  
Savina I.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6825-1135>

Vodop'yanov A.S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9056-3231>  
Kruglikov V.D., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6540-2778>  
Gaevskaya N.E., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0762-3628>

Мониторинг контаминации водных объектов *Vibrio cholerae* серогрупп O1, O139 является одним из ключевых составляющих эпидемиологического надзора за холерой в Российской Федерации. Он направлен на своевременное выявление основного биологического фактора риска в активизации эпидемического процесса, предупреждение возникновения вспышек с реализацией ведущего – водного – пути распространения возбудителя инфекции, обеспечение биологической безопасности населения страны. Результаты исследований при выделении различных по вирулентности холерных вибрионов O1 из объектов окружающей среды использованы при внедрении дифференцированного объема профилактических мероприятий [1], при районировании 84 административных территорий РСФСР в составе СССР по типам эпидемических проявлений холеры [2]. В последующем нормативно-методические документы были усовершенствованы – СанПиН 3.3686-21, приложение 20.

После вступления в состав Российской Федерации новых регионов: Республики Крым (2014 г.), Донецкой и Луганской народных республик, Запорожской и Херсонской областей (2022 г.) – с учетом комплекса факторов риска, в том числе данных о выделении холерных вибрионов из водных объектов, эти регионы были отнесены к территориям I типа по эпидемическим проявлениям холеры [3, 4]. При совершенствовании тактики эпидемиологического надзора в период седьмой пандемии холеры в Российской Федерации внедрялись результаты мониторинга с учетом интенсивности, сезонности, мест отбора проб, длительности обнаружения холерных вибрионов O1/O139-серогрупп в поверхностных водоемах с учетом их гидрологических и эколого-гигиенических условий [2]. Следует отметить, что крупные вспышки холеры, обусловленные *V. cholerae* O1 *ctxAB*<sup>+</sup>*tcpA*<sup>+</sup> с реализацией водного пути распространения возбудителя инфекции, имели место начиная с 1970 г. – года отсчета седьмой пандемии холеры Эль-Тор в стране: в Астраханской (1970–1974 гг.), Ростовской (1970–1981, 1993–1995, 2005 гг.) областях, Ставропольском (1990 г.) и Приморском (1999 г.) краях, Республике Дагестан (1994 г.), Республике Татарстан (2001 г.) [5, 6]. Контаминация *V. cholerae* O139 водных объектов имела место в стране в 1993–2012 гг. [7].

**Цель** – выявление закономерностей контаминации водных объектов *V. cholerae* O1 при осуществлении эпидемиологического надзора за холерой в Российской Федерации.

### Материалы и методы

Анализ данных о выделении холерных вибрионов O1 из водных объектов (2015–2024 гг.) осуществляли с использованием донесений руководителей управлений Роспотребнадзора по субъектам Российской Федерации, директоров противочумных

учреждений Роспотребнадзора, с применением информационных технологий, базы данных «Холерные вибрионы Эль-Тор. Российская Федерация. Контаминация водных и других объектов окружающей среды» [8]. Лабораторную диагностику холеры осуществляли в соответствии с СанПиН 3.3686-21 и МУК 4.2.3746-22. Исследования биологических свойств штаммов проводили в соответствии с МУК 4.2.3745-22, полногеномное SNP-типирование выполнено на платформе MiSeg (Illumina, США).

### Результаты и обсуждение

Эпидемиологическая обстановка по холере в России в 2015–2024 гг. характеризовалась заво-зом в 2023 г. холеры, обусловленной *V. cholerae* O1 El Tor *ctxAB*<sup>+</sup>*tcpA*<sup>+</sup>, из Индии в Тамбовскую область и Москву. Штаммы, выделенные от больных, по основным маркерам эпидемического потенциала относились к «постгаитянской» группе с генотипом *ctxB7tcpA*<sup>CRIS</sup> *rtxA4a* VSP-IIΔ0495-0512 [9]. Наряду с токсигенными изолированы штаммы *V. cholerae* O1 *ctxA*<sup>+</sup>*tcpA*<sup>+</sup> от двух больных с диареей, прибывших из Индии в Москву. Нетоксигенные штаммы холерных вибрионов были выделены также в биоматериале от двух больных в Запорожской (2023 г.) и Херсонской (2024 г.) областях. При филогенетическом анализе их геномов и геномов нетоксигенных штаммов, выделенных из водных объектов различных регионов РФ в разные годы, получены данные, указывающие на родство изолятов, вероятность реализации водного фактора передачи *V. cholerae* O1 при инфицировании больных.

При анализе контаминации *V. cholerae* O1 водных объектов (2015–2024 гг.) установлено, что в 30 субъектах Российской Федерации было выделено 848 штаммов *V. cholerae* O1: 3 – *V. cholerae* O1 *ctxA*<sup>+</sup>*tcpA*<sup>+</sup>, 48 – *V. cholerae* O1 *ctxA*<sup>+</sup>*tcpA*<sup>+</sup> и 797 – *V. cholerae* O1 *ctxA*<sup>+</sup>*tcpA*<sup>+</sup>. Установлена тенденция роста в 2024 г. с учетом выделения 338 штаммов *V. cholerae* O1. Из них: 2 – *V. cholerae* O1 *ctxA*<sup>+</sup>*tcpA*<sup>+</sup>, 6 – *V. cholerae* O1 *ctxA*<sup>+</sup>*tcpA*<sup>+</sup>, 330 – *V. cholerae* O1 *ctxA*<sup>+</sup>*tcpA*<sup>+</sup> (рис. 1).

Обращает на себя внимание 2015 год, когда в водных объектах России было обнаружено 127 *V. cholerae* O1, в том числе *V. cholerae* O1 *ctxA*<sup>+</sup>*tcpA*<sup>+</sup> (6), *V. cholerae* O1 *ctxA*<sup>+</sup>*tcpA*<sup>+</sup> (121), *V. cholerae* O1 серовара Огава – 12 и серовара Инаба – 115. При этом 107 нетоксигенных холерных вибрионов изолировано в Краснодарском крае, г. Сочи, Хостинский район, из реки Агуры с 29.07.2015 по 27.09.2015 (63 дня). Характерной гидрологической особенностью р. Агуры является наличие очага разгрузки самоизливающихся из подземного сенонского горизонта сульфидных вод типа «Мацеста» на расстоянии 2 км от устья. Река имеет смешанное питание: ливневые воды, карстовые подземные воды и самоизливающиеся сульфидные воды типа «Мацеста» [10]. При эпидемиологическом расследовании сделано заключение,

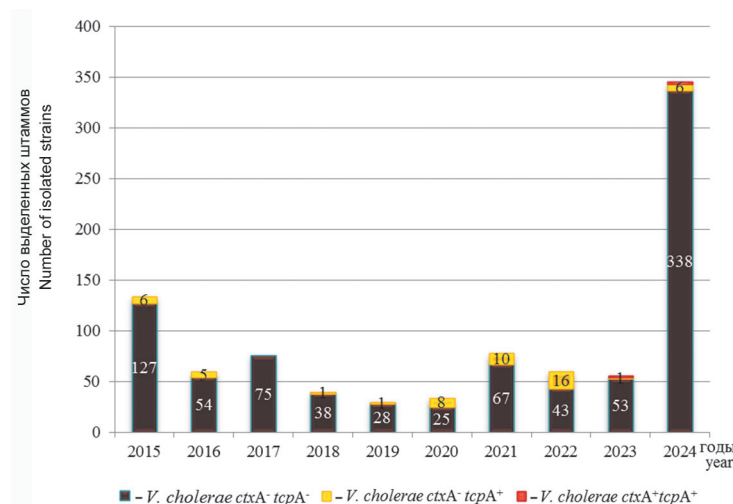


Рис. 1. Динамика выделения холерных вибрионов O1 из водных объектов. Российская Федерация, 2015–2024 гг.

Fig. 1. Dynamics of the isolation of cholera vibrios O1 from water bodies. Russian Federation, 2015–2024

что имевшая место чрезвычайная ситуация (ЧС) природного, метеорологического характера (ливни) в начале июля 2015 г. явилась пусковым механизмом нарушения санитарно-экологических условий в акватории р. Агуры, попадания загрязненных холерными вибрионами сточных вод в карстовые подземные воды с примесью сульфидных вод, с последующей разгрузкой в р. Агуру. Филогенетический анализ полногеномных последовательностей 13 нетоксигенных штаммов *V. cholerae* O1 El Tor *ctxA<sup>-</sup>tcpA<sup>-</sup>*, выделенных из р. Агуры (1975, 1980–1981, 2015 гг.) и других водных объектов разных регионов Российской Федерации, а также от больных диареей в Краснодарском крае (1999, 2004 гг.), показал, что штамм из р. Агуры 2015 г., один из 83 (выборочно взятых), был наиболее генетически близок к штаммам, выделенным из водных объектов в Астраханской области (2012 г.) и Республике Калмыкия (2014 г.).

Следует отметить, что ранее обнаружены холерные вибрионы (авирулентные на модели кроликов-сосунков, нетоксигенные при ДНК-зондировании) в 1975, 1977, 1979–1981 гг. из воды р. Агуры, в месте очага разгрузки минеральных сульфидных вод, ниже очага разгрузки, в устье и пробах из морской воды, в месте впадения реки в Черное море. Это было обусловлено загрязнением холерными вибрионами подземного сенонского горизонта минеральных сульфидных вод, непосредственно связанных с подрусловым потоком реки [11]. Реки Агура и Мацеста относятся к Ахунскому массиву на Черноморском побережье. Сенонский подземный горизонт сульфидной минеральной воды в пределах долин рек перекрыт водонепроницаемыми геологическими известняковыми отложениями, глинами и алювием [10, 12]. Возможная загрязнение *V. cholerae* O1 *ctxA<sup>-</sup>tcpA<sup>-</sup>* рек Мацеста и Агура с учетом хронологии их выделения в 2024 г. была обусловлена, в свою очередь, загрязнением сульфидной минеральной водой подземного горизонта подруслов реки Мацесты, в последующем – Агуры.

Влияние ЧС природного характера, циклона, на загрязнение *V. cholerae* O1 *ctxA<sup>-</sup>tcpA<sup>-</sup>* рек Мелек-

Чесме и Джарджана имело место в Республике Крым, городском округе Керчь и Ленинском районе, в 2021 г., когда выпало 82 мм осадков (две месячные нормы). В Республике Крым 17.06.2021 была объявлена чрезвычайная ситуация природного характера Указом Главы Республики Крым от 17.06.2021 № 142-У «О введении режима чрезвычайной ситуации на территории Республики Крым». Отмечено подтопление частного сектора с выгребными ямами, нарушение функционирования канализационных насосных станций, образование временных ливневых сточных вод, попадание их в реки, впадающие в море. *V. cholerae* O1 были изолированы из ливневых сточных вод (2), рек Мелек-Чесме (3) и Джарджана (2) и сточных вод в порту Камыш-Бурун (1).

Выделение единичных штаммов *V. cholerae* O1 El Tor *ctxA<sup>+</sup>tcpA<sup>+</sup>* в 2023–2024 гг. из пробы воды р. Темерник (г. Ростов-на-Дону) с субъединицей *ctxB1* при отсутствии выявленных больных холерой или вибрионосителей свидетельствовало о завозном их происхождении. О распространении штаммов с различными аллелями *ctxB*, в том числе *ctxB1* *V. cholerae* O1, в Бангладеш и Индии изложено в статьях Z.Z. Hossain et al. [13], B.B. Pal et al. [14].

В 2015–2024 гг. *V. cholerae* O1 El Tor *ctxA<sup>-</sup>tcpA<sup>-</sup>* сероваров Огава и Инаба и *V. cholerae* O1 El Tor *ctxA<sup>-</sup>tcpA<sup>+</sup>* серовара Огава были выделены из 72 водных объектов: 46 рек, 13 прудов, 8 озер, Черного моря и других объектов (канал, ерик, залив) – в различных климато-географических областях, преимущественно в атлантико-континентальной (Ростовская область, Республика Крым, Краснодарский край и др.), а также в континентальной восточно-сибирской (Иркутская и Читинская области) и муссонной дальневосточной (Приморский и Хабаровский края).

При анализе данных о выделении первых культур *V. cholerae* O1 установлено, что на территориях I типа по эпидемическим проявлениям холеры они изолированы однократно в мае 2022 г. при температуре 16 °С (г. Ростов-на-Дону, Ростовская область) и в основном – в июне. На территориях II типа, III типа, подтип А, и III типа, подтип Б, выделение первых

культур укладывалось в сроки отбора проб, предусмотренные СанПиН 3686-21. Это соответствовало тактике эпидемиологического надзора в части, касающейся осуществления сроков начала планового мониторинга. Вместе с тем при реализации распоряжений Главного государственного санитарного врача Российской Федерации от 12.03.2023 № 0214025-2024-27; от 11.03.2024 № 02/4025-2024-27; от 02.04.2024 № 02/5550-2024-27 зафиксировано выделение холерного вибриона Эль Тор O1 *ctxA-tcpA*<sup>+</sup> 27.04.2024 из р. Темерник (г. Ростов-на-Дону, Ростовская область) при температуре 14 °С в апреле с последующей изоляцией идентичных штаммов из этого водного объекта в мае (1 штамм), июне (2) и июле (1). При анализе результатов секвенирования штаммов *V. cholerae* O1 *ctxA-tcpA*<sup>+</sup> установлено, что они сгруппировались в один кластер, что позволило предположить возможное сохранение вибриона в водном объекте, не исключая повторную контаминацию при наличии сбросов хозяйственно-бытовых сточных вод, что было установлено при эпидемиологическом расследовании. Месяц окончания выделения холерных вибрионов O1 за анализируемый период – август-сентябрь, единичная находка *V. cholerae* O1 *ctxA-tcpA*<sup>–</sup> в октябре 2024 г. в Краснодарском крае, из р. Мысхако, при температуре 21 °С.

Тактикой эпидемиологического надзора предусмотрен дифференцированный объем мероприятий при мониторинге за холерой с учетом типов административных территорий РФ по эпидемическим проявлениям. Среди штаммов *V. cholerae* O1, выделенных за анализируемый период, наибольшая доля их выявлена на территориях II типа по эпидемическим проявлениям холеры – 66,0 % (Краснодарский край – 359 штаммов, Республика Калмыкия – 152), на территориях I типа она составила 17 % (Ростовская область – 107 штаммов, Донецкая Народная Республика (ДНР) – 24, Республика Крым – 16 и др.).

В 2024 г. холерные вибрионы изолированы также преимущественно на территориях II типа – 81 % (Краснодарский край – 251 штамм, Республика Калмыкия – 21), на территориях I типа – 14 % (Ростовская область – 35, ДНР – 6, Херсонская область – 5, Запорожская область – 1). Эта закономерность прослеживалась ранее, в 2015 г., когда, как упомянуто выше, при мониторинге основной удельный вес составили штаммы из Краснодарского края (82,4 %). Учитывая приведенные данные, необходимо констатировать, что тактика эпидемиологического надзора с учетом принципов районирования административных территорий РФ по комплексу эпидемиологически значимых данных, характеризующих также различные аспекты контаминации поверхностных водоемов, показала на практике свою результативность.

Подтверждением этому является анализ контаминации холерными вибрионами O1 водных объектов в федеральных округах РФ (2015–2024 гг.). Установлен наибольший удельный вес изолиро-

ванных штаммов в Южном федеральном округе (ЮФО) – 78,8 % (668 штаммов), куда входят территории I и II типов по эпидемическим проявлениям холеры; 10,2 % приходилось на Сибирский федеральный округ (СФО) с изоляцией 87 холерных вибрионов O1, в том числе в Забайкальском крае – 54, Иркутской области – 33. В 2024 г. в ЮФО доля штаммов составила 94,6 % (319), в СФО – 3,9 % (13), в остальных округах процент их варьировал от 0,3 % (1) в Северо-Кавказском, Центральном, Приволжском и Дальневосточном до 0,6 % (2) в Северо-Западном.

При эпидемиологическом мониторинге холеры в России осуществляется актуализация стационарных точек отбора проб из водных объектов с учетом действующих СанПин 3.36.86-21. Так, в 2022 г. общее количество точек отбора проб составило 6796, в том числе из водоемов I категории, в зонах санитарной охраны, используемых в качестве источников централизованного питьевого водоснабжения и хозяйственно-бытового водопользования, – 855; из водоемов II категории, в местах организованного рекреационного водопользования – 1418, неорганизованного – 3048, местах сброса хозяйственно-бытовых сточных вод (недостаточно очищенных и без очистки) – 1290 и в других точках – 185.

При систематизации штаммов *V. cholerae* O1 *ctxA-tcpA*<sup>–</sup>, *V. cholerae* O1 *ctxA-tcpA*<sup>+</sup> и *V. cholerae* O1 *ctxA<sup>+</sup>tcpA<sup>+</sup>* по стационарным точкам отбора проб установлено, что их изолировали преимущественно из водоемов II категории – в местах неорганизованного рекреационного водопользования (рис. 2). Удельный вес их при ежегодном выделении в структуре других точек отбора составил более 50 % (2016 г.) и более 70 % (2019–2021, 2023–2024 гг.). Холерные вибрионы были выделены из водоемов I категории, в зонах санитарной охраны, используемых в качестве источников централизованного питьевого водоснабжения и хозяйственно-питьевого водопользования: в Республике Коми (2016 г.), Ростовской области (2017, 2022–2024 гг.), Республике Калмыкия (2019 г.), в Приморском и Забайкальском краях (2023 г.); в местах организованного рекреационного водопользования: в Забайкальском крае (2020–2021 гг.); Воронежской области (2023 г.), Санкт-Петербурге и Тверской области (2024 г.); в местах неорганизованного рекреационного водопользования: в Республике Калмыкия (2015–2019, 2021–2024 гг.), Ростовской области (2016, 2019–2024 гг.), Приморском (2016–2017, 2019–2020, 2023–2024 гг.), Краснодарском (2015, 2024 гг.) краях, Иркутской области (2017–2020, 2022–2024 гг.), Забайкальском крае (2015–2017, 2020–2021, 2024 гг.) и других субъектах; в местах сброса хозяйственно-бытовых сточных вод: в Республике Калмыкия (2015, 2018–2019, 2023 гг.), Республике Татарстан (2016, 2021 гг.), Приморском крае (2015, 2017, 2022 гг.) и других субъектах; в дополнительных точках по эпидпоказаниям: в Республике Крым (2021 г.), Краснодарском крае



Рис. 2. Удельный вес штаммов *V. cholerae* O1, выделенных из водных объектов, с учетом точек отбора проб. Российская Федерация, 2015–2024 гг.

Fig. 2. Specific gravity of *V. cholerae* O1 strains isolated from water bodies, taking into account sampling points. Russian Federation, 2015–2024

(2015, 2024 гг.), Ростовской (2024 г.) и Иркутской (2016, 2024 гг.) областях. Приведенные данные указывают на обоснованность стационарных точек отбора проб при плановом мониторинге водных объектов, его эффективность.

При выделении различных по эпидемической значимости холерных вибрионов из водных объектов проводятся эпидемиологические расследования сотрудниками управлений Роспотребнадзора в субъектах РФ совместно со специалистами территориальных противочумных учреждений Роспотребнадзора, ФКУЗ Ростовский-на-Дону противочумный институт, Референс-центра по мониторингу за холерой в соответствии с алгоритмом, изложенным в МР «Порядок эпидемиологического расследования при контаминации холерными вибрионами O1, O139 серогрупп водных объектов и хозяйственно-бытовых сточных вод» (утверждены директором ФКУЗ Ростовский-на-Дону противочумный институт Роспотребнадзора 28.04.2023). При анализе выделения холерных вибрионов O1 из водных объектов установлено несоответствие проб воды по санитарно-микробиологическим показателям безопасности воды поверхностных водных объектов действующим СанПиН 1.2.3685-21. Так, в водных объектах, в местах неорганизованного рекреационного водопользования, установлено превышение значений нормативных показателей: *обобщенные колиформные бактерии* – более 500 КОЕ в 100 см<sup>3</sup> (Республика Калмыкия, пруды Заячий и Сайгачонок, 2024 г.; ДНР, пруд Заперевальный, 2023 г., Нижне-Кальмиусское водохранилище, 2024 г.; Ростовская область, реки Темерник, Дон; Приморский край, бухта Новик в акватории Японского моря; Забайкальский край, р. Чита; Иркутская область, р. Иркут, 2024 г.); *E. coli* – более 100 КОЕ в 100 см<sup>3</sup> (Ростовская область, реки Темерник, Дон и другие водные объекты; Приморский край, бухта Новик в акватории

Японского моря; Забайкальский край, р. Чита, 2024 г.), *энтерококки* – более 10 КОЕ в 100 см<sup>3</sup> (ДНР, пруд Заперевальный, 2023 г.; Нижнекальмиусское водохранилище, 2024 г.; Приморский край, бухта Новик в акватории Японского моря, Забайкальский край, р. Чита, 2024 г.); *колифаги* – более 10 БОЕ в 100 см<sup>3</sup> (ДНР, пруд Заперевальный, 2023 г.). При эпидемиологическом расследовании, проведенном специалистами Управления Роспотребнадзора по Республике Калмыкия совместно с сотрудниками ФКУЗ Ростовский-на-Дону противочумный институт Роспотребнадзора (2022 г.) в связи с обнаружением *V. cholerae* O1 *ctxA-tcpA*<sup>+</sup> в месте сброса сточных вод в р. Элистинку (г. Элиста), было установлено, что санитарно-микробиологические показатели безопасности сточных вод, допустимых к сбросу в водные объекты, не соответствовали СанПиН 1.2.3685-21 по таким показателям, как *обобщенные колиформные бактерии* (1300 КОЕ/100 см<sup>3</sup>, 06.06.2022 и 14.06.2022) в период, предшествующий контаминации *V. cholerae* O1 *ctxA-tcpA*<sup>+</sup> (04.07.2022). Следует отметить, что штаммы *V. cholerae* O1 *ctxA-tcpA*<sup>+</sup> ранее были изолированы преимущественно в месте сброса сточных вод, что не исключало их завозное происхождение.

При эпидемиологическом расследовании в связи с выделением в Ростовской области, г. Ростове-на-Дону, из р. Дон *V. cholerae* O1 *ctxA-tcpA*<sup>+</sup> с использованием результатов полногеномного секвенирования выявлено следующее: штаммы № 188 (Ростовская область), № 136, 112, 140, 131, 210 и др. (г. Ростов-на-Дону) попали в один кластер, в отличие от других штаммов, взятых в исследование. Установлен возможный источник контаминации в дополнительной по эпидемиологическим показаниям точке № 188, находящейся на расстоянии более 2 км выше указанных стационарных точек на р. Дон, откуда были выделены холерные вибрионы. С проведением соот-

ветствующих профилактических мероприятий в дополнительной точке выделение холерных вибрионов из р. Дон прекратилось. Сформировано предложение: дополнительную точку сделать стационарной.

Проведена оценка степени потенциальной эпидемической опасности контаминации *V. cholerae* O1 *ctxA tcpA*<sup>-</sup> и *V. cholerae* O1 *ctxA tcpA*<sup>+</sup> поверхностных водоемов в Ростовской области, республиках Крым и Калмыкия в соответствии с МР «Порядок определения эпидемического потенциала административной территории для районирования Российской Федерации по типам эпидемических проявлений холеры» (утверждены директором ФКУЗ Ростовский-на-Дону противочумный институт Роспотребнадзора, 2016 г.). С использованием показателей частоты выделения *V. cholerae* O1 в точках отбора проб, регламентированных СанПиН 3.3686-21, в совокупности с показателями, характеризующими экологические условия (температуру воды, °C), длительность периода их изоляции (годы), состояние сточных вод, сбрасываемых в поверхностные водоемы (2017–2021 гг.), получены результаты, свидетельствующие о повышенной степени потенциальной опасности реализации водного пути распространения в указанных субъектах.

Таким образом, плановый мониторинг *V. cholerae* серогрупп O1, O139 водных объектов, направленный на предупреждение возникновения и распространения холеры в Российской Федерации, показал свою эффективность и оправданность в контексте своевременного выявления *V. cholerae* O1 *ctxA tcpA*<sup>-</sup>, *V. cholerae* O1 *ctxA tcpA*<sup>+</sup>, *V. cholerae* O1 *ctxA*<sup>+</sup>*tcpA*<sup>+</sup>. При выделении единичных токсигенных штаммов, как правило, установлено их завозное происхождение на основании молекулярно-биологической характеристики их генотипов [9].

Выявление предпосылок возникновения эпидемий и вспышек, одной из которых является контаминация водных объектов различными по эпидемической значимости холерными вибрионами, соответствует реализации стратегии эпидемиологического надзора как составляющей универсальной системы государственного эпидемиологического надзора, системы мероприятий по противодействию биотерроризму, направленной на обеспечение эпидемиологической безопасности и санитарно-эпидемиологического благополучия населения.

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

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

## Список литературы

1. Мединский Г.М., Наркевич М.И., Сергиев В.П., Адамов А.К. Эпидемиологический надзор за холерой в СССР. М.: Медицина; 1989. 144 с.
2. 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. *Вестник Российской академии медицинских наук*. 2015; 70(2):249–56. DOI: 10.15690/vramn.v70i2.1320.

3. Онищенко Г.Г., Попова А.Ю., Москвитина Э.А., Пеньковская Н.А., Листопад С.А., Титова С.В., Кругликов В.Д. Определение типов эпидемических проявлений холеры в субъектах Крымского федерального округа (Республика Крым). *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2015; (6):37–43.

4. Попова А.Ю., Кутырев В.В., редакторы. Холера. Эпидемиология, диагностика, клиника, лечение, профилактика. Ростов-на-Дону: Мини Тайп; 2024. 718 с.

5. Покровский В.И., редактор. Холера в СССР в период VII пандемии. М.: Медицина; 2000. 472 с.

6. Покровский В.И., Онищенко Г.Г., редакторы. Актуальные проблемы холеры. М.: ГОУ ВУНМЦ МЗ РФ; 2000. 383 с.

7. Москвитина Э.А. Холера Бенгал: эпидемиологический мониторинг и геномный анализ штаммов *Vibrio cholerae* O139. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2024; 23(6):160–8. DOI: 10.31631/2073-3046-2024-23-6-160-168.

8. Москвитина Э.А., Соболева Е.Г., Носков А.К. База данных «Холерные вибрионы Эль-Тор. Российская Федерация. Контаминация *V. cholerae* водных и других объектов окружающей среды». Свидетельство № RU 2023622564. Дата публ. 26.07.2023.

9. Попова А.Ю., Носков А.К., Ежлова Е.Б., Кругликов В.Д., Монахова Е.В., Чемисова О.С., Лопатин А.А., Иванова С.М., Подойничева О.А., Водопьянов А.С., Левченко Д.А., Савина И.В. Эпидемиологическая ситуация по холере в Российской Федерации в 2023 г. и прогноз на 2024 г. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2024; (1):76–88. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-76-88.

10. Дублянский В.Н., Вахрушев Б.А. Карстолого-гидрологическое обследование внешней и внутренней областей питания минеральных вод Сочинского артезианского бассейна. Симферополь: Издание Симферопольского университета; 1980. 522 с.

11. Мединский Г.М., Ладный И.Д., Бичуль К.Г., Гончаров А.Г., Киселева В.И., Быстрый Н.Ф., Кудрякова Т.А., Рудаков И.М., Мищенко О.А., Сперанский Н.Н., Тихенко Н.И., Кокоева Л.П., Капустина М.Д., Злобина Н.А., Левкович А.А., Нагорная А.Ф., Кривцова Р.Б., Онанский И.И., Дронов А.А. Случай инфицирования холерными вибрионами карстового водоносного горизонта. *Гигиена и санитария*. 1976; (12):12–5.

12. Государственная геологическая карта Российской Федерации [Картографический материал: масштаб 1 : 200 000. Сер. Кавказская. Лист К-37-IV (Сочи). Изд. 2-е. [Электронный ресурс]]. URL: <https://www.geokniga.org/sites/geokniga/files/maps/k-37-iv-sochi-gosudarstvennaya-geologicheskaya-karta-rossiyskoy-federacii-izdan.jpg> (дата обращения 28.08.2024).

13. Hossain Z.Z., Leekitcharoenphon P., Dalsgaard A., Sultana R., Begum A., Jensen P.K.M., Hendriksen R.S. Comparative genomics of *Vibrio cholerae* O1 isolated from cholera patients in Bangladesh. *Lett. Appl. Microbiol.* 2018; 67(4):329–36. DOI: 10.1111/lam.13046.

14. Pal B.B., Nayak A.K., Nayak S.R. Emergence and spread of different *ctxB* alleles of *Vibrio cholerae* O1 in Odisha, India. *Int. J. Infect. Dis.* 2021; 105:730–2. DOI: 10.1016/j.ijid.2021.03.042.

## References

1. Medinsky G.M., Narkevich M. I., Sergiev V.P., Adamov A.K. [Epidemiological Surveillance of Cholera in the USSR]. Moscow: "Medicine"; 1989. 144 p.
2. 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 of cholera in Russia during the seventh pandemic]. *Vestnik Rossijskoj Akademii Meditsinskikh Nauk [Bulletin of the Russian Academy of Medical Sciences]*. 2015; 70(2):249–56. DOI: 10.15690/vramn.v70i2.1320.
3. Onishchenko G.G., Popova A.Yu., Moskvitina E.A., Pen'kovskaya N.A., Listopad S.A., Titova S.V., Kruglikov V.D. [Identification of types of epidemic manifestations of cholera in the entities of the Crimean Federal District (Republic of Crimea)]. *Zhurnal Mikrobiologii, Epidemiologii i Immunobiologii [Journal of Microbiology, Epidemiology and Immunobiology]*. 2015; (6):37–43.
4. Popova A.Yu., Kutyrev V.V., editors. [Cholera. Epidemiology, Diagnosis, Clinical Course, Treatment, Prevention]. Rostov-on-Don: "Mini Type"; 2024. 718 p.
5. Pokrovsky V.I., editor. [Cholera in the USSR during the VII Pandemic]. Moscow: "Medicine"; 2000. 472 p.
6. Pokrovsky V.I., Onishchenko G.G., editors. [Relevant Issues of Cholera]. Moscow: All-Russian Educational, Scientific and Methodological Center for Continuous Medical and Pharmaceutical Education; 2000. 383 p.
7. Moskvitina E.A. [Cholera Bengal: epidemiological monitoring and genomic analysis of *Vibrio cholerae* O139 strains].

*Epidemiologiya i Vaktsinoprofilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2024; 23(6):160–8. DOI: 1031631/2073-3046-2024-23-6-160-168.

8. Moskvitina E.A., Soboleva E.G., Noskov A.K. [Database “Cholera vibrios El Tor. Russian Federation. *V. cholerae* contamination of water bodies and other environmental objects”]. Certificate No. RU 2023622564. Publ. 26 July 2023.

9. Popova A.Yu., Noskov A.K., Ezhlova E.B., Kruglikov V.D., Monakhova E.V., Chemisova O.S., Lopatin A.A., Ivanova S.M., Podoinitsyna O.A., Vodop'yanov A.S., Levchenko D.A., Savina I.V. [Epidemiological situation on cholera in the Russian Federation in 2023 and forecast for 2024]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2024; (1):76–88. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-76-88.

10. Dublyansky V.N., Vakhrushev B.A. [Karst-Hydrological Survey of the External and Internal Mineral Water Supply Area of the Sochi Artesian Basin]. Simferopol: Publishing House of the Simferopol University; 1980. 522 p.

11. Medinsky G.M., Ladny I.D., Bichul' K.G., Goncharov A.G., Kiseleva V.I., Bystry N.F., Kudryakova T.A., Rudakov I.M., Mishchenko O.A., Speransky N.N., Tikhonov N.I., Kokoeva L.P., Kapustina M.D., Zlobina N.A., Levkovich A.A., Nagornaya A.F., Krivtsova R.B., Onatsky I.I., Dronov A.A. [A case of infection with cholera vibrios from a karst aquifer]. *Gigiena i Sanitariya [Hygiene and Sanitation]*. 1976; (12):12–5.

12. [State Geological Map of the Russian Federation [Cartographic Material]: scale 1 : 200 000. Series. Caucasian. Spread

Sheet K-37-IV (Sochi)]. 2nd ed. Cited 28 Augt 2024. [Internet]. Available from: <https://www.geokniga.org/sites/geokniga/files/maps/k-37-iv-sochi-gosudarstvennaya-geologicheskaya-karta-rossiyskoy-federacii-izdan.jpg>.

13. Hossain Z.Z., Leekitcharoenphon P., Dalsgaard A., Sultana R., Begum A., Jensen P.K.M., Hendriksen R.S. Comparative genomics of *Vibrio cholerae* O1 isolated from cholera patients in Bangladesh. *Lett. Appl. Microbiol.* 2018; 67(4):329–36. DOI: 10.1111/lam.13046.

14. Pal B.B., Nayak A.K., Nayak S.R. Emergence and spread of different *ctxB* alleles of *Vibrio cholerae* O1 in Odisha, India. *Int. J. Infect. Dis.* 2021; 105:730–2. DOI: 10.1016/j.ijid.2021.03.042.

#### Authors:

Moskvitina E.A., Soboleva E.G., Savina I.V., Vodop'yanov A.S., Kruglikov V.D., Gaevskaya N.E. Rostov-on-Don Research Anti-Plague Institute. 117/40, M. Gor'kogo St., Rostov-on-Don, 344002, Russian Federation. E-mail: plague@aaanet.ru.

#### Об авторах:

Москвитина Э.А., Соболева Е.Г., Савина И.В., Водопьянов А.С., Кругликов В.Д., Гаевская Н.Е. Ростовский-на-Дону научно-исследовательский противочумный институт. Российская Федерация, 344002, Ростов-на-Дону, ул. М. Горького, 117/40. E-mail: plague@aaanet.ru.

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-104-109

УДК 616.98:578.828.HIV+616.36-002

Ю.В. Останкова, А.Н. Щемелев, Е.Н. Серикова, Е.В. Ануфриева, Е.В. Загальская,  
А.А. Книжникова, А.О. Норка, В.В. Рассохин, Н.А. Беляков, Арег А. Тотолан

## ВИЧ-инфекция и парентеральные вирусные гепатиты в структуре коморбидности у пациентов с постковидным синдромом

ФБУН «Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера»,  
Санкт-Петербург, Российская Федерация

**Цель работы** – оценить распространенность маркеров ВИЧ-инфекции и парентеральных вирусных гепатитов среди лиц с постковидным синдромом. **Материалы и методы.** Материалом исследования служили образцы плазмы крови 129 пациентов с диагнозом long-COVID. Образцы обследовали на наличие серологических (ИФА с использованием коммерческих наборов, в случаях выявления Ag/At-ВИЧ – вестерн-блот) и молекулярных (методом ПЦР) маркеров. **Результаты и обсуждение.** При оценке общей распространенности маркеров выявлены комплексные взаимосвязи между ВИЧ-инфекцией, вирусными гепатитами и развитием постковидного синдрома в когорте. У ВИЧ-позитивных пациентов, получающих антиретровирусную терапию (6,97 % обследованных), преобладали легкие формы COVID-19 (55,56 % случаев), что согласуется с современными представлениями о модулирующем влиянии иммуносупрессии на цитокиновый шторм при новой коронавирусной инфекции. Показана повышенная по сравнению с популяционной частота выявления РНК ВГС (1,55 %), что требует дальнейшего изучения потенциальной роли ВГС в развитии long-COVID, особенно в контексте данных о пролонгированной виремии SARS-CoV-2 у данной категории пациентов. В то же время низкая распространенность маркеров ГВ (7,75 % анти-HBcore антител при отсутствии HBsAg-позитивных случаев) не подтверждает их ассоциации с постковидным синдромом в нашей выборке, несмотря на литературные данные о повышенном риске long-COVID при хроническом гепатите В. Оценка распространенности гемоконтактных инфекций у лиц, перенесших коронавирусную инфекцию, может быть значима для раннего выявления пациентов с высоким риском развития постковидного синдрома. Полученные результаты подчеркивают необходимость дальнейших масштабных исследований для уточнения патогенетических механизмов взаимодействия хронических вирусных инфекций и SARS-CoV-2, разработки персонализированных подходов к мониторингу и ведению пациентов с высоким риском развития long-COVID.

**Ключевые слова:** постковидный синдром, вирус гепатита С, вирус гепатита В, ВИЧ, серологические маркеры, молекулярные маркеры, распространенность маркеров.

Корреспондирующий автор: Останкова Юлия Владимировна, e-mail: shenna1@yandex.ru.

Для цитирования: Останкова Ю.В., Щемелев А.Н., Серикова Е.Н., Ануфриева Е.В., Загальская Е.В., Книжникова А.А., Норка А.О., Рассохин В.В., Беляков Н.А., Тотолан Арег А. ВИЧ-инфекция и парентеральные вирусные гепатиты в структуре коморбидности у пациентов с постковидным синдромом. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 4:104–109. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-104-109

Поступила 11.08.2025. Отправлена на доработку 31.10.2025. Принята к публикации 13.11.2025.

Yu.V. Ostankova, A.N. Shchemelev, E.N. Serikova, E.V. Anufrieva, E.V. Zagal'skaya,  
A.A. Knizhnikova, A.O. Norka, V.V. Rassokhin, N.A. Belyakov, Areg A. Totolian

## HIV and Parenteral Viral Hepatitis in the Co-Morbidity Structure of Patients with Post-COVID Syndrome

Saint-Petersburg Pasteur Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Saint Petersburg, Russian Federation

**Abstract.** The aim of our study was to assess the prevalence of HIV and blood-borne viral hepatitis markers among individuals with post-COVID syndrome. **Materials and methods.** The study material consisted of blood plasma samples from 129 patients diagnosed with long COVID. The samples were tested for serological (ELISA with commercial kits, in case of Ag/Ab-HIV detection – Western blot) and molecular (PCR assay) markers. **Results and discussion.** Evaluation of overall marker prevalence revealed complex relationships between HIV infection, viral hepatitis, and the development of post-COVID syndrome in the cohort. Our data demonstrate that among HIV-positive patients receiving antiretroviral therapy – who constituted 6.97 % of the study cohort – mild forms of COVID-19 were predominant (55.56 % of cases). This finding aligns with the current understanding of the modulating effect that immunosuppression has on the cytokine storm in case of COVID-19. Furthermore, analysis of the results revealed a higher detection rate of HCV RNA (1.55 %) compared to the general population. This observation warrants further investigation into the potential role of HCV in the development of long COVID, particularly in light of data suggesting prolonged SARS-CoV-2 viremia in this patient category. Conversely, the low prevalence of HB markers (7.75 % anti-HBcore antibodies with no HBsAg-positive cases) did not confirm their association with post-COVID syndrome in our sample, despite literature suggesting increased long COVID risk against chronic hepatitis B. Assessment of blood-borne infection prevalence among COVID-19 survivors may be valuable for early identification of high-risk patients developing post-COVID syndrome. The results emphasize the need for larger-scale studies to clarify pathogenic mechanisms of interaction between chronic viral infections and SARS-CoV-2, as well as to develop personalized monitoring and management approaches for high-risk long COVID patients.

**Key words:** post-COVID syndrome, hepatitis C virus, hepatitis B virus, HIV, serological markers, molecular markers, marker prevalence.

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

**Funding:** Industry Research Project No. 121021600218-8 “Study of the characteristics of the human immunodeficiency virus (HIV) in mono- and coinfection and the formation of an immune response in immunocompetent and immunocompromised individuals under various conditions, before therapy, as well as in the presence and absence of a response to therapy, and depending on the genetic polymorphism of the host genes.”

**Bioethics:** Approval for this study was obtained from the local Ethics Committee of St. Petersburg Pasteur Research Institute of Epidemiology and Microbiology (Protocol No. 110/a dated November 27, 2020). All participants provided written informed consent to participate in the research.

**Corresponding author:** Yulia V. Ostankova, e-mail: shenna1@yandex.ru.

**Citation:** Ostankova Yu.V., Shchemelev A.N., Serikova E.N., Anufrieva E.V., Zagal'skaya E.V., Knizhnikova A.A., Norka A.O., Rassokhin V.V., Belyakov N.A., Totolian Areg A. HIV and Parenteral Viral Hepatitis in the Co-Morbidity Structure of Patients with Post-COVID Syndrome. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:104–109. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-104-109

Received 11.08.2025. Revised 31.10.2025. Accepted 13.11.2025.

Ostankova Yu.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2270-8897>

Shchemelev A.N., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3139-3674>

Serikova E.N., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0547-3945>

Anufrieva E.V., ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-1882-529X>

Zagal'skaya E.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0452-7478>

Knizhnikova A.A., ORCID: <https://orcid.org/0009-0005-0049-8448>

Norka A.O., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6483-7043>

Rassokhin V.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1159-0101>

Belyakov N.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6255-7005>

Totolian Areg A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4571-8799>

Согласно актуальным эпидемиологическим данным на 2025 г., зарегистрировано свыше 778 млн подтвержденных случаев инфицирования SARS-CoV-2 и более 7 млн летальных исходов, ассоциированных с данной инфекцией [1]. Особую медико-социальную проблему представляет постковидный синдром (long-COVID), характеризующийся персистирующими когнитивными и неврологическими нарушениями, которые могут развиваться у пациентов после перенесенной острой фазы заболевания [2]. Он не имеет строгой возрастной зависимости, однако наиболее высокая частота случаев регистрируется среди лиц возрастной категории от 36 до 50 лет. Современные научные данные хотя и не дают исчерпывающего объяснения патогенеза long-COVID, но позволяют выделить ряд потенциальных механизмов его развития. Ведущей является гипотеза вирусной персистенции, подтверждаемая обнаружением циркулирующего шиповидного (S) белка вируса SARS-CoV-2 в биологических жидкостях пациентов на протяжении нескольких месяцев после клинического выздоровления, что может служить триггером хронического воспалительного процесса и лежать в основе длительно сохраняющейся симптоматики [3]. Хотя первичной мишенью возбудителя COVID-19 является респираторный тракт, многочисленные исследования подтверждают тропизм вируса к печеночной ткани, о чем свидетельствует обнаружение вирусной РНК в паренхиме печени [4] и идентификация вирусных частиц в гепатоцитах методом электронной микроскопии [5].

В связи с вышесказанным можно предположить потенциально повышенную уязвимость лиц с вирусом иммунодефицита человека (ВИЧ) к развитию long-COVID, что обусловлено схожестью выявляемых иммунопатологических изменений, включающих выраженную лимфопению [6], хроническое системное воспаление и качественное нарушение формирования адаптивного иммунного ответа при инфицировании как ВИЧ, так и вирусом SARS-CoV-2 [7]. Также создают предпосылки для развития

длительных иммунологических нарушений у пациентов, перенесших COVID-19, патогенетические особенности хронических вирусных гепатитов В и С (ГВ и ГС), характеризующиеся персистирующей системной воспалительной реакцией и комплексными нарушениями иммунной регуляции, включая супрессию Т-клеточного ответа и цитотоксическое повреждение гепатоцитов антиген-специфическими лимфоцитами [8].

В связи с вышесказанным **цель** работы – оценить распространенность маркеров ВИЧ-инфекции и парентеральных вирусных гепатитов среди лиц с постковидным синдромом.

## Материалы и методы

В работе использована плазма крови 129 пациентов с диагнозом long-COVID, наличие которого определялось персистенцией комплекса психоневрологических и соматических симптомов более 12 недель, развившихся во время или после COVID-19. На проведение данного исследования было получено согласие локального Этического комитета ФБУН «Санкт-Петербургский НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Пастера» (протокол от 27.11.2020 № 110/a). Все лица, принимавшие участие в исследовании, дали письменное информированное согласие.

Обследование пациентов на наличие серологических маркеров вирусных гепатитов методом ИФА заключалось в качественном определении поверхностного антигена вируса гепатита В (HBsAg), антител к его поверхностному антигену (анти-HBs), антител к ядерному антигену (анти-HBcore), антител к вирусу гепатита D (анти-HBd), антител к вирусу гепатита С (анти-HC), а также антигена и антител к вирусу иммунодефицита человека (Аг/Ат-ВИЧ) с использованием коммерческих наборов «ДС-ИФА-HBsAg», «ДС-ИФА-АНТИ-HBsAg», «ДС-ИФА-АНТИ-HBc», «ИФА-АНТИ-HDV», «ИФА-АНТИ-HCV», «ДС-ИФА-ВИЧ-АГАТ-СКРИН» (НПО «Диагностические системы», Россия) согласно инструкциям произво-

дителя. В случаях выявления Аг/Ат-ВИЧ осуществляли вестерн-блот, применяя набор реагентов New Blot Biorad (Bio-Rad Laboratories, США) согласно инструкции производителя.

Выявление молекулярных маркеров методом ПЦР осуществляли с предварительным выделением ДНК/РНК с использованием коммерческого набора «НК-Магно-UltraPure-A» (ООО «ЛабПэк», Россия) согласно инструкции производителя. Определение ДНК ВГВ, РНК ВГС и РНК ВИЧ проводили методом ПЦР с гибридационно-флуоресцентной детекцией в режиме реального времени с помощью коммерческого набора «АмплиСенс® HCV/HBV/HIV-FL» (ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии, Россия). Дальнейшее определение ДНК ВГВ проводили с использованием разработанной в ФБУН «Санкт-Петербургский НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Пастера» методики, позволяющей выявлять ДНК ВГВ в биологическом материале при низкой вирусной нагрузке, в том числе при HBsAg-негативном или скрытом гепатите В [9].

Статистическая обработка данных производилась с помощью пакета программ MS Excel, Prizm 5.0 (GraphPad Software Inc., США). При оценке статистической погрешности использовали «точный» интервал Клоппера – Пирсона. Результаты представлены с указанием 95 % доверительного интервала (95 % ДИ).

### Результаты и обсуждение

Возраст обследованных варьировал от 19 до 60 лет и составил в среднем 38,12. В группе преобладали женщины (102 человека, 79,07 %) по сравнению с мужчинами – 27 человек (20,93 %). У 105 человек (81,4 %) определено легкое, у 20 человек (15,5 %) – среднее и у 4 человек (3,1 %) – крайне тяжелое течение COVID-19.

Аг/Ат-ВИЧ с последующим подтверждением иммуноблоттингом выявлены у 9 (6,97 %; 95 % ДИ: 3,24–12,83 %) человек, однако РНК ВИЧ в данном случае не обнаружена. Все 9 человек находятся на терапии антиретровирусными препаратами, с чем, по всей видимости, и связано отсутствие определяемой РНК ВИЧ в образцах. Отметим, что согласно клиническим данным среди ВИЧ-инфицированных пациентов преобладало легкое течение COVID-19, что зарегистрировано в 55,56 % случаев (5 из 9 обследованных), тогда как средняя и тяжелая формы заболевания встречались с равной частотой – по 22,22 % (по 2 случая каждой степени тяжести).

Известно, что цитокиновый шторм, являясь характерным проявлением ранних стадий ВИЧ-инфекции и способствующий ее прогрессированию, при инфекции, вызванной вирусом SARS-CoV-2, развивается преимущественно на поздних стадиях заболевания, выступая ключевым патогенетическим механизмом стремительного ухудшения состояния при COVID-19. В этом контексте иммуносупрессивный эффект ВИЧ-инфекции может оказывать протективное действие, подавляя развитие цитокинового

шторма и тем самым снижая риск неблагоприятных исходов COVID-19 у данной категории пациентов. У иммунокомпрометированных лиц, включая пациентов с ВИЧ-инфекцией, течение COVID-19 чаще имеет бессимптомную или легкую форму [10]. При этом показатели госпитализации, заболеваемости и летальности при коинфицировании ВИЧ/SARS-CoV-2 сопоставимы с таковыми в общей популяции. Следовательно, риск тяжелого течения COVID-19 или смерти у лиц, живущих с ВИЧ, ниже, чем предполагалось, и прогноз благоприятнее для людей, получающих антиретровирусную терапию (АРТ) [11]. Полученные нами результаты, показывающие преобладание легких и среднетяжелых форм COVID-19 среди ВИЧ-инфицированных лиц, получающих АРТ, полностью согласуются с имеющимися в литературе сведениями о более низком риске тяжелого течения COVID-19 у данной категории больных и подтверждают важность этого вида лечения как фактора, улучшающего исходы коронавирусной инфекции. Однако, несмотря на легкое течение, крайне высокая доля ВИЧ-инфицированных лиц среди пациентов с long-COVID свидетельствует о связи развития постковидных симптомов с коинфицированием ВИЧ+SARS-CoV-2.

Одной из ключевых патофизиологических особенностей острой фазы COVID-19 является развитие выраженной лимфопении, проявляющейся значительным снижением уровня лимфоцитов в периферической крови. Многочисленные клинические наблюдения демонстрируют прогрессирующее уменьшение абсолютного количества Т- и В-лимфоцитов по мере нарастания тяжести заболевания, при этом восстановление их уровня коррелирует с благоприятным прогнозом [12–14]. Сравнительный анализ иммунологических параметров выявил достоверно более низкие показатели CD3+CD4+ и CD3+CD8+ Т-клеток у пациентов с тяжелыми формами инфекции по сравнению с больными средней степени тяжести [15]. Персистенция вируса может индуцировать стойкие нарушения иммунной регуляции, включая клональное истощение Т-лимфоцитов, дисбаланс их субпопуляций памяти и поддержание хронического воспалительного статуса даже после клинического разрешения первичной инфекции [16, 17]. Как показано в работе А.В. Зурочки и соавт., у реконвалесцентов COVID-19 сохраняются выраженные нарушения Т-клеточного звена адаптивного иммунитета, патогенетически связанные с изменением процессов созревания и дифференцировки Т-клеток в тимусе [18]. При этом иммунопатогенез long-COVID характеризуется значительным увеличением доли наивных цитотоксических Т-лимфоцитов (CTL), выраженным смещением баланса в сторону Th2-ответа и снижением количества эффекторных популяций Tc1, Tc2, Em2, Em3 и Em4 клеток. Обнаруженная Th2/Th17-поляризация иммунного ответа подтверждает гипотезу о вовлечении аутоиммунных механизмов в патогенез long-COVID, что может быть обусловлено как феноменом молекулярной мимикрии, так и нарушением механизмов центральной иммунологической то-

лерантности [19]. Все эти данные указывают на персистирующую иммунную дисрегуляцию, патогенетические механизмы которой могут быть связаны либо с продолжающейся антигенной стимуляцией, либо с редистрибуцией эффекторных клеточных популяций в ткани-мишени. Особую значимость приобретает тот факт, что при коинфекции у ВИЧ-инфицированных лиц наблюдается сочетанное воздействие двух патогенов на иммунную систему, что может потенцировать как тяжесть острой фазы COVID-19, так и вероятность формирования длительных постинфекционных осложнений. Результаты анализа модели случайных эффектов подтвердили, что ВИЧ-инфекция была связана с повышенным риском развития long-COVID (OR=2,2) [7]. По другим данным, люди, живущие с ВИЧ, в четыре раза чаще испытывают постковидные состояния [20]. Таким образом, полученные нами результаты полностью согласуются с данными о повышенной вероятности развития long-COVID у ВИЧ-инфицированных лиц, несмотря на преобладание легкого течения COVID-19.

При оценке распространенности маркеров парентеральных вирусных гепатитов ни у одного человека не выявлены анти-BГD антитела, HBsAg и ДНК ВГВ. Антитела анти-HBscore, свидетельствующие о перенесенном гепатите В, обнаружены у 10 человек, что составило 7,75 % (95 % ДИ: 3,78–13,79 %). Антитела анти-HBs, показатель постинфекционного или поствакцинального иммунного ответа, выявлены у 42 человек (32,56 %; 95 % ДИ: 24,57–41,36 %). Антитела анти-ВГС выявлены у двух человек (1,55 %; 95 % ДИ: 0,19–5,49 %), у которых также выявлена РНК ВГС. Таким образом, распространенность анти-ВГС в целом выше, чем в популяции, а маркеров гепатита В, напротив, ниже.

Хотя типичное проявление гепатита при COVID-19 широко не документировано, у значительной части госпитализированных пациентов отмечается повышение биохимических маркеров печеночной дисфункции. При этом имеющиеся доказательства указывают на взаимное отягощающее влияние: фоновые патологии печени ассоциированы с более тяжелым течением COVID-19 [8]. У перенесших COVID-19 больных с вирусными гепатитами в анамнезе может наблюдаться как состояние персистирующей иммунной гиперактивации, так и феномен иммунного истощения, что существенно замедляет процессы постковидного восстановления. Важным патогенетическим звеном является длительная циркуляция провоспалительных цитокинов (IL-6, TNF- $\alpha$  и др.), уровень которых значительно повышен как при вирусных гепатитах, так и при long-COVID, что создает условия для развития легочного фиброза, синдрома хронической усталости и когнитивных дисфункций – характерных компонентов постковидного синдрома. Особого внимания заслуживает синергичное влияние коагулопатии, индуцированной как вирусными гепатитами (через эндотелиальную дисфункцию и гиперкоагуляцию), так и вирусом SARS-CoV-2, приводящее к стойким микроциркуляторным нарушениям, тканевой гипоксии и, как следствие,

к таким клиническим проявлениям long-COVID, как слабость, дыхательные расстройства и когнитивные нарушения («мозговой туман»). Совокупность этих факторов позволяет рассматривать пациентов с вирусными гепатитами в качестве группы повышенного риска развития long-COVID, что обусловлено исходным иммунным дисбалансом, хроническим воспалительным статусом и имеющимся поражением печени, которое может усугублять течение постковидного синдрома. Проведенное исследование не выявило статистически значимой ассоциации между наличием серологических маркеров вирусного гепатита В и развитием постковидного синдрома в изучаемой когорте пациентов, при этом частота обнаружения HBsAg, анти-HBscore, анти-HBs оказалась ниже общепопуляционных показателей. Полученные результаты противоречат данным китайских исследователей, продемонстрировавших достоверно более высокую частоту long-COVID среди пациентов с гепатитом В по сравнению с контрольной группой (64,1 % vs 48,7 %;  $p < 0,001$ ) [21]. Объяснение выявленных расхождений может заключаться как в ограниченном объеме нашей выборки, так и в различиях дизайна исследований: в нашем случае проводили скрининг на маркеры вирусных гепатитов среди лиц с установленным диагнозом long-COVID, тогда как в цитируемом исследовании [21] сравнивали исходно сформированные когорты пациентов, перенесших COVID-19, с гепатитом В и без такового.

Особую клиническую значимость приобретает доказанная способность возбудителя COVID-19 индуцировать реактивацию ВГВ-инфекции [22], патогенетической основой чего служит персистенция ковалентно замкнутой кольцевой ДНК (кзкДНК) вируса в ядрах гепатоцитов даже после лечения и/или сероконверсии [23]. В связи с этим особое внимания требуют случаи HBsAg-негативного гепатита В с наличием ДНК ВГВ в крови или обнаружением изолированных анти-HBscore антител, что диктует необходимость тщательного мониторинга данной категории пациентов.

Полученные в ходе исследования данные демонстрируют повышенную частоту обнаружения РНК вируса гепатита С в обследуемой когорте, что позволяет предположить потенциальную роль коинфицирования ВГС и SARS-CoV-2 в патогенезе постковидного синдрома. Данное предположение находит косвенное подтверждение в работе, зарегистрировавшей пролонгированную виремию SARS-CoV-2 у пациентов с хроническим гепатитом С, перенесших COVID-19 в легкой форме [24]. Однако ограниченный объем выборки в нашем исследовании не позволяет сделать однозначных выводов о вкладе ВГС-инфекции в развитие long-COVID, что подчеркивает необходимость проведения дальнейших масштабных исследований с тщательным контролем сопутствующих факторов для установления возможной причинно-следственной связи между персистенцией ВГС и формированием постковидных осложнений.

Проведенное исследование позволяет сделать ряд важных выводов о взаимосвязи хронических ви-

русских инфекций с развитием постковидного синдрома: ВИЧ-инфекция, несмотря на относительно благоприятное течение острой фазы COVID-19 у пациентов на АРТ, существенно повышает риск развития long-COVID. Этот парадоксальный эффект может быть обусловлен комплексным воздействием на иммунную систему, включая персистирующие нарушения Т-клеточного звена иммунитета и хроническую иммунную активацию.

В отношении вирусных гепатитов исследование выявило противоречивые закономерности: в то время как маркеры гепатита В не продемонстрировали четкой ассоциации с постковидным синдромом, обнаружение РНК вируса гепатита С у пациентов требует дальнейшего изучения потенциальной роли этой инфекции в патогенезе long-COVID. Особое внимание следует уделить возможной реактивации скрытых вирусных инфекций под воздействием возбудителя COVID-19. Очевидна важность индивидуального подхода к ведению пациентов с long-COVID с учетом их инфекционного анамнеза и особенностей иммунного статуса.

Для подтверждения или опровержения связи между ВИЧ- и ВГС-инфекциями и развитием long-COVID необходимы крупномасштабные популяционные исследования с репрезентативными выборками, например с включением людей с выраженным иммунодефицитом.

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

**Финансирование.** Отраслевая научно-исследовательская работа № 121021600218-8 «Изучение особенностей вируса иммунодефицита человека (ВИЧ) при моно- и коинфекции и формирование иммунного ответа у иммунокомпетентных и иммунокомпрометированных лиц в различных условиях, до начала терапии, а также при наличии и отсутствии ответа на терапию и в зависимости от генетического полиморфизма генов хозяина».

**Биоэтика.** На проведение данного исследования было получено согласие локального Этического комитета ФБУН «Санкт-Петербургский НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Пастера» (протокол от 27.11.2020 № 110/а). Все лица, принимавшие участие в исследовании, дали письменное информированное согласие на участие в исследовании.

## Список литературы

1. World Health Organization (WHO). WHO COVID-19 Dashboard. 2025. [Электронный ресурс]. URL: <https://data.who.int/dashboards/covid19/deaths> (дата обращения 06.07.2025).
2. Center for Disease Control and Prevention. Long COVID or post-COVID conditions. CDC (2022) United States: U.S. Department of Health & Human Services. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/long-term-effects/index.html> (дата обращения 08.06.2025).
3. Swank Z., Senussi Y., Manickas-Hill Z., Yu X.G., Li J.Z., Alter G., Walt D.R. Persistent circulating severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 spike is associated with post-acute coronavirus disease 2019 sequelae. *Clin. Infect. Dis.* 2023; 76(3):e487-e490. DOI: 10.1093/cid/ciac722.
4. Kariyawasam J.C., Jayarajah U., Abeysuriya V., Riza R., Seneviratne S.L. Involvement of the liver in COVID-19: A systematic review. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2022; 106(4):1026-41. DOI: 10.4269/ajtmh.21-1240.

5. Wang Y., Liu S., Liu H., Li W., Lin F., Jiang L., Li X., Xu P., Zhang L., Zhao L., Cao Y., Kang J., Yang J., Li L., Liu X., Li Y., Nie R., Mu J., Lu F., Zhao S., Lu J., Zhao J. SARS-CoV-2 infection of the liver directly contributes to hepatic impairment in patients with COVID-19. *J. Hepatol.* 2020; 73(4): 807-16. DOI: 10.1016/j.jhep.2020.05.002.
6. Останкова Ю.В., Сайтгалина М.А., Арсентьева Н.А., Тотолян А.А. Оценка уровней TREC/KREC у ВИЧ-инфицированных лиц. *ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии.* 2024; 16(2):51-9. DOI: 10.22328/2077-9828-2024-16-2-51-59.
7. Yang X., Shi F., Zhang H., Giang W.A., Kaur A., Chen H., Li X. Long COVID among people with HIV: A systematic review and meta-analysis. *HIV Med.* 2025; 26(1):6-16. DOI: 10.1111/hiv.13708.
8. Quarleri J., Delpino M.V. Molecular mechanisms underlying SARS-CoV-2 hepatotropism and liver damage. *World J. Hepatol.* 2024; 16(1):1-11. DOI: 10.4254/wjh.v16.i1.1.
9. Останкова Ю.В., Серикова Е.Н., Семенов А.В., Тотолян Арег А. Метод выявления в биологическом материале ДНК вируса гепатита В при низкой вирусной нагрузке на основе гнездовой ПЦР с детекцией по трем вирусным мишеням в режиме реального времени. *Клиническая лабораторная диагностика.* 2022; 67(9):530-7. DOI: 10.51620/0869-2084-2022-67-9-530-537.
10. Calza L., Bon I., Tadolini M., Borderi M., Colangeli V., Badia L., Verucchi G., Rossini G., Vocale C., Gaibani P., Viale P., Attard L. COVID-19 in patients with HIV-1 infection: a single-centre experience in northern Italy. *Infection.* 2021; 49(2):333-7. DOI: 10.1007/s15010-020-01492-7.
11. Mondì A., Cimini E., Colavita F., Cicalini S., Pinnetti C., Matusali G., Casetti R., Mæurer M., Vergori A., Mazzotta V., Gagliardini R., De Zottis F., Schinà V., Girardi E., Puro V., Ippolito G., Vaia F., Capobianchi M.R., Castilletti C., Agrati C., Antinori A. COVID-19 in people living with HIV: Clinical implications of dynamics of the immune response to SARS-CoV-2. *J. Med. Virol.* 2021; 93(3):1796-804. DOI: 10.1002/jmv.26556.
12. Mann E.R., Menon M., Knight S.B., Konkel J.E., Jagger C., Shaw T.N., Krishnan S., Rattray M., Ustianowski A., Bakerly N.D., Dark P., Lord G., Simpson A., Felton T., Ho L.P., NIH Respiratory TRC, Feldmann M., CIRCO, Grainger J.R., Huseell T. Longitudinal immune profiling reveals key myeloid signatures associated with COVID-19. *Sci. Immunol.* 2020; 5(51):eabd6197. DOI: 10.1126/sciimmunol.abd6197.
13. Сайтгалина М.А., Останкова Ю.В., Арсентьева Н.А., Коробова З.Р., Любимова Н.Е., Кашенко В.А., Куликов А.Н., Певцов Д.Э., Станевич О.В., Черных Е.И., Тотолян А.А. Значимость определения уровней молекул TREC и KREC в периферической крови для прогноза исхода заболевания COVID-19 в острый период. *Российский иммунологический журнал.* 2023; 26(4):611-8. DOI: 10.46235/1028-7221-14714-LOT.
14. Сайтгалина М.А., Останкова Ю.В., Арсентьева Н.А., Коробова З.Р., Любимова Н.Е., Кашенко В.А., Куликов А.Н., Певцов Д.Э., Станевич О.В., Черных Е.И., Тотолян А.А. Оценка уровней молекул TREC и KREC у больных COVID-19 с разной степенью тяжести течения заболевания. *Инфекция и иммунитет.* 2023; 13(5):873-84. DOI: 10.15789/2220-7619-AOT-16937.
15. Liu J., Li S., Liu J., Liang B., Wang X., Wang H., Li W., Tong Q., Yi J., Zhao L., Xiong L., Guo C., Tian J., Luo J., Yao J., Pang R., Shen H., Peng C., Liu T., Zhang Q., Wu J., Xu L., Lu S., Wang B., Weng Z., Han C., Zhu H., Zhou R., Zhou H., Chen X., Ye P., Zhu B., Wang L., Zhou W., He S., He Y., Jie S., Wei P., Zhang J., Lu Y., Wang W., Zhang L., Li L., Zhou F., Wang J., Dittmer U., Lu M., Hu Y., Yang D., Zheng X. Longitudinal characteristics of lymphocyte responses and cytokine profiles in the peripheral blood of SARS-CoV-2 infected patients. *EBioMedicine.* 2020; 55:102763. DOI: 10.1016/j.ebiom.2020.102763.
16. Phetsouphanh C., Darley D.R., Wilson D.B., Howe A., Munier C.M.L., Patel S.K., Juno J.A., Burrell L.M., Kent S.J., Dore G.J., Kelleher A.D., Matthews G.V. Immunological dysfunction persists for 8 months following initial mild-to-moderate SARS-CoV-2 infection. *Nat. Immunol.* 2022; 23(2):210-6. DOI: 10.1038/s41590-021-01113-x.
17. Glynn P., Tahmasebi N., Gant V., Gupta R. Long COVID following mild SARS-CoV-2 infection: characteristic T cell alterations and response to antihistamines. *J. Investig. Med.* 2022; 70(1):61-7. DOI: 10.1136/jim-2021-002051.
18. Зурочка А.В., Добрынина М.А., Сафронова Э.А., Зурочка В.А., Зуйкова А.А., Сарапульцев Г.П., Забков О.И., Мосунов А.А., Верховская М.Д., Лукардт В.В., Фомина Л.О., Костоломова Е.Г., Останкова Ю.В., Кудрявцев И.В., Тотолян А.А. Нарушения Т-клеточного звена иммунитета через 6-12 месяцев после острой фазы коронавирусной инфекции: скрининговое исследование. *Инфекция и иммунитет.* 2024; 14(4):756-68. DOI: 10.15789/2220-7619-AIT-17646.
19. Korobova Z.R., Arsentieva N.A., Butenko A.A., Kudryavtsev I.V., Rubinstein A.A., Turenko A.S., Ostankova Y.V., Boeva E.V., Knizhnikova A.A., Norka A.O., Rassokhin V.V., Belyakov N.A., Totolian Areg A. T cell dynamics in COVID-19, long COVID and successful recovery. *Int. J. Mol. Sci.* 2025; 26(15):7258. DOI: 10.3390/ijms26157258.

20. Long COVID more common in people with HIV | aidsmap (2022). [Электронный ресурс]. URL: <https://www.aidsmap.com/news/mar-2022/long-covid-more-common-people-hiv> (дата обращения 04.07.2025).

21. Lin F., Hao S., Xiao X., Li X. Association between Hepatitis B virus infection and COVID-19: outcomes from clinical analysis and online survey from Beijing, China. *BMC Infect. Dis.* 2024; 24(1):1438. DOI: 10.1186/s12879-024-10333-z.

22. Wu Y.F., Yu W.J., Jiang Y.H., Chen Y., Zhang B., Zhen R.B., Zhang J.T., Wang Y.P., Li Q., Xu F., Shi Y.J., Li X.P. COVID-19 or treatment associated immunosuppression may trigger hepatitis B virus reactivation: A case report. *World J. Clin. Cases.* 2021; 9(19):5266–9. DOI: 10.12998/wjcc.v9.i19.5266.

23. Sagnelli C., Sica A., Creta M., Borsetti A., Ciccozzi M., Sagnelli E. Prevention of HBV reactivation in hemato-oncologic setting during COVID-19. *Pathogens.* 2022; 11(5):567. DOI: 10.3390/pathogens11050567.

24. Villar L.M., de Paula V.S., Pinto L.C.M., Marques B.C.L., da Costa V.D., da Silva L.L., Santos A.C., do Nascimento G.P., Miguel J.C., Mendonça A.C.D.F., Motta F.C., Lewis-Ximenez L.L. Clinical and laboratory characteristics of hepatitis C and COVID-19 coinfection: Prolonged RNA shedding in nonhospitalized case. *Clin. Case Rep.* 2021; 9(8):10.1002/ccr3.3877. DOI: 10.1002/ccr3.3877.

## References

1. World Health Organization (WHO). WHO COVID-19 Dashboard. 2025. (Cited 06 July 2025). [Internet]. Available from: <https://data.who.int/dashboards/covid19/deaths>.

2. Center for Disease Control and Prevention. Long COVID or post-COVID conditions. CDC (2022) United States: U.S. Department of Health & Human Services. (Cited 08 June 2025). [Internet]. Available from: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/long-term-effects/index.html>.

3. Swank Z., Senussi Y., Manickas-Hill Z., Yu X.G., Li J.Z., Alter G., Walt D.R. Persistent circulating severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 spike is associated with post-acute coronavirus disease 2019 sequelae. *Clin. Infect. Dis.* 2023; 76(3):e487–e490. DOI: 10.1093/cid/ciac722.

4. Kariyawasam J.C., Jayarajah U., Abeysuriya V., Riza R., Seneviratne S.L. Involvement of the liver in COVID-19: A systematic review. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2022; 106(4):1026–41. DOI: 10.4269/ajtmh.21-1240.

5. Wang Y., Liu S., Liu H., Li W., Lin F., Jiang L., Li X., Xu P., Zhang L., Zhao L., Cao Y., Kang J., Yang J., Li L., Liu X., Li Y., Nie R., Mu J., Lu F., Zhao S., Lu J., Zhao J. SARS-CoV-2 infection of the liver directly contributes to hepatic impairment in patients with COVID-19. *J. Hepatol.* 2020; 73(4): 807–16. DOI: 10.1016/j.jhep.2020.05.002.

6. Ostankova Yu.V., Saitgalina M.A., Arsentieva N.A., Totolian A.A. [Evaluation of TREC/KREC levels in HIV-infected individuals]. *VICH Infektsiya i Immunosupressii [HIV Infection and Immunosuppressive Disorders]*. 2024; 16(2):51–9. DOI: 10.22328/2077-9828-2024-16-2-51-59.

7. Yang X., Shi F., Zhang H., Giang W.A., Kaur A., Chen H., Li X. Long COVID among people with HIV: A systematic review and meta-analysis. *HIV Med.* 2025; 26(1):6–16. DOI: 10.1111/hiv.13708.

8. Quarleri J., Delpino M.V. Molecular mechanisms underlying SARS-CoV-2 hepatotropism and liver damage. *World J. Hepatol.* 2024; 16(1):1–11. DOI: 10.4254/wjh.v16.i1.1.

9. Ostankova Yu.V., Serikova E.N., Semenov A.V., Totolian Areg A. [Method for hepatitis B virus DNA detecting in biological material at low viral load based on nested PCR with detection by three viral targets in real-time mode]. *Klinicheskaya Laboratornaya Diagnostika [Clinical Laboratory Diagnostics]*. 2022; 67(9):530–7. DOI: 10.51620/0869-2084-2022-67-9-530-537.

10. Calza L., Bon I., Tadolini M., Borderi M., Colangeli V., Badia L., Verucchi G., Rossini G., Vocale C., Gaibani P., Viale P., Attard L. COVID-19 in patients with HIV-1 infection: a single-centre experience in northern Italy. *Infection.* 2021; 49(2):333–7. DOI: 10.1007/s15010-020-01492-7.

11. Mondì A., Cimini E., Colavita F., Cicalini S., Pinnetti C., Matusali G., Casetti R., Maeurer M., Vergori A., Mazzotta V., Gagliardini R., De Zottis F., Schinina V., Girardi E., Puro V., Ippolito G., Vaia F., Capobianchi M.R., Castilletti C., Agrati C., Antinori A. COVID-19 in people living with HIV: Clinical implications of dynamics of the immune response to SARS-CoV-2. *J. Med. Virol.* 2021; 93(3):1796–804. DOI: 10.1002/jmv.26556.

12. Mann E.R., Menon M., Knight S.B., Konkel J.E., Jagger C., Shaw T.N., Krishnan S., Rattray M., Ustianowski A., Bakerly N.D., Dark P., Lord G., Simpson A., Felton T., Ho L.P.; NIH Respiratory TRC; Feldmann M.; CIRCO; Grainger J.R., Hussell T. Longitudinal immune profiling reveals key myeloid signatures associated with COVID-19. *Sci. Immunol.* 2020; 5(51):eabd6197. DOI: 10.1126/sciimmunol.abd6197.

13. Saitgalina M.A., Ostankova Yu.V., Arsentieva N.A., Korobova Z.R., Lyubimova N.E., Kashchenko V.A., Kulikov A.N., Pevtsov D.E., Stanevich O.V., Chernykh E.I., Totolian A.A. [Significance of determining the levels of TREC and KREC molecules in peripheral blood for predicting the outcome of COVID-19 disease in the acute period]. *Rossiyskiy Immunologicheskiy Zhurnal [Russian Journal of Immunology]*. 2023; 26(4):611–8. DOI: 10.46235/1028-7221-14714-LOT.

14. Saitgalina M.A., Ostankova Yu.V., Arsentieva N.A., Korobova Z.R., Lyubimova N.E., Kashchenko V.A., Kulikov A.N., Pevtsov D.E., Stanevich O.V., Chernykh E.I., Totolian A.A. [Assessment of TREC and KREC levels in COVID-19 patients with varying disease severity]. *Infektsiya i Immunitet [Russian Journal of Infection and Immunity]*. 2023; 13(5):873–84. DOI: 10.15789/2220-7619-AOT-16937.

15. Liu J., Li S., Liu J., Liang B., Wang X., Wang H., Li W., Tong Q., Yi J., Zhao L., Xiong L., Guo C., Tian J., Luo J., Yao J., Pang R., Shen H., Peng C., Liu T., Zhang Q., Wu J., Xu L., Lu S., Wang B., Weng Z., Han C., Zhu H., Zhou R., Zhou H., Chen X., Ye P., Zhu B., Wang L., Zhou W., He S., He Y., Jie S., Wei P., Zhang J., Lu Y., Wang W., Zhang L., Li L., Zhou F., Wang J., Dittmer U., Lu M., Hu Y., Yang D., Zheng X. Longitudinal characteristics of lymphocyte responses and cytokine profiles in the peripheral blood of SARS-CoV-2 infected patients. *EBioMedicine.* 2020; 55:102763. DOI: 10.1016/j.ebiom.2020.102763.

16. Phetsouphanh C., Darley D.R., Wilson D.B., Howe A., Munier C.M.L., Patel S.K., Juno J.A., Burrell L.M., Kent S.J., Dore G.J., Kelleher A.D., Matthews G.V. Immunological dysfunction persists for 8 months following initial mild-to-moderate SARS-CoV-2 infection. *Nat. Immunol.* 2022; 23(2):210–6. DOI: 10.1038/s41590-021-01113-x.

17. Glynne P., Tahmasebi N., Gant V., Gupta R. Long COVID following mild SARS-CoV-2 infection: characteristic T cell alterations and response to antihistamines. *J. Investig. Med.* 2022; 70(1):61–7. DOI: 10.1136/jim-2021-002051.

18. Zurochka A.V., Dobrynina M.A., Safronova E.A., Zurochka V.A., Zuikova A.A., Sarapultsev G.P., Zabkov O.I., Mosunov A.A., Verkhovskaya M.D., Ducard V.V., Fomina L.O., Kostolomova E.G., Ostankova Yu.V., Kudryavtsev I.V., Totolian A.A. [Alterations in T cell immunity over 6–12 months post-COVID-19 infection in convalescent individuals: A screening study]. *Infektsiya i Immunitet [Russian Journal of Infection and Immunity]*. 2024; 14(4):756–68. DOI: 10.15789/2220-7619-AIT-17646.

19. Korobova Z.R., Arsentieva N.A., Butenko A.A., Kudryavtsev I.V., Rubinstein A.A., Turenko A.S., Ostankova Yu.V., Boeva E.V., Knizhnikova A.A., Norka A.O., Rassokhin V.V., Belyakov N.A., Totolian Areg A. T cell dynamics in COVID-19, long COVID and successful recovery. *Int. J. Mol. Sci.* 2025; 26(15):7258. DOI: 10.3390/ijms26157258.

20. Long COVID more common in people with HIV | aidsmap (2022). (Cited 04 July 2025). [Internet]. Available from: <https://www.aidsmap.com/news/mar-2022/long-covid-more-common-people-hiv>.

21. Lin F., Hao S., Xiao X., Li X. Association between Hepatitis B virus infection and COVID-19: outcomes from clinical analysis and online survey from Beijing, China. *BMC Infect. Dis.* 2024; 24(1):1438. DOI: 10.1186/s12879-024-10333-z.

22. Wu Y.F., Yu W.J., Jiang Y.H., Chen Y., Zhang B., Zhen R.B., Zhang J.T., Wang Y.P., Li Q., Xu F., Shi Y.J., Li X.P. COVID-19 or treatment associated immunosuppression may trigger hepatitis B virus reactivation: A case report. *World J. Clin. Cases.* 2021; 9(19):5266–9. DOI: 10.12998/wjcc.v9.i19.5266.

23. Sagnelli C., Sica A., Creta M., Borsetti A., Ciccozzi M., Sagnelli E. Prevention of HBV reactivation in hemato-oncologic setting during COVID-19. *Pathogens.* 2022; 11(5):567. DOI: 10.3390/pathogens11050567.

24. Villar L.M., de Paula V.S., Pinto L.C.M., Marques B.C.L., da Costa V.D., da Silva L.L., Santos A.C., do Nascimento G.P., Miguel J.C., Mendonça A.C.D.F., Motta F.C., Lewis-Ximenez L.L. Clinical and laboratory characteristics of hepatitis C and COVID-19 coinfection: Prolonged RNA shedding in nonhospitalized case. *Clin. Case Rep.* 2021; 9(8):10.1002/ccr3.3877. DOI: 10.1002/ccr3.3877.

## Authors:

Ostankova Yu.V., Shchemelev A.N., Serikova E.N., Anufrieva E.V., Zagalskaya E.V., Knizhnikova A.A., Norka A.O., Rassokhin V.V., Belyakov N.A., Totolian Areg A. Saint-Petersburg Pasteur Research Institute of Epidemiology and Microbiology. 14, Mira St., St. Petersburg, 197101, Russian Federation. E-mail: [pasteur@pasteurorg.ru](mailto:pasteur@pasteurorg.ru)

## Об авторах:

Останкова Ю.В., Шемелев А.Н., Серикова Е.Н., Ануфриева Е.В., Загальская Е.В., Книжникова А.А., Норка А.О., Рассохин В.В., Беляков Н.А., Тотолян Арег А. Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера. Российская Федерация, 197101, Санкт-Петербург, ул. Мира, 14. E-mail: [pasteur@pasteurorg.ru](mailto:pasteur@pasteurorg.ru).

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-110-120

УДК 579.841.93:616-07

С.А. Портенко<sup>1</sup>, Е.А. Билько<sup>1</sup>, А.В. Казанцев<sup>1</sup>, О.А. Корешкова<sup>1</sup>, Н.А. Осина<sup>1</sup>, К.Р. Демахина<sup>1</sup>,  
Д.А. Ситмбетов<sup>1</sup>, Я.М. Краснов<sup>1</sup>, А.Д. Катышев<sup>1</sup>, С.Д. Катышев<sup>1</sup>, А.В. Осин<sup>1</sup>, О.А. Титова<sup>2</sup>,  
И.В. Разумова<sup>2</sup>, А.В. Софьина<sup>3</sup>, Е.П. Ляпина<sup>3</sup>, И.Н. Вяткин<sup>4</sup>

### Случай выделения в медицинской организации штамма возбудителя бруцеллеза от пациента с инфекционным эндокардитом

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

<sup>2</sup>ГУЗ «Саратовская областная инфекционная больница имени Н.Р. Иванова», Саратов, Российская Федерация;

<sup>3</sup>ФГБОУ ВО «Саратовский государственный медицинский университет имени В.И. Разумовского» Министерства здравоохранения Российской Федерации, Саратов, Российская Федерация; <sup>4</sup>Управление Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по Саратовской области, Саратов, Российская Федерация

**Цель работы** – верификация и расширенная идентификация штамма возбудителя бруцеллеза, выделенного в медицинской организации от пациента с диагнозом «инфекционный эндокардит с обширным поражением трикуспидального клапана». **Материалы и методы.** Исследовали клинический материал от больного (кровь, сыворотка крови), выделенную культуру возбудителя бруцеллеза. В медицинской организации проводили исследование крови на стерильность с использованием анализатора гемокультур BC60 и идентификацией выросших колоний на масс-спектрометре VITEK® MS. В Центре индикации проводили исследования проб клинического материала от больного и углубленное изучение полученного из медицинской организации штамма *Brucella* spp. 1079 с применением бактериологического, серологического, масс-спектрометрического, молекулярно-генетического методов и высокопроизводительного секвенирования. **Результаты и обсуждение.** В лаборатории медицинской организации из пробы крови больного выделен штамм, предварительно идентифицированный как *Brucella* spp. При углубленных исследованиях в Центре индикации на основании комплекса фенотипических и молекулярно-биологических методов данный штамм верифицирован и отнесен к виду *Brucella melitensis* генотипа III. Исследуемая культура чувствительна к гентамицину, стрептомицину, левофлоксацину, доксициклину, рифампицину, амикацину, канамицину, тетрациклину, промежуточно устойчива к налидиксовой кислоте и цiproфлоксацину, не чувствительна к цефтриаксону и триметоприму-сульфаметоксазолу. В пробах крови и сыворотке крови от указанного пациента выявлены нуклеотидные последовательности генов бруцелл *omp25* и *omp2a*, на основании анализа которых установлено наличие в исследуемых образцах *B. melitensis*. В сыворотке крови больного выявлены IgM и IgG к возбудителю бруцеллеза. В результате проведенного исследования выделенная в медицинской организации от пациента с диагнозом «инфекционный эндокардит с обширным поражением трикуспидального клапана» культура возбудителя бруцеллеза верифицирована и идентифицирована как *B. melitensis* генотипа III. Данный случай подтверждает необходимость формирования настороженности персонала лечебных учреждений в отношении особо опасных инфекций, а также координированной работы учреждений различных ведомств.

**Ключевые слова:** бруцеллез, инфекционный эндокардит, выделение и идентификация культуры, *Brucella melitensis*, генотип, идентификация по варибельности гена *omp25*.

Корреспондирующий автор: Портенко Светлана Анатольевна, e-mail: rusrap@microbe.ru.

**Для цитирования:** Портенко С.А., Билько Е.А., Казанцев А.В., Корешкова О.А., Осина Н.А., Демахина К.Р., Ситмбетов Д.А., Краснов Я.М., Катышев А.Д., Катышев С.Д., Осин А.В., Титова О.А., Разумова И.В., Софьина А.В., Ляпина Е.П., Вяткин И.Н. Случай выделения в медицинской организации штамма возбудителя бруцеллеза от пациента с инфекционным эндокардитом. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 4:110–120. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-110-120

Поступила 09.06.2025. Отправлена на доработку 18.06.2025. Принята к публикации 15.10.2025.

S.A. Portenko<sup>1</sup>, E.A. Bil'ko<sup>1</sup>, A.V. Kazantsev<sup>1</sup>, O.A. Koresheva<sup>1</sup>, N.A. Osina<sup>1</sup>, K.R. Demakhina<sup>1</sup>,  
D.A. Sitmbetov<sup>1</sup>, Ya.M. Krasnov<sup>1</sup>, A.D. Katyshev<sup>1</sup>, S.D. Katyshev<sup>1</sup>, A.V. Osin<sup>1</sup>, O.A. Titova<sup>2</sup>,  
I.V. Razumova<sup>2</sup>, A.V. Sof'ina<sup>3</sup>, E.P. Lyapina<sup>3</sup>, I.N. Vyatkin<sup>4</sup>

### A Case of Isolation of a *Brucella melitensis* Strain from a Patient with Infectious Endocarditis in Medical Organization

<sup>1</sup>Russian Research Anti-Plague Institute "Microbe" of the Rospotrebnadzor, Saratov, Russian Federation;

<sup>2</sup>Saratov Regional Infectious Diseases Hospital named after N.R. Ivanov, Saratov, Russian Federation;

<sup>3</sup>Saratov State Medical University named after V.I. Razumovsky of the Ministry of Health of the Russian Federation, Saratov, Russian Federation;

<sup>4</sup>Rospotrebnadzor Administration in the Saratov Region, Saratov, Russian Federation

**Abstract. The aim** of the work consisted in verification and detailed identification of the causative agent of brucellosis isolated from a patient diagnosed with infectious endocarditis with extensive tricuspid valve damage. **Materials and methods.** We investigated the clinical material from the affected person (blood, blood serum) and the obtained culture of brucellosis agent. Medical organization performed tests for sterility of blood using a BC60 hemoculture analyzer. Identification of the grown colonies was carried out on a VITEK® MS mass spectrometer. The Indication Center conducted studies of clinical material samples from the patient and an in-depth study of the *Brucella* spp. 1079 strain obtained from the medical organization using bacteriological, serological, mass spectrometric, molecular-genetic methods, and high-throughput sequencing. **Results and discussion.** The strain, primarily identified as *Brucella* spp., was isolated from a patient's blood sample in a laboratory at the medical facility. Following in-depth testing at the Indication Center

using a combination of phenotypic and molecular biological methods, this strain was verified and assigned to *Brucella melitensis* genotype III. The culture is sensitive to gentamicin, streptomycin, levofloxacin, doxycycline, rifampicin, amikacin, kanamycin, and tetracycline. It is intermediately resistant to nalidixic acid and ciprofloxacin, and is insensitive to ceftriaxone and trimethoprim-sulfamethoxazole. Nucleotide sequences of the *omp25* and *omp2a* genes of *Brucella* were detected in blood and serum samples from the patient. These sequences confirmed the presence of *B. melitensis* in the samples. IgM and IgG antibodies to the causative agent of brucellosis were detected in the patient's blood serum. As a result of the study, the brucellosis agent isolate obtained at the medical facility from a patient diagnosed with infectious endocarditis with extensive tricuspid valve damage was verified and identified as *B. melitensis* genotype III. This case confirms the need for increased awareness among healthcare personnel regarding particularly dangerous infections, as well as coordinated efforts across various agencies.

**Key words:** brucellosis, infective endocarditis, isolation and identification of culture, *Brucella melitensis*, genotype, identification by *omp25* gene variability.

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

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

**Bioethics:** All stages of the study complied with Russian legislation, international ethical standards, and regulatory documents, and were approved by the relevant committees. Voluntary informed consent was obtained from the patient.

**Corresponding author:** Svetlana A. Portenko, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

**Citation:** Portenko S.A., Bil'ko E.A., Kazantsev A.V., Koreshkova O.A., Osina N.A., Demakhina K.R., Sitmbetov D.A., Krasnov Ya.M., Katyshev A.D., Katyshev S.D., Osin A.V., Titova O.A., Razumova I.V., Sof'ina A.V., Lyapina E.P., Vyatkin I.N. A Case of Isolation of a *Brucella melitensis* Strain from a Patient with Infectious Endocarditis in Medical Organization. *Problemny Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:110–120. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-110-120

Received 09.06.2025. Revised 18.06.2025. Accepted 15.10.2025.

Portenko S.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8334-9173>  
 Bil'ko E.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2572-8933>  
 Kazantsev A.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1790-0411>  
 Koreshkova O.A., ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-2029-0646>  
 Osina N.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0954-5683>  
 Demakhina K.R., ORCID: <https://orcid.org/0009-0005-4582-6863>

Sitmbetov D.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2766-2624>  
 Krasnov Ya.M., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4909-2394>  
 Katyshev A.D., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8260-4670>  
 Katyshev S.D., ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-7575-653X>  
 Osin A.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5308-0022>  
 Vyatkin I.N., ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-9860-527X>

Бруцеллез является опасным зоонозом, нанося существенный экономический ущерб сельскому хозяйству во всем мире и представляя угрозу для людей. Напряженная ситуация по бруцеллезной инфекции продолжает сохраняться на всех континентах [1]. Для бруцеллеза характерна тенденция к хроническому течению с поражением практически всех органов и систем и преимущественным вовлечением в патологический процесс опорно-двигательного аппарата, приводящим к потере трудоспособности и инвалидности [2]. В Российской Федерации с 2012 по 2021 г. отмечалась тенденция к снижению заболеваемости бруцеллезом среди населения [3], однако в 2022–2023 гг. зарегистрировано превышение среднесуточных значений этого показателя на 30–50 % [4]. В ряде субъектов ПФО, в том числе на территории Саратовской области, в последние годы отмечалась неблагоприятная эпизоотическая ситуация по бруцеллезу [4].

Своевременное выявление больных и этиологическая расшифровка случаев бруцеллеза позволяют определить объемы проведения противоэпидемических мероприятий и назначить этиотропное лечение. Раннюю диагностику бруцеллеза затрудняет многообразие его клинических проявлений и стертое течение острого периода, особенно если этиологическим агентом является *Brucella abortus*, а также, в ряде случаев, снижение настороженности врачей относительно данной инфекции [5]. Лабораторное подтверждение случаев бруцеллезной инфекции у людей чаще всего основывается на результатах иммунологических и молекулярно-генетических методов, так как вероятность выделения культуры

возбудителя может варьироваться от 5 до 90 %, в зависимости от вида бруцелл и стадии инфекционного процесса [6, 7].

Бактериологические исследования с накоплением возбудителя бруцеллеза проводят в лабораториях 3-го уровня биологической безопасности (УББ), функционирующих на базе учреждений Роспотребнадзора, имеющих санитарно-эпидемиологическое заключение на проведение диагностических и экспериментальных работ с патогенными биологическими агентами (ПБА) I–II групп патогенности, специалистами, допущенными к работе с ПБА I–II групп, прошедшими обучение на курсах профессиональной переподготовки с освоением методов безопасной работы с ПБА (СанПиН 3.3686-21; приказ Роспотребнадзора от 27.12.2017 № 1116). Диагностические исследования проб клинического материала от лиц, обратившихся за помощью в медицинские организации (МО), осуществляют лаборатории 2 УББ, имеющие санитарно-эпидемиологическое заключение на проведение диагностических работ с ПБА III–IV групп патогенности. Специалисты указанных лабораторий могут осуществлять выявление маркеров ПБА II группы патогенности с помощью молекулярно-генетических и иммуносерологических методов (без накопления культуры). Учитывая, что на основании соответствующего симптомокомплекса и эпидемиологического анамнеза не всегда удастся заподозрить особо опасную болезнь, существуют риски поступления в бактериологические лаборатории МО проб биоматериала от пациентов с заболеваниями, вызванными возбудителями I–II групп патогенности, и последующего их исследования.

Сложность выделения культуры бруцеллезного микроба из проб клинического материала обусловлена свойствами самого возбудителя, требовательного к условиям культивирования, цикличностью интенсивности бактериемии у заболевшего и необходимостью взятия от пациента проб для проведения исследований до начала лечения антибактериальными препаратами. Активное внедрение с начала 1990-х гг. в клиническую практику методики автоматического гемокультивирования сопровождалось появлением в зарубежных и отечественных источниках публикаций о выделении возбудителей бруцеллеза из образцов крови с помощью микробиологических анализаторов [8–10].

**Цель** работы – верификация и расширенная идентификация штамма возбудителя бруцеллеза, выделенного в медицинской организации от пациента с диагнозом «инфекционный эндокардит с обширным поражением трикуспидального клапана».

### Материалы и методы

Пациент С.С.А., 1958 г.р., проживающий в г. Саратове, болел в течение месяца. Поступил в ГУЗ «Саратовская областная инфекционная больница имени Н.Р. Иванова» в июле 2024 г. Поставлен предварительный диагноз – «инфекционный эндокардит с обширным поражением трикуспидального клапана».

Для выявления инфекционного агента заболевания в лаборатории МО был проведен посев крови от больного во флакон со специальной средой, предназначенной для выделения аэробных микроорганизмов, и добавлением макропористой смолы, которая абсорбирует антибиотики, что позволяет анализировать кровь пациентов, получающих антибиотикотерапию (Aerobic Culture Bottle FA, Autobio Diagnostics Co., Ltd, Китай). Анализ выполняли на анализаторе гемокультур BC60 (Autobio Diagnostics Co., Ltd, Китай) в соответствии с рекомендациями производителя. Из флаконов делали высев на плотные питательные среды с добавлением 5 % дефибринированной лошадиной крови (кровяной агар). Идентификацию выросших колоний проводили методом времяпролетной масс-спектрометрии на масс-спектрометре VITEK® MS (Biomérieux, Франция) с учетом рекомендаций производителя.

В Центре индикации возбудителей инфекционных болезней I–II групп патогенности и обеспечения противоэпидемической готовности (Центр индикации) на базе ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» работу проводили в соответствии с нормативными документами, регламентирующими порядок проведения лабораторной диагностики бруцеллеза: МУК 4.2.3010-12, МУК 3.1.7.3402-16, МУК 4.2.3733-21, МР 3.1.0288-22, МУК 4.2.2495-09, Российские рекомендации «Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам» (версия 2024-02).

Для культивирования использовали жидкие (бульон Альбими, pH 7,2) и твердые (агар Альбими, pH 7,2, бруцеллагар, pH 7,2; для внутривидовой дифференциации бруцелл – агар Альбими с добавлением красителей: тионина и основного фуксина) питательные среды (ФБУН ГНЦ ПМБ Роспотребнадзора, Россия). Для определения чувствительности к антибактериальным препаратам (АБП) использовали агар Мюллера – Хинтон (ФБУН ГНЦ ПМБ Роспотребнадзора, Россия) и диски с АБП Liofilchem srl (Италия) и Oxoid (Великобритания). Регистрацию диаметров зон задержки роста проводили с использованием микробиологического анализатора BIOMIC V3 (Giles Scientific, США), интерпретацию результатов осуществляли согласно МУК 4.2.2495-09. Идентификацию методом времяпролетной масс-спектрометрии осуществляли с помощью масс-спектрометра MALDI Biotyper 3.0 RTC (Bruker Daltonics, Германия).

Для выявления специфических иммуноглобулинов к возбудителю бруцеллеза использовали наборы реагентов для иммуноферментного выявления иммуноглобулинов класса М к возбудителю бруцеллеза «Бруцелла-IgM-ИФА-БЕСТ» и иммуноглобулинов класса G к возбудителю бруцеллеза «Бруцелла-IgG-ИФА-БЕСТ» (АО «Вектор-Бест», Россия).

Выделение ДНК для исследований методом ПЦР и фрагментного секвенирования осуществляли с использованием комплекта реагентов для выделения ДНК из клинического материала «ДНК-сорб-В» (ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, Россия), для высокопроизводительного секвенирования – набор EasyPure Genomic DNA Kit (with Rnase) для выделения ДНК из клеток/тканей млекопитающих, бактерий и дрожжей (TransGen Biotech, Китай).

Для выявления и видовой дифференциации возбудителя бруцеллеза применяли «Набор реагентов для выявления и дифференциации штаммов возбудителя бруцеллеза методом полимеразной цепной реакции с учетом результатов в режиме реального времени (Бру-Диф-РГФ)» (ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора, Россия). Для подтверждения наличия в пробах клинического материала бруцелл с одновременным определением таксономической принадлежности проводили амплификацию с праймерами 25A-25B, 2AA-2AB, предложенными A. Cloeckaert et al. [11], которые ограничивают участки генома возбудителя бруцеллеза, содержащие гены *omp25* и *omp2a* соответственно, и определяли в полученных ампликонах специфичные для видов и биоваров патогена единичные мутации [12]. Амплификацию генов *omp25* и *omp2a* проводили с использованием набора реагентов Encyclo Plus PCR kit (ЗАО «Евроген», Россия), секвенирование наработанных ПЦР-продуктов осуществляли с помощью нанопорового секвенирования.

Высокопроизводительное секвенирование проводили на платформе GridIon (Oxford Nanopore)

с набором реагентов SKQNB-110.24, на ячейке R10. Бэйсколлинг проводили по модели обсчета SUP (Super accurate). Далее полученные драфт-последовательности были отфильтрованы по длине рида от 5000 п.о. в программе filtlong [13]. Сборку осуществляли с помощью программы flye (version 2.9.4) [14]. Анализ SNP полного генома исследуемого штамма в сравнении с нуклеотидными последовательностями различных видов бруцелл, представленными в базе данных NCBI GenBank, проводили в программе snippy [15]. Определение генотипов *B. melitensis* осуществляли в соответствии с рекомендациями S.V. Pisarenko et al. [16]. Для построения филогенетического дерева использовали программу UGENE 40.0, метод neighbor joining, модель замен Kimura. Филогенетическое дерево визуализировали в программе iTOL [17].

### Результаты и обсуждение

Пациент поступил в ГУЗ «Саратовская областная инфекционная больница имени Н.Р. Иванова» в состоянии средней тяжести с жалобами на общую слабость, недомогание, повышение температуры тела (максимально до плюс 39,5 °C), ноющие боли в пояснице в течение месяца. Из анамнеза установлено, что заболевший проживает в городе, в многоквартирном доме, не работает, в выходные дни выезжает на дачу, находящуюся в пригороде. За пределы Саратовской области в последний год не выезжал, не исключает контакты с больными ОРВИ. Продукты покупает в магазинах города, пьет кипяченую воду. С 01.06.2024 появились жалобы на недомогание, связанное с повышением температуры тела дважды в течение суток до 37,5–38,5 °C. При осмотре пациента во время поступления явной патологии не обнаружено, выявлена умеренная тахикардия (до 100 ударов в минуту), приглушенность сердечных тонов. При биохимическом исследовании крови отмечено повышение содержания мочевины (12,270 ммоль/л), креатинина (114 мкмоль/л), АЛТ (85 ммоль/л), АСТ (51 ммоль/л), СРБ (111,9 мг/л), лактата (5,3 ммоль/л). Общий анализ крови – в пределах нормы. В моче обнаружен белок (1,0 г/л), лейкоциты (3–5 в поле зрения), эритроциты (1–3 в поле зрения), pH 5,0, удельный вес – 1025 г/л. Рентгенография органов грудной клетки, УЗИ внутренних органов – без патологии. Эхокардиографическое исследование показало признаки инфекционного эндокардита с поражением трикуспидального клапана, трикуспидальную регургитацию 2-й степени, умеренно выраженные неспецифические дегенеративные изменения аорты, аортального клапана, фиброзных структур сердца. Эндокардит является редким, но тяжелым проявлением бруцеллеза. По данным разных авторов, он развивается у 1,3–2,8 % больных, при этом занимая в структуре смертности от данного зооноза до 80 % [18–21].

Кроме того, установлено, что похожие симптомы отмечались пациентом в октябре 2023 г., через 2–3 недели после употребления в пищу шашлыка из баранины (мясо приобретено на частном подворье). Состояние нормализовалось после приема назначенного участковым терапевтом курса антимикробных и противовирусных препаратов. Весной пациент лечился по поводу бурсита левого локтевого сустава.

На фоне длительно сохраняющейся лихорадки больному проведены исследования проб сыворотки крови в реакции пассивной гемагглютинации (РПГА) с целью выявления антител к возбудителям брюшного тифа, сальмонеллеза и дизентерии, получены отрицательные результаты. При обследовании также исключены ВИЧ-инфекция, вирусные гепатиты, малярия.

В соответствии с протоколом обследования пациентов с длительной лихорадкой неясной этиологии был проведен посев крови от больного на стерильность. На четвертые сутки гемокультивирования при плюс 37 °C был зарегистрирован рост микроорганизмов и проведен высев на питательный агар с добавлением 5 % дефибрированной лошадиной крови (кровяной агар), на котором через двое суток сформировались серо-белые мелкие колонии без гемолиза. Идентификация выросших колоний с помощью времяпролетной масс-спектрометрии на масс-спектрометре VITEK® MS (Biomérieux, Франция) показала на их принадлежность к роду *Brucella* spp.

Согласно схеме передачи информации, персонал лаборатории известил руководство медицинского учреждения о выделении культуры, подозрительной на возбудителя бруцеллеза, затем информация была передана в Управление Роспотребнадзора по Саратовской области. Во всех помещениях бактериологической лаборатории, где проводилась работа с подозрительной на возбудителя бруцеллеза культурой, проведена заключительная дезинфекция. За специалистами бактериологической лаборатории, задействованными в проведении указанных исследований, установлено медицинское наблюдение с обследованием на выявление антител класса М к возбудителю бруцеллеза (двукратно, с периодичностью 14 дней). Необходимо отметить, что заведующий бактериологической лаборатории прошел обучение по программе профессиональной переподготовки специалистов по особо опасным инфекциям на базе ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора.

Объекты с посевами, подозрительными на возбудителя бруцеллеза, а также пробы клинического материала (кровь, сыворотка крови) были переданы для дальнейшего изучения с помощью расширенного комплекса методов в Центр индикации на базе ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора (СанПиН 3.3686-21; приказ Роспотребнадзора № 1116).

В лабораториях Центра индикации морфологические и культуральные свойства полученного штам-

ма возбудителя *Brucella* spp. 1079 изучены с применением микробиологических методов (микроскопия, посев на жидкие и плотные питательные среды). При изучении тинкториальных свойств полученной культуры установлено, что она представляет собой грам-отрицательные, мелкие, палочковидные, хаотично расположенные микробные клетки.

Полученный штамм возбудителя был засеян в жидкую и на плотные питательные среды. Посевы инкубировали при температуре плюс 37 °С в двух вариантах: при повышенном содержании CO<sub>2</sub> (в эксикаторе) и в обычной атмосфере воздуха в термостате. Через 24 ч инкубации в бульоне отмечали равномерное помутнение среды, в дальнейшем на поверхности среды образовалась нежная пленка. В посевах на плотных питательных средах через сутки обнаруживали видимый глазом нежный налет, еще через двое суток формировались гладкие выпуклые колонии золотистого цвета, диаметром до 2–3 мм, круглой формы с ровным краем. На плотных питательных средах с красителями на четвертые сутки рост культуры отмечался как на среде с добавлением основного фуксина, так и на среде с добавлением тионина.

При проведении исследований методом время-пролетной масс-спектрометрии экстракцию белков осуществляли в соответствии с МУК 4.2.3733-21. Учет и интерпретацию результатов проводили с помощью базы данных «Белковые профили масс-спектров микроорганизмов I–II групп патогенности для программы MALDI Biotyper» (Свидетельство о государственной регистрации от 15.03.2016 № 2016620345), значения коэффициента соответствия (Score Value) составили 2,411–2,601.

По совокупности морфологических, тинкториальных, культуральных и протеомных свойств исследуемый штамм был отнесен к виду *Brucella melitensis*.

Чувствительность штамма к антибактериальным препаратам (АБП) определялась с помощью диско-диффузионного метода в отношении антибактериальных препаратов первого ряда: гентамицина, стрептомицина, доксициклина, рифампицина, ципрофлоксацина, левофлоксацина – и второго ряда: амикацина, канамицина, тетрациклина, налидиксовой кислоты (таблица). Установлено, что штамм чувствителен ко всем рекомендованным антибакте-

Определение чувствительности выделенного штамма *B. melitensis* 1079 к антибактериальным препаратам  
Determination of the sensitivity of the isolated *B. melitensis* 1079 strain to antibacterial drugs

| Антибактериальный препарат<br>Antibacterial drug                             | Пограничные значения диаметров зон подавления роста (мм)*<br>Threshold values of growth inhibition zone diameters (mm)* |                                   | <i>Brucella</i> spp. 1079                                                     |                      |
|------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------|----------------------|
|                                                                              | Чувствительный (S)<br>Sensitive (S)                                                                                     | Резистентный (R)<br>Resistant (R) | Диаметр зон подавления роста (мм)<br>Diameter of growth inhibition zones (mm) | Результат<br>Results |
| Антибактериальные препараты первого ряда / First-line antibacterial drugs    |                                                                                                                         |                                   |                                                                               |                      |
| Гентамицин<br>Gentamicin                                                     | ≥ 20                                                                                                                    | ≤ 15                              | 24,5                                                                          | S                    |
| Стрептомицин<br>Streptomycin                                                 | ≥ 20                                                                                                                    | ≤ 15                              | 22,5                                                                          | S                    |
| Доксициклин<br>Doxycycline                                                   | ≥ 20                                                                                                                    | ≤ 15                              | 31,0                                                                          | S                    |
| Рифампицин<br>Rifampicin                                                     | ≥ 15                                                                                                                    | ≤ 10                              | 19,5                                                                          | S                    |
| Ципрофлоксацин<br>Ciprofloxacin                                              | ≥ 30                                                                                                                    | ≤ 25                              | 24,0                                                                          | I                    |
| Левофлоксацин<br>Levofloxacin                                                | ≥ 30                                                                                                                    | ≤ 25                              | 34,0                                                                          | S                    |
| Антибактериальные препараты второго ряда / Second-line antibacterial drugs   |                                                                                                                         |                                   |                                                                               |                      |
| Амикацин<br>Amikacin                                                         | ≥ 20                                                                                                                    | ≤ 15                              | 22,0                                                                          | S                    |
| Канамицин<br>Kanamycin                                                       | ≥ 20                                                                                                                    | ≤ 15                              | 28,0                                                                          | S                    |
| Тетрациклин<br>Tetracycline                                                  | ≥ 25                                                                                                                    | ≤ 20                              | 32,0                                                                          | S                    |
| Налидиксовая кислота<br>Nalidixic acid                                       | ≥ 15                                                                                                                    | ≤ 10                              | 14,0                                                                          | I                    |
| Дополнительные антимикробные препараты** / Additional antimicrobial agents** |                                                                                                                         |                                   |                                                                               |                      |
| Цефтриаксон<br>Ceftriaxone                                                   | ≥ 30                                                                                                                    | < 30                              | 13,0                                                                          | R                    |
| Триметоприм-сульфаметоксазол<br>Trimethoprim-sulfamethoxazole                | ≥ 29                                                                                                                    | < 29                              | Нет зоны подавления<br>No inhibition zone                                     | R                    |

Примечания: S – чувствительный, R – резистентный, I – промежуточная устойчивость; \* в соответствии с МУК 4.2.2495-09; \*\* пограничные значения диаметров зон подавления роста даны в соответствии с табл. 2.29 Российских рекомендаций «Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам» (версия 2024-02).

Notes: S – sensitive, R – resistant, I – intermediate resistance; \* in compliance with MR 4.2.2495-09; \*\* the borderline values of the diameters of the growth inhibition zones are given in accordance with Table 2.29 of the Russian recommendations “Determination of the sensitivity of microorganisms to antimicrobial drugs” (version 2024-02).

риальным препаратам первого и второго ряда, за исключением налидиксовой кислоты и ципрофлоксацина – промежуточная устойчивость.

Дополнительно, в соответствии с Российскими рекомендациями «Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам» (версия 2024-02), проведено тестирование полученной культуры возбудителя бруцеллеза к цефтриаксону и триметоприму-сульфаметоксазолу. К данным антибактериальным препаратам штамм оказался резистентным, что не противоречит данным, отраженным в обзоре И.А. Щипелевой и соавт. [22], которые указывают на возрастание количества штаммов бруцелл, резистентных к цефтриаксону и триметоприму-сульфаметоксазолу.

Методом ПЦР с набором реагентов «Бру-Диф-РГФ» была определена принадлежность выделенной культуры *Brucella* spp. 1079 к виду *B. melitensis*. В ходе высокопроизводительного секвенирования получен полный геном этого штамма, включающий два контига длиной 2 126 861 п.н. и 1 185 663 п.н., соответствующие двум хромосомам возбудителя бруцеллеза. Последовательность генома изученного штамма депонирована на российской платформе VGenus (micro26428, 25.07.2024). На основе анализа SNP полного генома исследуемого штамма в сравнении с нуклеотидными последовательностями различных видов бруцелл, представленными в базе данных NCBI GenBank, установлено, что исследуемый штамм кластеризуется со штаммами *B. melitensis* (рис. 1).

Известно, что вид *B. melitensis* на основании SNP-анализа по полному геному подразделяется на пять генетических линий, которые ассоциированы с географическим происхождением штаммов: I – среднеазиатская, II – азиатская, III – африканская, IV – европейская, V – американская [23]. Поэтому следующим этапом нашей работы было определение генотипа штамма *B. melitensis* 1079. Показано, что он относится к генотипу III (рис. 2), к которому, по данным И.В. Кузнецовой и соавт. [24], относятся штаммы патогена, выделенные на территории различных федеральных округов Российской Федерации, а также в Китае, Турции, Индии и Грузии.

Таким образом, по совокупности морфологических, тинкториальных, культуральных, генетических и протеомных свойств установлена принадлежность выделенного штамма к виду *B. melitensis* генотипа III.

При исследовании проб биологического материала в пробах крови и сыворотки крови методом ПЦР обнаружена ДНК *Brucella* spp., в пробе сыворотки крови в реакции агглютинации обнаружены антитела к возбудителю бруцеллеза, методом ИФА выявлены IgM и IgG к возбудителю бруцеллеза.

Для подтверждения наличия бруцелл в пробах нативного материала использовали фрагментное секвенирование генов *omp25* и *omp2a*, амплификацию которых осуществляли в пробах крови и сы-

воротки крови от больного с праймерами 25A-25B, 2AA-2AB, предложенными A. Cloeckert et al. [11]. В пробах крови отмечена амплификация обоих фрагментов, фланкированных указанными праймерами. При изучении нуклеотидной последовательности полученных ампликонов гена *omp25* из проб крови выявлены следующие мутации: C40T, T168C, T276C, C369T, A613T (рис. 3). Такой профиль единичных полиморфизмов в гене *omp25* характерен для штаммов *B. melitensis* [12].

При исследовании ампликонов, содержащих последовательность гена *omp2a*, не выявлено ни одной единичной мутации по сравнению с референс-последовательностью этого гена у *B. abortus* 9-941 (GCA\_000008145.1), что соответствует полученным нами ранее данным об идентичности гена *omp2a* у штаммов *B. abortus* 3, 5, 6, 9-го биоваров и *B. melitensis* [12]. В пробах сыворотки крови из-за низкой концентрации возбудителя амплифицировать участки генома *B. melitensis* не удалось. Полученные результаты указывают на выявление ДНК *B. melitensis* в пробе крови от больного, что подтверждается выделением из этого вида материала культуры патогена, идентифицированного как *B. melitensis*.

В соответствии с нормативной документацией, выделенный штамм *B. melitensis* был передан в Центр верификации диагностической деятельности, осуществляющий функции государственной коллекции Роспотребнадзора (на базе ФКУН Российский противочумный институт «Микроб», г. Саратов), для пополнения национального коллекционного фонда штаммов патогенных микроорганизмов. Также выделенный штамм и пробы клинического материала от пациента переданы в Референс-центр по мониторингу за бруцеллезом (на базе ФКУЗ Ставропольский противочумный институт, г. Ставрополь) для углубленного изучения (СанПиН 3.3686-21; приказ Роспотребнадзора № 1116).

Итак, недостаточность данных эпидемиологического анамнеза, отсутствие характерных очаговых поражений органов и систем не позволили заподозрить бруцеллезную инфекцию у пациента с эндокардитом на основании клинических проявлений. Однако выполнение медицинскими работниками протоколов обследования длительно лихорадящих больных способствовало установлению этиологического диагноза. Оснащение лабораторий МО современной приборной базой (автоматический анализатор гемокультур, масс-спектрометр) позволило выделить культуру из крови пациента с диагнозом «инфекционный эндокардит с обширным поражением трикуспидального клапана», первоначально идентифицированную с помощью MALDI-TOF масс-спектрометрического метода как *Brucella* spp. Выделенный штамм в соответствии с нормативно-методическими документами был оперативно передан в Центр индикации на базе противочумного учреждения, где с помощью комплекса бактериологического, иммунологического, молекулярно-генетических и MALDI-TOF масс-

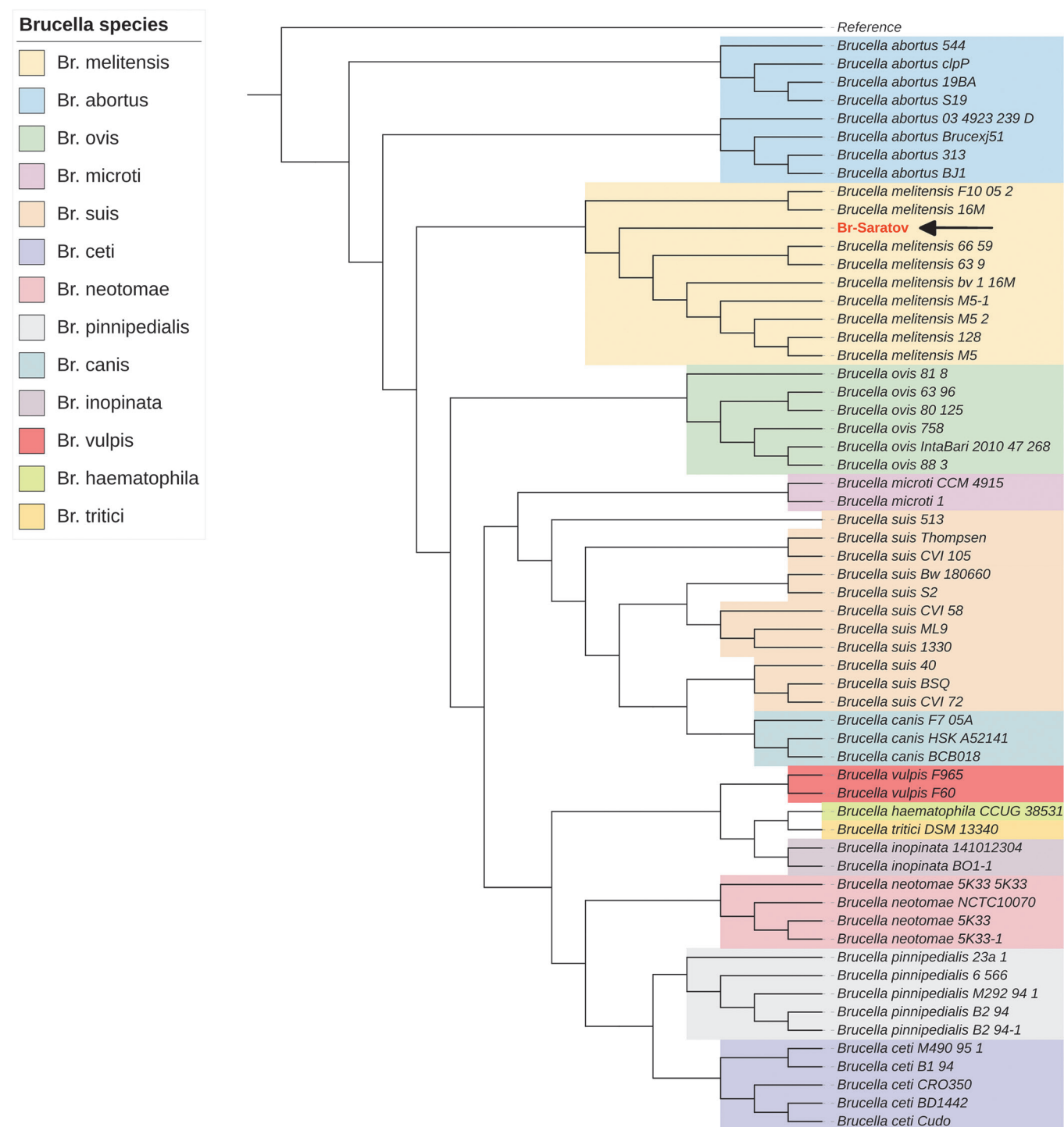


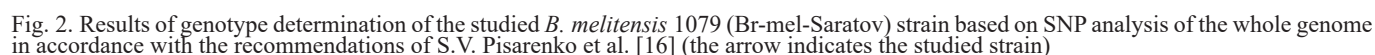
Рис. 1. Результаты SNP-анализа полного генома исследуемого штамма *B. melitensis* 1079 (Br-Saratov) в сравнении с нуклеотидными последовательностями различных видов бруцелл, представленными в базе данных NCBI GenBank (стрелкой указан изученный штамм)

Fig. 1. SNP analysis of the complete genome of the studied *B. melitensis* 1079 (Br-Saratov) strain in comparison with the nucleotide sequences of various *Brucella* species presented in the NCBI GenBank database (the arrow indicates the studied strain)

спектрометрического методов верифицирован как *Brucella melitensis* генотипа III. Отмечена эффективность разработанного специалистами института набора реагентов «Бру-Диф-РГФ», а также выявления и определения таксономического положения возбудителя в пробах нативного материала на основании амплификации в них гена бруцелл *omp25* и изучения

его нуклеотидной последовательности, которая по проведенным ранее исследованиям содержит видоспецифичные мутации [12].

Грамотные действия специалистов бактериологической лаборатории ГУЗ «Саратовская областная инфекционная больница имени Н.Р. Иванова» обеспечили возможность сохранения выделенной куль-



Таким образом, выделенный в медицинской организации от пациента с диагнозом «инфекционный эндокардит с обширным поражением трикуспидального клапана» штамм возбудителя бруцеллеза верифицирован и идентифицирован в лабораториях Центра индикации как *B. melitensis* геноти-

па П. Данный случай подтверждает как необходимость формирования осторожности персонала лечебных учреждений в отношении особо опасных инфекций, в частности бруцеллеза, так и необходимость координированной работы органов и учреждений Министерства здравоохранения РФ и Роспотребнадзора. В описываемом случае установление этиологического агента заболевания способствовало постановке диагноза «бруцеллез», назначению адекватной терапии и достижению положительной динамики в состоянии пациента.

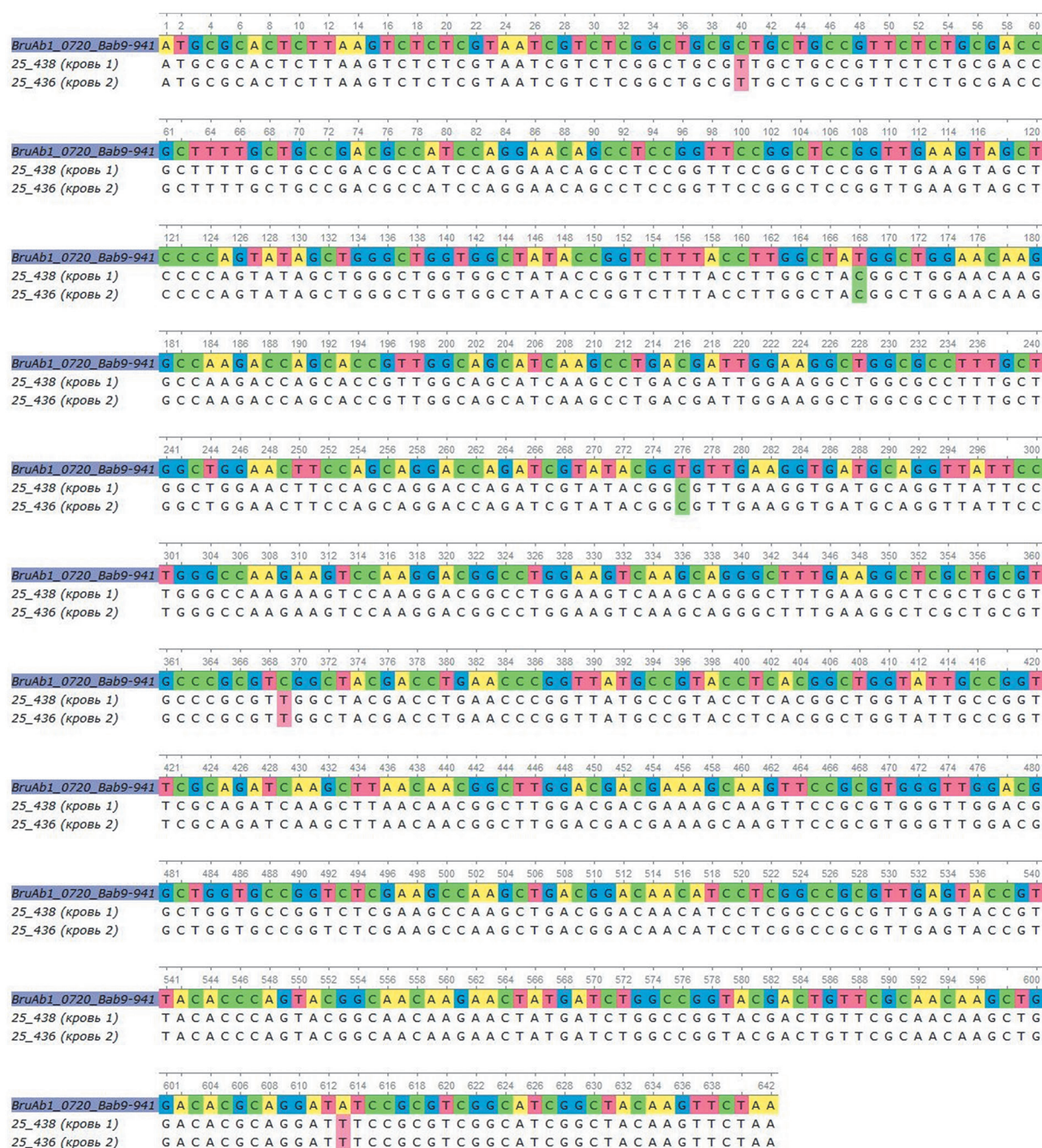


Рис. 3. Результаты определения единичных мутаций в амплифицированном гене *omp25* бруцелл в пробах крови от больного: выявлены полиморфные нуклеотиды C40T, S369T, A613T, специфичные для всех штаммов *B. melitensis*; T168C – характерная для всех видов бруцелл, кроме *B. abortus*; T276C – встречающаяся у ряда штаммов патогена; референс – *B. abortus* 9-941 (GCA\_000008145.1)

Fig. 3. Results of determination of single mutations in the amplified *omp25* gene of *Brucella* in blood samples from the patient: polymorphic nucleotides C40T, S369T, A613T, specific for all strains of *B. melitensis* were identified; T168C – characteristic of all types of *Brucella*, except *B. abortus*; T276C – found in a number of strains of the pathogen; reference – *B. abortus* 9-941 (GCA\_000008145.1)

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

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

**Биоэтика.** Все стадии исследования соответствовали законодательству РФ, международным этическим нормам и нормативным документам, а также одобрены соответствующими комитетами. От пациента получено информированное согласие.

## Список литературы

1. Пономаренко Д.Г., Матвиенко А.Д., Хачатурова А.А., Жаринова И.В., Скударева О.Н., Транквиловский Д.В., Логвиненко О.В., Ракитина Е.Л., Костюченко М.В., Кондратьева Ю.В., Малецкая О.В., Куличенко А.Н. Анализ ситуации по бруцеллезу в мире и Российской Федерации. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2024; (2):36–50. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-36-50.
2. Нурпейсова А.Х., Березкина Г.В., Стасенко Т.П., Ляпина Е.П., Антонова А.С., Михайлова С.А. Проявления хронического бруцеллеза у больных с риском профессионального заражения. *Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение*. 2021; 10(3):92–7. DOI: 10.33029/2305-3496-2021-10-3-92-97.
3. Информационный бюллетень. Бруцеллёз в Российской Федерации в 2021 году. Приложение к письму Роспотребнадзора

от 25.07.2022 № 02/15360-2022-32. [Электронный ресурс]. URL: [https://snipchi.ru/updoc/Издания/INF\\_B\\_BRUZ\\_2021.pdf](https://snipchi.ru/updoc/Издания/INF_B_BRUZ_2021.pdf) (дата обращения 04.06.2025).

4. Пономаренко Д.Г., Костюченко М.В., Ракитина Е.Л., Логвиненко О.В., Хачатурова А.А., Лукашевич Д.Е., Курчева С.А., Русанова Д.В., Куличенко А.Н. Количественный анализ протективной активности Т-клеточного иммунитета к возбудителю бруцеллеза. *Медицинская иммунология*. 2024; 26(1):211–20. DOI: 10.15789/1563-0625-QAO-2604.

5. Софьяна А.В., Ляпина Е.П., Шульдяков А.А. Своевременность диагностики как предиктор течения бруцеллеза. *Здоровье населения и среда обитания*. 2016; (12):49–51.

6. Онищенко Г.Г., Куличенко А.Н., редакторы. Бруцеллёз. Современное состояние проблемы. Ставрополь: Губерния; 2019. 336 с.

7. Малахаева А.Н., Саяпина Л.В., Барулина И.С., Касина И.В., Абдрашитова А.С., Осина Н.А., Шарова И.Н., Яцышина С.Б., Майоров Н.В., Зайцева Л.В., Миронова Н.П. Оценка набора реагентов «Амплисенс® *Brucella* spp.-FL» с гибридационно-флуоресцентной детекцией. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2011; (3):58–60. DOI: 10.21055/0370-1069-2011-3(109)-58-60.

8. Cekovska Z., Petrovska M., Jankoska G., Panovski N., Kaftandzieva A. Isolation, identification and antimicrobial susceptibility of *Brucella* blood culture isolates. *Prilozi*. 2010; 31(1):117–32. PMID: 20703187.

9. Sagi M., Nesher L., Yagupsky P. The Bactec FX blood culture system detects *Brucella melitensis* bacteremia in adult patients within the routine 1-week incubation period. *J. Clin. Microbiol.* 2017; 55(3):942–6. DOI: 10.1128/JCM.02320-16.

10. Боронина Л.Г. Особенности микробиологической диагностики бруцеллеза на эпидемиологически благополучной территории. *Вестник УГМУ*. 2019; (1):37–41.

11. Cloeckaert A., Debarh H.S., Vizcaino N., Saman E., Dubray G., Zygmunt M.S. Cloning, nucleotide sequence, and expression of the *Brucella melitensis* bp26 gene coding for a protein immunogenic in infected sheep. *FEMS Microbiol. Lett.* 1996; 140(2-3):139–44. DOI: 10.1016/0378-1097(96)00169-3.

12. Осина Н.А., Булгакова Е.Г., Осин А.В., Швиденко И.Г., Щербаклова С.А. Варибельность генов *omp25* и *omp2a* у штаммов бруцелл различного таксономического положения. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2023; (4):125–34. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-4-125-134.

13. Filtlong. Github. [Электронный ресурс]. URL: <https://github.com/rwrick/Filtlong> (дата обращения 04.04.2025).

14. Flye. Github. [Электронный ресурс]. URL: <https://github.com/mikolmogorov/Flye> (дата обращения 04.04.2025).

15. Snippy. Github. [Электронный ресурс]. URL: <https://github.com/tseemann/snippy> (дата обращения 04.04.2025).

16. Pisarenko S.V., Kovalev D.A., Volynkina A.S., Ponomarenko D.G., Rusanova D.V., Zharinova N.V., Khachaturova A.A., Tokareva L.E., Khvoynova I.G., Kulichenko A.N. Global evolution and phylogeography of *Brucella melitensis* strains. *BMC Genomics*. 2018; 19(1):353. DOI: 10.1186/s12864-018-4762-2.

17. iTOL v7. iTOL: Interactive tree of life. [Электронный ресурс]. URL: <https://itol.embl.de> (дата обращения 04.04.2025).

18. Пшеничная Н.Ю., Гопатса Г.В., Сергеева Т.В. Редкие клинические формы хронического бруцеллеза. *Журнал инфектологии*. 2023; 15(1):121–5. DOI: 10.22625/2072-6732-2023-15-1-121-125.

19. Jin M., Fan Z., Gao R., Li X., Gao Z., Wang Z. Research progress on complications of brucellosis. *Front. Cell. Infect. Microbiol.* 2023; 13:1136674. DOI: 10.3389/fcimb.2023.1136674.

20. Narimisa N., Razavi S., Khoshbayan A., Masjedani Jazi F. Prevalence of *Brucella* endocarditis: A systematic review and meta-analysis. *Health Sci. Rep.* 2023; 6(5):e1301. DOI: 10.1002/hsr2.1301.

21. Luo L., Zhou B.T., Wang H.L., Dou H.T., Li T.S. [A clinical analysis of six patients with *Brucella* endocarditis and literature review]. *Zhonghua Nei Ke Za Zhi*. 2017; 56(10):734–7. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0578-1426.2017.10.005.

22. Щипелева И.А., Марковская Е.И., Кретенчук О.Ф. Антибиотикотерапия бруцеллеза. Современное состояние и перспективы совершенствования. *Антибиотики и химиотерапия*. 2022; 67(3-4):77–84. DOI: 10.37489/0235-2990-2022-67-3-4-77-84.

23. Tan K.K., Tan Y.C., Chang L.Y., Lee K.W., Nore S.S., Yee W.Y., Mat Isa M.N., Jafar F.L., Hoh C.C., AbuBakar S. Full genome SNP-based phylogenetic analysis reveals the origin and global spread of *Brucella melitensis*. *BMC Genomics*. 2015; 16(1):93. DOI: 10.1186/s12864-015-1294-x.

24. Кузнецова И.В., Ковалев Д.А., Писаренко С.В., Бобрышева О.В., Шапаков Н.А., Жиров А.М., Сафонова Н.С., Пономаренко Д.Г., Хачатурова А.А., Жилченко Е.Б., Сердюк Н.С., Куличенко А.Н. Генетическая характеристика штаммов *Brucella melitensis*, выделенных на территории Российской Федерации, на основе данных анализа единичных нуклеотидных

полиморфизмов при полногеномном секвенировании. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2024; (1):154–61. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-154-161.

## References

1. Ponomarenko D.G., Matvienko A.D., Khachaturova A.A., Zharinova I.V., Skudareva O.N., Trankvilevsky D.V., Logvinenko O.V., Rakitina E.L., Kostyuchenko M.V., Kondrat'eva Yu.V., Maletskaya O.V., Kulichenko A.N. Analysis of the situation on brucellosis around the world and in the Russian Federation. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2024; (2):36–50. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-36-50.

2. Nurpeisova A.Kh., Berezkina G.V., Stasenko T.P., Lyapina E.P., Antonova A.S., Mikhailova S.A. Chronic brucellosis in patients with professional risk of infection. *Infektsionnye Bolezni: Novosti, Mneniya, Obuchenie [Infectious Diseases: News, Opinions, Training]*. 2021; 10(3):92–7. DOI: 10.33029/2305-3496-2021-10-3-92-97.

3. Information bulletin. Brucellosis in the Russian Federation in 2021. Appendix to the letter of the Rosпотребнадзор dated July 25, 2022. No. 02/15360-2022-32. (Cited 04 June 2025). [Internet]. Available from: [https://snipchi.ru/updoc/Издания/INF\\_B\\_BRUZ\\_2021.pdf](https://snipchi.ru/updoc/Издания/INF_B_BRUZ_2021.pdf).

4. Ponomarenko D.G., Kostyuchenko M.V., Rakitina E.L., Logvinenko O.V., Khachaturova A.A., Lukashevich D.E., Kurcheva S.A., Rusanova D.V., Kulichenko A.N. Quantitative analysis of the protective activity of T-cell immunity to the causative agent of brucellosis. *Meditsinskaya Immunologiya [Medical Immunology]*. 2024; 26(1):211–20. DOI: 10.15789/1563-0625-QAO-2604.

5. Sof'ina A.V., Lyapina E.P., Shul'dyakov A.A. Timeliness of diagnosis as a predictor of brucellosis progression. *Zdorovie Naseleniya i Sreda Obitaniya [Public Health and Life Environment]*. 2016; (12):49–51.

6. Onishchenko G.G., Kulichenko A.N., editors. Brucellosis. Current State of the Issue. Stavropol: "Guberniya"; 2019. 336 p.

7. Malakhaeva A.N., Sayapina L.V., Barulina I.S., Kasina I.V., Abdrashitova A.S., Osina N.A., Sharova I.N., Yatsyshina S.B., Mayorov N.V., Zaytseva L.V., Mironova N.P. Assessment of the new set of reagents AmpliSens *Brucella* spp.-FL with hybridization-fluorescent detection. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2011; (3):58–60. DOI: 10.21055/0370-1069-2011-3(109)-58-60.

8. Cekovska Z., Petrovska M., Jankoska G., Panovski N., Kaftandzieva A. Isolation, identification and antimicrobial susceptibility of *Brucella* blood culture isolates. *Prilozi*. 2010; 31(1):117–32. PMID: 20703187.

9. Sagi M., Nesher L., Yagupsky P. The Bactec FX blood culture system detects *Brucella melitensis* bacteremia in adult patients within the routine 1-week incubation period. *J. Clin. Microbiol.* 2017; 55(3):942–6. DOI: 10.1128/JCM.02320-16.

10. Boronina L.G. Features of microbiological diagnostics of brucellosis in an epidemiologically safe territory. *Vestnik Ural'skogo Gosudarstvennogo Meditsinskogo Universiteta [Bulletin of the Ural State Medical University]*. 2019; (1):37–41.

11. Cloeckaert A., Debarh H.S., Vizcaino N., Saman E., Dubray G., Zygmunt M.S. Cloning, nucleotide sequence, and expression of the *Brucella melitensis* bp26 gene coding for a protein immunogenic in infected sheep. *FEMS Microbiol. Lett.* 1996; 140(2-3):139–44. DOI: 10.1016/0378-1097(96)00169-3.

12. Osina N.A., Bulgakova E.G., Osin A.G., Shvidenko I.G., Shcherbakova S.A. Variability of *omp25* and *omp2a* genes in *Brucella* strains of different taxonomic position. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2023; (4):125–34. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-4-125-134.

13. Filtlong. Github. (Cited 04 April 2025). [Internet]. Available from: <https://github.com/rwrick/Filtlong>.

14. Flye. Github. (Cited 04 April 2025). [Internet]. Available from: <https://github.com/mikolmogorov/Flye>.

15. Snippy. Github. (Cited 04 April 2025). [Internet]. Available from: <https://github.com/tseemann/snippy>.

16. Pisarenko S.V., Kovalev D.A., Volynkina A.S., Ponomarenko D.G., Rusanova D.V., Zharinova N.V., Khachaturova A.A., Tokareva L.E., Khvoynova I.G., Kulichenko A.N. Global evolution and phylogeography of *Brucella melitensis* strains. *BMC Genomics*. 2018; 19(1):353. DOI: 10.1186/s12864-018-4762-2.

17. iTOL v7. iTOL: Interactive tree of life. (Cited 04 April 2025). [Internet]. Available from: <https://itol.embl.de>.

18. Pshenichnaya N.Yu., Gopatsa G.V., Sergeeva T.V. Rare clinical forms of chronic brucellosis. *Infektologiya [Journal of Infectology]*. 2023; 15(1):121–5. DOI: 10.22625/2072-6732-2023-15-1-121-125.

19. Jin M., Fan Z., Gao R., Li X., Gao Z., Wang Z. Research progress on complications of brucellosis. *Front. Cell. Infect. Microbiol.* 2023; 13:1136674. DOI: 10.3389/fcimb.2023.1136674.

20. Narimisa N., Razavi S., Khoshbayan A., Masjedan Jazi F. Prevalence of *Brucella* endocarditis: A systematic review and meta-analysis. *Health Sci. Rep.* 2023; 6(5):e1301. DOI: 10.1002/hsr2.1301.

21. Luo L., Zhou B.T., Wang H.L., Dou H.T., Li T.S. [A clinical analysis of six patients with *Brucella* endocarditis and literature review]. *Zhonghua Nei Ke Za Zhi.* 2017; 56(10):734–7. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0578-1426.2017.10.005.

22. Shchipeleva I.A., Markovskaya E.I., Kretenchuk O.F. Antibiotic therapy of brucellosis. Current status and prospects for improvement. *Antibiotiki i Khimioterapiya [Antibiotics and Chemotherapy]*. 2022; 67(3-4):77–84. DOI: 10.37489/0235-2990-2022-67-3-4-77-84.

23. Tan K.K., Tan Y.C., Chang L.Y., Lee K.W., Nore S.S., Yee W.Y., Mat Isa M.N., Jafar F.L., Hoh C.C., AbuBakar S. Full genome SNP-based phylogenetic analysis reveals the origin and global spread of *Brucella melitensis*. *BMC Genomics.* 2015; 16(1):93. DOI: 10.1186/s12864-015-1294-x.

24. Kuznetsova I.V., Kovalev D.A., Pisarenko S.V., Bobrysheva O.V., Shapakov N.A., Zhirov A.M., Safonova N.S., Ponomarenko D.G., Khachaturova A.A., Zhilchenko E.B., Serdyuk N.S., Kulichenko A.N. Genetic profile of *Brucella melitensis* strains isolated on the territory of the Russian Federation, based on analysis of single nucleotide polymorphisms following whole genome sequencing. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2024; (1):154–61. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-154-161.

#### Authors:

Portenko S.A., Bil'ko E.A., Kazantsev A.V., Koreshkova O.A., Osina N.A., Demakhina K.R., Sitmbetov D.A., Krasnov Ya.M., Katyshev A.D., Katyshev S.D., Osin A.V. Russian Research Anti-Plague Institute "Microbe". 46, Universitetskaya St., Saratov, 410005, Russian Federation. E-mail: rusrapi@microbe.ru.

Titova O.A., Razumova I.V. Saratov Regional Infectious Diseases Hospital named after N.R. Ivanov. Bld. 133K, Moskovskoe Highway, Saratov, 410086, Russian Federation. E-mail: sarodikb@yandex.ru.

Sof'ina A.V., Lyapina E.P. Saratov State Medical University named after V.I. Razumovsky. 112, Bolshaya Kazachya St., Saratov, 410012, Russian Federation. E-mail: meduniv@sgmu.ru.

Vyatkin I.N. Rospotrebnadzor Administration in the Saratov Region. 7, Volskaya St., Saratov, 410028, Russian Federation.

#### Об авторах:

Портенко С.А., Билько Е.А., Казанцев А.В., Корешкова О.А., Осина Н.А., Демахина К.Р., Ситмбетов Д.А., Краснов Я.М., Катышев А.Д., Катышев С.Д., Осин А.В. Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб». Российская Федерация, 410005, Саратов, ул. Университетская, 46. E-mail: rusrapi@microbe.ru.

Титова О.А., Разумова И.В. Саратовская областная инфекционная больница имени Н.Р. Иванова. Российская Федерация, 410086, Саратов, Московское шоссе, сооружение 133К. E-mail: sarodikb@yandex.ru.

Софьина А.В., Ляпина Е.П. Саратовский государственный медицинский университет имени В.И. Разумовского. Российская Федерация; 410012, Саратов, ул. Большая Казачья, 112. E-mail: meduniv@sgmu.ru.

Вяткин И.Н. Управление Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по Саратовской области. Российская Федерация, 410028, Саратов, ул. Вольская, 7.

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-121-129

УДК 616.932:614.4(470)

Н.В. Тельнова<sup>1</sup>, А.Е. Шиянова<sup>1</sup>, А.Ю. Яшина<sup>1</sup>, Ю.С. Кабачкова<sup>1</sup>, А.А. Лопатин<sup>1</sup>, И.О. Мордвинов<sup>1</sup>,  
А.А. Трескин<sup>2</sup>, О.Н. Скударева<sup>2</sup>, Н.Е. Гаевская<sup>3</sup>, В.Д. Кругликов<sup>3</sup>, В.С. Казьмина<sup>3</sup>,  
И.В. Савина<sup>3</sup>, П.В. Бодряя<sup>3</sup>

### Об организации эпидемиологического надзора за холерой в Российской Федерации в 2023–2024 гг.

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

**Цель** исследования – анализ данных мониторинга за проведением мероприятий по профилактике холеры в рамках эпидемиологического надзора на территории субъектов Российской Федерации. **Материалы и методы.** Проведен эпидемиологический и статистический анализ данных, предоставляемых территориальными органами Роспотребнадзора по разработанным формам еженедельно с апреля по октябрь в 2023 и 2024 гг. посредством ведомственной информационной системы report.gsen.ru. **Результаты и обсуждение.** С учетом риска заноса и распространения холеры в период 2022–2024 гг. в соответствии с поручениями Роспотребнадзора на территории Российской Федерации усилен мониторинг за холерой. Введены дополнительные точки отбора проб в пунктах временного размещения, из сточных вод до очистки, из трансграничных рек и других водных объектов в городах-миллионниках, портовых городах, на курортах Азовского и Черного морей, в местах сброса сточных вод инфекционных больниц (отделений), в местах проживания, работы организованных групп трудовых мигрантов. Изменены сроки плановых мониторинговых исследований на отдельных территориях. Усилена подготовка специалистов. Представлены отдельные показатели подготовки специалистов, результаты обследования на холеру лиц с симптомами острых кишечных инфекций, результаты мониторинговых исследований на холеру на территории Российской Федерации в 2023 и 2024 гг., в том числе по обнаружению холерных вибрионов O1 и НАГ-вибрионов в зависимости от характера водопользования в точках отбора проб, которые свидетельствуют о наличии в 75 % субъектов страны условий для распространения возбудителя холеры водным путем в случае заноса инфекции.

**Ключевые слова:** эпидемиологический надзор за холерой, мониторинг, заносы, водные объекты окружающей среды, *V. cholerae* O1, гены *ctxA* *tcpA*, НАГ-вибрионы, мероприятия по профилактике холеры.

Корреспондирующий автор: Тельнова Наталья Валерьевна, e-mail: telnova\_nv@apc-rpn.ru.

Для цитирования: Тельнова Н.В., Шиянова А.Е., Яшина А.Ю., Кабачкова Ю.С., Лопатин А.А., Мордвинов И.О., Трескин А.А., Скударева О.Н., Гаевская Н.Е., Кругликов В.Д., Казьмина В.С., Савина И.В., Бодряя П.В. Об организации эпидемиологического надзора за холерой в Российской Федерации в 2023–2024 гг. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 4:121–129. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-121-129

Поступила 25.03.2025. Отправлена на доработку 07.07.2025. Принята к публикации 15.10.2025.

N.V. Tel'nova<sup>1</sup>, A.E. Shyanova<sup>1</sup>, A.Yu. Yashina<sup>1</sup>, Yu.S. Kabachkova<sup>1</sup>, A.A. Lopatin<sup>1</sup>,  
I.O. Mordvinov<sup>1</sup>, A.A. Treskin<sup>2</sup>, O.N. Skudareva<sup>2</sup>, N.E. Gaevskaya<sup>3</sup>, V.D. Kruglikov<sup>3</sup>,  
V.S. Kaz'mina<sup>3</sup>, I.V. Savina<sup>3</sup>, P.V. Bodraya<sup>3</sup>

### On the Organization of Epidemiological Surveillance over Cholera in the Russian Federation in 2023–2024

<sup>1</sup>Plague Control Center, Moscow, Russian Federation;

<sup>2</sup>Federal Service for Surveillance on Consumers Rights Protection and Human Wellbeing, Moscow, Russian Federation;

<sup>3</sup>Rostov-on-Don Research Anti-Plague Institute, Rostov-on-Don, Russian Federation

**Abstract.** The aim of the study was to analyze the data from monitoring cholera prevention measures as part of epidemiological surveillance in the constituent entities of the Russian Federation. **Materials and Methods.** An epidemiological and statistical analysis of the data provided by territorial bodies of the Rospotrebnadzor using developed forms was conducted through the departmental information system report.gsen.ru on a weekly basis from April to October in 2023 and 2024. **Results and discussion.** In light of the risk of importation and spread of cholera during the period of 2022–2024, and in accordance with the directives of the Rospotrebnadzor, enhanced monitoring for cholera was implemented across the territory of the Russian Federation. Additional sampling points were introduced at temporary accommodation centers, from wastewater before treatment, from transboundary rivers and other water objects, in cities with population over one million, in port cities, at resorts of the Azov and Black Seas, at wastewater discharge sites from infectious disease hospitals (or departments), and in areas where organized groups of labor migrants live and work. The timing of scheduled monitoring studies was changed in certain territories. The training of specialists was strengthened. The paper presents selected indicators of specialist training, the results of testing for cholera for individuals with symptoms of acute intestinal infections, and the results of monitoring studies on cholera in the territory of the Russian Federation in 2023 and 2024, including the detection of cholera vibrios O1 and non-agglutinating (NAG) vibrios depending on the nature of water use at sampling points, which indicate the presence of conditions for the possible spread of the cholera pathogen by water route in the event of infection importation in 75 % of the country's entities.

**Key words:** epidemiological surveillance of cholera, monitoring, importation (of cases), environmental water bodies, *V. cholerae* O1, *ctxA* *tcpA* genes, non-agglutinating (NAG) vibrios, cholera prevention measures.

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

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

*Corresponding author:* Natalia V. Tel'nova, e-mail: telnova\_nv@apc-rpn.ru.

*Citation:* Tel'nova N.V., Shiyanova A.E., Yashina A.Yu., Kabachkova Yu.S., Lopatin A.A., Mordvinov I.O., Treskin A.A., Skudareva O.N., Gaevskaya N.E., Kruglikov V.D., Kaz'mina V.S., Savina I.V., Bodraya P.V. On the Organization of Epidemiological Surveillance over Cholera in the Russian Federation in 2023–2024. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:121–129. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-121-129  
Received 25.03.2025. Revised 07.07.2025. Accepted 15.10.2025.

Tel'nova N.V., ORCID: <https://orcid.org/0009-0009-1306-2482>  
Shiyanova A.E., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7933-8383>  
Yashina A.Yu., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0801-0655>  
Kabachkova Yu.S., ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-5560-7398>  
Lopatin A.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5426-3311>  
Mordvinov I.O., ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-1291-8113>

Gaevskaya N.E., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0762-3628>  
Kruglikov V.D., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6540-2778>  
Kaz'mina V.S., ORCID: <https://orcid.org/0009-0007-0942-8918>  
Savina I.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6825-1135>  
Bodraya P.V., ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-5271-444X>

В последние годы в различных странах мира наблюдаются активные проявления седьмой пандемии холеры, которая отличается значительным числом и масштабом одновременно регистрируемых вспышек. По оценкам Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ), в мире ежегодно регистрируются от 1,3 до 4,0 млн случаев заболевания холерой, из которых 21–143 тыс. – с летальным исходом [1, 2]. За первые 3 месяца 2025 г. ВОЗ на основе предварительной отчетности государств-членов сообщает о 98,5 тыс. случаев в 25 странах в Африке, Восточно-Средиземноморском и Юго-Восточном регионах [3]. По данным сервиса Национальной сети и центра по охране здоровья путешественников Великобритании TravelHealthPro, в феврале и марте 2025 г. зарегистрированы единичные завозные случаи холеры в Германии и Великобритании, связанные с поездкой в Эфиопию, и два местных случая, не связанных с поездкой, но перед появлением симптомов заболевшие пили святую воду, привезенную вернувшимися из Эфиопии гражданами [4].

На территории России эпидемические осложнения по холере в последние десятилетия характеризовались заносами инфекции без последующего распространения возбудителя, однако исследователи на основании многолетних данных и в связи с повышением температуры вследствие глобального изменения климата и появлением генетически измененных штаммов делают вывод о необходимости целенаправленного слежения за циркуляцией холерного вибриона в объектах окружающей среды [5].

Учитывая сохраняющуюся высокую угрозу заноса холеры в Российскую Федерацию, связанную с развитием торгово-транспортных связей, ростом туристического потока в неблагополучные по этой инфекции страны мира и миграционной активностью населения, обусловленной, в том числе, трудовой миграцией [6], эпидемиологический надзор за холерой остается одной из приоритетных задач при обеспечении санитарно-эпидемиологического благополучия населения страны. Повышение настороженности в отношении возможности заноса холеры в условиях сложившейся геополитической ситуации обуславливает принятие Федеральной службой по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека (Роспотребнадзор) своевремен-

ных решений, касающихся вопросов профилактики холеры, которые реализуются путем оперативного издания соответствующих поручений и системным контролем их исполнения на всей территории Российской Федерации.

При холере основными предпосылками осложнения эпидемиологической ситуации является наличие потенциальных рисков реализации водного пути передачи возбудителя инфекции [7]. Риски распространения холеры выявляются в ходе мониторинговых исследований проб из водных объектов окружающей среды (ООС) (из поверхностных водоемов и сточных вод), направленных на своевременное обнаружение токсигенных штаммов холерных вибрионов [8, 9]. Мероприятия по обеспечению эпидемиологического надзора за холерой включают определение стационарных точек отбора проб воды для исследования на холеру из поверхностных водоемов и других ООС, обнаружение холерных вибрионов серогрупп O1 и O139 в ООС, определение контингентов лиц, подлежащих обязательному бактериологическому обследованию на холеру, осуществление контроля за проводимыми исследованиями, информационное обеспечение (в соответствии с МУ 3.1.1.2232-07).

В рамках реализации задач согласно постановлению Главного государственного санитарного врача Российской Федерации от 26.04.2022 № 14 «О дополнительных мерах по профилактике холеры в Российской Федерации» и от 24.05.2023 № 7 «О дополнительных мерах по профилактике холеры в Российской Федерации» и служебным поручениям Роспотребнадзора был организован еженедельный мониторинг выполнения мероприятий.

**Цель** исследования – анализ данных мониторинга за проведением мероприятий по профилактике холеры в рамках эпидемиологического надзора, проводимых на территории субъектов Российской Федерации.

## Материалы и методы

Проведен статистический и эпидемиологический анализ данных, предоставляемых территориальными органами Роспотребнадзора еженедельно с апреля по октябрь по разработанным формам по-

средством ведомственной информационной системы report.gsen.ru, включающих в себя информацию об объемах и результатах исследований на холеру ООС и лиц с симптомами острых кишечных инфекций (ОКИ).

Анализ данных проводился специалистами ФКУЗ «Противочумный центр» Роспотребнадзора и специалистами Референс-центра по мониторингу за холерой в 2023–2024 гг. в еженедельном режиме с предоставлением результатов в Роспотребнадзор по 89 субъектам Российской Федерации в целом и с учетом принципа районирования по типам эпидемических проявлений холеры в соответствии с приложением 20 СанПиН 3.3686-21 «Санитарно-эпидемиологические требования по профилактике инфекционных болезней»: I тип – 13 субъектов (включая 4 новые территории); II тип – 3; III тип, подтип А – 40; III тип, подтип Б – 15; II тип, подтип В – 18 субъектов.

### Результаты и обсуждение

**Мониторинговые исследования проб из ООС на холеру.** Мониторинг за контаминацией поверхностных водоемов холерными вибрионами ООС осуществляется в Российской Федерации в соответствии с требованиями СанПиН 3.3686-21. С учетом риска заноса и распространения холеры в период 2022–2024 гг. [3, 4], в соответствии с постановлениями Главного государственного санитарного врача Российской Федерации от 26.04.2022 № 14 и от 24.05.2023 № 7, а также дополнительными поручениями Роспотребнадзора, мониторинг за холерой был усилен.

Так, в 2022 г. были предусмотрены дополнительные точки отбора проб в пунктах временного размещения (ПВР), из сточных вод до очистки, из трансграничных рек и других водных объектов. В 2023 г. был продлен период проведения мониторинговых исследований проб воды из ООС с апреля на территориях I типа (в том числе на новых территориях РФ) и с мая на территориях II типа (при достижении температуры воды +15 °С) и по октябрь включительно.

В 2024 г. введены дополнительные точки отбора проб в городах-миллионниках, портовых городах, на курортах Азовского и Черного морей, в местах сброса сточных вод инфекционных больниц (отделений). С учетом оценки миграционных потоков организованных групп трудовых мигрантов из неблагополучных по холере стран на контроле находились ООС в местах проживания, временного размещения, работы (в частности, рынки). Изменены сроки плановых мониторинговых исследований (с апреля по октябрь) на отдельных территориях РФ.

Мониторинг за циркуляцией холерных вибрионов в ООС осуществлялся во всех субъектах РФ. В 2024 г. проведение мониторинга началось с середины апреля в 9 субъектах (Астраханская, Ростовская,

Волгоградская, Нижегородская, Оренбургская, Новосибирская, Омская области, Республика Башкортостан, г. Москва). Всего с 01.05.2024 мониторинг проводился в 24 субъектах РФ (в 2023 г. – в 22 субъектах РФ). В октябре продолжились исследования ООС на холеру в 32 субъектах РФ (в 2023 г. – в 27 субъектах).

Для проведения отбора проб воды из ООС в РФ в 2024 г. определено 7527 мониторинговых стационарных точек, что на 1,3 % больше, чем в 2023 г. (7428 точек), 468 дополнительных точек, введенных в соответствии с поручениями Роспотребнадзора в 64 субъектах, – на 5,2 % больше, чем в 2023 г. (445 точек). Кроме того, отбор проб проводился по эпидемиологическим показаниям в связи с выделением штаммов холерных вибрионов из 472 точек в 27 субъектах в 2024 г. (таблица).

Количество исследованных проб из ООС в 2024 г. составило 117 074, что на 14,2 % больше, чем в 2023 г. (102 484). Основная доля мониторинговых исследований (90,1 %) приходилась на федеральные бюджетные учреждения здравоохранения «Центр гигиены и эпидемиологии в субъекте РФ» Роспотребнадзора (ФБУЗ «ЦГиЭ»). Исследования, проводимые по эпидпоказаниям, организовывались совместно с противочумными учреждениями, на которые пришлось 9,9 % от общего количества проб.

По итогам мониторинговых исследований на холеру в 2024 г. на территории 13 субъектов РФ были изолированы 335 нетоксигенных штаммов *Vibrio cholerae* O1 El Tor (в том числе 6 – *ctxA*<sup>–</sup> *tcpA*<sup>+</sup>), что на 84,5 % больше, чем в 2023 г. (52 нетоксигенных штамма) и 2 токсигенных (*ctxA*<sup>+</sup> *tcpA*<sup>+</sup>) штамма *V. cholerae* O1 El Tor Ogawa. Следует отметить, что оба токсигенных штамма были выделены в г. Ростове-на-Дону из одной и той же стационарной точки р. Темерник.

Данные филогенетического анализа показали, что эти штаммы образовали отдельный клональный комплекс, в который вошли токсигенные штаммы, выделенные от больных на Украине (1994, 2010 гг.), в Омске (1998 г.), Дагестане (1994 г.), а также в Ростове-на-Дону (2023 г.). Кроме того, за период мониторинговых исследований в 2024 г. был изолирован один токсигенный штамм *V. cholerae* nonO1/nonO139 из поверхностного источника централизованного водоснабжения в Ростовской области.

*V. cholerae* nonO1/nonO139 (далее – НАГ-вибрионы) были выделены в 9839 пробах (8,4 % от общего количества проб) из ООС в 69 субъектах, в 2023 г. – в 8229 (8 %) пробах в 63 субъектах. Это свидетельствует о наличии на 75 % территорий субъектов РФ оптимальных условий для сохранения и размножения возбудителя холеры в водных ООС в случае заноса инфекции. В 2023 г. первые положительные результаты исследований с обнаружением НАГ-вибрионов в ООС отмечались в мае, холерных вибрионов O1-серогруппы – в июне, в 2024 г. – в апреле и мае соответственно (рис. 1).

Объем и результаты мониторинга холеры на территории РФ в 2023–2024 гг.  
The volume and results of cholera monitoring in the territory of the Russian Federation in 2023–2024

| Показатели<br>Indicators                                                                         | Территории по типам эпидемических проявлений холеры<br>Territories by type of epidemic manifestations of cholera |      |                   |      |                         |      |                         |      |                         |      |              |        | Управление<br>по железнодорожному<br>транспорту<br>Railway Transport<br>Department of the<br>Rosпотребнадзор |        |              |        | Итого, 2024 г.<br>Total, 2024 |  | Итого, 2023 г.<br>Total, 2023 |  | Δ, % |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|-------------------|------|-------------------------|------|-------------------------|------|-------------------------|------|--------------|--------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------|--------------|--------|-------------------------------|--|-------------------------------|--|------|
|                                                                                                  | I тип<br>Type I                                                                                                  |      | II тип<br>Type II |      | III A тип<br>Type III A |      | III Б тип<br>Type III B |      | III В тип<br>Type III C |      | абс.<br>abs. | %<br>% | абс.<br>abs.                                                                                                 | %<br>% | абс.<br>abs. | %<br>% |                               |  |                               |  |      |
|                                                                                                  | абс.<br>abs.                                                                                                     | %    | абс.<br>abs.      | %    | абс.<br>abs.            | %    | абс.<br>abs.            | %    | абс.<br>abs.            | %    |              |        |                                                                                                              |        |              |        |                               |  |                               |  |      |
|                                                                                                  |                                                                                                                  |      |                   |      |                         |      |                         |      |                         |      |              |        |                                                                                                              |        |              |        |                               |  |                               |  |      |
| I                                                                                                | 2                                                                                                                | 3    | 4                 | 5    | 6                       | 7    | 8                       | 9    | 10                      | 11   | 12           | 13     | 14                                                                                                           | 15     | 16           | 17     | 18                            |  |                               |  |      |
| Количество точек / Number of points                                                              | 1486                                                                                                             | 17,6 | 643               | 7,6  | 4386                    | 51,8 | 1257                    | 14,8 | 661                     | 7,8  | 34           | 0,4    | 8467                                                                                                         | 100    | 7873         | 100    | 7,5                           |  |                               |  |      |
| стационарных* / stationary*                                                                      | 1170                                                                                                             | 78,7 | 440               | 68,4 | 4173                    | 95,1 | 1163                    | 92,5 | 553                     | 83,7 | 28           | 82,4   | 7527                                                                                                         | 88,9   | 7428         | 94,3   | 1,3                           |  |                               |  |      |
| дополнительных плановых**<br>additional planned**                                                | 136                                                                                                              | 9,2  | 35                | 5,4  | 147                     | 3,4  | 64                      | 5,1  | 80                      | 12,1 | 6            | 17,6   | 468                                                                                                          | 5,5    | 445          | 5,7    | 5,2                           |  |                               |  |      |
| дополнительных по эпидпоказаниям***<br>additional upon epidemiological indications***            | 180                                                                                                              | 12,1 | 168               | 26,2 | 66                      | 1,5  | 30                      | 2,4  | 28                      | 4,2  | 0            | 0      | 472                                                                                                          | 5,6    | –            | –      | –                             |  |                               |  |      |
| Исследовано проб, всего<br>Samples examined, total                                               | 36996                                                                                                            | 31,6 | 12878             | 11   | 45169                   | 38,6 | 16705                   | 14,3 | 5084                    | 4,3  | 242          | 0,2    | 117074                                                                                                       | 100    | 102484       | 100    | 14,2                          |  |                               |  |      |
| зоны санитарной охраны<br>sanitary protection zones                                              | 6002                                                                                                             | 16,2 | 1164              | 9    | 4779                    | 10,6 | 1407                    | 8,4  | 319                     | 6,3  | 91           | 37,6   | 13762                                                                                                        | 11,8   | 13201        | 12,9   | 4,2                           |  |                               |  |      |
| места массового пребывания людей****<br>places of mass gathering of people****                   | 18655                                                                                                            | 50,4 | 8343              | 64,8 | 27788                   | 61,5 | 10641                   | 63,7 | 2982                    | 58,6 | 95           | 39,3   | 68504                                                                                                        | 58,5   | 65338        | 63,7   | 4,8                           |  |                               |  |      |
| места сброса сточных вод<br>wastewater discharge sites                                           | 3599                                                                                                             | 9,7  | 1707              | 13,3 | 8444                    | 18,7 | 2764                    | 16,5 | 859                     | 16,9 | 40           | 16,5   | 17413                                                                                                        | 14,9   | 15413        | 15     | 12,9                          |  |                               |  |      |
| сточные воды (до очистки)<br>wastewater (before treatment)                                       | 3659                                                                                                             | 9,9  | 13                | 0,1  | 1274                    | 2,8  | 869                     | 5,2  | 110                     | 2,2  | 4            | 1,7    | 5929                                                                                                         | 5,1    | 4574         | 4,5    | 29,6                          |  |                               |  |      |
| дополнительные плановые, в т.ч. в ПВР<br>additional planned, including in the emergency shelters | 3788                                                                                                             | 10,3 | 826               | 6,4  | 1710                    | 3,8  | 867                     | 5,2  | 619                     | 12,2 | 12           | 4,9    | 7822                                                                                                         | 6,7    | 3958         | 3,9    | 97,6                          |  |                               |  |      |
| дополнительные по эпидпоказаниям<br>additional upon epidemiological indications                  | 1293                                                                                                             | 3,5  | 825               | 6,4  | 1174                    | 2,6  | 157                     | 1    | 195                     | 3,8  | 0            | 0      | 3644                                                                                                         | 3      | –            | –      | –                             |  |                               |  |      |
| Пробы с выделением V. cholerae O1<br>Samples with isolated oV. cholerae O1                       | 47                                                                                                               | 13,9 | 273               | 81   | 13                      | 3,9  | 4                       | 1,2  | 0                       | 0    | 0            | 0      | 337                                                                                                          | 100    | 52           | 100    | 535,8                         |  |                               |  |      |

Окончание таблицы / Ending of the table

| <i>I</i>                                                                                                                                 | 2      | 3    | 4     | 5    | 6     | 7    | 8    | 9    | 10  | 11   | 12 | 13  | 14     | 15   | 16     | 17   | 18    |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------|------|-------|------|-------|------|------|------|-----|------|----|-----|--------|------|--------|------|-------|
| <b>Пробы с выделением <i>V. cholerae</i> неО1/неО139, всего</b><br><b>Samples with isolated <i>V. cholerae</i> non O1/nonO139, total</b> | 4645   | 47,2 | 906   | 9,2  | 3118  | 31,7 | 804  | 8,2  | 362 | 3,6  | 4  | 0,1 | 9839   | 100  | 8229   | 100  | 19,6  |
| зоны санитарной охраны<br>sanitary protection zones                                                                                      | 658    | 14,2 | 116   | 12,8 | 344   | 11   | 27   | 3,4  | 36  | 9,9  | 0  | 0   | 1181   | 12   | 1122   | 13,6 | 5,3   |
| места массового пребывания людей<br>places of mass gathering of people                                                                   | 2846   | 61,3 | 540   | 59,6 | 1 871 | 60   | 547  | 68   | 203 | 56,1 | 4  | 100 | 6011   | 61,1 | 5573   | 67,7 | 7,9   |
| места сброса сточных вод<br>wastewater discharge sites                                                                                   | 343    | 7,4  | 88    | 9,7  | 715   | 22,9 | 143  | 17,8 | 81  | 22,4 | 0  | 0   | 1370   | 13,9 | 1149   | 14   | 19,2  |
| сточные воды (до очистки)<br>wastewater (before treatment)                                                                               | 226    | 4,9  | 10    | 1,1  | 35    | 1,2  | 45   | 5,6  | 9   | 2,5  | 0  | 0   | 325    | 3,3  | 214    | 2,6  | 51,9  |
| дополнительные плановые, в т.ч. в ПВР<br>additional planned, including in the emergency shelters                                         | 197    | 4,2  | 104   | 11,5 | 65    | 2,1  | 23   | 2,9  | 32  | 8,8  | 0  | 0   | 421    | 4,3  | 171    | 2,1  | 146,2 |
| дополнительные по эпидпоказаниям<br>additional upon epidemiological indications                                                          | 375    | 8    | 48    | 5,3  | 88    | 2,8  | 19   | 2,3  | 1   | 0,3  | 0  | 0   | 531    | 5,4  | –      | –    | –     |
| <b>Обследовано на холеру больных ОКИ</b><br><b>Patients with API examined for cholera</b>                                                | 50450  | 56,4 | 34327 | 38,4 | 2510  | 2,8  | 1403 | 1,6  | 758 | 0,8  | 0  | 0   | 89448  | 100  | 112656 | 100  | –20,6 |
| <b>Исследовано проб от больных ОКИ</b><br><b>Studied samples from patients with API</b>                                                  | 136634 | 55,9 | 97500 | 39,9 | 5768  | 2,3  | 3673 | 1,5  | 948 | 0,4  | 0  | 0   | 244523 | 100  | 289566 | 100  | –15,5 |

## Примечания:

- \* точки отбора проб воды стационарные основные в соответствии с п. 1929 СП 3.3686-21;
- \*\* точки отбора проб воды дополнительные в соответствии с постановлениями Главного государственного санитарного врача РФ от 26.04.2022 № 14 и от 24.05.2023 № 7, поручениями Роспотребнадзора от 11.03.2024 № 02/4025-2024-27 и от 02.04.2024 № 02/5550-2024-27;
- \*\*\* точки отбора проб воды, вводимые временно по эпидпоказаниям в местах, где выделены холерные вибрионы, с неудовлетворительными результатами по санитарно-микробиологическим показателям;
- \*\*\*\* места массового пребывания людей – места организованного и неорганизованного рекреационного пользования.

## Notes:

- \* main stationary water sampling points in accordance with clause 1929 SR 3.3686-21;
- \*\* additional water sampling points in accordance with the resolutions of the Chief State Sanitary Officer of the Russian Federation dated 04/26/2022 No. 14 and dated 05/24/2023 No. 7, instructions of the Rosпотребнадзор dated 03/11/2024 No. 02/4025-2024-27 and dated 04/02/2024 No. 02/5550-2024-27;
- \*\*\* water sampling points that are temporarily introduced upon epidemiological indications in places where cholera vibrios were isolated, with unsatisfactory results in terms of sanitary and microbiological indicators;
- \*\*\*\* sites of mass gathering of people – areas of organized and unorganized recreational use.

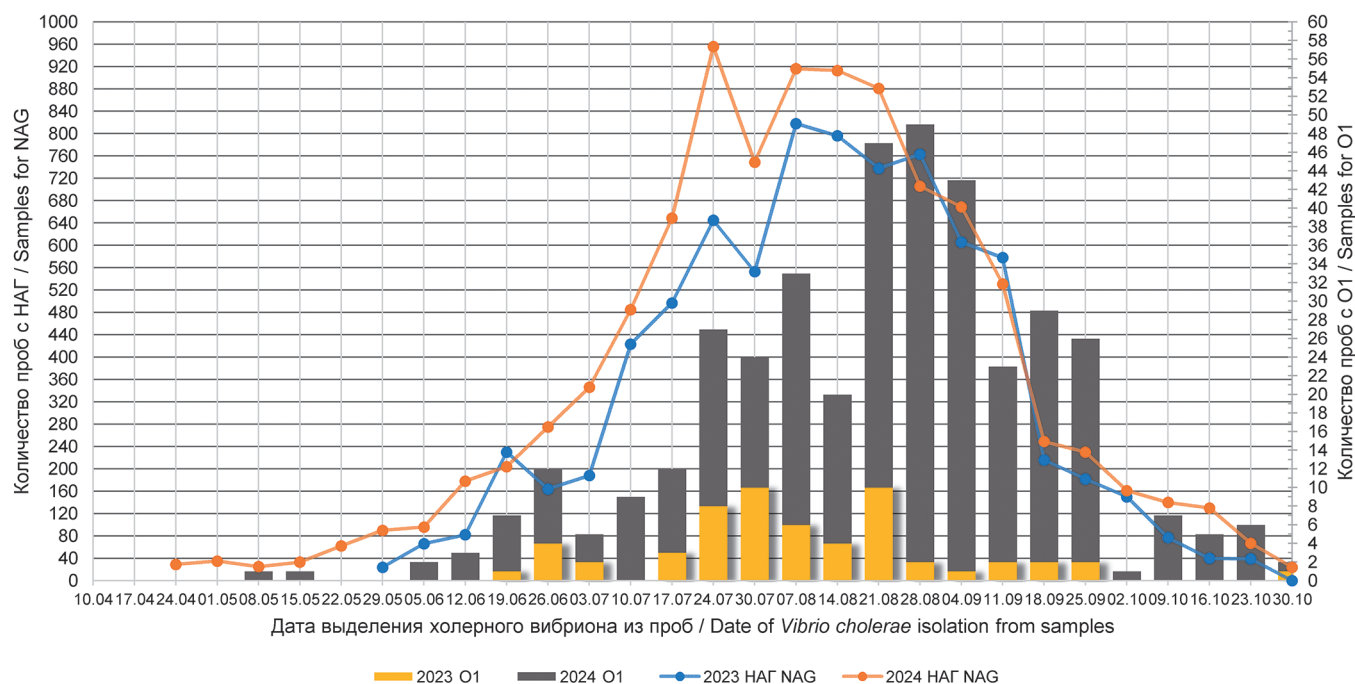


Рис. 1. Количество исследованных проб воды, из которых выделены холерные вибрионы (O1-серогруппы, НАГ-вибрионы) в Российской Федерации в 2023–2024 гг. (понеделный мониторинг)

Примечание. Линии (2023 г. НАГ и 2024 г. НАГ) соответствуют левой оси Y, столбцы (2023 г. O1 и 2024 г. O1) – правой оси Y

Fig. 1. Number of water samples examined, from which *Vibrio cholerae* (O1 serogroup, NAG-vibrios) were isolated in the Russian Federation in 2023–2024 (weekly monitoring)

Note. The lines (2023 NAG and 2024 NAG) correspond to the left Y-axis, and the columns (2023 O1 and 2024 O1) correspond to the right Y-axis

Наибольший удельный вес проб из поверхностных водоемов, из которых были выделены штаммы *V. cholerae* O1 El Tor, пришелся на территории II типа по эпидемическим проявлениям холеры – Краснодарский край (город-курорт Сочи) и Республику Калмыкия (81 % – в 2024 г., в 2023 г. – 15,1 %). В связи с неблагоприятной ситуацией, связанной с выделением холерных вибрионов, объем мероприятий по мониторингу за циркуляцией холерных вибрионов в ООС в Сочи был увеличен.

Наибольшая доля (47,2 %) проб с выделением НАГ-вибрионов отмечалась на территориях I типа. Наибольший удельный вес положительных проб от числа проб, исследованных в соответствующем типе точек отбора, отмечался в дополнительных точках, введенных по эпидпоказаниям (15 %) и в местах неорганизованного рекреационного пользования (10 %) (таблица). Результаты обнаружения НАГ-вибрионов в 2023 и 2024 гг. в зависимости от характера водопользования в точках отбора проб представлены на рис. 2.

**Обследование на холеру лиц с симптомами ОКИ.** Категории лиц, подлежащих лабораторному обследованию на холеру при проведении эпидемиологического надзора, представлены в приложении 21 к СанПиН 3.3686-21. Больных с диареей и рвотой при тяжелом течении с выраженным обезвоживанием и лиц, прибывших с симптомами ОКИ из неблагоприятных по холере стран, в обязательном порядке обследуют круглогодично.

В эпидемиологический сезон обязательному обследованию на холеру подлежат лица с симптомами ОКИ в определенные периоды времени (май – сентябрь, июнь – сентябрь) в зависимости от типа территории по эпидемическим проявлениям холеры.

В 2024 г. в 73 субъектах РФ обследовано на холеру 89 448 больных ОКИ, в 2023 г. – 112 656 в 62 субъектах (при среднемноголетнем показателе 56 402), исследовано 244 523 пробы (2023 г. – 289 566). Обследование больных с симптомами ОКИ на холеру в 2024 г. началось раньше по времени с учетом рекомендаций Референс-центра по мониторингу за холерой: в апреле – в 45 субъектах РФ, в мае – в 13 субъектах, в 15 субъектах – после 1 июня (в 2023 г. – в мае в 37 субъектах РФ, в июне – в 3 субъектах, в 22 субъектах – после 1 июля). В октябре 2024 г. продолжили исследование проб на холеру от больных с симптомами ОКИ в 41 субъекте РФ (в 2023 г. – в 36). Наибольший удельный вес лиц с симптомами ОКИ, обследованных на холеру, отмечался на территориях I типа: 2024 г. – 56,4 % от числа обследуемых, 2023 г. – 47,1 %, на территории II типа – 38,4 и 48,3 % соответственно.

От больных с симптомами ОКИ на территории Российской Федерации в 2024 г. выделен 21 штамм холерного вибриона (1 – *V. cholerae* O1 *ctxA*<sup>+</sup> *tcpA*<sup>+</sup>; 1 – *V. cholerae* O139 *ctxA*<sup>+</sup> *tcpA*<sup>+</sup>; 19 – НАГ-вибрионы), в 2023 г. было выделено 26 штаммов холерных вибрионов (8 – *V. cholerae* O1 El Tor Ogawa, из них: 2 токсигенных штамма (занос из Индии), 6 неток-

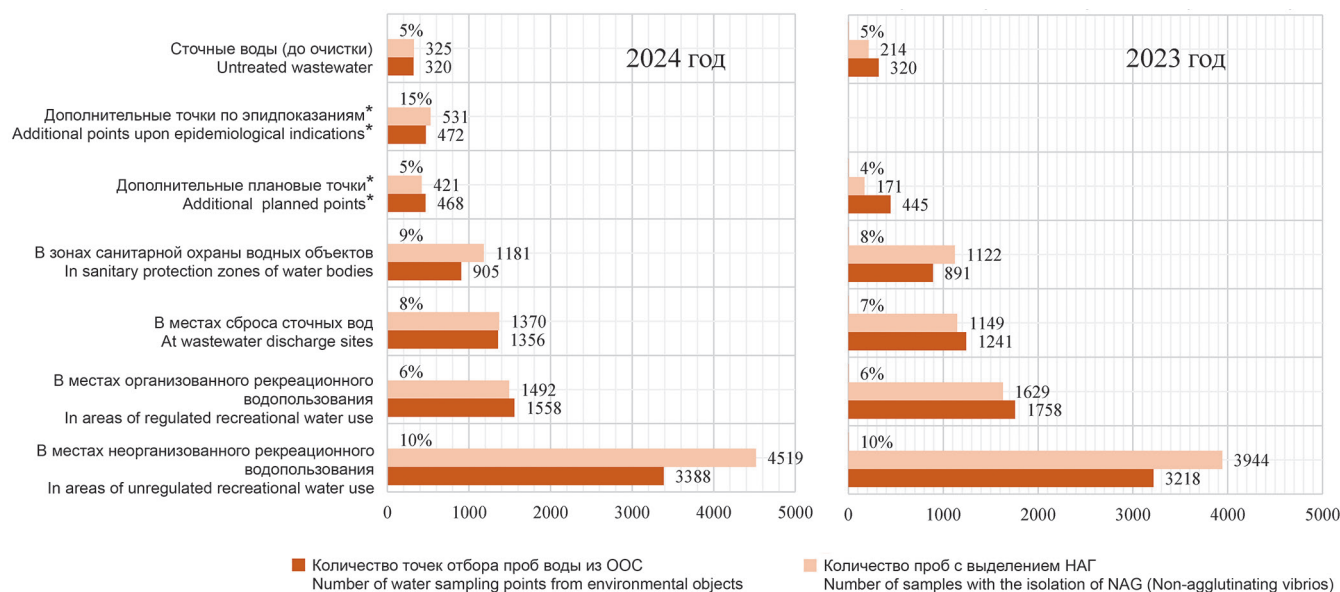


Рис. 2. Результаты обнаружения НАГ-вибрионов в 2023 и 2024 гг. в точках отбора в зависимости от характера водопользования. В % указан удельный вес положительных проб от всех проб, исследованных в данном типе точек

Примечание: \* точки отбора проб воды дополнительные в соответствии с постановлениями Главного государственного санитарного врача РФ от 26.04.2022 № 14 и от 24.05.2023 № 7, поручениями Роспотребнадзора от 11.03.2024 № 02/4025-2024-27 и от 02.04.2024 № 02/5550-2024-27

Fig. 2. NAG vibrios detection at sampling points in 2023 and 2024, depending on the nature of water use. The percentage indicates the proportion of positive samples among all samples tested at each type of sampling point

Note: \* additional water sampling points in accordance with the resolutions of the Chief State Sanitary Officer of the Russian Federation dated 04/26/2022 No. 14 and dated 05/24/2023 No. 7, instructions of the Rospotrebnadzor dated 03/11/2024 No. 02/4025-2024-27 and dated 04/02/2024 No. 02/5550-2024-27

сигенных штаммов *V. cholerae* O1 *ctxA*<sup>+</sup> *tcpA*<sup>+</sup> и 18 НАГ-вибрионов). Данные факты выделения нетоксигенных холерных вибрионов от людей еще раз подтверждают, что водные штаммы в определенных условиях при попадании в организм человека могут вызывать спорадические заболевания или вспышки с клиническими проявлениями гастроэнтерита, не склонные к эпидемическому распространению.

Результаты исследования лиц с симптомами ОКИ на холеру в 2023–2024 гг. представлены на рис. 3.

**Подготовка специалистов.** Для осуществления эффективного эпидемиологического надзора и проведения противохолерных мероприятий важным направлением является подготовка специалистов медицинского и немедицинского профиля. Основная задача – повысить настороженность специалистов в отношении выявления больных с подозрением на холеру, обеспечить их готовность к проведению лабораторной диагностики холеры и первичных профилактических (противоэпидемических) мероприятий. Подготовка специалистов учреждений Роспотребнадзора, других министерств и ведомств является важной задачей и способствует профессиональному реагированию на ситуации, связанные с появлением в стране возможных вспышек холеры [10].

Теоретическая и практическая подготовка в 2023–2024 гг. специалистов медицинских организаций (МО), органов и организаций Роспотребнадзора (управлений Роспотребнадзора по субъектам РФ, по железнодорожному транспорту, ФБУЗ «ЦГиЭ» в субъектах РФ, санитарно-карантинных пунктов

(СКП) в пунктах пропуска через государственную границу Российской Федерации), сотрудников пунктов временного размещения беженцев по вопросам эпидемиологии, лабораторной диагностики и профилактики холеры проводилась во всех субъектах РФ. Организовано и проведено более 36 тыс. мероприятий разного формата обучения, в том числе более 10 тыс. семинаров, на которых подготовлено более 500 тыс. специалистов [11].

Система подготовки специалистов изменяется в соответствии с тенденциями развития современного общества, основываясь на увеличении доли самостоятельного обучения и сокращении времени учебного тематического цикла, но не позволяет полностью исключить очную форму образовательного процесса [10].

Наиболее важными для практической подготовки специалистов являются тренировочные учения с отработкой алгоритма межведомственного взаимодействия при проведении профилактических и противоэпидемических мероприятий по холере [11]. Так, территориальными органами и организациями Роспотребнадзора, в том числе Управлением Роспотребнадзора по железнодорожному транспорту, во взаимодействии с исполнительными органами в сфере охраны здоровья и с МО в 2023–2024 гг. проведено более 1,3 тыс. тренировочных учений во всех субъектах РФ, из них 146 – в СКП.

Подготовка специалистов немедицинского профиля (экипажей авиа- и морского транспорта, совершающих рейсы в страны, где регистрируются случаи холеры, работников железнодорожного и ав-

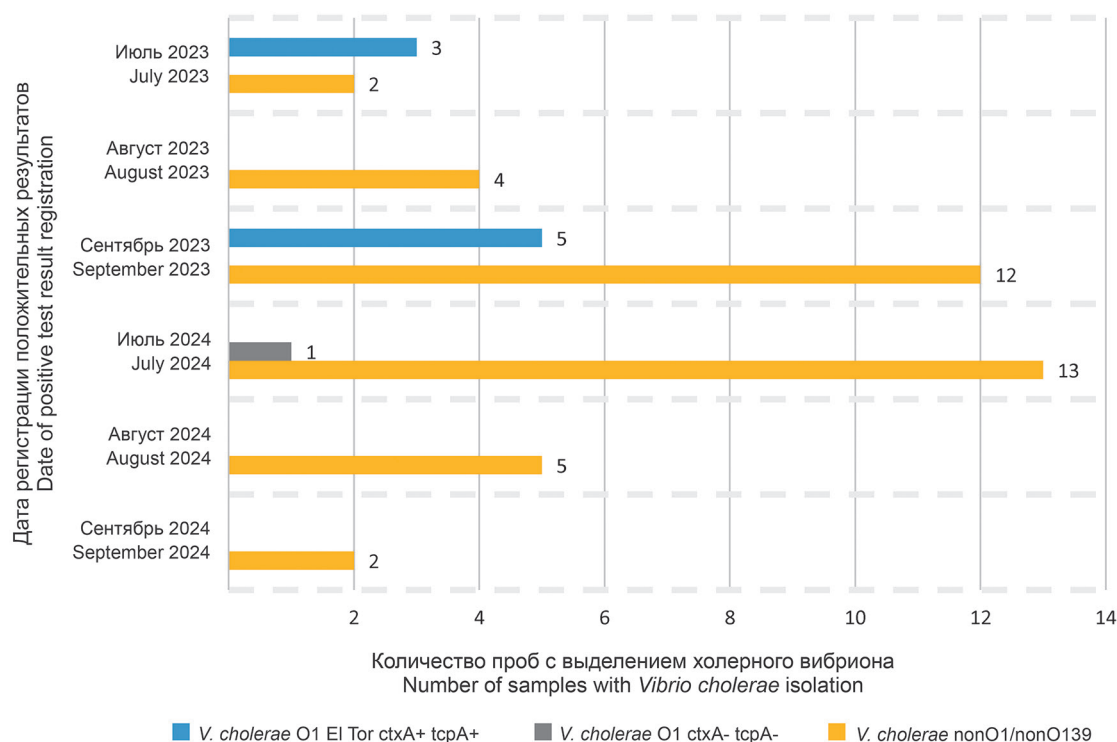


Рис. 3. Динамика выделения холерных вибрионов от лиц с симптомами ОКИ в 2023–2024 гг. (по датам регистрации положительных результатов)

Fig. 3. Dynamics of the isolation of cholera vibrios from patients with symptoms of AII in 2023–2024 (by dates of registration of positive results)

тотранспорта, туроператоров, сотрудников органов пограничного и таможенного контроля) проводилась в виде инструктажей, семинаров, информационно-разъяснительной работы и в других форматах. Всего в 2024 г. проведено 39,6 тыс. мероприятий (2023 г. – 21,2 тыс., рост на 86 %), подготовлено 106,8 тыс. человек (2023 г. – 90,2 тыс., рост на 18 %), в том числе 33,3 тыс. членов экипажей самолетов (2023 г. – 28 тыс.), 33,9 тыс. членов экипажей морских судов (2023 г. – 27 тыс.), 3,7 тыс. юридических лиц и ИП туроператоров (2023 г. – 3,9 тыс.).

Таким образом, в связи с сохраняющейся напряженной эпидемиологической ситуацией по холере в мире совершенствование мероприятий по эпидемиологическому надзору за этой инфекцией, с учетом эпидемического потенциала территорий РФ, является одной из составляющих противозидемической готовности каждого субъекта в отдельности и страны в целом. В 2023–2024 гг. был усилен мониторинг за циркуляцией холерных вибрионов в ООС, увеличено количество стационарных точек отбора проб, в том числе за счет введения дополнительных точек с учетом современных рисков заноса холеры, продлены сроки плановых мониторинговых исследований воды поверхностных водоемов на холеру и обследования лиц с симптомами ОКИ на отдельных эпидемиологически значимых административных территориях. В ходе такой динамичной работы наблюдалось не только количественное увеличение

объемов исследований, но и повышение качественной составляющей эпидемиологического надзора, выражающейся в обнаружении холерных вибрионов как в пробах клинического материала, так и из водных ООС. Это позволяет своевременно выявить заносы возбудителя на территорию страны и локализовать такие очаги. При этом в каждом из установленных случаев были своевременно и в полном объеме проведены противозидемические мероприятия, что позволило не допустить развития эпидемического процесса.

Территория РФ является неэндемичной по холере, однако возможна реализация эпидемического потенциала распространения этой инфекции в случае ее заноса на большей части субъектов РФ. Еженедельный анализ и контроль мероприятий, проводимых в рамках эпидемиологического надзора за холерой, позволяет своевременно оценить ситуацию и обеспечить оперативное реагирование на региональном и федеральном уровнях в случае угрозы осложнения эпидемиологической ситуации в РФ. Такая систематическая, целенаправленная работа, как одна из составляющих проактивного надзора, является гарантом обеспечения санитарно-эпидемиологического благополучия населения по холере на территории РФ.

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

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

## Список литературы

1. WHO. Cholera. 2024. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.who.int/ru/news-room/fact-sheets/detail/cholera> (дата обращения 17.02.2025).
2. Ali M., Nelson A.R., Lopez A.L., Sack D.A. Updated global burden of cholera in endemic countries. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2015; 9(6):e0003832. DOI: 10.1371/journal.pntd.0003832.
3. WHO. Global monitoring of cholera and acute watery diarrhea. WHO Health Emergencies Programs of March 24, 2025. [Электронный ресурс]. URL: <https://who-global-cholera-and-awd-dashboards-1-who.hub.arcgis.com>.
4. TravelHealthPro. Cholera cases reported in the United Kingdom and Germany linked to Ethiopia. Information for travelers and health professionals. 07 March 2025. [Электронный ресурс]. URL: <https://travelhealthpro.org.uk/news/829/cholera-cases-reported-in-the-united-kingdom-and-germany-linked-to-ethiopia>.
5. Меньшикова Е.А., Курбатова Е.М., Титова С.В. Экологические особенности персистенции холерных вибрионов: ретроспективный анализ и современное состояние проблемы. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии.* 2020; 97(2):165–73. DOI: 10.36233/0372-9311-2020-97-2-165-173.
6. Кругликов В.Д., Гаевская Н.Е., Монахова Е.В., Москвитина Э.А., Агафонова В.В., Савина И.В., Подойницына О.А., Селянская Н.А., Водопьянов А.С., Дуванова О.В., Меньшикова Е.А., Ежова М.И., Шипко Е.С., Евтеев А.В., Казьмина В.С., Бодрая П.В., Сокиркина Е.Н. Анализ особенностей эпидемиологической ситуации по холере в 2024 г. в мире, в Российской Федерации и прогноз ее развития на 2025 г. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2025; (1):35–47. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-1-35-47.
7. Брико Н.И., Онищенко Г.Г., Покровский В.И. Руководство по эпидемиологии инфекционных болезней: в 2 т. Т.1. М.: Медицинское информационное агентство; 2019. С. 265–81.
8. Носков А.К., Кругликов В.Д., Москвитина Э.А., Миронова Л.В., Монахова Е.В., Соболева Е.Г., Чемисова О.С., Водопьянов А.С., Лопатин А.А., Иванова С.М., Меньшикова Е.А., Подойницына О.А., Ежова М.И., Евтеев А.В. Холера: анализ и оценка эпидемиологической обстановки в мире и России. Прогноз на 2023 г. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2023; (1):56–66. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-1-56-66.
9. Попова А.Ю., Носков А.К., Ежова Е.Б., Кругликов В.Д., Монахова Е.В., Чемисова О.С., Лопатин А.А., Иванова С.М., Подойницына О.А., Водопьянов А.С., Левченко Д.А., Савина И.В. Эпидемиологическая ситуация по холере в Российской Федерации в 2023 г. и прогноз на 2024 г. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2024; (1):76–88. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-76-88.
10. Сизова Ю.В., Бурлакова О.С., Люкшина Е.Ю., Сокольская О.А. Развитие системы подготовки специалистов по холере. *Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение.* 2020; 9(4):120–5. DOI: 10.33029/2305-3496-2020-9-4-120-125.
11. Шиянова А.Е., Тельнова Н.В., Скударева О.Н. Отдельные аспекты обеспечения противоэпидемической готовности на случай выявления больных холерой. В кн.: Инфекционные болезни в современном мире: эволюция, текущие и будущие угрозы: сборник трудов XVI Ежегодного Всероссийского Конгресса по инфекционным болезням имени академика В.И. Покровского. (Москва, 25–27 марта 2024 года). М.: Медицинское маркетинговое агентство; 2024. С. 226.

## References

1. WHO. Cholera. 2024. (Cited 17 Feb 2025). [Internet]. Available from: <https://www.who.int/ru/news-room/fact-sheets/detail/cholera>.
2. Ali M., Nelson A.R., Lopez A.L., Sack D.A. Updated global burden of cholera in endemic countries. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2015; 9(6):e0003832. DOI: 10.1371/journal.pntd.0003832.
3. Global monitoring of cholera and acute watery diarrhea. WHO Health Emergencies Programs of March 24, 2025. [Internet]. Available from: <https://who-global-cholera-and-awd-dashboards-1-who.hub.arcgis.com>.

4. TravelHealthPro. Cholera cases reported in the United Kingdom and Germany linked to Ethiopia. Information for travelers and health professionals. 07 March 2025. [Internet]. Available from: <https://travelhealthpro.org.uk/news/829/cholera-cases-reported-in-the-united-kingdom-and-germany-linked-to-ethiopia>.
5. Men'shikova E.A., Kurbatova E.M., Titova S.V. [Ecological features of the persistence of *Vibrio cholerae*: retrospective analysis and actual state of the problem]. *Zhurnal Mikrobiologii, Epidemiologii i Immunobiologii* [Journal of Microbiology, Epidemiology and Immunobiology]. 2020; 97(2):165–73. DOI: 10.36233/0372-9311-2020-97-2-165-173.
6. Kruglikov V.D., Gaevskaya N.E., Monakhova E.V., Moskvitina E.A., Agafonova V.V., Savina I.V., Podoyunitsyna O.A., Selyanskaya N.A., Vodop'yanov A.S., Duvanov O.V., Men'shikova E.A., Ezhova M.I., Shipko E.S., Evteev A.V., Kaz'mina V.S., Bodraya P.V., Sokirina E.N. [Analysis of peculiarities of epidemiological situation on cholera in the world and in the Russian Federation in 2024 and forecast of its development in 2025]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2025; (1):35–47. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-1-35-47.
7. Briko N.I., Onishchenko G.G., Pokrovsky V.I. [Guidelines on Epidemiology of Infectious Diseases]. Vol. 1. Moscow: "Medical Information Agency" LLC; 2019. P. 265–81.
8. Noskov A.K., Kruglikov V.D., Moskvitina E.A., Mironova L.V., Monakhova E.V., Soboleva E.G., Chemisova O.S., Vodop'yanov A.S., Lopatin A.A., Ivanova S.M., Men'shikova E.A., Podoyunitsyna O.A., Ezhova M.I., Evteev A.V. [Cholera: analysis and assessment of epidemiological situation around the world and in Russia (2013–2022). Forecast for 2023]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2023; (1):56–66. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-1-56-66.
9. Popova A.Yu., Noskov A.K., Ezhlova E.B., Kruglikov V.D., Monakhova E.V., Chemisova O.S., Lopatin A.A., Ivanova S.M., Podoyunitsyna O.A., Vodop'yanov A.S., Levchenko D.A., Savina I.V. [Epidemiological situation on cholera in the Russian Federation in 2023 and forecast for 2024]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2024; (1):76–88. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-76-88.
10. Sizova Yu.V., Burlakova O.S., Lyukshina E.Yu., Sokol'skaya O.A. [Development of a system for training of specialists in cholera]. *Infektsionnye Bolezni: Novosti, Mneniya, Obucheniye* [Infectious Diseases: News, Opinions, Training]. 2020; 9(4):120–5. DOI: 10.33029/2305-3496-2020-9-4-120-125.
11. Shyanova A.E., Tel'nova N.V., Skudareva O.N. [Selected aspects of maintaining anti-epidemic preparedness for cholera case detection]. In: [Infectious Diseases in the Modern World: Evolution, Current and Future Threats: Proceedings of the 16th Annual All-Russian Congress on Infectious Diseases named after Academician V.I. Pokrovsky. (Moscow, March 25–27, 2024)]. Moscow: "Medical Marketing Agency" LLC; 2024. P. 226.

## Authors:

- Tel'nova N.V., Shyanova A.E., Yashina A.Yu., Kabachkova Yu.S., Lopatin A.A., Mordvinov I.O. Plague Control Center. 4, Musorgskogo St., Moscow, 127490, Russian Federation. E-mail: [apc-rpn@apc-rpn.ru](mailto:apc-rpn@apc-rpn.ru).
- Treskin A.A., Skudareva O.N. Federal Service for Surveillance on Consumers Rights Protection and Human Wellbeing. 18, Bld. 5 and 7, Vadkovsky Lane, Moscow, 127994, Russian Federation.
- Gaevskaya N.E., Kruglikov V.D., Kaz'mina V.S., Savina I.V., Bodraya P.V. Rostov-on-Don Research Anti-Plague Institute. 117/40, M. Gor'kogo St., Rostov-on-Don, 344002, Russian Federation. E-mail: [plague@aaanet.ru](mailto:plague@aaanet.ru).

## Об авторах:

- Тельнова Н.В., Шиянова А.Е., Яшина А.Ю., Кабачкова Ю.С., Лопатин А.А., Мордвинов И.О. Противочумный центр. Российская Федерация, 127490, Москва, ул. Мусоргского, 4. E-mail: [apc-rpn@apc-rpn.ru](mailto:apc-rpn@apc-rpn.ru).
- Трескин А.А., Скударева О.Н. Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека. Российская Федерация, 127994, Москва, Вадковский пер., 18, стр. 5 и 7.
- Гаевская Н.Е., Кругликов В.Д., Казьмина В.С., Савина И.В., Бодрая П.В. Ростовский-на-Дону научно-исследовательский противочумный институт. Российская Федерация, 344002, Ростов-на-Дону, ул. М. Горького, 117/40. E-mail: [plague@aaanet.ru](mailto:plague@aaanet.ru).

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-130-139

УДК 578.8:579.25(470.41)

Ю.А. Тюрин<sup>1,2</sup>, Т.А. Савицкая<sup>1</sup>, А.В. Иванова<sup>3</sup>, И.Д. Решетникова<sup>1,4</sup>, С.Н. Куликов<sup>1</sup>,  
М.А. Пяташина<sup>5,6</sup>, Ю.Н. Давидюк<sup>4</sup>, Э. Кабве<sup>4</sup>, П.И. Елбоева<sup>1,4</sup>, Т.Р. Насыров<sup>4</sup>

### Обнаружение реассортантных штаммов *Orthohantavirus puumalaense* в Высокогорском районе Республики Татарстан

<sup>1</sup>ФБУН «Казанский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии», Казань, Российская Федерация;

<sup>2</sup>ФГБОУ ВО «Казанский государственный медицинский университет» Минздрава России, Казань, Российская Федерация;

<sup>3</sup>ФКУН «Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб», Саратов, Российская Федерация;

<sup>4</sup>ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский) федеральный университет», Казань, Российская Федерация;

<sup>5</sup>Управление Роспотребнадзора по Республике Татарстан, Казань, Российская Федерация;

<sup>6</sup>КГМА – филиал ФГБОУ ДПО РМАНПО Минздрава России, Казань, Российская Федерация

**Цель исследования** – выявление реассортантных штаммов *Orthohantavirus puumalaense* (PUUV), близкородственных ранее обнаруженным штаммам этого вируса у больных геморрагической лихорадкой с почечным синдромом (ГЛПС), в популяции рыжих полевков (*Clethrionomys glareolus*) в Республике Татарстан. **Материалы и методы.** Вирусную РНК детектировали методом ОТ-ПЦР в легочной ткани рыжих полевков, отловленных в 2023–2024 гг. в Высокогорском и Пестречинском районах Республики Татарстан, и синтезировали кДНК для ОТ-ПЦР-положительных образцов. Последовательности участков S- и M-сегментов генома PUUV амплифицировали методом ПЦР, секвенировали (метод Сэнгера и по технологии Oxford Nanopore) и проводили филогенетический анализ. **Результаты и обсуждение.** Установлено, что 14 штаммов PUUV, выявленных у рыжих полевков из четырех точек отлова, можно объединить в три кластера. У двух штаммов из окрестностей поселка Киндери (кластер 2) обнаружен реассортантный геном: S-сегмент близкородственен штаммам из Высокогорского района (идентичность нуклеотидных последовательностей – 99,1–100,0 %), M-сегмент – штаммам из Пестречинского района (96,3–97,0 %). Данные штаммы вируса генетически близки к реассортантам, ранее обнаруженным у больных ГЛПС, инфицированных PUUV в Высокогорском районе Республики Татарстан. Выявленные поблизости от п. Киндери штаммы PUUV имеют, по всей видимости, реассортантное происхождение.

**Ключевые слова:** *Orthohantavirus puumalaense*, геморрагическая лихорадка с почечным синдромом (ГЛПС), реассортация.

Корреспондирующий автор: Тюрин Юрий Александрович, e-mail: tyurin.yurii@yandex.ru.

Для цитирования: Тюрин Ю.А., Савицкая Т.А., Иванова А.В., Решетникова И.Д., Куликов С.Н., Пяташина М.А., Давидюк Ю.Н., Кабве Э., Елбоева П.И., Насыров Т.Р. Обнаружение реассортантных штаммов *Orthohantavirus puumalaense* в Высокогорском районе Республики Татарстан. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 4:130–139. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-130-139

Поступила 29.07.2025. Отправлена на доработку 22.09.2025. Принята к публикации 04.12.2025.

Yu.A. Tyurin<sup>1,2</sup>, T.A. Savitskaya<sup>1</sup>, A.V. Ivanova<sup>3</sup>, I.D. Reshetnikova<sup>1,4</sup>, S.N. Kulikov<sup>1</sup>,  
M.A. Patyashina<sup>5,6</sup>, Yu.N. Davidyuk<sup>4</sup>, E. Kabwe<sup>4</sup>, P.I. Elboeva<sup>1,4</sup>, T.R. Nasyrov<sup>4</sup>

### Detection of Reassortant *Orthohantavirus puumalaense* Strains in Vysokogorsky District, Republic of Tatarstan

<sup>1</sup>Kazan Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Kazan, Russian Federation;

<sup>2</sup>Kazan State Medical University of the Ministry of Health of Russia, Kazan, Russian Federation;

<sup>3</sup>Russian Research Anti-Plague Institute “Microbe”, Saratov, Russian Federation;

<sup>4</sup>Kazan (Volga Region) Federal University, Kazan, Russian Federation;

<sup>5</sup>Rospotrebnadzor Administration in the Republic of Tatarstan, Kazan, Russian Federation;

<sup>6</sup>Kazan State Medical Academy – Affiliated Branch of the Federal State Budgetary Educational Institution of Continuing Professional Education “Russian Medical Academy of Continuing Professional Education”, Kazan, Russian Federation

**Abstract.** The aim of the work was to detect *Orthohantavirus puumalaense* (PUUV) reassortant strains in bank voles (*Clethrionomys glareolus*) of the Republic of Tatarstan (RT), which are closely related to strains previously isolated from patients with hemorrhagic fever with renal syndrome (HFRS) from the RT. **Materials and methods.** Viral RNA was detected by RT-PCR in the lung tissue of bank voles captured in the Vysokogorsky and Pestrechinsky districts of the RT in 2023–2024. cDNA was synthesized for RT-PCR-positive samples. PUUV genome fragments of S- and M-segments were amplified using PCR, followed by sequencing (using the Sanger method and Oxford Nanopore technology) and phylogenetic analysis. **Results and discussion.** It has been found that 14 PUUV strains detected in bank voles from four capture sites fall into 3 clusters. In two strains from the vicinity of the village of Kinderi (cluster 2), a reassortant genome has been identified: the S-segment is closely related to strains from the Vysokogorsky district (nucleotide sequence (NS) identity is 99.1–100 %), while the M-segment is closely related to strains from the Pestrechinsky district (96.3–97.0 %). These virus strains are genetically close to reassortants previously found in HFRS patients infected by PUUV in the Vysokogorsky district of the RT. Detected in the vicinity of the village Kinderi PUUV strains appear to be of reassortant origin.

**Key words:** *Orthohantavirus puumalaense*, hemorrhagic fever with renal syndrome (HFRS), reassortment.

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

**Funding:** The study was conducted within the frames of the State Assignment for the Kazan Research Institute of Epidemiology and Microbiology of the Rospotrebnadzor and the research work “Genomic profiling of Orthohantavirus Puumala circulating in the Volga Federal District”, as well as part of the Program for strategic academic leadership of the Kazan (Volga Region) Federal University (“Priority-2030”).

**Corresponding author:** Yuriy A. Tyurin, e-mail: tyurin.yurii@yandex.ru.

**Citation:** Tyurin Yu.A., Savitskaya T.A., Ivanova A.V., Reshetnikova I.D., Kulikov S.N., Patyashina M.A., Davidyuk Yu.N., Kabwe E., Elboeva P.I., Nasyrov T.R. Detection of Reassortant *Orthohantavirus puumalaense* Strains in Vysokogorsky District, Republic of Tatarstan. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:130–139. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-130-139

Received 29.07.2025. Revised 22.09.2025. Accepted 04.12.2025.

Tyurin Yu.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2536-3604>

Savitskaya T.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6229-0387>

Ivanova A.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4849-3866>

Reshetnikova I.D., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3584-6861>

Kulikov S.N., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6260-2363>

Patyashina M.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6302-3993>

Davidyuk Yu.N., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4409-2942>

Kabwe E., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4328-8190>

Elboeva P.I., ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-2949-3289>

Nasyrov T.R., ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-4116-0471>

Геморрагическая лихорадка с почечным синдромом (ГЛПС) занимает одно из первых мест в Российской Федерации среди природно-очаговых заболеваний. В 2024 г. в РФ зарегистрировано 3396 случаев ГЛПС, из которых 10 закончились летальным исходом [1]. Ежегодно подавляющее большинство случаев регистрируется в Приволжском федеральном округе (ПФО), в 2024 г. их количество составило 2532 [1]. Республика Татарстан (РТ) является одним из субъектов ПФО с высоким уровнем заболеваемости ГЛПС: в 2023 г. показатель заболеваемости на 100 тыс. населения равнялся 21,29, а в 2024 г. снизился в 2,6 раза и составил 8,09 [2]. Согласно прогнозу заболеваемости на 2025 г., РТ находится в группе территорий с уровнем прогностического риска заражения «выше среднего» [1].

Основным возбудителем ГЛПС в ПФО является *Orthohantavirus puumalaense* (PUUV) [3], относящийся к роду *Orthohantavirus* семейства *Hantaviridae* класса *Bunyaviricetes* [4]. Основным природным хозяином PUUV выступает рыжая полевка (*Myodes glareolus*) [3], ареал которой занимает обширную территорию от Северной Испании и Ирландии на западе до Западной Сибири на востоке и от Кольского и Скандинавского полуостровов на севере до северной части Турции, Болгарии и Италии на юге [5]. Как у всех ортохантавирусов, геном PUUV представлен одноцепочечной РНК отрицательной полярности и состоит из трех сегментов: малого (S), среднего (M) и большого (L), – кодирующих нуклеокапсидный белок (N-белок), предшественник поверхностных гликопротеинов Gn и Gc (Gn/Gc прекурсор) и РНК-зависимую РНК-полимеразу (RdRp) соответственно [6]. Большая изменчивость генома PUUV привела к возникновению ряда генетических линий, которых в настоящее время насчитывается восемь: центральноевропейская (CE), датская (DAN), южнскандинавская (S-SCA), североскандинавская (N-SCA), финская (FIN), латвийская (LAT), альпийско-адриатическая (ALAD) и русская (RUS) [7].

В РФ распространены штаммы PUUV двух генетических линий: RUS – на большинстве территорий европейской части России (ЕЧР) и FIN – на севере ЕЧР и в Западной Сибири [8]. Е. Blinova et al. предложили также различать сублинии: в русской линии – балтийскую (Balt-RUS), западную (W-RUS) и волжскую (Volga-RUS), а в финской линии – западную

(West-FIN) и восточную (East-FIN) [8]. Считается, что причинами такого генетического разнообразия PUUV являются как высокая скорость накопления нуклеотидных замен в геноме [9, 10], так и процессы реассортации [11]. В частности, реассортанты PUUV были обнаружены в популяциях рыжей полевки в Финляндии в так называемых «зонах контакта» между генетически различающимися группами штаммов вируса [12–14]. Однако условия, способствующие генетическому разнообразию и возникновению новых генетических вариантов PUUV, в настоящее время остаются недостаточно изученными.

В предыдущих исследованиях установлено, что на территории Предкамья и Закамья РТ циркулируют штаммы вируса генетической линии RUS [15, 16]. Была предложена гипотеза для объяснения условий, при которых возможно возникновение новых генетических вариантов PUUV в результате реассортации, позволяющая прогнозировать локализацию «зон контакта» [16]. У нескольких больных ГЛПС из Высокогорского района РТ были выявлены реассортантные генетические варианты PUUV, не выявленные в то время в популяциях рыжей полевки, и сделано предположение о районах возможного их возникновения [17]. **Цель** данной работы – выявление реассортантных генетических вариантов PUUV, обнаруженных ранее у больных ГЛПС, в популяциях рыжей полевки в РТ.

## Материалы и методы

**Образцы легочной ткани рыжей полевки.** Особи рыжей полевки были отловлены в 2023–2024 гг. в ряде локаций на территории Высокогорского и Пестречинского районов РТ (рис. 1). Информация о географическом расположении точек отлова и замороженные образцы легочной ткани отловленных грызунов получены из ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Республике Татарстан (Татарстан)».

**Выделение РНК, синтез кДНК и полимеразная цепная реакция (ПЦР).** Общую РНК выделяли из легочной ткани мелких грызунов с использованием реагента ExtractRNA (ЗАО «Евроген», Россия) согласно рекомендациям производителя.

Предварительное выявление ортохантавирусной РНК проводили с использованием набора реагентов «BioMaster RT-PCR – Premium (2×)»

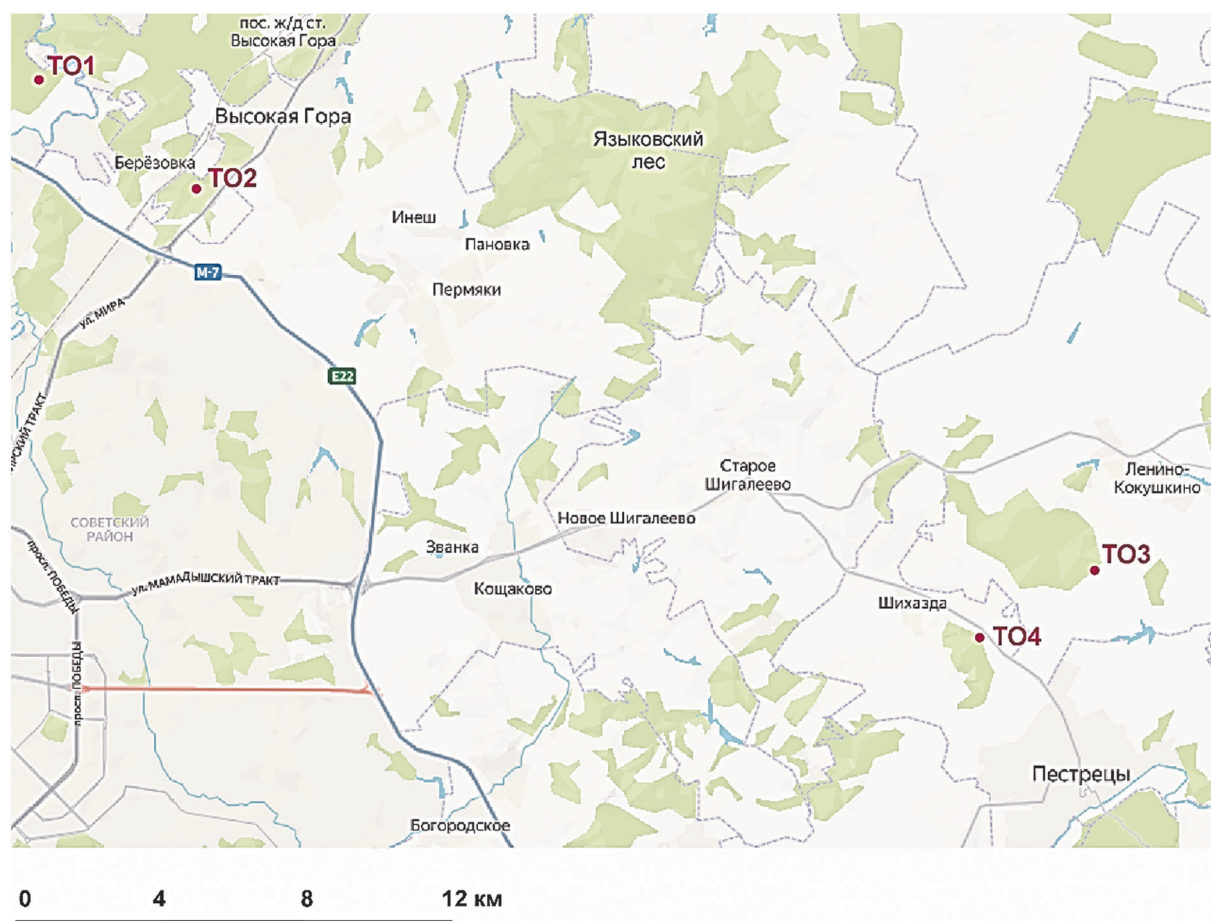


Рис. 1. Локализация точек отлова рыжих полевок

Fig. 1. Localization of trapping sites for the ruddy vole

(ООО «Биолабмикс», Россия) и праймеров PuuV-For и PuuV-Rev [18] по методике производителя с последующей детекцией продуктов амплификации методом электрофореза в 1 % агарозном геле. Синтез кДНК осуществляли с использованием «Reverse transcriptase RNAscribe RT» (ООО «Биолабмикс», Россия) согласно методике производителя. ПЦР-амплификацию участков генома PUUV проводили с использованием реакционной смеси «5× ScreenMix» (ЗАО «Евроген», Россия) и праймеров собственной разработки. Детекцию продуктов ПЦР-амплификации проводили методом электрофореза в 1 % агарозном геле. Результаты разделения ПЦР-продуктов документировали с помощью системы Gel Doc™ XR System (BioRad, США).

**Секвенирование по Сэнгеру.** Продукты ПЦР-амплификации очищали с помощью набора реагентов «Cleanup S-Cap» (ЗАО «Евроген, Россия») и секвенировали по Сэнгеру с использованием ABI PRISM 310 Big Dye Terminator 3.1 sequencing kit (ABI, США) согласно рекомендациям производителя.

**Нанопоровое секвенирование.** Для проведения нанопорового секвенирования ПЦР-продукты сначала очищали с помощью набора реагентов «Cleanup S-Cap» (ЗАО «Евроген», Россия). Библиотеки для нанопорового секвенирования го-

товили из ПЦР-продуктов с использованием набора для быстрого баркодирования SQK-RBK114 (Oxford Nanopore Technologies, Великобритания). Секвенирование проводили на платформе MinION (ONT, Великобритания). Basecalling, выполняли программой MinKNOW (v23.10.8).

Сборку секвенированных последовательностей проводили методом выравнивания относительно референсных последовательностей из базы данных GenBank с использованием биоинформационного программного обеспечения UGENE версии 50.0 [19].

**Анализ последовательностей участков генома PUUV.** Множественное выравнивание нуклеотидных последовательностей и филогенетический анализ штаммов PUUV проводили с использованием MEGA v6.0 [20]. Филогенетические деревья построены методом максимального правдоподобия (Maximum Likelihood – ML) в программе MEGA v6.0 [20]. Индексы поддержки рассчитаны для 1000 повторений, значения менее 70 % на деревьях не показаны. Для сравнительного и филогенетического анализа использовали нуклеотидные последовательности штаммов PUUV, размещенные в электронной базе данных GenBank: PUUV/Observatory/MG\_118/2015 (MW587801, MZ913288), PUUV/Vysokaya Gora/

MG\_066/2015 (MZ913276, MZ913287), PUUV/Kazan/MG\_845/2017 (MW587804, MT495325), PUUV/Pestretsy/MG\_1131/2017 (MW504251, MT495343), PUUV/Laishevo/MG\_809/2017 (MW504247, MT495353), PUUV/Mamadyshev/MG\_980/2017 (MW504250, MT495336), PUUV/Tetevo/MG\_1041/2017 (MZ441151, MT495338), Puu/Kazan (Z84204, Z84205), PUUV/Kazan/human\_RT497/2019 (RT497, MW587796, MZ913298), UUV/Kazan/human\_RT497/2019 (RT497, MW587796, MZ913298), PUUV/Kazan/human\_RT505/2019 (RT505, MW587797, MZ913299), Samara 49 (Samara 49, AB433843, AB433850), DTK/Ufa-97 (Ufa, AB297665, AB297666), Sotkamo2009 (Sotkamo, HE801633, HE801634), Orthohantavirus tulaense (Tula NC\_005227, NC\_005228), PUUV/Kazan/human\_RT497/2019 (RT497, MW587796, MZ913298), PUUV/Kazan/human\_RT505/2019 (RT505, MW587797, MZ913299), PUUV/Kazan/human\_RT599/2019 (RT599, OP459286, OP441080), PUUV/Kazan/human\_RT493/2019 (RT493, MW587795, MZ913297), PUUV/Kazan/human\_RT523/2019 (RT523, MZ913281, MZ913300), PUUV/Kazan/human\_RT550/2019 (RT550, MZ913282, MZ913301), PUUV/Kazan/human\_RT587/2019 (RT587, OP459283, OP441079), PUUV/Kazan/human\_RT526/2019 (RT526, MW587809, OP441077), PUUV/Kazan/human\_RT604/2019 (RT604, MZ913285, MZ913304), PUUV/Kazan/human\_RT599/2019 (RT599, OP459286, OP441080), PUUV/Kazan/human\_RT493/2019 (RT493, MW587795, MZ913297), PUUV/Kazan/human\_RT523/2019 (RT523, MZ913281, MZ913300).

Последовательности *Orthohantavirus tulaense* NC\_005227 и NC\_005228 для S- и M-сегментов соответственно были использованы как внешние группы.

### Результаты и обсуждение

Всего в четырех локациях, обозначенных как TO1 – TO4, была поймана 41 рыжая полевка, у 16 из которых в результате скрининга методом ОТ-ПЦР выявлена ортохантавирусная РНК (таблица). Для 14 образцов получены нуклеотидные последовательности (НП) участка кодирующей области (CDS)

S-сегмента длиной 467 нуклеотидов (нд) и участка CDS M-сегмента длиной 402 нд. Все идентифицированные штаммы получили обозначения, включающие название вируса, локализацию точки отлова, номер образца и год отлова (например, PUUV/Krutushka/MG\_3971/2023). Для удобства далее будут использоваться сокращенные обозначения, например MG3971.

По результатам сравнительного анализа НП установлено, что для штаммов из TO1 (п. Крутушка) значения идентичности НП участков генома составили 99,8–100,0 % как для S-, так и для M-сегмента, для штаммов из TO2 (п. Киндери) эти значения равны 100,0 % для обоих сегментов, а для штаммов из TO3 (с. Ленино-Кокушкино) и TO4 (д. Шихазда) идентичность НП S-сегмента равна 99,8–100,0 %, а для M-сегмента – 99,0–100 %. Сравнение НП участка S-сегмента исследованных штаммов из разных ТО позволило установить, что значения идентичности между TO1 и TO2 составили 96,1–96,4 %, между TO1 и TO3+TO4 – 93,4–93,8 %, а между TO2 и TO3+TO4 – 92,9–93,1 %. Таким образом, выявленные штаммы PUUV можно объединить в три отдельных кластера: кластер 1 содержит штаммы из TO1, кластер 2 – штаммы из TO2, а кластер 3 – штаммы из TO3 и TO4, – причем участки генома штаммов внутри каждого кластера характеризуются высокой гомогенностью.

В результате сравнения НП участка S-сегмента выявленных и референсных штаммов из русской генетической линии установлено, что значения идентичности между штаммами из кластера 1 и штаммами, ранее выявленными у больных ГЛПС (RT497, RT505 и RT599) и у рыжей полевки из района с. Высокая Гора (MG066), находились в интервале 99,1–100,0 %, а при сравнении с остальными исследованными и референсными штаммами не превышали 97,6 % (рис. 2). Для штаммов из кластера 2 наиболее высокие значения идентичности НП, составившие 98,7–98,9 %, получены при сравнении с референсными штаммами RT493, RT523, RT550 и RT587, ранее обнаруженными у пациентов с ГЛПС, а с остальными сравниваемыми штаммами эти зна-

Количество пойманных рыжих полевок и выявленных штаммов PUUV

Number of trapped ruddy voles and detected PUUV strains

| Точка отлова<br>Capture site | Особи<br>рыжих полевок<br>Number of ruddy<br>vole specimens | ОТ-ПЦР-<br>положительные<br>образцы<br>RT-PCR positive<br>samples | Штаммы PUUV с секвенированными<br>участками генома<br>PUUV strains with sequenced genome<br>regions | Обозначение штаммов<br>Strain designation                 |
|------------------------------|-------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------|
| TO1                          | 14                                                          | 7                                                                 | 7                                                                                                   | MG3971, MG3973, MG3974, MG3979,<br>MG3980, MG3981, MG3983 |
| TO2                          | 3                                                           | 2                                                                 | 2                                                                                                   | MG4575, MG4576                                            |
| TO3                          | 13                                                          | 4                                                                 | 3                                                                                                   | MG3947, MG3948, MG3965                                    |
| TO4                          | 11                                                          | 3                                                                 | 2                                                                                                   | MG3950, MG3956                                            |
| Всего<br>Total               | 41                                                          | 16                                                                | 14                                                                                                  |                                                           |

чения не превышали 96,4 % (рис. 2). У штаммов из кластера 3 значения идентичности 99,8–100,0 % выявлены при сравнении с референсными штаммами RT604 и MG1131 из Пестречинского района, а с остальными штаммами были ниже, чем 98,1 % (рис. 2). Таким образом, можно считать доказанным, что все исследованные штаммы из кластеров 1, 2 и 3 принадлежат к генетической линии *RUS*.

В то же время значения идентичности соответствующих аминокислотных последовательностей фрагмента N-белка у исследованных и референсных штаммов были близки к 100,0 %, в отдельных случаях отличаясь друг от друга на 1–2 замены аминокислотных остатков (а.о.).

По результатам сравнительного анализа НП участка М-сегмента также были выявлены высокие значения идентичности между штаммами в каждом из кластеров: 99,8–100,0 % для кластера 1, 100,0 % для кластера 2 и 99,0–100,0 % для кластера 3. При сравнении кластеров между собой значения идентичности были заметно ниже: 91,3 % для кластеров 1 и 2; 91,3–92,3 % для кластеров 1 и 3; 96,3–96,8 % для кластеров 2 и 3. Результаты сравнительного анализа исследованных и референсных штаммов продемонстрировали, что, как и в случае S-сегмента, для кластера 1 наибольшие значения (99,3–99,8 %) выявлены при сравнении со штаммами RT497, RT505, RT599 и MG066, для кластера 2 – со штаммами RT493, RT523, RT550 и RT587 (98,8–99,3 %), а для кластера 3 – со штаммами RT604 и MG1131 (98,8–99,3 %) (рис. 2). При этом разница в соответствующих АП при сравнении исследуемых и референсных штаммов не превышала 3–4 а.о.

По результатам филогенетического анализа установлено, что штаммы из выявленных кластеров и соответствующие референсные штаммы образуют три отдельные субклады на деревьях, построенных для участков S- и М-сегментов: кластер 1 со штаммами RT497, RT505, RT599 и MG066 объединены в субкладу «Высокогорский район», кластер 3 со штаммами RT604 и MG1131 входят в состав субклады «Пестречинский район», причем на дереве М-сегмента к этой субкладе можно отнести также штаммы RT526 и MG845, а к субкладе «Реассортанты» относятся исследуемые штаммы из кластера 2 и референсные реассортантные штаммы RT493, RT523, RT550 и RT587 (рис. 3, 4). Обозначение «Реассортанты» данная субклада получила, поскольку ее расположение на двух деревьях отличается: на дереве S-сегмента она находится на соседней ветке с субкладой «Высокогорский район», а на дереве М-сегмента – на соседней ветке с субкладой «Пестречинский район», а подобная разница в положении на деревьях, построенных для разных сегментов, является одним из признаков реассортантных геномов.

Одним из важных практических мероприятий эпидемиологического надзора за ГЛПС является определение районов, потенциально опасных по ве-

роятности инфицирования человека возбудителем заболевания. Важное теоретическое значение также имеет выявление районов, в которых возможно возникновение новых генетических вариантов PUUV, в частности в результате процесса реассортации. Поэтому необходимым является составление карты распределения генетических вариантов PUUV, циркулирующих в популяциях рыжей полевки, и сопоставление результатов картирования с полученной от больных ГЛПС информацией о локализации вероятного места инфицирования вирусом. В одной из наших предыдущих работ была проведена идентификация штаммов PUUV у больных ГЛПС из РТ и установлено, что в большинстве случаев информация о вероятном месте заражения хорошо соотносилась с ранее полученными результатами идентификации штаммов вируса в ряде популяций рыжей полевки в Предкамье РТ [17]. В то же время у четырех больных ГЛПС выявлены штаммы PUUV, для которых на то время не были известны родственные штаммы в популяциях рыжей полевки. Кроме того, эти штаммы содержали в геноме S-сегмент, родственный S-сегменту штаммов из Высокогорского района РТ, а М-сегмент – родственный М-сегменту штаммов из Пестречинского района, то есть с высокой вероятностью являлись реассортантами. Поэтому одной из целей настоящего исследования было выявление штаммов PUUV, родственных обнаруженным у больных ГЛПС, в популяциях рыжей полевки в Высокогорском и Пестречинском районах.

Установлено, что у штаммов PUUV, выявленных у рыжих полевок из ТО2, расположенной на левом берегу р. Казанки в лесу поблизости от п. Киндери, S-сегмент имеет более высокие значения идентичности НП со штаммами из ТО1, расположенной на правом берегу Казанки, и референсными штаммами из Высокогорского района, чем со штаммами из ТО3 и ТО4 и референсными штаммами из Пестречинского района. На дереве S-сегмента штаммы из ТО2 с хорошей поддержкой объединены со штаммами из Высокогорского района и отделены от штаммов из Пестречинского района (рис. 3). Однако для М-сегмента значения идентичности штаммов из ТО2 значительно выше при сравнении со штаммами из Пестречинского района (96,3–97,0 %), расстояния до районов распространения которых составляют 23–28 км, чем по сравнению со штаммами из ТО1 (91,3 %), расположенной на расстоянии менее 6 км (рис. 1). На дереве М-сегмента штаммы из ТО2 с хорошей поддержкой отделены от штаммов из ТО1 и объединены со штаммами из Пестречинского района (рис. 4). В то же время и по S-, и по М-сегменту штаммы из п. Киндери близкородственны штаммам RT493, RT523, RT550 и RT587, выявленным у больных ГЛПС, которые, по всей видимости, были инфицированы в Высокогорском районе [17], возможно в окрестностях п. Киндери. Таким образом, можно с высокой вероятностью считать доказанным, что реассортантные геномы PUUV, выявленные ранее у

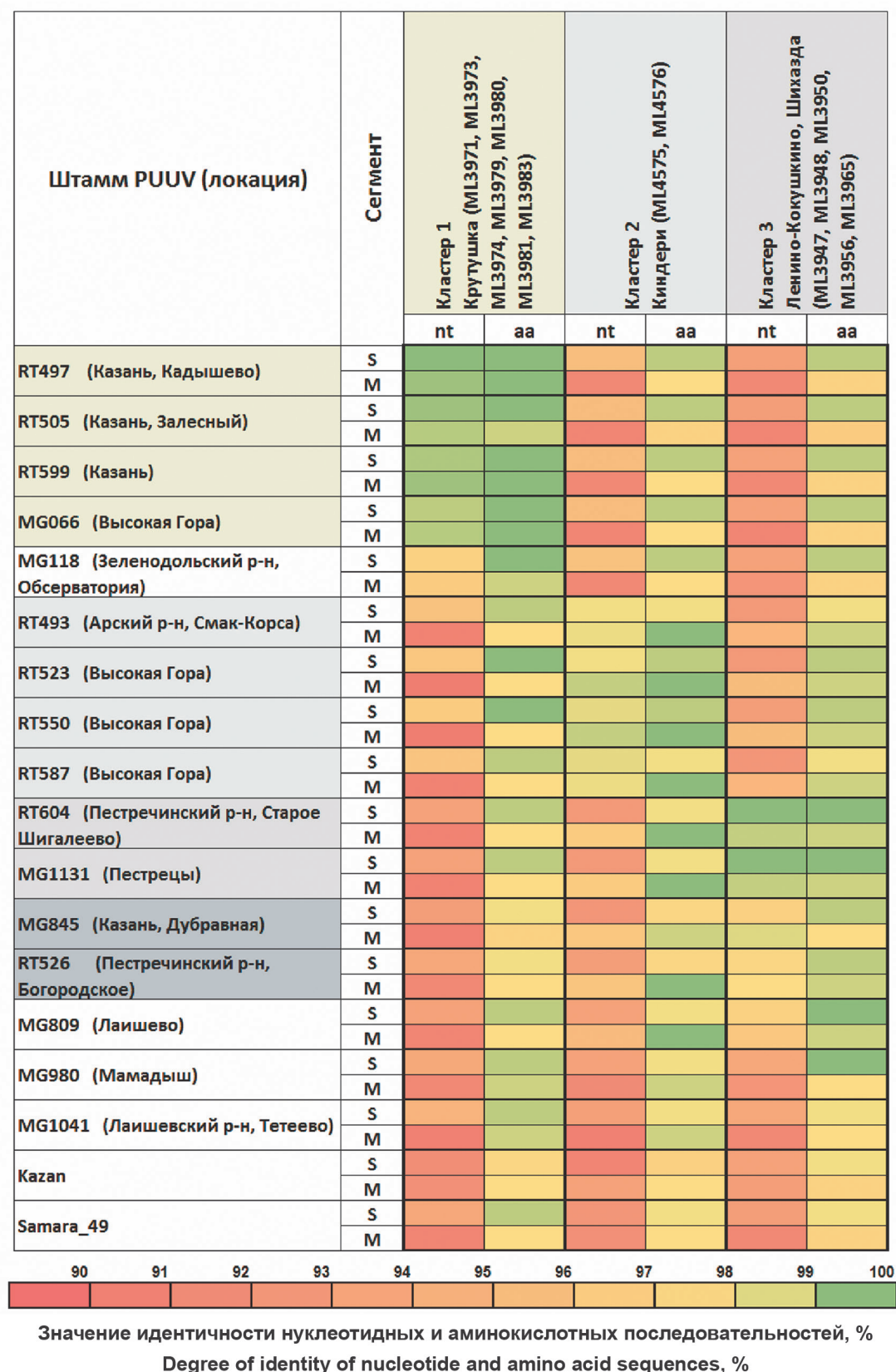


Рис. 2. Идентичность нуклеотидных и аминокислотных последовательностей выявленных штаммов PUUV

Fig. 2. Nucleotide and amino acid sequence identity of the detected Puumala virus (PUUV) strains

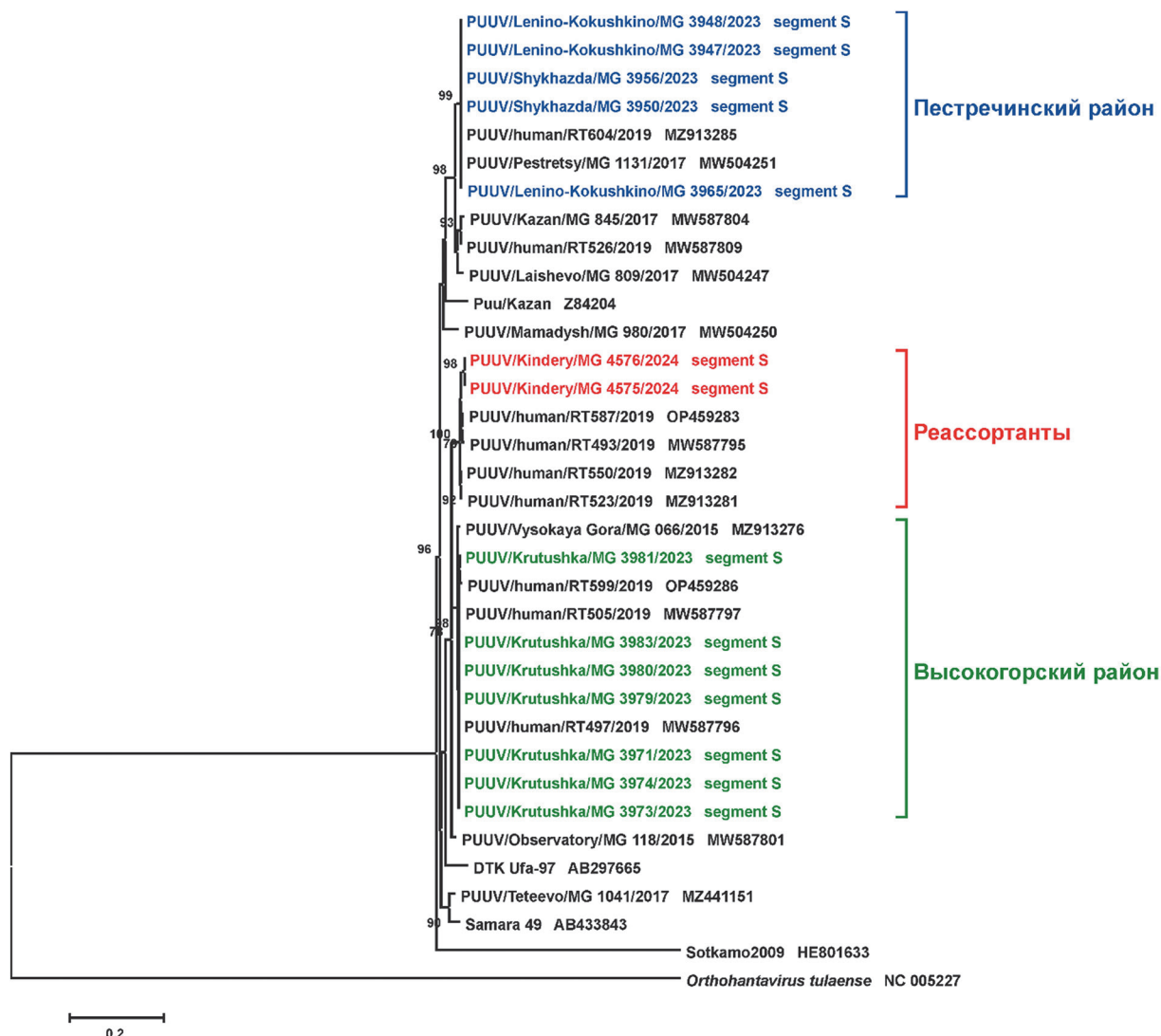


Рис. 3. Филогенетическое дерево, построенное для нуклеотидной последовательности участка кодирующей области S-сегмента исследуемых и референсных штаммов PUUV. Цветом выделены названия субклад и исследуемые штаммы. Реассортантные исследуемые штаммы выделены красным цветом

Fig. 3. Phylogenetic reconstruction of the nucleotide sequence of S-segment coding region from analyzed and reference PUUV strains. Sub-clades and study strains are highlighted by color. Reassortant strains are indicated in red

этих больных ГЛПС, возникли не в результате инфицирования пациентов одновременно двумя генетически различающимися штаммами вируса, а образовались в естественных условиях в популяции рыжей полевки. Доказательства возникновения реассортантных геномов PUUV в природных условиях были ранее представлены для популяций рыжей полевки в Финляндии [12–14] и Центральной Европе [21].

Полученные результаты не позволяют однозначно определить район возникновения выявленных реассортантных геномов PUUV. Тем не менее можно достаточно обоснованно предположить, что он расположен или на левом берегу р. Казанки, или, что представляется более вероятным, на водоразделе между реками Казанка и Мёша, проходящем приблизительно на границе Высокогорского и Пестречинского районов. В пользу второго предположения свидетельствует то обстоятельство, что расстояние до этого водораздела приблизительно

одинаково от известных в настоящее время районов распространения исходных генетических вариантов PUUV в Высокогорском и Пестречинском районах. Однако более точная локализация потенциального района возникновения выявленных реассортантных вариантов вируса требует более глубоких исследований по идентификации штаммов PUUV в популяциях рыжей полевки на данном водоразделе, в частности в Языковском лесу и на прилегающих территориях.

Таким образом, выявленные в популяции рыжей полевки в лесу поблизости от п. Киндери штаммы PUUV имеют, по всей видимости, реассортантное происхождение и являются близкородственными штаммам, обнаруженным ранее у больных ГЛПС, инфицированных в Высокогорском районе РТ.

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

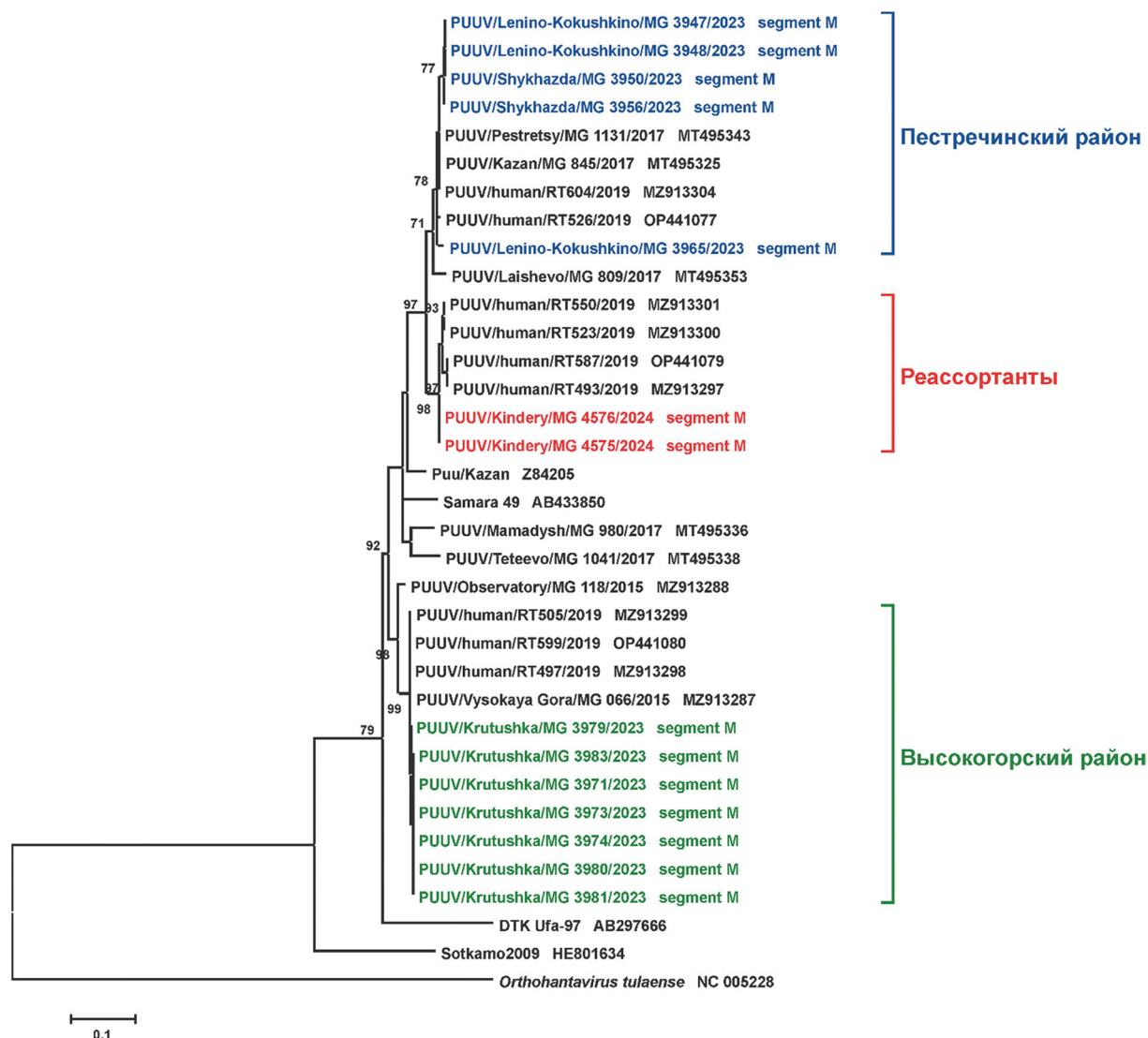


Рис. 4. Филогенетическое дерево, построенное для нуклеотидной последовательности участка кодирующей области М-сегмента исследуемых и референсных штаммов PUUV. Цветом выделены названия субклад и исследуемые штаммы. Реассортантные исследуемые штаммы выделены красным цветом

Fig. 4. Phylogenetic analysis of M-segment coding region sequences from the reference PUUV strains and strains under the study. Color scheme indicates sub-clades and studied strains, with reassortants shown in red

**Финансирование.** Исследование выполнено в рамках государственного задания ФБУН Казанский НИИЭМ Роспотребнадзора и темы НИР «Геномное профилирование ортохантавирусов Пуумала, циркулирующих в Приволжском федеральном округе», а также в рамках Программы стратегического академического лидерства Казанского (Приволжского) федерального университета («Приоритет-2030»).

## Список литературы

- Иванова А.В., Савицкая Т.А., Магерамов Ш.В., Нейштадт Я.А., Трифонов В.А., Решетникова И.Д., Исаева Г.Ш., Хусаинова Р.М., Салихова Д.М., Транквилевский Д.В. Геморрагическая лихорадка с почечным синдромом: актуальное состояние проблемы в Российской Федерации и оценка эпидемиологических рисков на 2025 год. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; (2):17–28. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-2-17-28.
- Зырянов П.М., Матросов А.Н., Иванова А.В., Попов Н.В. Обзор численности носителей и переносчиков зоонозов, эпизоотической и эпидемиологической обстановки в Приволжском федеральном округе в 2024 г. и прогноз на I полугодие 2025 г. [Электронный ресурс]. URL: [https://microbe.ru/files/PFO\\_rev2024\\_prog2025\\_1.pdf](https://microbe.ru/files/PFO_rev2024_prog2025_1.pdf) (дата обращения 15.07.2025).

- Tkachenko E., Kurashova S., Balkina A., Ivanov A., Egorova M., Leonovich O., Popova Y., Teodorovich R., Belyakova A., Tkachenko P., Trankvilevsky D., Blinova E., Ishmukhametov A., Dzagurova T. Cases of hemorrhagic fever with renal syndrome in Russia during 2000–2022. *Viruses*. 2023; 15(7):1537. DOI: 10.3390/v15071537.
- ICTV. International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV). 2024. [Электронный ресурс]. URL: <https://ictv.global/taxonomy> (дата обращения 15.07.2025).
- Filipi K., Marková S., Searle J.B., Kotlik P. Mitogenomic phylogenetics of the bank vole *Clethrionomys glareolus*, a model system for studying end-glacial colonization of Europe. *Mol. Phylogenet. Evol.* 2015; 82(Pt. A):245–57. DOI: 10.1016/j.ympev.2014.10.016.
- Plyusnin A., Vapalahti O., Vaheri A. Hantaviruses: genome structure, expression and evolution. *J. Gen. Virol.* 1996; 77(Pt. 11):2677–87. DOI: 10.1099/0022-1317-77-11-2677.
- Castel G., Chevenet F., Razzauti M., Murri S., Marianneau P., Cosson J.F., Tordo N., Plyusnin A. Phylogeography of Puumala orthohantavirus in Europe. *Viruses*. 2019; 11(8):679. DOI: 10.3390/v11080679.
- Blinova E., Deviatkin A., Makenov M., Popova Y., Dzagurova T. Evolutionary formation and distribution of Puumala virus genome variants, Russia. *Emerg. Infect. Dis.* 2023; 29(7):1420–4. DOI: 10.3201/eid2907.221731.
- Ramsden C., Melo F.L., Figueiredo L.M., Holmes E.C., Zanotto P.M.; VGDN Consortium. High rates of molecular evolution in hantaviruses. *Mol. Biol. Evol.* 2008; 25(7):1488–92. DOI: 10.1093/molbev/msn093.

10. Souza W.M., Bello G., Amarilla A.A., Alfonso H.L., Aquino V.H., Figueiredo L.T. Phylogeography and evolutionary history of rodent-borne hantaviruses. *Infect. Genet. Evol.* 2014; 21:198–204. DOI: 10.1016/j.meegid.2013.11.015.
11. Klempa B. Reassortment events in the evolution of hantaviruses. *Virus Genes*. 2018; 54(5):638–46. DOI: 10.1007/s11262-018-1590-z.
12. Razzauti M., Plyusnina A., Henttonen H., Plyusnin A. Accumulation of point mutations and reassortment of genomic RNA segments are involved in the microevolution of Puumala hantavirus in a bank vole (*Myodes glareolus*) population. *J. Gen. Virol.* 2008; 89(Pt. 7):1649–60. DOI: 10.1099/vir.0.2008/001248-0.
13. Razzauti M., Plyusnina A., Sironen T., Henttonen H., Plyusnin A. Analysis of Puumala hantavirus in a bank vole population in northern Finland: evidence for co-circulation of two genetic lineages and frequent reassortment between strains. *J. Gen. Virol.* 2009; 90(Pt. 8):1923–31. DOI: 10.1099/vir.0.011304-0.
14. Razzauti M., Plyusnina A., Henttonen H., Plyusnin A. Microevolution of Puumala hantavirus during a complete population cycle of its host, the bank vole (*Myodes glareolus*). *PLoS One*. 2013; 8(5):e64447. DOI: 10.1371/journal.pone.0064447.
15. Davidyuk Y., Shamsutdinov A., Kabwe E., Ismagilova R., Martynova E., Belyaev A., Shuralev E., Trifonov V., Savitskaya T., Isaeva G., Khaiboullina S., Rizvanov A., Morzunov S. Prevalence of the Puumala orthohantavirus strains in the Pre-Kama Area of the Republic of Tatarstan, Russia. *Pathogens*. 2020; 9(7):540. DOI: 10.3390/pathogens9070540.
16. Davidyuk Y.N., Kabwe E., Shamsutdinov A.F., Knyazeva A.V., Martynova E.V., Ismagilova R.K., Trifonov V.A., Savitskaya T.A., Isaeva G.S., Urbanowicz R.A., Khaiboullina S.F., Rizvanov A.A., Morzunov S.P. The Distribution of Puumala orthohantavirus genome variants correlates with the regional landscapes in the Trans-Kama Area of the Republic of Tatarstan. *Pathogens*. 2021; 10(9):1169. DOI: 10.3390/pathogens10091169.
17. Kabwe E., Shamsutdinov A.F., Suleimanova S., Martynova E.V., Ismagilova R.K., Shakirova V.G., Savitskaya T.A., Isaeva G.S., Rizvanov A.A., Khaiboullina S.F., Morzunov S.P., Davidyuk Y.N. Puumala orthohantavirus reassortant genome variants likely emerging in the watershed forests. *Int. J. Mol. Sci.* 2023; 24(2):1018. DOI: 10.3390/ijms24021018.
18. Kariwa H., Tkachenko E.A., Morozov V.G., Seto T., Tanikawa Y., Kolominov S.I., Belov S.N., Nakamura I., Hashimoto N., Balakiev A.E., Dzagnunova T.K., Daud N.H., Miyashita D., Medvedkina O.A., Nakauchi M., Ishizuka M., Yoshii K., Yoshimatsu K., Arikawa J., Takashima I. Epidemiological study of hantavirus infection in the Samara Region of European Russia. *J. Vet. Med. Sci.* 2009; 71(12):1569–78. DOI: 10.1292/jvms.001569.
19. Okonechnikov K., Golosova O., Fursov M.; UGENE team. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. *Bioinformatics*. 2012; 28(8):1166–7. DOI: 10.1093/bioinformatics/bts091.
20. Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A., Kumar S. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* 2013; 30(12):2725–9. DOI: 10.1093/molbev/mst197.
21. Szabó R., Radosa L., Ličková M., Sláviková M., Heroldová M., Stanko M., Pejčoch M., Osterberg A., Laenen L., Schex S., Ulrich R.G., Essbauer S., Maes P., Klempa B. Phylogenetic analysis of Puumala virus strains from Central Europe highlights the need for a full-genome perspective on hantavirus evolution. *Virus Genes*. 2017; 53(6):913–7. DOI: 10.1007/s11262-017-1484-5.
1. Ivanova A.V., Savitskaya T.A., Magerramov Sh.V., Neishtadt Ya.A., Trifonov V.A., Reshetnikova I.D., Isaeva G.Sh., Khusainova R.M., Salikhova D.M., Trankvilevsky D.V. [Hemorrhagic fever with renal syndrome: the current state of the problem in the Russian Federation and assessment of epidemiological risks for 2025]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; (2):17–28. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-2-17-28.
2. Zyryanov P.M., Matrosov A.N., Ivanova A.V., Popov N.V. [Review of the number of carriers and vectors of zoonotic diseases, the epizootic and epidemiological situation in the Volga Federal District in 2024 and the forecast for the first half of 2025]. (Cited 15 July 2025). [Internet]. Available from: [https://microbe.ru/files/PFO\\_rev2024\\_prog2025\\_1.pdf](https://microbe.ru/files/PFO_rev2024_prog2025_1.pdf).
3. Tkachenko E., Kurashova S., Balkina A., Ivanov A., Egorova M., Leonovich O., Popova Y., Teodorovich R., Belyakova A., Tkachenko P., Trankvilevsky D., Blinova E., Ishmukhametov A., Dzagurova T. Cases of hemorrhagic fever with renal syndrome in Russia during 2000–2022. *Viruses*. 2023; 15(7):1537. DOI: 10.3390/v15071537.
4. ICTV. International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV). 2024. (Cited 15 July 2025). [Internet]. Available from: <https://ictv.global/taxonomy>.
5. Filipi K., Marková S., Searle J.B., Kotlík P. Mitogenomic phylogenetics of the bank vole *Clethrionomys glareolus*, a model system for studying end-glacial colonization of Europe. *Mol. Phylogenet. Evol.* 2015; 82(Pt. A):245–57. DOI: 10.1016/j.ympev.2014.10.016.
6. Plyusnin A., Vapalahti O., Vaheri A. Hantaviruses: genome structure, expression and evolution. *J. Gen. Virol.* 1996; 77(Pt. 11):2677–87. DOI: 10.1099/0022-1317-77-11-2677.
7. Castel G., Chevenet F., Razzauti M., Murri S., Marianneau P., Cosson J.F., Tordo N., Plyusnin A. Phylogeography of Puumala orthohantavirus in Europe. *Viruses*. 2019; 11(8):679. DOI: 10.3390/v11080679.
8. Blinova E., Deviatkin A., Makenov M., Popova Y., Dzagurova T. Evolutionary formation and distribution of Puumala virus genome variants, Russia. *Emerg. Infect. Dis.* 2023; 29(7):1420–4. DOI: 10.3201/eid2907.221731.
9. Ramsden C., Melo F.L., Figueiredo L.M., Holmes E.C., Zanotto P.M.; VGDN Consortium. High rates of molecular evolution in hantaviruses. *Mol. Biol. Evol.* 2008; 25(7):1488–92. DOI: 10.1093/molbev/msn093.
10. Souza W.M., Bello G., Amarilla A.A., Alfonso H.L., Aquino V.H., Figueiredo L.T. Phylogeography and evolutionary history of rodent-borne hantaviruses. *Infect. Genet. Evol.* 2014; 21:198–204. DOI: 10.1016/j.meegid.2013.11.015.
11. Klempa B. Reassortment events in the evolution of hantaviruses. *Virus Genes*. 2018; 54(5):638–46. DOI: 10.1007/s11262-018-1590-z.
12. Razzauti M., Plyusnina A., Henttonen H., Plyusnin A. Accumulation of point mutations and reassortment of genomic RNA segments are involved in the microevolution of Puumala hantavirus in a bank vole (*Myodes glareolus*) population. *J. Gen. Virol.* 2008; 89(Pt. 7):1649–60. DOI: 10.1099/vir.0.2008/001248-0.
13. Razzauti M., Plyusnina A., Sironen T., Henttonen H., Plyusnin A. Analysis of Puumala hantavirus in a bank vole population in northern Finland: evidence for co-circulation of two genetic lineages and frequent reassortment between strains. *J. Gen. Virol.* 2009; 90(Pt. 8):1923–31. DOI: 10.1099/vir.0.011304-0.
14. Razzauti M., Plyusnina A., Henttonen H., Plyusnin A. Microevolution of Puumala hantavirus during a complete population cycle of its host, the bank vole (*Myodes glareolus*). *PLoS One*. 2013; 8(5):e64447. DOI: 10.1371/journal.pone.0064447.
15. Davidyuk Y., Shamsutdinov A., Kabwe E., Ismagilova R., Martynova E., Belyaev A., Shuralev E., Trifonov V., Savitskaya T., Isaeva G., Khaiboullina S., Rizvanov A., Morzunov S. Prevalence of the Puumala orthohantavirus strains in the Pre-Kama Area of the Republic of Tatarstan, Russia. *Pathogens*. 2020; 9(7):540. DOI: 10.3390/pathogens9070540.
16. Davidyuk Y.N., Kabwe E., Shamsutdinov A.F., Knyazeva A.V., Martynova E.V., Ismagilova R.K., Trifonov V.A., Savitskaya T.A., Isaeva G.S., Urbanowicz R.A., Khaiboullina S.F., Rizvanov A.A., Morzunov S.P. The Distribution of Puumala orthohantavirus genome variants correlates with the regional landscapes in the Trans-Kama Area of the Republic of Tatarstan. *Pathogens*. 2021; 10(9):1169. DOI: 10.3390/pathogens10091169.
17. Kabwe E., Shamsutdinov A.F., Suleimanova S., Martynova E.V., Ismagilova R.K., Shakirova V.G., Savitskaya T.A., Isaeva G.S., Rizvanov A.A., Khaiboullina S.F., Morzunov S.P., Davidyuk Y.N. Puumala orthohantavirus reassortant genome variants likely emerging in the watershed forests. *Int. J. Mol. Sci.* 2023; 24(2):1018. DOI: 10.3390/ijms24021018.
18. Kariwa H., Tkachenko E.A., Morozov V.G., Seto T., Tanikawa Y., Kolominov S.I., Belov S.N., Nakamura I., Hashimoto N., Balakiev A.E., Dzagnunova T.K., Daud N.H., Miyashita D., Medvedkina O.A., Nakauchi M., Ishizuka M., Yoshii K., Yoshimatsu K., Arikawa J., Takashima I. Epidemiological study of hantavirus infection in the Samara Region of European Russia. *J. Vet. Med. Sci.* 2009; 71(12):1569–78. DOI: 10.1292/jvms.001569.
19. Okonechnikov K., Golosova O., Fursov M.; UGENE team. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. *Bioinformatics*. 2012; 28(8):1166–7. DOI: 10.1093/bioinformatics/bts091.
20. Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A., Kumar S. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* 2013; 30(12):2725–9. DOI: 10.1093/molbev/mst197.
21. Szabó R., Radosa L., Ličková M., Sláviková M., Heroldová M., Stanko M., Pejčoch M., Osterberg A., Laenen L., Schex S., Ulrich R.G., Essbauer S., Maes P., Klempa B. Phylogenetic analysis of Puumala virus strains from Central Europe highlights the need for a full-genome perspective on hantavirus evolution. *Virus Genes*. 2017; 53(6):913–7. DOI: 10.1007/s11262-017-1484-5.

#### Authors:

**Tyurin Yu.A.** Kazan Research Institute of Epidemiology and Microbiology; 67, Bolshaya Krasnaya St., Kazan, 420015, Russian Federation; e-mail: kniem@mail.ru. Kazan State Medical University; 49, Butlerova St., Kazan, 420012, Russian Federation.  
**Savitskaya T.A., Kulikov S.N.** Kazan Research Institute of Epidemiology and Microbiology. 67, Bolshaya Krasnaya St., Kazan, 420015, Russian Federation. E-mail: kniem@mail.ru.

*Ivanova A.V.* Russian Research Anti-Plague Institute “Microbe”. 46, Universitetskaya St., Saratov, 410005, Russian Federation. E-mail: rusrapi@microbe.ru.

*Reshetnikova I.D., Elboeva P.I.* Kazan Research Institute of Epidemiology and Microbiology; 67, Bolshaya Krasnaya St., Kazan, 420015, Russian Federation; e-mail: kniem@mail.ru. Kazan (Volga Region) Federal University; 18, Kremlevskaya St., Kazan, 420111, Russian Federation.

*Patyashina M.A.* Rosпотребнадзор Administration in the Republic of Tatarstan; 30, Bolshaya Krasnaya St., Kazan, 420111, Russian Federation; e-mail: RPN.RT@tatar.ru. Kazan State Medical Academy – Affiliated Branch of the Federal State Budgetary Educational Institution of Continuing Professional Education “Russian Medical Academy of Continuing Professional Education”; 36, Butlerova St., 420012, Kazan, Russian Federation.

*Davidyuk Yu.N., Kabwe E., Nasyrov T.R.* Kazan (Volga Region) Federal University. 18, Kremlevskaya St., Kazan, 420111, Russian Federation.

#### Об авторах:

*Тюрин Ю.А.* Казанский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии; Российская Федерация, 420015, Казань, ул. Большая Красная, 67; e-mail: kniem@mail.ru. Казанский государственный медицинский университет; Российская Федерация, 420012, Казань, ул. Бутлерова, 49.

*Савицкая Т.А., Куликов С.Н.* Казанский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии. Российская Федерация, 420015, Казань, ул. Большая Красная, 67. E-mail: kniem@mail.ru.

*Иванова А.В.* Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб». Российская Федерация, 410005, Саратов, ул. Университетская, 46. E-mail: rusrapi@microbe.ru.

*Решетникова И.Д., Елбоева П.И.* Казанский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии; Российская Федерация, 420015, Казань, ул. Большая Красная, 67; e-mail: kniem@mail.ru. Казанский (Приволжский) федеральный университет; Российская Федерация, 420111, Казань, Кремлевская ул., 18.

*Патяшина М.А.* Управление Роспотребнадзора по Республике Татарстан; Российская Федерация, 420111, Казань, ул. Большая Красная, 30; e-mail: RPN.RT@tatar.ru. КГМА – филиал ФГБОУ ДПО РМАНПО Минздрава России; Российская Федерация, 420012, Казань, ул. Бутлерова, 36.

*Давидюк Ю.Н., Кабве Э., Насыров Т.Р.* Казанский (Приволжский) федеральный университет. Российская Федерация, 420111, Казань, Кремлевская ул., 18.

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

УДК 616.98:579.841.93(470.64)

А.А. Хачатурова<sup>1</sup>, Д.Г. Пономаренко<sup>1</sup>, Д.А. Ковалев<sup>1</sup>, С.В. Писаренко<sup>1</sup>, И.В. Жаринова<sup>1</sup>,  
Ю.В. Кондратьева<sup>1</sup>, М.В. Костюченко<sup>1</sup>, З.В. Черкесова<sup>2</sup>, Р.Д. Нахушева<sup>2</sup>, И.А. Гадиев<sup>3</sup>,  
Ж.А. Пагов<sup>3</sup>, А.Н. Куличенко<sup>1</sup>

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

<sup>1</sup>ФКУЗ «Ставропольский научно-исследовательский противочумный институт», Ставрополь, Российская Федерация;

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

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

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

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

Корреспондирующий автор: Хачатурова Анна Андреевна, e-mail: hachaturova\_aa@snipchi.ru.

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

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

A.A. Khachaturova<sup>1</sup>, D.G. Ponomarenko<sup>1</sup>, D.A. Kovalev<sup>1</sup>, S.V. Pisarenko<sup>1</sup>, I.V. Zharinova<sup>1</sup>,  
Yu.V. Kondratieva<sup>1</sup>, M.V. Kostyuchenko<sup>1</sup>, Z.V. Cherkesova<sup>2</sup>, R.D. Nakhushcheva<sup>2</sup>, I.A. Gadiev<sup>3</sup>,  
Zh.A. Pagov<sup>3</sup>, A.N. Kulichenko<sup>1</sup>

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

<sup>1</sup>Stavropol Research Anti-Plague Institute, Stavropol, Russian Federation;

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

<sup>3</sup>Rospotrebnadzor Administration in the Kabardino-Balkarian Republic, Nalchik, Russian Federation

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

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

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

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

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

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

**Corresponding author:** Anna A. Khachaturova, e-mail: hachaturova\_aa@snipchi.ru.

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

Received 03.04.2025. Revised 19.06.2025. Accepted 28.08.2025.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

### Материалы и методы

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

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

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

### Результаты и обсуждение

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

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

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

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

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

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

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

Таблица 1 / Table 1

## Результаты комплексного обследования людей на бруцеллез в эпидемическом очаге с групповой заболеваемостью

## Results of a comprehensive examination of people for brucellosis in an epidemic focus with group incidence

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

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

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

Таблица 2 / Table 2

## Доминирующие симптомы у заболевших бруцеллезом в эпидемическом очаге с групповой заболеваемостью

## Dominant symptoms in patients with brucellosis in an epidemic focus with group incidence

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

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

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

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

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

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

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

Генотипирование на основе полногеномного SNP-анализа 467 штаммов *B. melitensis* позволило установить филогенетическую связь выделенных из группового эпидемического очага штаммов с другими представителями вида. Анализ глобального филогенетического дерева показал, что все ранее исследованные российские изоляты принадлежат к четырем подгенотипам генетической линии II: IIb, IIh, IIg и IIi [23]. Изучаемые культуры *B. melitensis* C-737, *B. melitensis* C-738 по уникальному (специфичному) SNP-маркеру – несинонимичной нуклеотидной замене (c1212239t, CGT[R] => TGT[C]) в гене BME\_RS05855 (O-acetylhomoserineaminocarboxypropyltransferase), локализованной на хромосоме I, – отнесены к наиболее распространенной на юге европейской территории России генетической линии II, подгенотипу IIi.

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

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

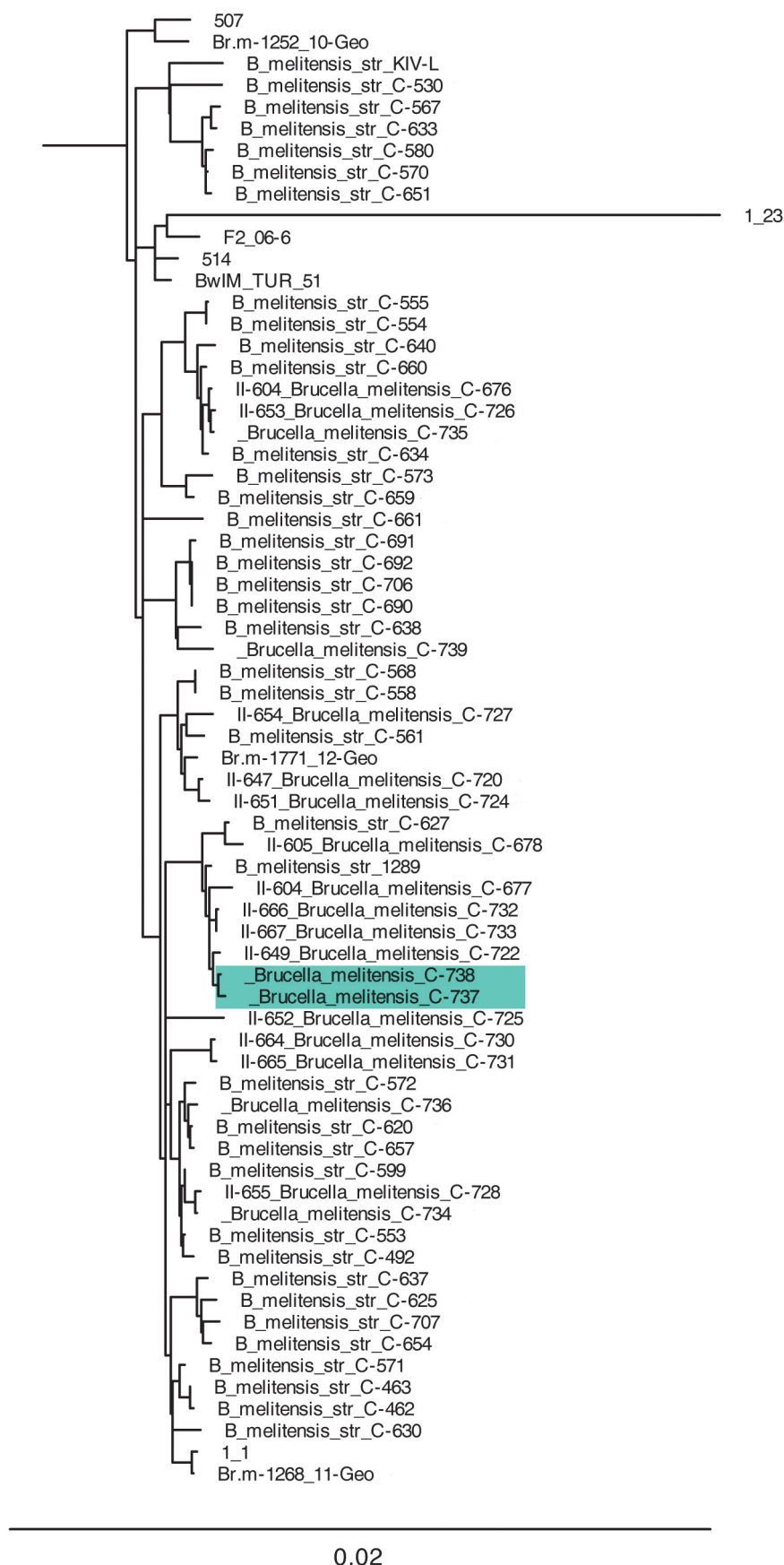


Рис. 1. Фрагмент филогенетического дерева, построенного на основе wgSNP-анализа 467 штаммов *B. melitensis*

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

## Список литературы

1. Намруева Л.В., Иванов Н.П. Тренды, проблемы и перспективы развития животноводства на юге России. *Вестник Волгоградского государственного университета. Серия 3: Экономика. Экология*. 2018; (1):55–63. DOI: 10.15688/jvolsu3.2018.1.6.
2. Пономаренко Д.Г., Скударева О.Н., Хачатурова А.А., Германова А.Н., Лукашевич Д.Е., Логвиненко О.В., Ракитина Е.Л., Костюченко М.В., Зинченко Д.А., Семенко О.В., Малецкая О.В., Куличенко А.Н. Об эпизоотолого-эпидемиологической ситуации по бруцеллезу в мире в 2011–2020 гг. и прогноз на 2021 г. в Российской Федерации. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2021; (2):41–51. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-2-41-51.
3. Санникова И.В., Махиня О.В., Малеев В.В., Дейнека Д.А., Голубь О.Г., Ковальчук И.В., Лямкин Г.И. Бруцеллез в Ставропольском крае: результаты 15-летнего наблюдения эпидемиологических и клинических особенностей. *Терапевтический архив*. 2015; 87(11):11–7. DOI: 10.17116/terarkh2015871111-17.
4. Онищенко Г.Г., Куличенко А.Н., редакторы. Бруцеллез. Современное состояние проблемы. Изд. 2-е, доп. Нижний Новгород: Союзполиграф: Кириллица; 2021. 356 с.
5. Пономаренко Д.Г., Матвиенко А.Д., Хачатурова А.А., Жаринова И.В., Скударева О.Н., Транквиловский Д.В., Логвиненко О.В., Ракитина Е.Л., Костюченко М.В., Кондратьева Ю.В., Малецкая О.В., Куличенко А.Н. Анализ ситуации по бруцеллезу в мире и Российской Федерации. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2024; (2):36–50. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-36-50.
6. Пономаренко Д.Г., Хачатурова А.А., Ковалев Д.А., Скударева О.Н., Лукашевич Д.Е., Жаринова И.В., Даурова А.В., Германова А.Н., Логвиненко О.В., Ракитина Е.Л., Костюченко

М.В., Кузнецова И.В., Шапаков Н.А., Бобрышева О.В., Писаренко С.В., Манин Е.А., Малецкая О.В., Куличенко А.Н. Анализ заболеваемости бруцеллезом и молекулярно-генетическая характеристика популяции бруцелл на территории Российской Федерации. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2023; (2):61–74. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-2-61-74.

7. Хачатурова А.А., Пономаренко Д.Г., Ковалев Д.А., Германова А.Н., Лукашевич Д.Е., Русанова Д.В., Сердюк Н.С., Семенко О.В., Жиров А.М., Катунина Л.С., Куличенко А.Н. Анализ заболеваемости людей бруцеллезом и молекулярно-биологическая характеристика изолятов *Brucella melitensis* на длительно неблагополучных по бруцеллезу территориях юга европейской части России. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2022; 99(1):63–74. DOI: 10.36233/0372-9311-185.

8. Жебрун А.Б. Молекулярная, геномная, метагеномная эпидемиология: перспективы. *Инфекция и иммунитет*. 2013; 3(2):105–6.

9. Кашникова А.Д., Быстрова Т.Н., Полянина А.В., Залесских А.А. Молекулярно-генетический мониторинг как компонент эпидемиологического надзора за гепатитом С. *Здоровье населения и среда обитания – 3НУСО*. 2022; 30(11):76–81. DOI: 10.35627/2219-5238/2022-30-11-76-81.

10. Осина Н.А., Касьян Ж.А., Касьян И.А., Ляшова О.Ю., Осин А.В. Определение видовой принадлежности штаммов бруцелл из фонда Государственной коллекции патогенных бактерий «Микроб» с помощью амплификационных и рестрикционных технологий. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2016; (4):69–74. DOI: 10.21055/0370-1069-2016-4-69-74.

11. Осянин К.А., Хаммадов Н.И., Миргазов Д.А., Косарев М.А., Софронова А.В. Специфичные нуклеотидные последовательности генома бруцеллы для видовой ПЦР индикации. *Ветеринарный врач*. 2020; (2):39–44. DOI: 10.33632/1998-698X.2020-2-39-44.

12. Le Flèche P., Jacques I., Grayon M., Al Dahouk S., Bouchon P., Denoeud F., Nöckler K., Neubauer H., Guilloteau L.A., Vergnaud G. Evaluation and selection of tandem repeat loci for a *Brucella* MLVA typing assay. *BMC Microbiol.* 2006; 6:9. DOI: 10.1186/1471-2180-6-9.

13. Ma J.Y., Wang H., Zhang X.F., Xu L.Q., Hu G.Y., Jiang H., Zhao H.Y., Piao D.R., Qin Y.M., Cui B.Y., Lin G.H. MLVA and MLST typing of *Brucella* from Qinghai, China. *Infect. Dis. Poverty*. 2016; 5:26. DOI: 10.1186/s40249-016-0123-z.

14. Wang X.H., Jiang H. [Global prevalence of human brucellosis]. *Zhonghua Liu Xing Bing Xue Za Zhi*. 2020; 41(10):1717–22. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338.20191022-00751.

15. Abdel-Ghli M.Y., Thomas P., Brandt C., Melzer F., Subbaiyan A., Chaudhuri P., Harmsen D., Jolley K.A., Janowicz A., Garofolo G., Neubauer H., Pletz M.W. Core genome multilocus sequence typing scheme for improved characterization and epidemiological surveillance of pathogenic *Brucella*. *J. Clin. Microbiol.* 2022; 60(8):e0031122. DOI: 10.1128/jcm.00311-22.

16. MLVA bank for Microbes Genotyping. [Электронный ресурс]. URL: <https://microbesgenotyping.i2bc.paris-saclay.fr/databases>.

17. National Center for Biotechnology Information (NCBI). [Электронный ресурс]. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/?taxon=234>.

18. De Massis F., Zilli K., Di Donato G., Nuvoloni R., Pelini S., Sacchini L., D'Alterio N., Di Giannatale E. Distribution of *Brucella* field strains isolated from livestock, wildlife populations, and humans in Italy from 2007 to 2015. *PLoS One*. 2019; 14(3):e0213689. DOI: 10.1371/journal.pone.0213689.

19. Foster J.T., Okinaka R.T., Svensson R., Shaw K., De B.K., Robison R.A., Probert W.S., Kenefic L.J., Brown W.D., Keim P. Real-time PCR assays of single-nucleotide polymorphisms defining the major *Brucella* clades. *J. Clin. Microbiol.* 2008; 46(1):296–301. DOI: 10.1128/JCM.01496-07.

20. Scholz H.C., Vergnaud G. Molecular characterisation of *Brucella* species. *Rev. Sci. Tech.* 2013; 32(1):149–62. DOI: 10.20506/rst.32.1.2189.

21. Захарова О.А., Евдокимова О.В., Кучер Д.Е. Диагностика, профилактика и лечение бруцеллеза: учебное пособие. Рязань: Рязанский государственный агротехнологический университет имени П.А. Костычева; 2023. 150 с.

22. Воробьев А.Л., Жакупбаев А.Ш., Гордиенко Л.Н., Воробьев Н.Н., Акулов В.И., Акулов И.В. Экология бруцелл и диагностика бруцеллеза (обзор). *Ветеринарная патология*. 2022; (4):28–34. DOI: 10.23947/1682-5616-2022-4-28-34.

23. Кузнецова И.В., Ковалев Д.А., Писаренко С.В., Бобрышева О.В., Шапаков Н.А., Жиров А.М., Сафонова Н.С., Пономаренко Д.Г., Хачатурова А.А., Жилченко Е.Б., Сердюк Н.С., Куличенко А.Н. Генетическая характеристика штаммов *Brucella melitensis*, выделенных на территории Российской Федерации, на основе данных анализа единичных нуклеотидных полиморфизмов при полногеномном секвенировании. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2024; (1):154–61. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-154-161.

## References

- Namrueva L.V., Ivanov N.P. [Trends, problems and prospects for the development of animal husbandry in the south of Russia]. *Vestnik Volgogradskogo Gosudarstvennogo Universiteta. Seriya 3: Ekonomika. Ekologiya* [Bulletin of the Volgograd State University. Series 3: Economy. Ecology]. 2018; (1):55–63. DOI: 10.15688/jvolsu3.2018.1.6.
- Ponomarenko D.G., Skudareva O.N., Khachaturova A.A., Germanova A.N., Lukashevich D.E., Logvinenko O.V., Rakitina E.L., Kostyuchenko M.V., Zinchenko D.A., Semenko O.V., Maletskaia O.V., Kulichenko A.N. [On the epizootiological and epidemiological situation on brucellosis in the world in 2011–2020 and forecast for 2021 in the Russian Federation]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2021; (2):41–51. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-2-41-51.
- Sannikova I.V., Makhinya O.V., Maleev V.V., Deineka D.A., Golub' O.G., Koval'chuk I.V., Lyamkin G.I. [Brucellosis in Stavropol Territory: results of 15-year observation of epidemiological and clinical features]. *Terapevtichesky Arkhiv* [Therapeutic Archive]. 2015; 87(11):11–7. DOI: 10.17116/terarkh2015871111-17.
- Onishchenko G.G., Kulichenko A.N., editors. [Brucellosis. Current State of the Problem] 2nd ed., suppl. Nizhny Novgorod: "Soyuzpoligraf"; "Kirillitsa"; 2021. 356 p.
- Ponomarenko D.G., Matvienko A.D., Khachaturova A.A., Zharinova I.V., Skudareva O.N., Trankvilevsky D.V., Logvinenko O.V., Rakitina E.L., Kostyuchenko M.V., Kondratieva Yu.V., Maletskaia O.V., Kulichenko A.N. [Analysis of the situation on brucellosis in the world and the Russian Federation]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2024; (2):36–50. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-36-50.
- Ponomarenko D.G., Khachaturova A.A., Kovalev D.A., Skudareva O.N., Lukashevich D.E., Zharinova I.V., Daurava A.V., Germanova A.N., Logvinenko O.V., Rakitina E.L., Kostyuchenko M.V., Kuznetsova I.V., Shapakov N.A., Bobrysheva O.V., Pisarenko S.V., Manin E.A., Maletskaia O.V., Kulichenko A.N. Analysis of brucellosis incidence and molecular-genetic characteristics of *Brucella* population in the territory of the Russian Federation. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2023; (2):61–74. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-2-61-74.
- Khachaturova A.A., Ponomarenko D.G., Kovalev D.A., Germanova A.N., Lukashevich D.E., Rusanova D.V., Serdyuk N.S., Semenko O.V., Zhirov A.M., Katunina L.S., Kulichenko A.N. [Analysis of human brucellosis incidence and molecular biological characteristics of *Brucella melitensis* isolates in the southern European part of Russia with a long-term unfavorable brucellosis risk areas]. *Zhurnal Mikrobiologii, Epidemiologii i Immunobiologii* [Journal of Microbiology, Epidemiology and Immunobiology]. 2022; 99(1):63–74. DOI: 10.36233/0372-9311-185.
- Zhebrun A.B. [Molecular, genomic, metagenomic epidemiology: prospects]. *Infektsiya i Immunitet* [Infection and Immunity]. 2013; 3(2):105–6.
- Kashnikova A.D., Bystrova T.N., Polyana A.V., Zaleskiy A.A. [Molecular genetic monitoring as a component of epidemiological surveillance of hepatitis C]. *Zdorovie Naseleniya i Sreda Obitaniya* [Public Health and Life Environment]. 2022; 30(11):76–81. DOI: 10.35627/2219-5238/2022-30-11-76-81.
- Osina N.A., Kas'yan Zh.A., Kas'yan I.A., Lyashova O.Yu., Osin A.V. [Determination of specific appurtenance of *Brucella* strains stored in the State Collection of Pathogenic Bacteria "Microbe", using amplification and restriction techniques]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2016; (4):69–74. DOI: 10.21055/0370-1069-2016-4-69-74.
- Osyaniy K.A., Khammatov N.I., Mirgazov D.A., Kosarev M.A., Sofronova A.V. [Specific nucleotide sequences of the *Brucella* genome for species-specific PCR indication]. *Veterinarny Vrach*. 2020; (2):39–44. DOI: 10.33632/1998-698X.2020-2-39-44.
- Le Flèche P., Jacques I., Grayon M., Al Dahouk S., Bouchon P., Denoeud F., Nöckler K., Neubauer H., Guilloteau L.A., Vergnaud G. Evaluation and selection of tandem repeat loci for a *Brucella* MLVA typing assay. *BMC Microbiol.* 2006; 6:9. DOI: 10.1186/1471-2180-6-9.
- Ma J.Y., Wang H., Zhang X.F., Xu L.Q., Hu G.Y., Jiang H., Zhao F., Zhao H.Y., Piao D.R., Qin Y.M., Cui B.Y., Lin G.H. MLVA and MLST typing of *Brucella* from Qinghai, China. *Infect. Dis. Poverty*. 2016; 5:26. DOI: 10.1186/s40249-016-0123-z.
- Wang X.H., Jiang H. [Global prevalence of human brucellosis]. *Zhonghua Liu Xing Bing Xue Za Zhi*. 2020; 41(10):1717–22. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20191022-00751.
- Abdel-Gilil M.Y., Thomas P., Brandt C., Melzer F., Subbaiyan A., Chaudhuri P., Harmsen D., Jolley K.A., Janowicz A., Garofolo G., Neubauer H., Pletz M.W. Core genome multilocus sequence typing scheme for improved characterization and epidemiological surveillance of pathogenic *Brucella*. *J. Clin. Microbiol.* 2022; 60(8):e0031122. DOI: 10.1128/jcm.00311-22.
- MLVA bank for Microbes Genotyping. [Internet]. Available from: <https://microbesgenotyping.i2bc.paris-saclay.fr/databases>.
- National Center for Biotechnology Information (NCBI). [Internet]. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/?taxon=234>.
- De Massis F., Zilli K., Di Donato G., Nuvoloni R., Pelini S., Sacchini L., D'Alterio N., Di Giannatale E. Distribution of *Brucella* field strains isolated from livestock, wildlife populations, and humans in Italy from 2007 to 2015. *PLoS One*. 2019; 14(3):e0213689. DOI: 10.1371/journal.pone.0213689.
- Foster J.T., Okinaka R.T., Svensson R., Shaw K., De B.K., Robison R.A., Probert W.S., Kenefic L.J., Brown W.D., Keim P. Real-time PCR assays of single-nucleotide polymorphisms defining the major *Brucella* clades. *J. Clin. Microbiol.* 2008; 46(1):296–301. DOI: 10.1128/JCM.01496-07.
- Scholz H.C., Vergnaud G. Molecular characterisation of *Brucella* species. *Rev. Sci. Tech.* 2013; 32(1):149–62. DOI: 10.20506/rst.32.1.2189.
- Zakharova O.A., Evdokimova O.V., Kucher D.E. [Diagnostics, Prevention and Treatment of Brucellosis: a Tutorial]. Ryazan: Ryazan State Agrarian University; 2023. 150 p.
- Vorobyov A.L., Zhakupbaev A.Sh., Gordienko L.N., Vorobyov N.N., Akulov V.I., Akulov I.V. [Ecology of brucella and diagnostics of brucellosis (review)]. *Veterinarnaya Patologiya* [Veterinary Pathology]. 2022; (4):28–34. DOI: 10.23947/1682-5616-2022-4-28-34.
- Kuznetsova I.V., Kovalev D.A., Pisarenko S.V., Bobrysheva O.V., Shapakov N.A., Zhirov A.M., Safonova N.S., Ponomarenko D.G., Khachaturova A.A., Zhilchenko E.B., Serdyuk N.S., Kulichenko A.N. [Genetic profile of *Brucella melitensis* strains isolated on the territory of the Russian Federation, based on analysis of single nucleotide polymorphisms following whole genome sequencing]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2024; (1):154–61. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-154-161.

## Authors:

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

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

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

## Об авторах:

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

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

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

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-149-155

УДК 614.4:616.9

А.В. Цай<sup>1</sup>, Н.Л. Пичурина<sup>1</sup>, **А.К. Носков<sup>1</sup>**, О.П. Добровольский<sup>1</sup>, А.П. Хаметова<sup>1</sup>, М.В. Забашта<sup>1</sup>,  
Н.В. Панасюк<sup>1,2</sup>, А.В. Забашта<sup>1</sup>**Активность природных очагов инфекционных болезней на территории Ростовской области, Донецкой и Луганской народных республик**<sup>1</sup>ФКУЗ «Ростовский-на-Дону научно-исследовательский противочумный институт», Ростов-на-Дону, Российская Федерация;<sup>2</sup>ФГБУН «Федеральный исследовательский центр Южный научный центр Российской академии наук», Ростов-на-Дону, Российская Федерация

**Цель работы** – анализ современного состояния природных очагов туляремии, лептоспирозов, иксодовых клещевых боррелиозов (ИКБ), лихорадки Западного Нила (ЛЗН), Крымской геморрагической лихорадки (КГЛ) и геморрагической лихорадки с почечным синдромом (ГЛПС) на территориях Ростовской области, Донецкой (ДНР) и Луганской (ЛНР) народных республик по данным на 2023 г. **Материалы и методы.** Исследование проб полевого материала, в который вошли 2782 экземпляра иксодовых клещей 6 видов, 9874 экземпляра кровососущих комаров 12 видов и 2974 экземпляра мелких млекопитающих 17 видов, собранного в 2023 г. на территориях Ростовской области, ДНР и ЛНР, проводили на наличие маркеров возбудителей КГЛ, ЛЗН, ГЛПС, ИКБ, туляремии и лептоспирозов. Индикацию инфекционных агентов осуществляли при помощи бактериологических, серологических и молекулярно-генетических методов. **Результаты и обсуждение.** На территории Ростовской области выделено 5 культур возбудителя туляремии и подтверждено наличие маркеров туляремии (положительные пробы в ПЦР – 11 проб, в РНАт – 15), ИКБ (12 положительных проб в ПЦР), ЛЗН (положительные пробы в ПЦР – 1, в ИФА – 2) и КГЛ (положительные пробы в ПЦР – 10, в ИФА – 5). В ДНР зарегистрированы маркеры возбудителей туляремии (выделено 6 чистых культур, положительные пробы в ПЦР – 1, в РНАт – 50), ИКБ (93 положительные пробы в ПЦР), лептоспирозов (1 положительная проба в ПЦР), ЛЗН (1 положительная проба в ИФА), КГЛ (положительные пробы в ПЦР – 1, в ИФА – 2), а также ГЛПС (8 положительных проб в ИФА). На территории ЛНР обнаружены маркеры возбудителей туляремии (выделена 1 чистая культура, положительные пробы в ПЦР – 14, в РНАт – 49), ИКБ (65 положительных проб в ПЦР), лептоспирозов (1 положительная проба в ПЦР) и ГЛПС (12 положительных проб в ИФА). Таким образом, на территории Ростовской области, ДНР и ЛНР сформирована общая структура паразитарной системы активных природных очагов инфекционных болезней, функционирующая в составе единого ландшафтно-экологического комплекса.

**Ключевые слова:** природно-очаговые инфекции, эпизоотологическое обследование, заболеваемость.

Корреспондирующий автор: Цай Александр Владимирович, e-mail: tsay\_av@antiplague.ru.

Для цитирования: Цай А.В., Пичурина Н.Л., Носков А.К., Добровольский О.П., Хаметова А.П., Забашта М.В., Панасюк Н.В., Забашта А.В. Активность природных очагов инфекционных болезней на территории Ростовской области, Донецкой и Луганской народных республик. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 4:149–155. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-149-155

Поступила 16.08.2024. Отправлена на доработку 27.12.2024. Принята к публикации 14.11.2025.

A.V. Tsaj<sup>1</sup>, N.L. Pichurina<sup>1</sup>, **A.K. Noskov<sup>1</sup>**, O.P. Dobrovol'sky<sup>1</sup>, A.P. Khametova<sup>1</sup>, M.V. Zabashta<sup>1</sup>,  
N.V. Panasyuk<sup>1,2</sup>, A.V. Zabashta<sup>1</sup>**Activity of Natural Foci of Infectious Diseases in the Territory of the Rostov Region, Donetsk and Lugansk People's Republics**<sup>1</sup>Rostov-on-Don Research Anti-Plague Institute, Rostov-on-Don, Russian Federation;<sup>2</sup>Federal Research Center Southern Scientific Center of the Russian Academy of Sciences, Rostov-on-Don, Russian Federation

**Abstract.** The aim of the work was to assess the state of natural foci of tularemia, Ixodidae tick-borne borrelioses (ITBB), West Nile fever (WNF), Crimean hemorrhagic fever (CHF) and hemorrhagic fever with renal syndrome (HFRS) in the territories of the Rostov Region, Donetsk and Lugansk People's Republics as of 2023. **Materials and methods.** The study of field material samples, which included 2782 specimens of Ixodidae ticks of six species, 9874 specimens of blood-sucking mosquitoes of 12 species and 2974 specimens of small mammals of 17 species, collected in 2023 in the territories of the Rostov Region, Donetsk and Lugansk People's Republics, was carried out for the presence of markers of CCHF, WNV, HFRS, Lyme disease, tularemia and leptospirosis pathogens. Infectious agents were indicated using bacteriological, serological and molecular-genetic methods. **Results and discussion.** Five tularemia cultures were isolated in the Rostov Region and the presence of tularemia pathogen markers was confirmed (11 positive PCR samples and 15 positive antigen tests), as well as ITBB (12 positive PCR tests), WNF (one positive PCR test and two positive ELISA tests), and CCHF (10 positive PCR tests and five positive ELISA tests). In the Donetsk People's Republic, markers of tularemia pathogens (six pure cultures, one positive PCR test, and 50 positive antigen tests), ITBB (93 positive PCR tests), leptospirosis (one positive PCR test), WNF (one positive ELISA test), CHF (one positive PCR test and two positive ELISA tests), and HFRS (eight positive ELISA tests) were registered. Markers of tularemia pathogens (one pure culture, 14 positive PCR samples and 49 positive antigen tests), ITBB (65 positive PCR samples), leptospirosis (one positive PCR sample) and HFRS (12 positive ELISA samples) were detected on the territory of the Lugansk People's Republic. Thus, general structure of parasitic system of active natural foci of infectious diseases, functioning as part of integrated landscape-ecological complex, has been formed in the territory of the Rostov Region, Donetsk and Lugansk People's Republics.

**Key words:** natural-focal infections, epizootiological survey, morbidity.

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

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

*Corresponding author:* Alexander V. Tsaj, e-mail: tsaj\_av@antiplague.ru.

*Citation:* Tsaj A.V., Pichurina N.L., Noskov A.K., Dobrovol'sky O.P., Khametova A.P., Zabashta M.V., Panasyuk N.V., Zabashta A.V. Activity of Natural Foci of Infectious Diseases in the Territory of the Rostov Region, Donetsk and Lugansk People's Republics. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:149–155. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-149-155  
Received 16.08.2024. Revised 27.12.2024. Accepted 14.11.2025.

Tsaj A.V., ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-1905-3549>  
Pichurina N.L., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1876-5397>  
Noskov A.K., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0550-2221>  
Dobrovol'sky O.P., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0306-8724>

Khametova A.P., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4329-8340>  
Zabashta M.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2134-6476>  
Panasyuk N.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1965-6221>  
Zabashta A.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4052-4741>

Федеральной службой по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека (Роспотребнадзор) реализуется задача по обеспечению санитарно-эпидемиологического благополучия в Донецкой (ДНР) и Луганской (ЛНР) народных республиках [1, 2].

На территории Ростовской области, ДНР и ЛНР существуют природные очаги инфекций бактериальной (туляремия, иксодовые клещевые боррелиозы – ИКБ, лептоспирозы и др.) и вирусной (Крымская геморрагическая лихорадка – КГЛ, лихорадка Западного Нила – ЛЗН, геморрагическая лихорадка с почечным синдромом – ГЛПС, и др.) этиологии различной степени эпизоотической активности [3–8].

Исследуемые территории имеют множество сходных геолого-географических факторов, которые обуславливают ландшафтную идентичность местности. В сочетании с общим климатом, гидротермическими условиями и биоценотической структурой они образуют единую ландшафтно-климатическую зону на юге Восточно-Европейской равнины [9].

Развитая гидрография и большое количество природных зон создают благоприятные условия для функционирования широкого биоценотического разнообразия живых организмов, в том числе носителей и переносчиков возбудителей природно-очаговых инфекций (ПОИ) [10–12]. Проводится активная работа по комплексному обследованию территорий республик с целью изучения активности природных очагов. Более того, проведенный ретроспективный анализ свидетельствует о схожести спектра циркулирующих этиологических агентов в Ростовской области, ДНР и ЛНР ввиду их расположения в общей ландшафтно-климатической зоне и видового состава носителей и переносчиков.

**Цель** исследования – изучение современного состояния природных очагов туляремии, лептоспирозов, ИКБ, ЛЗН, КГЛ и ГЛПС на территориях Ростовской области, Донецкой и Луганской народных республик по данным на 2023 г.

### Материалы и методы

В исследовании использованы данные эпизоотологического обследования (в соответствии с МР 3.1.7.0250-21), проведенного в 2023 г. на территории Ростовской области, ДНР и ЛНР:

– в Ростовской области: собрано на флаг 5 видов иксодовых клещей (511 экз.), сняты с прокормите-

лей (крупный рогатый скот – КРС, мелкие млекопитающие – ММ, собаки) 6 видов (283 экз.), отловлены кровососущие комары 12 видов (2856 экз.), а также 12 видов ММ (1127 экз.);

– в ДНР: собрано на флаг 5 видов иксодовых клещей (946 экз.), сняты с прокормителей (КРС, ММ, собаки) 6 видов (317 экз.), отловлены кровососущие комары 12 видов (4500 экз.), а также 11 видов ММ (757 экз.);

– в ЛНР: собрано на флаг 5 видов иксодовых клещей (409 экз.), сняты с прокормителей (КРС, ММ, собаки) 6 видов (316 экз.), отловлены кровососущие комары 12 видов (2518 экз.), а также 11 видов ММ (1090 экз.).

Лабораторный этап исследований полевого материала осуществлялся в стационарной лабораторной базе ФКУЗ Ростовский-на-Дону противочумный институт Роспотребнадзора.

Полученный полевой материал исследовали на комплекс возбудителей ПОИ бактериальной и вирусной этиологии: КГЛ, ЛЗН, ГЛПС, ИКБ, туляремии, лептоспирозов.

Материал исследован с применением молекулярно-генетических (ПЦР), серологических (ИФА, РНАт, РНГА, РА), биологических и бактериологических методов.

Сведения о случаях заболевания получены из данных мониторинга инфекционной заболеваемости ПОИ, проведенного специалистами ФКУЗ Ростовский-на-Дону противочумный институт Роспотребнадзора.

### Результаты и обсуждение

По результатам проведенного в 2023 г. эпизоотологического обследования исследуемых территорий установлен видовой состав потенциальных носителей и переносчиков возбудителей природно-очаговых болезней (ПОБ) (табл. 1, 2). В сочетании с данными о заболеваемости проведено лабораторное исследование собранных образцов на наличие маркеров возбудителей ПОИ (табл. 3).

Полученные данные сгруппированы по принципу этиологической принадлежности возбудителя.

**Группа бактериальных инфекций.** В результате полевого эпизоотологического мониторинга в сезон 2023 г. в Ростовской области определена высокая эпизоотическая активность природного очага туляремии, подтвержденная положительными находка-

Таблица 1 / Table 1

**Численность и видовой состав носителей возбудителей ПОИ**  
**The number and species composition of carriers of pathogens of natural-focal infections**

| Видовой состав<br>Species composition                 | Ростовская область<br>Rostov Region |      |                  | ДНР<br>Donetsk People's Republic |      |                  | ЛНР<br>Lugansk People's Republic |       |                  |
|-------------------------------------------------------|-------------------------------------|------|------------------|----------------------------------|------|------------------|----------------------------------|-------|------------------|
|                                                       | абс.*<br>abs.*                      | %**  | ИД (%)<br>DI (%) | абс.<br>abs.                     | %    | ИД (%)<br>DI (%) | абс.<br>abs.                     | %     | ИД (%)<br>DI (%) |
| Домовая мышь<br><i>Mus musculus</i>                   | 140                                 | 2,2  | 23,93            | 206                              | 2,6  | 27,22            | 125                              | 1,5   | 11,47            |
| Малая лесная мышь<br><i>Apodemus uralensis</i>        | 80                                  | 1,5  | 13,69            | 59                               | 0,7  | 7,79             | 384                              | 5     | 35,23            |
| Европейская лесная мышь<br><i>Apodemus sylvaticus</i> | 104                                 | 1,9  | 17,79            | 253                              | 3,05 | 33,45            | 8                                | 0,1   | 0,73             |
| Желтогорлая мышь<br><i>Apodemus flavicollis</i>       | 9                                   | 0,17 | 1,58             | 16                               | 0,18 | 2,15             | 109                              | 1,4   | 10,0             |
| Курганчиковая мышь<br><i>Mus spicilegus</i>           | 29                                  | 0,5  | 4,96             | 59                               | 0,75 | 7,79             | 130                              | 1,8   | 11,93            |
| Обыкновенная полевка<br><i>Microtus arvalis</i>       | 119                                 | 1,4  | 20,36            | 47                               | 0,83 | 6,24             | 202                              | 2,5   | 18,53            |
| Общественная полевка<br><i>Microtus socialis</i>      | 35                                  | 0,6  | 5,98             | 11                               | 0,13 | 1,45             | –                                | –     | –                |
| Серый хомячок<br><i>Cricetulus migratorius</i>        | 15                                  | 0,36 | 2,59             | 21                               | 0,35 | 2,77             | 30                               | 0,35  | 2,75             |
| Серая крыса<br><i>Rattus norvegicus</i>               | 5                                   | 0,1  | 0,87             | 17                               | 0,3  | 2,23             | –                                | –     | –                |
| Малая белозубка<br><i>Crocidura suaveolens</i>        | 39                                  | 0,4  | 6,67             | 66                               | 0,83 | 8,75             | 55                               | 0,7   | 5,05             |
| Обыкновенная бурозубка<br><i>Sorex araneus</i>        | 8                                   | 0,13 | 1,39             | 1                                | 0,03 | 0,16             | 11                               | 0,15  | 1,01             |
| Мышь-малютка<br><i>Micromys minutus</i>               | –                                   | –    | –                | –                                | –    | –                | 3                                | 0,05  | 0,28             |
| Рыжая полевка<br><i>Myodes glareolus</i>              | 1                                   | 0,01 | 0,19             | –                                | –    | –                | 27                               | 0,3   | 2,48             |
| Подземная полевка<br><i>Microtus subterraneus</i>     | –                                   | –    | –                | –                                | –    | –                | 1                                | 0,01  | 0,09             |
| Лесная мышовка<br><i>Sicista betulina</i>             | –                                   | –    | –                | –                                | –    | –                | 1                                | 0,01  | 0,09             |
| Малая бурозубка<br><i>Sorex minutus</i>               | –                                   | –    | –                | –                                | –    | –                | 1                                | 0,01  | 0,09             |
| Лесная соня<br><i>Dryomys nitedula</i>                | –                                   | –    | –                | –                                | –    | –                | 3                                | 0,04  | 0,27             |
| Всего<br>Total                                        | 584                                 | 9,27 | 100              | 757                              | 9,75 | 100              | 1090                             | 13,88 | 100              |

Примечание: \* абсолютное число – количество отловленных ММ за год; \*\* процент попадаемости особей данного вида на 100 ловушко-суток; ИД (индекс доминирования) – доля особей данного вида среди всех отловленных особей в конкретном местообитании.

Note: \* abs. number – the number of small mammals captured during the year; \*\*capture rate for particular species per 100 trap-days; DI (Dominance Index) – share of specimens of particular species among all specimens captured in certain habitat.

ми маркеров туляремии микроба в биотических и абиотических объектах всех уровней природного очага ряда районов области. Установлен новый для региона носитель туляремии – мышь курганчиковая. Наибольшее число положительных результатов приходится на январь в Ремонтненском районе (где ранее эту инфекцию не регистрировали), в с. Киевка и его окрестностях, где был выявлен больной туляремией, что является основанием для отнесения указанного района к энзоотичным. В ходе эпизоотологического

мониторинга в том же году выделено три культуры *Francisella tularensis* из различных объектов полевого материала: заяц-русак (1) и малая белозубка (2).

В ДНР из проб клещей *Rhipicephalus rossicus*, собранных на территории Новоазовского района, изолировано пять культур *F. tularensis*. Специалистами ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Донецкой Народной Республике» также выделена культура *F. tularensis* из пробы воды р. Мокрый Еланчик на территории Тельмановского района.

Таблица 2 / Table 2

**Численность и видовой состав переносчиков возбудителей ПОИ**  
**The number and species composition of vectors of pathogens of natural-focal infections**

| Видовой состав<br>Species composition         | Ростовская область<br>Rostov Region        | ДНР<br>Donetsk People's Republic                | ЛНР<br>Lugansk People's Republic                   |
|-----------------------------------------------|--------------------------------------------|-------------------------------------------------|----------------------------------------------------|
| Иксодовые клещи / Ixodidae ticks              |                                            |                                                 |                                                    |
| <i>Ixodes ricinus</i>                         | 7 экз. фл/час<br>7 specimens flag/hour     | Единичные находки<br>Single finds               | 10 экз. фл/час<br>10 specimens flag/hour           |
| <i>Dermacentor marginatus</i>                 | 3,8 экз. фл/час<br>3,8 specimens flag/hour | 3,5 экз. фл/час<br>3,5 specimens flag/hour      | 5,7 экз. фл/час<br>5,7 specimens flag/hour         |
| <i>Rhipicephalus rossicus</i>                 | 10 экз. фл/час<br>10 specimens flag/hour   | 13 экз. фл/час<br>13 specimens flag/hour        | 14 экз. фл/час<br>14 specimens flag/hour           |
| <i>Haemaphysalis punctata</i>                 | Единичные находки<br>Single finds          | Единичные находки<br>Single finds               | Единичные находки<br>Single finds                  |
| <i>Dermacentor reticulatus</i>                | Единичные находки<br>Single finds          | 8 экз. фл/час<br>8 specimens flag/hour          | Единичные находки<br>Single finds                  |
| <i>Hyalomma marginatum</i>                    | Единичные находки<br>Single finds          | Единичные находки<br>Single finds               | Единичные находки<br>Single finds                  |
| Кровососущие комары / Bloodsucking mosquitoes |                                            |                                                 |                                                    |
| p. <i>Aedes</i>                               | 28 экз. / 20 мин<br>28 specimens / 20 min  | 35–40 экз. / 20 мин<br>35–40 specimens / 20 min | 192 экз./ловушко-ночь<br>192 specimens /trap-night |
| p. <i>Culex</i>                               | 20 экз. / 20 мин<br>20 specimens / 20 min  | Единичные находки<br>Single finds               | Единичные находки<br>Single finds                  |
| p. <i>Anopheles</i>                           | Единичные находки<br>Single finds          | Единичные находки<br>Single finds               | 202 экз./ловушко-ночь<br>202 specimens /trap-night |

Таблица 3 / Table 3

**Маркеры возбудителей и случаи заболевания ПОИ бактериальной и вирусной этиологии**  
**Markers of pathogens and cases of natural-focal infections of bacterial and viral etiology**

| Группа возбудителей<br>Group of pathogens | Нозологические единицы<br>Nosological units | Ростовская область<br>Rostov Region        |                                                                                                | ДНР<br>Donetsk People's Republic           |                                                                                             | ЛНР<br>Lugansk People's Republic           |                                                                                                |
|-------------------------------------------|---------------------------------------------|--------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------|
|                                           |                                             | Случаи заболевания<br>Cases of the disease | Положительные результаты<br>Positive findings                                                  | Случаи заболевания<br>Cases of the disease | Положительные результаты<br>Positive findings                                               | Случаи заболевания<br>Cases of the disease | Положительные результаты<br>Positive findings                                                  |
| Бактериальные / Bacterial                 | Туляремия<br>Tularemia                      | 2                                          | 5 культур<br>11 ДНК возбудителя<br>15 антигенов в РНАт<br>5 cultures<br>11 DNAs<br>15 antigens | 49                                         | 6 культур<br>1 ДНК возбудителя<br>50 антигенов в РНАт<br>6 cultures<br>1 DNA<br>50 antigens | –                                          | 1 культура<br>14 ДНК возбудителя<br>49 антигенов в РНАт<br>1 culture<br>14 DNAs<br>49 antigens |
|                                           | ИКБ<br>ITBB                                 | 17                                         | 12 ДНК возбудителя<br>12 DNAs                                                                  | 154                                        | 93 ДНК возбудителя<br>93 DNAs                                                               | 57                                         | 65 ДНК возбудителя<br>65 DNAs                                                                  |
|                                           | Лептоспирозы<br>Leptospiroses               | 6                                          | –                                                                                              | 2                                          | 2 ДНК возбудителя<br>1 DNA                                                                  | –                                          | 1 ДНК возбудителя<br>1 DNA                                                                     |
| Вирусные / Viral                          | ЛЗН<br>WNF                                  | 12                                         | 2 антигена в ИФА<br>1 РНК возбудителя<br>2 antigens<br>1 RNA                                   | 8                                          | 1 антиген в ИФА<br>1 antigen                                                                | –                                          | –                                                                                              |
|                                           | КГЛ<br>CCHF                                 | 5                                          | 10 РНК возбудителя<br>5 антигенов в ИФА<br>10 RNA<br>5 antigens                                | –                                          | 3 РНК возбудителя<br>6 антигенов в ИФА<br>3 RNA<br>6 antigens                               | –                                          | –                                                                                              |
|                                           | ГЛПС<br>HFRS                                | –                                          | –                                                                                              | –                                          | 10 антигенов в ИФА<br>10 antigens                                                           | –                                          | 7 антигенов в ИФА<br>7 antigens                                                                |

Результаты проведенных эпизоотологических обследований в ЛНР (выделение культуры *F. tularensis* в пробе *Hyalomma marginatum*, находки ДНК в ПЦР и специфического антигена в РНАт в пробах носителей и переносчиков) доказали циркуляцию туляремиального микроба в природном очаге туляремии степного типа.

Выделение культур на трех исследуемых территориях в один эпидемический сезон подтверждает гипотезу синхронной активности единого природного очага [13].

В Ростовской области положительными на боррелии группы *Borrelia burgdorferi* s.l. оказались пробы от малой лесной мыши (рекреационная зона г. Ростова-на-Дону, окрестности Голубого озера, дата отлова – 30.06.2023) и желтогорлой мыши (Куйбышевский район, окрестности с. Куйбышево, дата отлова – 15.05.2023). В качестве основных носителей возбудителя ИКБ в природных очагах области выступают такие виды, как малая лесная мышь, домовая мышь, восточноевропейская полевка и другие ММ. Спонтанная инфицированность боррелиями установлена для клещей *Ixodes ricinus*, *Rh. rossicus*, *Dermacentor reticulatus*, *H. marginatum* и *Ixodes redicorzevi*, собранных на флаг и снятых с прокормителей.

В ДНР обследовано семь районов, в шести из которых зарегистрированы положительные результаты ПЦР в пробах домовой мыши, европейской лесной мыши, малой лесной мыши и других ММ, а также клещей *I. ricinus*, *Rh. rossicus*, *D. reticulatus*, *D. marginatus* и *I. redicorzevi*. В ЛНР маркеры этиологического агента обнаружены в окрестностях г. Луганска и в семи обследованных районах в пробах желтогорлой мыши, обыкновенной полевки, малой лесной мыши и других ММ, а также клещей *I. ricinus*, *Rh. rossicus*, *D. reticulatus* и *D. marginatus*. Высокий уровень заболеваемости и широкое территориальное распространение во многом связаны с напряженной акарологической ситуацией вследствие снижения объемов неспецифической профилактики на фоне роста численности и широкого распространения иксодовых клещей, в том числе на антропогенно-низованных территориях.

Положительные результаты на лептоспироз в ДНР зарегистрированы в пробах от курганчиковой мыши и обыкновенной полевки, а в ЛНР – от малой лесной мыши.

В местах наибольшей концентрации ММ, ввиду отсутствия дератизационных мероприятий и наличия достаточной кормовой базы, возможна активизация эпизоотического процесса ПОИ.

**Группа вирусных инфекций.** Современный зооареал ЛЗН в Ростовской области включает 13 административных районов и рекреационные зоны семи городов (Ростов-на-Дону, Батайск, Каменск-Шахтинский, Новошахтинск, Таганрог, Шахты и Волгодонск). По результатам эпизоотологического обследования юго-восточных районов области мар-

керы возбудителя ЛЗН обнаружены в Ремонтненском районе в пробах от обыкновенной и общественной полевок в ИФА и от грача – в ПЦР. Полученные результаты свидетельствуют об участии потенциальных носителей и переносчиков в циркуляции вируса Западного Нила (ВЗН) и об активизации эпизоотии как в пойменных биотопах природного очага, так и в степных, где отмечена низкая численность и видовое разнообразие кровососущих комаров. Можно с уверенностью сказать о расширении территории циркуляции ВЗН, с включением северных и восточных районов Ростовской области (Ремонтненский, Тарасовский и Шолоховский районы), где ранее маркеры вируса в полевом материале не обнаруживали и/или выявлялись единичные находки.

В ДНР за 2023 г. в ходе лабораторных исследований выявлен антиген ВЗН в пробе от серой крысы в Старобешевском районе.

При сравнении структуры заболеваемости КГЛ в Ростовской области, ЛНР и ДНР особое внимание хотелось бы обратить на отсутствие регистрации заболеваемости на территории республик, в то время как в Ростовской области среди всех ПОИ данная инфекция занимает первое место по числу ежегодно регистрируемых случаев.

Однако все три территории находятся в пределах ареала обитания основного переносчика вируса КГЛ – *H. marginatum*. Наибольшая численность паразита представлена в ряде районов Ростовской области, Ставропольского края и Республики Калмыкия, прилежащих к Кумо-Манычской впадине. Популяции, населяющие данные территории, являются ядром ареала. На этих же территориях ежегодно регистрируются наибольшие показатели заболеваемости КГЛ [14]. В Ростовской области еще в 1987 г. были обнаружены комплементсвязывающие антитела в титрах 1:10 – 1:80 в 10,7 % исследуемых проб в сыворотках крови сельскохозяйственных животных. Эти данные представлены в диссертационном исследовании И.В. Кормиленко «Экологические и эпидемиологические аспекты Крымской геморрагической лихорадки, лихорадки Ку и иксодовых клещевых боррелиозов в Ростовской области», 2010 г. Территория, на которой выявлены серопозитивные пробы, расположена в потенциально опасной зоне по КГЛ. На территории Луганской области (сейчас ЛНР) были зафиксированы лишь три случая заболевания в 1969 г. [15, 16]. Западная граница ареала обитания клеща охватывает часть территорий ЛНР и ДНР, а также Запорожской и Херсонской областей [20]. В ДНР выявлена РНК возбудителя КГЛ в пробах от серого хомячка, *D. reticulatus*, снятого с собаки в Амвросиевском районе, и *Rh. rossicus* в Старобешевском районе, а также методом ИФА обнаружен антиген в пробах от домовой мыши из Тельмановского и Старобешевского районов, малой белозубки и курганчиковой мыши из Новоазовского и Старобешевского районов. В Ростовской области положительные результаты получены из проб

от ММ (серый хомячок, малая лесная мышь, домовая мышь и др.) и иксодовых клещей (*Rh. rossicus*, *D. reticulatus*).

В ДНР при исследовании проб от ММ положительные результаты ГЛПС в ИФА зарегистрированы в пробах от малой белозубки (4), европейской лесной мыши (3), домовой мыши (3), а в ЛНР – от малой белозубки (1), европейской лесной мыши (1), малой лесной мыши (1), серого хомячка (1), обыкновенной полевки (3).

Из представленных данных следует, что видовой состав носителей и переносчиков возбудителей ПОИ бактериальной и вирусной этиологии и их численность на территории Ростовской области, ДНР и ЛНР сходны, то есть на изучаемых территориях в однородной ландшафтно-климатической зоне существует схожий спектр ММ, иксодовых клещей и кровососущих комаров.

Таким образом, на территории Ростовской области, ДНР и ЛНР сформирована общая структура паразитарной системы активных природных очагов инфекционных болезней, функционирующая в составе единого ландшафтно-экологического комплекса.

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

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

### Список литературы

1. Коцалап С.А., Шинкарева Ю.Б. Исторические предпосылки и предложения по развитию Донбасса в условиях Российской Федерации. В кн.: Тенденции развития образования: Актуальные вопросы современных исследований: материалы XVII Всероссийской научно-практической конференции. Ростов-на-Дону; 2022. С. 161–8.
2. Колесников М., Кузнецов В. Мониторинг зооантропонозов и популяций мелких млекопитающих подразделениями СЭС. В кн.: Динаміка біорізноманіття: збірник наукових праць. Луганск; 2012. С. 44–7.
3. Хайтович А.Б., Коваленко И.С. Природные очаги инфекций на территории Украины. *Современные геоинформационные технологии*. 2006; (4):35. [Электронный ресурс]. URL: <https://arcreview.esri-cis.ru/2006/10/03/natural-foci-of-infections/>.
4. Кондратенко О., Загороднюк И. Склад і структура схожості мікротеріофаун заповідних ділянок східної частини України. *Ученые записки Таврического национального университета. Сер. Биология, Химия*. 2004; 17(2):82–9.
5. Коробченко М. Екологія природновогнищевих інфекцій за участю ссавців на Луганщині. *Праці Теріологічної Школи*. 2006; (7: Теріофауна сходу України):276–90.
6. Небогаткин И., Новохатний Ю. Картирование энзоотических территорий по особо опасным инфекциям. *СЕС. Профілактична медицина*. 2012; (6):62–4.
7. Пичурина Н.Л., Москвитина Э.А., Орехов И.В. Носители возбудителя туляремии в природных очагах Ростовской области. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2011; (5):21–4.
8. Хаметова А.П., Пичурина Н.Л., Забашта М.В., Орехов И.В., Куриленко М.Л. Современное состояние биocenотической структуры природных очагов туляремии в Ростовской области. В кн.: Актуальные вопросы инфектологии и экологии: сборник материалов Региональной междисциплинарной научной конференции молодых ученых. Ростов-на-Дону; 2018. С. 27–9.
9. Калесник С.В., редактор. Энциклопедический словарь географических терминов. М.: Советская энциклопедия; 1968. 437 с.
10. Цай А.В., Пичурина Н.Л., Носков А.К. Современное эпизоотолого-эпидемиологическое состояние природных очагов инфекционных болезней на территории Донбасского региона. В кн.: Куличенко А.Н., редактор. Актуальные проблемы болезней, общих для человека и животных: материалы

V Всероссийской научно-практической конференции с международным участием. Ставрополь; 2024. С. 97–9.

11. Миноранский В.А. Животный мир Ростовской области (состав, значение, сохранение разнообразия). Ростов-на-Дону; 2002. 360 с.

12. Стахеев В.В., Забашта А.В. О пределах распространения европейских видов мелких млекопитающих на юге европейской части России. В кн.: Млекопитающие России: фаунистика и вопросы териogeографии: сборник трудов конференции (Ростов-на-Дону, 17–19 апреля 2019 г.). М.; 2019. С. 281–4.

13. Добровольский О.П., Пичурина Н.Л., Орехов И.В., Полонский А.В., Гончаров А.Ю., Баташев В.В., Карпущенко Г.В., Ковалев Е.В., Киреев Ю.Г., Носков А.К. Сравнительный анализ биocenотической структуры носителей возбудителя туляремии в очагах степного типа приграничных территорий Ростовской области. *Пест-Менеджмент*. 2020; (3):13–9. DOI: 10.25732/PM.2020.115.3.002.

14. Онищенко Г.Г., Куличенко А.Н., редакторы. Крымская геморрагическая лихорадка. Воронеж: Фаворит; 2018. 288 с.

15. Бутенко А.М., Трусова И.Н. Заболеваемость Крымской геморрагической лихорадкой в странах Европы, Африки и Азии (1943–2012 гг.). *Эпидемиология и инфекционные болезни*. 2013; (5):46–8.

16. Öztürk Ş.B., Kırdar S., Ertuğrul M.B., Turan Ç., Türe M. A new endemic province of Crimean-Congo hemorrhagic fever in Turkey: Aydin. *Klimik Dergisi*. 2017; 30(1):9–14. DOI: 10.5152/kd.2017.02.

17. Akimov I.A., Nebogatkin I.V. Distribution of the ixodid tick *Hyalomma marginatum* (Ixodoidea, Ixodidae) in Ukraine. *Vestnik Zoologii*. 2011; 45(4):371–4. DOI: 10.2478/v10058-011-0022-5.

### References

1. Kotsalap S.A., Shinkareva Yu.B. [Historical background and proposals for the development of Donbass in the conditions of the Russian Federation]. In: [Trends in the Development of Education: Current Issues of Modern Research: Proceedings of the XVII All-Russian Scientific and Practical Conference]. Rostov-on-Don; 2022. P. 161–8.
2. Kolesnikov M., Kuznetsov V. [Monitoring of anthrozooses and populations of small mammals by units of the sanitary-epidemiological stations]. In: [Dynamics of Biodiversity: Collection of Scientific Works]. Lugansk; 2012. P. 44–7.
3. Khaitovich A.B., Kovalenko I.S. [Natural foci of infections on the territory of Ukraine]. *Sovremennyye Geoinformatsionnye Tekhnologii [Modern Geographic Information Technologies]*. 2006; (4):35. [Internet]. Available from: <https://arcreview.esri-cis.ru/2006/10/03/natural-foci-of-infections/>.
4. Kondratenko O., Zagorodnyuk I. [Composition and structure of similarity of microtheriofaunas on the preserved plots of Eastern Ukraine]. *Scientific Notes of the Tavria National University. Series Biology, Chemistry*. 2004; 17(2):82–9.
5. Korobchenko M. [Ecology of natural-focal infections involving mammals in the Lugansk region]. *Practices of Theriological School*. 2006; (7: Theriofauna of Ukraine):276–90.
6. Nebogatkin I., Novokhatny Yu. [Mapping of enzootic territories by particularly dangerous infections]. *SES. Preventive Medicine*. 2012; (6):62–4.
7. Pichurina N.L., Moskvitina E.A., Orekhov I.V. [Carriers of the causative agent of tularemia in natural foci of the Rostov Region]. *Epidemiologiya i Vaksynoprofilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2011; (5):21–4.
8. Khametova A.P., Pichurina N.L., Zabashta M.V., Orekhov I.V., Kurilenko M.L. [Current state of the biocenotic structure of natural foci of tularemia in the Rostov Region]. In: [Relevant Issues of Infectology and Ecology: the Collection of Materials of the Regional Interdisciplinary Scientific Conference of Young Scientists]. Rostov-on-Don; 2018. P. 27–9.
9. Kalesnik S.V., editor. [Encyclopedic Dictionary of Geographical Terms]. Moscow: "Soviet Encyclopedia"; 1968. 437 p.
10. Tsaj A.V., Pichurina N.L., Noskov A.K. [Current epizootiological and epidemiological state of natural foci of infectious diseases in the Donbass region]. In: Kulichenko A.N., editor. [Topical Issues of Diseases Common to Humans and Animals: Proceedings of the V All-Russian Scientific and Practical Conference with International Participation]. Stavropol; 2024. P. 97–9.
11. Minoransky V.A. [Fauna of the Rostov Region (Composition, Significance, Preservation of Diversity)]. Rostov-on-Don; 2002. 360 p.
12. Stakheev V.V., Zabashta A.V. [On the distribution limits of European species of small mammals in the south of the European part of Russia]. In: [Mammals of Russia: Faunistics and Issues of Theriogeography: Collection of Conference Proceedings (Rostov-on-Don, April 17–19, 2019)]. Moscow; 2019. P. 281–4.
13. Dobrovolsky O.P., Pichurina N.L., Orekhov I.V., Polonsky A.V., Goncharov A.Yu., Batashev V.V., Karpuschenko G.V., Kovalev E.V., Kireev Yu.G., Noskov A.K. [Comparative analysis of biocen-

tic structure of the tularemia agent carriers in the steppe-type foci of the border territories of the Rostov Region]. *Pest Management*. 2020; (3):13–9. DOI: 10.25732/PM.2020.115.3.002.

14. Onishchenko G.G., Kulichenko A.N., editors. [Crimean Hemorrhagic Fever]. Voronezh: "Favorit"; 2018. 288 p.

15. Butenko A.M., Trusova I.N. [Incidence of Crimean hemorrhagic fever in Europe, Africa and Asia (1943–2012)]. *Epidemiologiya i Infektsionnye Bolezni [Epidemiology and Infectious Diseases]*. 2013; (5):46–8.

16. Öztürk Ş.B., Kırdar S., Ertuğrul M.B., Turan Ç., Türe M. A new endemic province of Crimean-Congo hemorrhagic fever in Turkey: Aydın. *Klinik Dergisi*. 2017; 30(1):9–14. DOI: 10.5152/kd.2017.02.

17. Akimov I.A., Nebogatkin I.V. Distribution of the ixodid tick *Hyalomma marginatum* (Ixodoidea, Ixodidae) in Ukraine. *Vestnik Zoologii*. 2011; 45(4):371–4. DOI: 10.2478/v10058-011-0022-5.

#### Authors:

*Tsaj A.V., Pichurina N.L., Noskov A.K., Dobrovolsky O.P., Khametova A.P., Zabashita M.V., Zabashita A.V.* Rostov-on-Don Research Anti-Plague Institute. 117/40, M. Gor'kogo St., Rostov-on-Don, 344002, Russian Federation. E-mail: plague@aaanet.ru.

*Panasjuk N.V.* Rostov-on-Don Research Anti-Plague Institute; 117/40, M. Gor'kogo St., Rostov-on-Don, 344002, Russian Federation; e-mail: plague@aaanet.ru. Federal Research Center Southern Scientific Center of the Russian Academy of Sciences; 41, Chekhov Ave., Rostov-on-Don, 344006, Russian Federation; e-mail: ssc-ras@ssc-ras.ru.

#### Об авторах:

*Цай А.В., Пичурина Н.Л., Носков А.К., Добровольский О.П., Хаметова А.П., Забашита М.В., Забашита А.В.* Ростовский-на-Дону научно-исследовательский противочумный институт. Российская Федерация, 344002, Ростов-на-Дону, ул. М. Горького, 117/40. E-mail: plague@aaanet.ru.

*Панасюк Н.В.* Ростовский-на-Дону научно-исследовательский противочумный институт; Российская Федерация, 344002, Ростов-на-Дону, ул. М. Горького, 117/40; e-mail: plague@aaanet.ru. Федеральный исследовательский центр Южный научный центр Российской академии наук; Российская Федерация, 344006, Ростов-на-Дону, пр-т Чехова, 41; e-mail: ssc-ras@ssc-ras.ru.

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-156-162

УДК 579.842.11:579

Г.В. Чеховская, И.М. Крепостнова, Д.А. Рыбальченко, Е.Ю. Щелканова, Н.И. Смирнова

**Авирулентный пробиотический штамм *Escherichia coli*, продуцирующий В-субъединицу холерного токсина: получение, стабильность наследования и экспрессия клонированного гена *ctxB***

ФКВН «Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб», Саратов, Российская Федерация

**Цель исследования** – получение продуцента В-субъединицы холерного токсина на основе авирулентного пробиотического штамма *Escherichia coli* M-17, изучение его молекулярно-генетических и иммуногенных свойств. **Материалы и методы.** Использовали генетически маркированный штамм *E. coli* KS164 *thy polA* (pIEM3), содержащий рекомбинантную плазмиду с клонированным геном *ctxB*, кодирующим В-субъединицу холерного токсина, и авирулентный штамм *E. coli* M-17, применяемый для производства колисодержащих пробиотиков. Анализ штаммов проводили различными методами: молекулярно-генетическими, биохимическими и иммунологическими. **Результаты и обсуждение.** При введении методом конъюгации в клетки штамма *E. coli* M-17 рекомбинантной коинтеграционной плазмиды pIEM3(Km<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup>) с клонированным геном *ctxB* получены трансконъюганты Km<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup> с высоким уровнем продукции секретируемой В-субъединицы холерного токсина (10 мкг/мл), один из которых (KM147) взят в качестве штамма-продуцента этого протективного антигена. Показано, что сконструированный штамм *E. coli* KM147(pIEM3) Km<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup> стабильно наследует клонированный ген *ctxB* в составе рекомбинантной плазмиды, способен к образованию антитоксических антител у иммунизированных животных и безопасен для модельных животных. Совокупность этих свойств определяет перспективность его дальнейшего использования при конструировании профилактических и диагностических холерных препаратов.

**Ключевые слова:** *Escherichia coli*, рекомбинантная плазида, клонированный ген В-субъединицы холерного токсина, авирулентность, иммуногенность.

Корреспондирующий автор: Чеховская Галина Викторовна, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

Для цитирования: Чеховская Г.В., Крепостнова И.М., Рыбальченко Д.А., Щелканова Е.Ю., Смирнова Н.И. Авирулентный пробиотический штамм *Escherichia coli*, продуцирующий В-субъединицу холерного токсина: получение, стабильность наследования и экспрессия клонированного гена *ctxB*. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 4:156–162. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-156-162

Поступила 14.04.2025. Отправлена на доработку 08.07.2025. Принята к публикации 31.08.2025.

G.V. Chekhovskaya, I.M. Krepostnova, D.A. Rybal'chenko, E.Yu. Shchelkanova, N.I. Smirnova

**Avirulent Probiotic Strain of *Escherichia coli*, Producing the B-Subunit of Cholera Toxin: Obtainment, Stability of Inheritance, and Expression of the Cloned *ctxB* Gene**

Russian Research Anti-Plague Institute "Microbe", Saratov, Russian Federation

**Abstract.** The aim of the study was to obtain a cholera toxin B-subunit producer based on the avirulent probiotic strain *Escherichia coli* M-17 and to study its molecular-genetic and immunogenic properties. **Materials and methods.** The genetically marked *E. coli* KS164 *thy polA* (pIEM3) strain, containing a recombinant plasmid with the cloned *ctxB* gene encoding the B-subunit of cholera toxin, and the avirulent *E. coli* M-17 strain, applied for the production of coli-containing probiotics, were used. The strains were analyzed using various methods: molecular genetics, biochemistry, and immunology. **Results and discussion.** Through introducing the recombinant cointegrate plasmid pIEM3 (Km<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup>) with the cloned *ctxB* gene into *E. coli* M-17 cells via conjugation, Km<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup> transconjugants with high levels of secreted cholera toxin B-subunit production (10 µg/ml) were obtained. One of these transconjugants (KM147) was used as the producer strain for the protective antigen. It was demonstrated that the constructed *E. coli* strain KM147(pIEM3) Km<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup> stably inherits the cloned *ctxB* gene contained in the recombinant plasmid, is capable of producing antitoxic antibodies in immunized animals, and safe for the use in model animals. These properties combined make it promising for future use in the development of prophylactic and diagnostic cholera drugs.

**Key words:** *Escherichia coli*, recombinant plasmid, cloned cholera toxin B-subunit gene, avirulence, immunogenicity.

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

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

**Bioethics:** All animal experiments were conducted in accordance with the International Guidelines (Ethical Code) for Biomedical Research Involving Animals (1985) and the European Convention for the Protection of Vertebrate Animals used for Experimental and other Scientific Purposes ETS No. 123 (Strasbourg, 1986).

**Acknowledgements:** We express our sincere gratitude to Yu.V. Lozovsky, an officer of the Pathogenic Vibrio Laboratory, for his assistance with the preparation of this work.

Corresponding author: Galina V. Chekhovskaya, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

Citation: Chekhovskaya G.V., Krepostnova I.M., Rybal'chenko D.A., Shchelkanova E.Yu., Smirnova N.I. Avirulent Probiotic Strain of *Escherichia coli*, Producing the B-Subunit of Cholera Toxin: Obtainment, Stability of Inheritance, and Expression of the Cloned *ctxB* Gene. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:156–162. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-156-162

Received 14.04.2025. Revised 08.07.2025. Accepted 31.08.2025.

Chekhovskaya G.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3896-7762>  
 Krepostnova I.M., ORCID: <https://orcid.org/0009-0003-7100-9088>  
 Rybalchenko D.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3117-8229>

Shchelkanova E.Yu., ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-7163-206X>  
 Smirnova N.I., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7115-6286>

Заметное ухудшение эпидемиологической ситуации по холере в мире и реальный риск ее заноса в Россию из эндемичных стран, обусловленный высоким уровнем миграции населения, указывают на необходимость создания эффективных средств профилактики этой инфекции. В реализации патогенного действия возбудителя холеры ключевая роль принадлежит холерному токсину, или СТ (от cholera toxin), вызывающему развитие диареи – основного клинического симптома [1]. Таким образом, этот бактериальный токсин является очевидной мишенью для подавления и блокирования антителами при профилактике и лечении холеры.

Обеспечение высокого уровня защиты против холеры на основе формирования антитоксического иммунитета основано на понимании структуры и функции холерного токсина. К настоящему времени известно, что этот белок (84 кД) состоит из одной субъединицы А, отвечающей за его токсическую активность, и пяти нетоксичных субъединиц В, обеспечивающих связывание молекул токсина с клеточным рецептором, роль которого выполняет ганглиозид GM<sub>1</sub>, находящийся на поверхности эпителиальных клеток [2]. Структурные гены *ctxA* и *ctxB*, кодирующие биосинтез А- и В-субъединиц СТ, объединены в оперон *ctxAB*, входящий в состав умеренного фага СТХф, интегрированного в хромосому [3]. Транскрипционную активность генов *ctxAB* контролируют регуляторные гены *toxR*, *toxS*, *aphA*, *aphB*, *tcpT*, *tcpH*, *tcpP*, имеющие хромосомную локализацию [4].

Поскольку антитоксический иммунитет при холере определяется в основном антителами к В-субъединице СТ, то одним из перспективных путей создания противохолерных препаратов стало конструирование рекомбинантных плазмид, содержащих клонированный ген *ctxB*, для последующего создания авирулентных штаммов с эффективной продукцией этого протективного антигена. Первые работы по созданию штамма *Escherichia coli* – продуцента В-субъединицы СТ – были проведены почти 40 лет назад в НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Н.Ф. Гамалеи. С этой целью были сконструированы различные рекомбинантные плазмиды, содержащие в своем составе клонированный ген *ctxB* [5]. Одна из них – неконъюгативная плазмида рСТΔ27(Tc<sup>R</sup>), производная рBR322, несущая ген резистентности к тетрациклину (Tc<sup>R</sup>) и клонированный PstI-фрагмент (5,4 т.п.н.) профага СТХф токсигенного штамма *Vibrio cholerae* RV79 (MAK757), содержащий делецию в гене *ctxA* протяженностью 257 п.н., а также интактный ген *ctxB* (рис. 1) [6]. Другим носителем гена *ctxB* стала конъюгативная рекомбинантная плазмида pIEM3(KM<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup>), полученная при коинтеграции двух плазмид – конъюгативной pIEM1(KM<sup>R</sup>), несущей транспозон mini-kan

и IS1-элемент, и рСТΔ27(Tc<sup>R</sup>) с клонированным геном *ctxB* [7]. Для получения первого в России штамма кишечной палочки с продукцией В-субъединицы СТ была использована рекомбинантная плазмида рСТΔ27(Tc<sup>R</sup>). Созданный штамм *E. coli* KS3043 продуцировал В-субъединицу СТ, но уровень продукции этого белка составлял лишь 0,85 мкг/мл. Кроме того, В-субъединица СТ находилась в периплазме, и для ее выделения необходимо было разрушение клеток с помощью воздействия как физических, так и химических средств [6]. В связи с этим получение других штаммов с эффективной продукцией данного протективного антигена сохраняет свою актуальность.

Для создания эффективного продуцента секретируемой В-субъединицы СТ в качестве носителя рекомбинантной плазмиды с клонированным геном *ctxB* был взят штамм *E. coli* M-17, используемый для производства в России пробиотика колибактерина, предназначенного для лечения и профилактики кишечных заболеваний [8]. Выбор этого штамма был обусловлен его высокой ферментативной активностью, что позволяло надеяться на активную секрецию из клеток продуцируемой им В-субъединицы СТ в случае присутствия в его геноме генов *ctxB*, а также полной безопасностью для человека. Недавнее секвенирование его полного генома показало отсутствие генов патогенности и устойчивости к антибио-

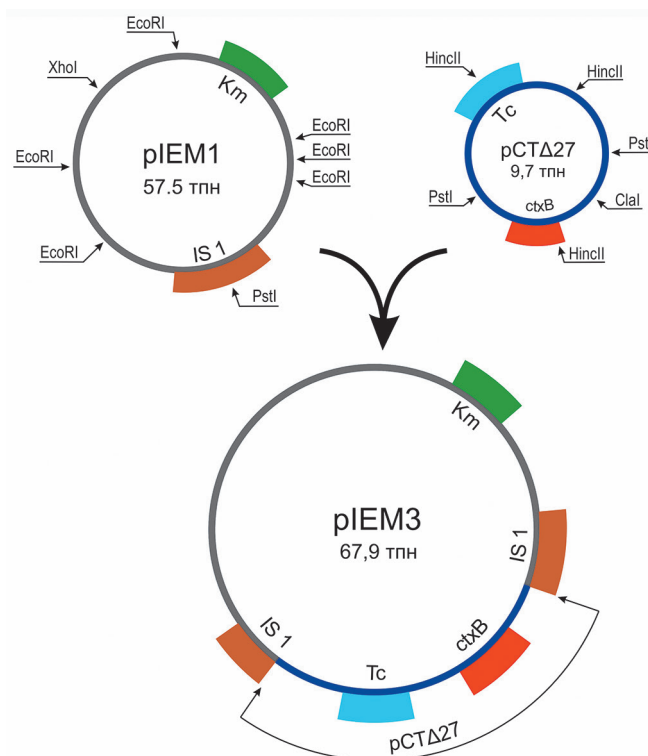


Рис. 1. Схема структуры рекомбинантных плазмид рСТΔ27(Tc<sup>R</sup>) и pIEM3(KM<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup>), содержащих клонированный ген *ctxB*, кодирующий биосинтез В-субъединицы холерного токсина [7]

Fig. 1. Schematic diagram of the structure of recombinant plasmids pCTΔ27(Tc<sup>R</sup>) and pIEM3(KM<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup>) containing the cloned *ctxB* gene encoding the biosynthesis of the B-subunit of cholera toxin [7]

тикам, а также интегрированных плазмид [9]. Для введения в клетки штамма M-17 клонированного гена *ctxB* мы использовали конъюгативную рекомбинантную плазмиду pIEM3(Km<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup>), полученную при коинтеграции двух плазмид – конъюгативной pIEM1(Km<sup>R</sup>), несущей транспозон mini-kan и IS1-элемент, и pCTΔ27(Tc<sup>R</sup>) с клонированным геном *ctxB* (рис. 1) [7, 10]. Анализ нуклеотидной последовательности клонированного гена *ctxB* показал, что он относится к аллелю *ctxB1*, характерному для профага CTXφ холерных вибрионов классического биовара, а также первых геновариантов возбудителя холеры Эль Тор, вытеснивших типичные штаммы, которые вызывали эпидемии и вспышки холеры в первые 30 лет 7-й пандемии холеры [11–13]. Этот аллель отличается от аллеля *ctxB3* типичных штаммов *V. cholerae* Эль Тор наличием двух однонуклеотидных замен – тимина на цитозин (Т/С) в позициях 115 и 203 [14].

**Цель** исследования – получение продуцента В-субъединицы холерного токсина на основе пробиотического штамма *E. coli* M-17, изучение его молекулярно-генетических и иммуногенных свойств.

### Материалы и методы

**Бактериальные штаммы и питательные среды.** В работе использовали штаммы *E. coli* M-17, *E. coli* KS164 *thy*, *polA*, *strA*), а также *V. cholerae* 569В классического биовара, полученные из Государственной коллекции патогенных бактерий ФБУН Российский противочумный институт «Микроб». В качестве питательных сред использовали бульон и агар LB, бульон и агар Хоттингера (рН 7,4), а также минимальный [15] и синказный [16] агары, в которые при необходимости добавляли канамицин (50 мкг/мл) и тетрациклин (5 мкг/мл).

**Конъюгационные скрещивания** бактерий осуществляли на плотной питательной среде (агар LB) по методу D.E. Bradley et al. [17].

**Определение плазмидного состава** проводили по методу C.I. Kado и S.T. Liu [18].

**ПЦР-тестирование гена *ctxB*** осуществляли методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) со специфическими олигонуклеотидными праймерами к *ctxB* [19] 5'-ATGATTAAATTTAAATTTGG-3'(F) и 5'-TTAATTTGCCATACTAATTG-3'(R). Для фотодокументирования результатов использовали систему для гель-документации VersaDoc (BioRad, США).

**Определение продукции В-субъединицы СТ.** Уровень продукции В-субъединицы СТ оценивали двумя методами: радиальным пассивным иммунным гемолизом (РПИГ) на плотной среде по M.G. Bramucci и R.K. Holmes [20] в модификации И.А. Шагиняна и Б.М. Маракуши [21] и иммуноферментным методом (ELISA) [22]. При использовании количественного метода ELISA клетки штаммов культивировали в LB-бульоне при 37 °С в течение

18 ч, концентрацию В-субъединицы СТ определяли в культуральном супернатанте. Положительным контролем служил очищенный раствор СТ, продуцируемый штаммом *V. cholerae* 569В, в концентрации 100 нг/мл, отрицательным контролем – 0,15М раствор хлорида натрия.

**Изучение стабильности наследования плазмиды pIEM3.** Клетки исследуемых штаммов выращивали в питательном бульоне без антибиотиков (в неселективных условиях) в течение 72 ч. Затем рассеивали их до моноколоний на пластинах питательного агара. Выросшие изолированные колонии методом реплик переносили на агаровые среды с тетрациклином и канамицином, резистентность к которым определялась изучаемой плазмидой.

**Определение безопасности сконструированного штамма на модельных лабораторных животных.** Для определения безопасности созданного штамма *E. coli* KM147(pIEM3) использовали крольчат-сосунков в возрасте 10–12 дней. Внутрикишечное заражение животных 4-часовой культурой изучаемого штамма в дозе 5·10<sup>9</sup> м.т. осуществляли по методу N.K. Dutta и M.K. Habbu [23]. Безвредность штамма определяли на основании клинико-морфологических показателей у умерщвленных хлороформом животных.

**Изучение антигенных свойств созданного штамма.** Для оценки антигенных свойств штамма проводили трехкратную внутрижелудочную иммунизацию кроликов массой 4–5 кг живыми клетками *E. coli* KM147(pIEM3) по методу W.C. Cray et al. [24]. На 7, 14, 21, 28, 35, 42, 49-е сутки после первой иммунизации в сыворотке крови кроликов определяли титры специфических антител к В-субъединице СТ с помощью иммуноферментного метода (ELISA).

Все эксперименты с животными проводили в соответствии с Международными рекомендациями (этическим кодексом) по проведению медико-биологических исследований с использованием животных (1985 г.) и Европейской конвенцией о защите позвоночных животных, используемых для экспериментов или в иных научных целях ETS N 123 (Страсбург, 1986 г.).

### Результаты и обсуждение

**Получение авирулентного пробиотического штамма *E. coli* M-17 – продуцента В-субъединицы холерного токсина.** Для введения в клетки прототрофного штамма *E. coli* M-17 рекомбинантной плазмиды pIEM3(Km<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup>) в качестве донора использовали штамм *E. coli* KS164 *thy* *polA* (pIEM3). Селекцию проводили на минимальном агаре, содержащем 10 мкг/мл тетрациклина. Все трансконъюганты (проверено 150 клонов) были Km<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup>, что указывало на присутствие в их клетках рекомбинантной коинтеграционной плазмиды pIEM3.

Определение плазмидного состава полученных трансконъюгантов *E. coli* M-17 (pIEM3) (Km<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup>)

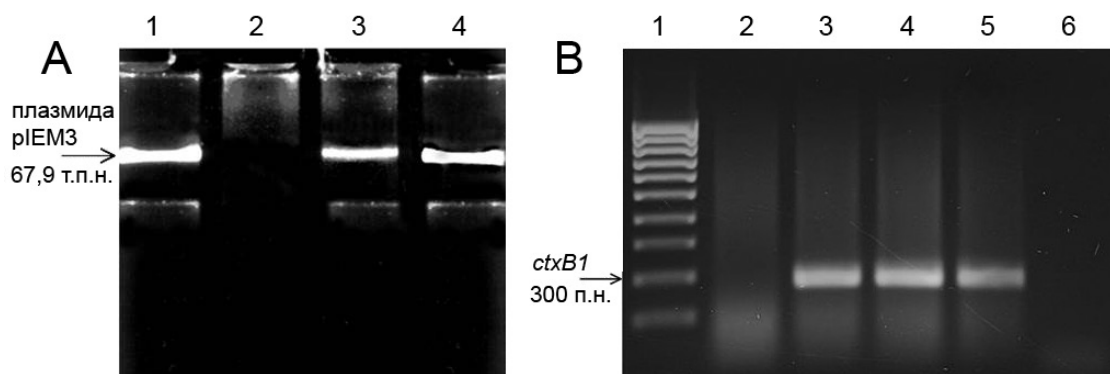


Рис. 2. Плазмидный состав трансконъюгантов *E. coli* M-17, содержащих рекомбинантную плазмиду pIEM3 (A) и ПЦР-тестирование гена *ctxB1* в исследуемых штаммах (B):

A: 1 – *E. coli* KS164(pIEM3), донорный штамм; 2 – *E. coli* M-17, реципиентный штамм; 3, 4 – *E. coli* M-17(pIEM3), трансконъюганты; B: 1 – маркер молекулярной массы; 2 – *E. coli* M-17 (исходный штамм); 3, 4 – *E. coli* M-17(pIEM3); 5 – *V. cholerae* 569B (положительный контроль на ген *ctxB1*); 6 – отрицательный контроль (деионизированная вода)

Fig. 2. Plasmid composition of *E. coli* M-17 transconjugants containing the recombinant pIEM3 plasmid (A) and PCR testing of the *ctxB1* gene in the studied strains (B):

A: 1 – *E. coli* KS164(pIEM3), donor strain; 2 – *E. coli* M-17, recipient strain; 3, 4 – *E. coli* M-17(pIEM3), transconjugants; B: 1 – molecular weight marker; 2 – *E. coli* M-17 (original strain); 3, 4 – *E. coli* M-17(pIEM3); 5 – *V. cholerae* 569B (positive control for the *ctxB1* gene); 6 – negative control (deionized water)

методом электрофореза в агарозном геле показало, что плазмида в их клетке находится в автономном состоянии (рис. 2, А, дорожки 3–4). Ее молекулярная масса (67,9 т.п.н.) в клетках трансконъюгантов не отличалась от таковой в клетках донора *E. coli* KS164(pIEM3) (рис. 2, А, дорожка 1). Дальнейший анализ трансконъюгантов методом ПЦР подтвердил наличие клонированного гена *ctxB1* в составе присутствующей в их клетках плазмиды pIEM3 (рис. 2, В, дорожки 3–4).

Для определения экспрессии гена *ctxB1* холерного вибриона в чужеродном генетическом окружении 50 произвольно выбранных клонов *E. coli* M-17(pIEM3) проверены на продукцию секретируемой В-субъединицы СТ с помощью качественного метода РПИГ на плотной среде. Метод обладает относительно невысокой чувствительностью (0,6 мкг/мл), однако прост в исполнении и обеспечивает возможность анализа большого числа клонов.

В результате установлена эффективная экспрессия введенного гена *ctxB1* у всех изученных трансконъюгантов (рис. 3). Анализ полученных данных показал, что зона иммунного лизиса эритроцитов вокруг макроколоний исследуемых штаммов (рис. 3, колонии 3–8, 12–34) в целом не отличалась от таковой высокотоксигенного штамма *V. cholerae* 569B, взятого в эксперимент в качестве положительного контроля (рис. 3, колонии 35–37). Это означает, что, несмотря на отсутствие регуляторных генов (*toxR*, *toxS*, *aphA*, *aphB*, *tcpT*, *tcpH*, *tcpP*), контролирующих активность структурных генов *ctxAB* (или гена *ctxB*) у холерных вибрионов, в клетках штамма *E. coli* M-17 происходит эффективная экспрессия клонированного гена *ctxB*. Возможно, это связано с тем, что при внехромосомной локализации гена *ctxB* в его экспрессию не вмешиваются известные регуляторные белки. Более того, в отличие от клеток *E. coli* K-12, содержащих клонированный ген *ctxB* [23], у полу-

ченных нами трансконъюгантов *E. coli* M-17(pIEM3) продуцируемый белок секретируется наружу. В результате для дальнейшей работы в качестве продуцента выбран один из трансконъюгантов с наиболее высоким уровнем продукции В-субъединицы СТ, который был обозначен как *E. coli* KM147(pIEM3).

Для более точного определения уровня биосинтеза В-субъединицы штаммом *E. coli* KM147(pIEM3) использован высокочувствительный количествен-

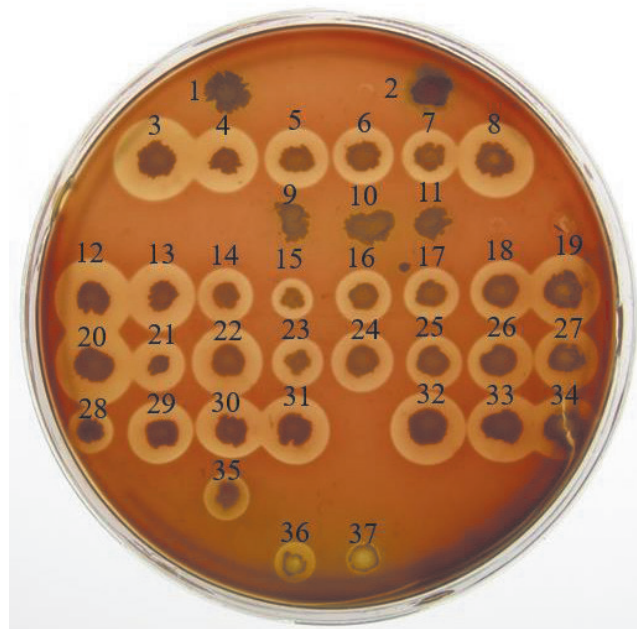


Рис. 3. Продукция В-субъединицы холерного токсина трансконъюгантами *E. coli* M-17, содержащими рекомбинантную плазмиду pIEM3 с клонированным геном *ctxB1*:

1–2, 9–11 – *E. coli* M-17 (реципиентный штамм); 3–8, 12–34 – трансконъюганты *E. coli* M-17(pIEM3); 35–37 – *V. cholerae* 569B (положительный контроль)

Fig. 3. Production of the B-subunit of cholera toxin by *E. coli* M-17 transconjugants containing the recombinant plasmid pIEM3 with the cloned *ctxB1* gene:

1–2, 9–11 – *E. coli* M-17 (recipient strain); 3–8, 12–34 – *E. coli* M-17(pIEM3) transconjugants; 35–37 – *V. cholerae* 569B (positive control)

ный иммуноферментный метод ELISA. В результате установлено, что сконструированный штамм продуцирует 10,0 мкг/мл В-субъединицы, что почти в 12 раз превышает продукцию этого белка ранее созданным штаммом-продуцентом *E. coli* KS3043 (0,85 мкг/мл) [6]. Кроме того, в отличие от клеток *E. coli* K12, в которых более 90,0 % синтезируемой В-субъединицы остается в периплазме [25], клетки штамма *E. coli* KM147(pIEM3) активно секретируют этот белок в среду выращивания.

**Оценка стабильности наследования рекомбинантной плазмиды pIEM3(Km<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup>) с клонированным геном *ctxB1*.** Поскольку в клетках нового хозяина *E. coli* KM147 плазида pIEM3, имеющая маркеры резистентности к канамицину и тетрациклину, может не сохраняться в неселективных условиях, полученный штамм был проверен на стабильность ее наследования. После выращивания штамма *E. coli* KM147 в неселективных условиях (в полноценной жидкой среде без антибиотиков в течение 72 ч при 37 °C) и последующего посева до монокультур на агаре 300 произвольно выбранных изолированных колоний трансконъюгантов проверили по маркерам резистентности к антибиотикам: канамицину (50 мкг/мл) и тетрациклину (5 мкг/мл). Оказалось, что все проверенные клоны сохранили устойчивость к указанным антибиотикам и, следовательно, гибридный репликон.

Определение плазмидного состава произвольно выбранных колоний Km<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup> подтвердило присутствие в клетках плазмиды с молекулярной массой, характерной для pIEM3(Km<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup>). Это может означать, что стабильность наследования клетками штамма *E. coli* KM147 рекомбинантной плазмиды pIEM3(Km<sup>R</sup>Tc<sup>R</sup>) составляла 100 %.

**Определение безопасности и иммуногенных свойств авирулентного штамма *E. coli* KM147(pIEM3).** Принимая во внимание возможность дальнейшего использования сконструированного штамма *E. coli* KM147(pIEM3) в качестве основы для получения вакцинных препаратов, мы определили его безопасность на модели лабораторных животных на основании клинико-морфологических показателей. В качестве модельных взяты четыре кролика-сосунка, которых заражали внутрикишечно суспензией клеток в дозе  $1 \cdot 10^9$  м.т. Установлено, что за период наблюдения (4 суток) введение созданного штамма *E. coli* KM147(pIEM3) не приводило к развитию диареи и гибели животных. Кроме того, у всех животных, умерщвленных по истечении указанного срока, не отмечено никаких макроскопических изменений в кишечнике. Таким образом, результаты проведенных исследований указали на безопасность для лабораторных животных изученного штамма *E. coli*, продуцирующего В-субъединицу СТ.

Другим не менее важным стал вопрос относительно иммуногенных свойств сконструированного штамма. Для его решения проведена иммунизация трех взрослых кроликов путем трехкратного (1, 21,

22-е сутки) внутрижелудочного введения им клеток штамма *E. coli* KM147 в дозе  $5 \cdot 10^{10}$  м.т. и последующего определения в сыворотке крови антитоксических антител через 7, 14, 21, 28, 35, 42 и 49 дней методом ELISA. На основании проведенного анализа полученных данных установили, что наиболее высокий титр (1:3200) антитоксических антител был зарегистрирован на 35-й день после иммунизации и в последующем сохранялся в течение всего срока наблюдения – до 49-го дня. Представленные результаты свидетельствуют о том, что штамм *E. coli* KM147(pIEM3) – продуцент секретируемой В-субъединицы СТ – обладает высокой иммуногенностью, обеспечивая образование антитоксических антител в высоком титре у иммунизированных животных.

Таким образом, к основным свойствам полученного штамма *E. coli* KM147(pIEM3), сконструированного на основе штамма *E. coli* M-17 – продуцента колибактерина, следует отнести стабильное наследование рекомбинантной коинтеграционной плазмиды pIEM3 с клонированным геном *ctxB1*, высокий уровень продукции в среду выращивания СТ, безопасность для модельных животных и высокий уровень иммуногенности за счет способности продуцируемой В-субъединицы вызывать образование антитоксических антител. Совокупность этих свойств определяет перспективность его дальнейшего использования при конструировании профилактических и диагностических холерных препаратов – создания на его основе безопасной живой холерной вакцины и получения очищенной В-субъединицы СТ для конструирования иммунодиагностических тест-систем. Следует особо отметить, что проведенные исследования показали сохранение всех указанных выше свойств созданным штаммом *E. coli* KM147(pIEM3) после его депонирования и длительного хранения в лиофилизированном состоянии в Государственной коллекции патогенных бактерий ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора.

На данный штамм получен патент на изобретение [26].

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

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

**Биоэтика.** Все эксперименты с животными проводили в соответствии с Международными рекомендациями (этическим кодексом) по проведению медико-биологических исследований с использованием животных (1985 г.) и Европейской конвенцией о защите позвоночных животных, используемых для экспериментов или в иных научных целях ETS N 123 (Страсбург, 1986 г.).

**Благодарности.** Выражаем искреннюю благодарность сотруднику лаборатории патогенных вибрионов Ю.В. Лозовскому за оказанную помощь при оформлении работы.

# Список литературы

1. Finkelstein R.A., LoSpalluto J.J. Pathogenesis of experimental cholera. Preparation and isolation of cholera toxin and cholera toxinogen. *J. Exp. Med.* 1969; 130(1):185–202. DOI: 10.1084/jem.130.1.185.
2. Sears C.L., Kaper J.B. Enteric bacterial toxins: mechanisms of action and linkage to intestinal secretion. *Microbiol. Rev.* 1996; 60(1):167–215. DOI: 10.1128/mr.60.1.167-215.1996.
3. Waldor M.K., Mekalanos J.J. Lysogenic conversion by a filamentous phage encoding cholera toxin. *Science.* 1996; 272(5270):1910–4. DOI: 10.1126/science.272.5270.1910.
4. Matson J.S., Withey J.H., DiRita V.J. Regulatory networks controlling *Vibrio cholerae* virulence gene expression. *Infect. Immun.* 2007; 75(12):5542–9. DOI: 10.1128/IAI.01094-07.
5. Гинцбург А.Л., Янишевский Н.В., Мотин В.Л., Шагинян И.А., Вертиев Ю.В., Смирнов Г.Б. Организация и клонирование структурных генов энтеротоксина *Vibrio cholerae* eltor RV79. *Молекулярная генетика, микробиология и вирусология.* 1984; (9):12–8.
6. Янишевский Н.В., Гинцбург А.Л., Вертиев Ю.В., Демме Ю.М., Каратаев Г.И., Смирнов Г.Б. Конструирование рекомбинантных плазмид, кодирующих биосинтез В-субъединицы холерного токсина. *Молекулярная генетика, микробиология и вирусология.* 1987; (4):26–32.
7. Ильина Т.С., Смирнов Г.Б., Смирнова Н.И., Ливанова Л.Ф. Рекомбинантная плазмидная ДНК pIEM3, кодирующая синтез В-субъединицы холерного токсина, способ ее конструирования и штамм бактерий *Vibrio cholerae* – продуцент В-субъединицы холерного токсина. Авторское свидетельство № 1505022 СССР, опубл. 15.10.1991. Бюл. № 38.
8. Перетц Л.Г. Значение нормальной микрофлоры для организма человека. М.: Медгиз; 1955. 436 с.
9. Белова И.В., Точилиная А.Г., Соловьева И.В., Ефимов Е.И., Горлова И.С., Иванова Т.П., Жирнов В.А. Результаты генетического анализа пробиотического штамма *Escherichia coli* M-17 и потенциально пробиотического штамма *Escherichia coli* BM. *Микробиология.* 2019; 88(3):328–35. DOI: 10.1134/S0026365619030030.
10. Смирнова Н.И., Крепостнова И.М., Ливанова Л.Ф., Заднова С.П., Еремич С.А., Ильина Т.С. Авирулентный штамм *Vibrio cholerae* – продуцент В-субъединицы холерного токсина: получение и молекулярно-генетический анализ. *Молекулярная генетика, микробиология и вирусология.* 2007; (4):7–13.
11. Nair G.B., Faruque S.M., Bhuiyan N.A., Kamruzzaman M., Siddique A.K., Sack D.A. New variants of *Vibrio cholerae* O1 biotype El Tor with attributes of the classical biotype from hospitalized patients with acute diarrhea in Bangladesh. *J. Clin. Microbiol.* 2002; 40(9):3296–9. DOI: 10.1128/JCM.40.9.3296-3299.2002.
12. Hu D., Liu B., Feng L., Ding P., Guo X., Wang M., Cao B., Reeves P.R., Wang L. Origins of the current seventh cholera pandemic. *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* 2016; 113(48):E7730–E7739. DOI: 10.1073/pnas.1608732113.
13. Смирнова Н.И., Баданин Д.В., Рыбальченко Д.А., Краснов Я.М., Крицкий А.А., Лозовский Ю.В., Федоров А.В., Кутырев В.В. Изменчивость генома холерных вибрионов Эль Тор, выделенных до начала и в разные периоды текущей пандемии холеры. *Молекулярная генетика, микробиология и вирусология.* 2021; 39(2):25–37. DOI: 10.17116/molgen20213902125.
14. Olsvik O., Wahlberg J., Petterson B., Uhlén M., Popovic T., Wachsmuth I.K., Fields P.I. Use of automated sequencing of polymerase chain reaction-generated amplicons to identify three types of cholera toxin subunit B in *Vibrio cholerae* O1 strains. *J. Clin. Microbiol.* 1993; 31(1):22–5. DOI: 10.1128/jcm.31.1.22-25.1993.
15. Bhaskaran K., Rowley D. Nutritional studies on *Vibrio cholerae*. *J. Gen. Microbiol.* 1956; 15(2):417–22. DOI: 10.1099/00221287-15-2-417.
16. Finkelstein R.A., Athasampunna P., Chulasamaya M., Charunmethee P. Pathogenesis of experimental cholera: biologic activities of purified procholera toxin. *J. Immunol.* 1966; 96(3):440–9.
17. Bradley D.E., Taylor D.E., Cohen D.R. Specification of surface mating system among conjugative drug resistance plasmids in *Escherichia coli* K-12. *J. Bacteriol.* 1980; 143(3):1466–70. DOI: 10.1128/jb.143.3.1466-1470.1980.
18. Kado C.I., Liu S.T. Rapid procedure for detection and isolation of large and small plasmids. *J. Bacteriol.* 1981; 145(3):1365–73. DOI: 10.1128/jb.145.3.1365-1373.1981.
19. Siddique A.K., Zaman K., Akram K., Mutsuddy P., Eusof A., Sack R.B. Emergence of a new epidemic strain of *Vibrio cholerae* in Bangladesh. An epidemiological study. *Trop. Geogr. Med.* 1994; 46(3):147–50.
20. Bramucci M.G., Holmes R.K. Radial passive immune hemolysis assay for detection of heat-labile enterotoxin produced by individual colonies of *Escherichia coli* or *Vibrio cholerae*. *J. Clin. Microbiol.* 1978; 8(2):252–5. DOI: 10.1128/jcm.8.2.252-255.1978.
21. Шагинян И.А., Маракуша Б.И. Модификация метода пассивного иммунного гемолиза на плотной среде для выявления продукции термоллабильных энтеротоксинов штаммами холерных вибрионов и кишечной палочки. *Микробиология, эпидемиология и иммунология.* 1983; (2):92–6.
22. Svennerholm A.M., Holmgren J. Identification of *Escherichia coli* heat-labile enterotoxin by means of a ganglioside immunosorbent assay (G<sub>M1</sub>-ELISA) procedure. *Curr. Microbiol.* 1978; 1:19–23. DOI: 10.1007/BF02601701.
23. Dutta N.K., Habbu M.K. Experimental cholera in infant rabbits: a method for chemotherapeutic investigation. *Br. J. Pharmacol. Chemother.* 1955; 10(2):153–9. DOI: 10.1111/j.1476-5381.1955.tb00074.x.
24. Cray W.C. Jr, Tokunaga E., Pierce N.F. Successful colonization and immunization of adult rabbits by oral inoculation with *Vibrio cholerae* O1. *Infect. Immun.* 1983; 41(2):735–41. DOI: 10.1128/iai.41.2.735-741.1983.
25. Pearson G.D., Mekalanos J.J. Molecular cloning of *Vibrio cholerae* enterotoxin genes in *Escherichia coli* K-12. *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* 1982; 79(9):2976–80. DOI: 10.1073/pnas.79.9.2976.
26. Смирнова Н.И., Чеховская Г.В., Ливанова Л.Ф., Кобкова И.М. Штамм бактерий *Escherichia coli* KM 147 – продуцент В-субъединицы холерного токсина. Патент РФ № 2238975, опубл. 27.10.2004. Бюл. № 30.

## References

1. Finkelstein R.A., LoSpalluto J.J. Pathogenesis of experimental cholera. Preparation and isolation of cholera toxin and cholera toxinogen. *J. Exp. Med.* 1969; 130(1):185–202. DOI: 10.1084/jem.130.1.185.
2. Sears C.L., Kaper J.B. Enteric bacterial toxins: mechanisms of action and linkage to intestinal secretion. *Microbiol. Rev.* 1996; 60(1):167–215. DOI: 10.1128/mr.60.1.167-215.1996.
3. Waldor M.K., Mekalanos J.J. Lysogenic conversion by a filamentous phage encoding cholera toxin. *Science.* 1996; 272(5270):1910–4. DOI: 10.1126/science.272.5270.1910.
4. Matson J.S., Withey J.H., DiRita V.J. Regulatory networks controlling *Vibrio cholerae* virulence gene expression. *Infect. Immun.* 2007; 75(12):5542–9. DOI: 10.1128/IAI.01094-07.
5. Gintsburg A.L., Yanishevsky N.V., Motin V.L., Shaginyan I.A., Vertiev Yu.V., Smirnov G.B. [Arrangement and cloning of *Vibrio cholerae* El Tor RV79 structure genes of enterotoxin]. *Молекулярная Генетика, Микробиология и Вирусология [Molecular Genetics, Microbiology and Virology]*. 1984; (9):12–8.
6. Yanishevsky N.V., Gintsburg A.L., Vertiev Yu.V., Demme Yu.M., Karataev G.I., Smirnov G.B. [Construction of recombinant plasmids encoding the biosynthesis of the beta-subunit of cholera toxin]. *Молекулярная Генетика, Микробиология и Вирусология [Molecular Genetics, Microbiology and Virology]*. 1987; (4):26–32.
7. Il'ina T.S., Smirnov G.B., Smirnova N.I., Livanova L.F. [pIEM3 recombinant plasmid DNA encoding the synthesis of the cholera toxin B subunit, the method of its construction, and the bacterial strain *Vibrio cholerae*, a producer of the cholera toxin B subunit]. SU Patent No. 1505022, publ. 15.10.1991. Bull. No. 38.
8. Peretts L.G. [The Importance of Normal Microflora for the Human Body]. Moscow: "Medgiz"; 1955. 436 p.
9. Belova I.V., Tochilina A.G., Solov'eva I.V., Efimov E.I., Gorlova I.S., Ivanova T.P., Zhirnov V.A. [Genetic analysis of the probiotic strain *Escherichia coli* M-17 and the potentially probiotic strain *Escherichia coli* BM]. *Микробиология [Microbiology]*. 2019; 88(3):328–35. DOI: 10.1134/S0026365619030030.
10. Smirnova N.I., Krepostnova I.M., Livanova L.F., Zadnova S.P., Eremin S.A., Il'ina T.S. [Avirulent *Vibrio cholerae* strain – producer of cholera toxin B-subunit: engineering and molecular-genetic analysis]. *Молекулярная Генетика, Микробиология и Вирусология [Molecular Genetics, Microbiology and Virology]*. 2007; (4):7–13.
11. Nair G.B., Faruque S.M., Bhuiyan N.A., Kamruzzaman M., Siddique A.K., Sack D.A. New variants of *Vibrio cholerae* O1 biotype El Tor with attributes of the classical biotype from hospitalized patients with acute diarrhea in Bangladesh. *J. Clin. Microbiol.* 2002; 40(9):3296–9. DOI: 10.1128/JCM.40.9.3296-3299.2002.
12. Hu D., Liu B., Feng L., Ding P., Guo X., Wang M., Cao B., Reeves P.R., Wang L. Origins of the current seventh cholera pandemic. *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* 2016; 113(48):E7730–E7739. DOI: 10.1073/pnas.1608732113.
13. Smirnova N.I., Badanin D.V., Rybal'chenko D.A., Krasnov Ya.M., Kritskii A.A., Lozovskii Ya.V., Fedorov A.V., Kutyrev V.V. [Variability of the genome of El Tor cholera vibrios isolated before the onset and in different periods of the current pandemic]. *Молекулярная Генетика, Микробиология и Вирусология [Molecular Genetics, Microbiology and Virology]*. 2021; 39(2):25–37. DOI: 10.17116/molgen20213902125.
14. Olsvik O., Wahlberg J., Petterson B., Uhlén M., Popovic T., Wachsmuth I.K., Fields P.I. Use of automated sequencing of polymerase chain reaction-generated amplicons to identify three types of cholera toxin subunit B in *Vibrio cholerae* O1 strains. *J. Clin. Microbiol.* 1993; 31(1):22–5. DOI: 10.1128/jcm.31.1.22-25.1993.
15. Bhaskaran K., Rowley D. Nutritional studies on *Vibrio cholerae*. *J. Gen. Microbiol.* 1956; 15(2):417–22. DOI: 10.1099/00221287-15-2-417.

16. Finkelstein R.A., Atthasampunna P., Chulasamaya M., Charunmethee P. Pathogenesis of experimental cholera: biologic activities of purified procholera toxin A. *J. Immunol.* 1966; 96(3):440–9.
17. Bradley D.E., Taylor D.E., Cohen D.R. Specification of surface mating system among conjugative drug resistance plasmids in *Escherichia coli* K-12. *J. Bacteriol.* 1980; 143(3):1466–70. DOI: 10.1128/jb.143.3.1466-1470.1980.
18. Kado C.I., Liu S.T. Rapid procedure for detection and isolation of large and small plasmids. *J. Bacteriol.* 1981; 145(3):1365–73. DOI: 10.1128/jb.145.3.1365-1373.1981.
19. Siddique A.K., Zaman K., Akram K., Mutsuddy P., Eusof A., Sack R.B. Emergence of a new epidemic strain of *Vibrio cholerae* in Bangladesh. An epidemiological study. *Trop. Geogr. Med.* 1994; 46(3):147–50.
20. Bramucci M.G., Holmes R.K. Radial passive immune hemolysis assay for detection of heat-labile enterotoxin produced by individual colonies of *Escherichia coli* or *Vibrio cholerae*. *J. Clin. Microbiol.* 1978; 8(2):252–5. DOI: 10.1128/jcm.8.2.252-255.1978.
21. Shaginyan I.A., Marakusha B.I. [Modification of the method of passive immune hemolysis on a solid medium for detection of production of heat-labile enterotoxins by strains of cholera vibrios and *Escherichia coli*]. *Mikrobiologiya, Epidemiologiya i Immunologiya [Microbiology, Epidemiology and Immunology]*. 1983; (2):92–6.
22. Svennerholm A.M., Holmgren J. Identification of *Escherichia coli* heat-labile enterotoxin by means of a ganglioside immunosorbent assay (G<sub>M1</sub>-ELISA) procedure. *Curr. Microbiol.* 1978; 1:19–23. DOI: 10.1007/BF02601701.
23. Dutta N.K., Habbu M.K. Experimental cholera in infant rabbits: a method for chemotherapeutic investigation. *Br. J. Pharmacol. Chemother.* 1955; 10(2):153–9. DOI: 10.1111/j.1476-5381.1955.tb00074.x.
24. Cray W.C. Jr, Tokunaga E., Pierce N.F. Successful colonization and immunization of adult rabbits by oral inoculation with *Vibrio cholerae* O1. *Infect. Immun.* 1983; 41(2):735–41. DOI: 10.1128/iai.41.2.735-741.1983.
25. Pearson G.D., Mekalanos J.J. Molecular cloning of *Vibrio cholerae* enterotoxin genes in *Escherichia coli* K-12. *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* 1982; 79(9):2976–80. DOI: 10.1073/pnas.79.9.2976.
26. Smirnova N.I., Chekhovskaya G.V., Livanova L.F., Kobkova I.M. [*Escherichia coli* KM 147 strain producer of B-subunit of cholera toxin]. RF Patent No. 2238975, publ. 27 Oct 2004. Bull. No. 30.

**Authors:**

Chekhovskaya G.V., Krepostnova I.M., Rybal'chenko D.A., Shchelkanova E.Yu., Smirnova N.I. Russian Research Anti-Plague Institute "Microbe". 46, Universitetskaya St., Saratov, 410005, Russian Federation. E-mail: rusrap@microbe.ru.

**Об авторах:**

Чеховская Г.В., Крепостнова И.М., Рыбальченко Д.А., Щелканова Е.Ю., Смирнова Н.И. Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб». Российская Федерация, 410005, Саратов, ул. Университетская, 46. E-mail: rusrap@microbe.ru.

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-163-166

УДК 616.339:616-07

К.С. Гумаюнова, М.В. Овчинникова, Н.С. Червякова, О.С. Зинина, Е.А. Глазкова, А.К. Никифоров

**Формирование рабочей коллекции бактериофагов для производства  
медицинских изделий для диагностики *in vitro* чумы и холеры**

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

ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора располагает рабочей коллекцией бактериальных вирусов с различной литической активностью в отношении микроорганизмов I–III групп патогенности. Многие из них являются основой медицинских изделий для *in vitro* диагностики. **Цель** работы – приведение рабочей коллекции бактериофагов в соответствие с правилами создания и использования коллекций патогенных микроорганизмов и вирусов, изложенными в постановлении Правительства РФ от 30 сентября 2021 г. № 1668, и в соответствии с требованиями Федерального закона от 30 декабря 2020 г. № 492-ФЗ. **Материалы и методы.** В работе использованы штаммы рабочей коллекции бактериофагов, специфичных в отношении ПБА I–III групп. Проведена лиофилизация коллекционных штаммов бактериофагов с использованием защитных сред с разработанной рецептурой. **Результаты и обсуждение.** Проведены идентификация и паспортизация бактериофагов. Осуществлена процедура авторского депонирования бактериофагов рабочей коллекции в Государственную коллекцию патогенных бактерий ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора. В результате проведенной работы рабочая коллекция бактериофагов, специфичных в отношении микроорганизмов I–III групп патогенности, приведена в соответствие с требованиями действующего законодательства.

**Ключевые слова:** коллекция бактериофагов, микроорганизмы I–III групп патогенности.

*Корреспондирующий автор:* Гумаюнова Кристина Сергеевна, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

*Для цитирования:* Гумаюнова К.С., Овчинникова М.В., Червякова Н.С., Зинина О.С., Глазкова Е.А., Никифоров А.К. Формирование рабочей коллекции бактериофагов для производства медицинских изделий для диагностики *in vitro* чумы и холеры. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2025; 4:163–166. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-163-166

*Поступила 05.05.2025. Отправлена на доработку 21.07.2025. Принята к публикации 20.08.2025.*

**K.S. Gumayunova, M.V. Ovchinnikova, N.S. Chervyakova, O.S. Zinina, E.A. Glazkova,  
A.K. Nikiforov**

**Development of a Working Collection of Bacteriophages for the Production  
of Medical Products for *in vitro* Diagnostics of Plague and Cholera**

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

**Abstract.** The Russian Anti-Plague Institute “Microbe” of the Rospotrebnadzor has a working collection of bacterial viruses with varying lytic activity against microorganisms of pathogenicity groups I–III. Many of them are the matrix of medical products for *in vitro* diagnostics. **The aim** of the work was to bring the working collection of bacteriophages in line with the rules for the creation and use of collections of pathogenic microorganisms and viruses set out in Decree of the Government of the Russian Federation No. 1668 dated September 30, 2021 and in accordance with the requirements of Federal Law No. 492-FZ dated December 30, 2020. **Materials and methods.** The study involved the usage of a working collection of bacteriophages specific for PBAs of pathogenicity groups I–III. Collection strains of bacteriophages were lyophilized using protective media with a developed formulation. **Results and discussion.** Identification and certification of bacteriophages has been carried out. The procedure of author’s deposition of bacteriophages from the working collection into the State Collection of Pathogenic Bacteria of the Institute “Microbe” has been carried out. The working collection of bacteriophages specific for microorganisms of pathogenicity groups I–III has been brought into compliance with the applicable statutory requirements.

**Key words:** collection of bacteriophages, microorganisms of pathogenicity groups I–III.

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

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

*Corresponding author:* Kristina S. Gumayunova, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

*Citation:* Gumayunova K.S., Ovchinnikova M.V., Chervyakova N.S., Zinina O.S., Glazkova E.A., Nikiforov A.K. Development of a Working Collection of Bacteriophages for the Production of Medical Products for *in vitro* Diagnostics of Plague and Cholera. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:163–166. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-163-166

*Received 05.05.2025. Revised 21.07.2025. Accepted 20.08.2025.*

Gumayunova K.S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1341-3037>  
Ovchinnikova M.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1736-7453>  
Chervyakova N.S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3133-3820>

Zinina O.S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4951-091X>  
Glazkova E.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5959-3491>  
Nikiforov A.K., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1130-3504>

С момента открытия явления бактериофагии исследователи СССР, а затем Российской Федерации заняли лидирующие позиции в направлении его изучения. Несмотря на то, что исследование вирусов бактерий переживало различные периоды, именно изучение системы «фаг – клетка» позволило сформулировать базовые принципы, на которых основаны многие направления современной молекулярной биологии [1].

В последнее десятилетие наблюдается рост интереса к изучению и применению препаратов бактериофагов, обусловленный их строгой специфичностью, а также проблемой широкой антибиотикорезистентности ряда патогенных микроорганизмов.

В схеме лабораторной диагностики многих инфекционных болезней для индикации, идентификации и дифференциации возбудителей бактериофаги прочно заняли свою нишу благодаря своей экономичности, воспроизводимости, точности и скорости применения метода. Для повышения эффективности фагодиагностики в настоящее время ведутся разработки новых и совершенствование существующих препаратов [2].

Под эгидой реализации Стратегии предупреждения распространения антимикробной резистентности в Российской Федерации на период до 2030 года, утвержденной распоряжением Правительства Российской Федерации от 25 сентября 2017 г. № 2045-р, в соответствии с Федеральным законом от 30 декабря 2020 г. № 492-ФЗ «О биологической безопасности в Российской Федерации» и постановлением Правительства РФ от 30 сентября 2021 г. № 1668, где изложены правила создания, пополнения, ведения и использования коллекций патогенных микроорганизмов и вирусов, а также создание и ведение национального каталога коллекционных штаммов патогенных микроорганизмов и вирусов на предприятиях и в научно-исследовательских центрах, созданы и продолжают создаваться коллекции фагов для конструирования на их основе биологических продуктов разной направленности [3].

Основные функции и принципы ведения коллекций бактериофагов аналогичны таковым коллекций бактериальных штаммов, но имеют свои особенности и специфику. Это формирование, поддержание в жизнеспособном состоянии и учет централизованного коллекционного фонда объектов; обеспечение качественными образцами типовых, нетиповых и референтных штаммов для научно-исследовательских, производственных работ микробиологического профиля и учебного процесса; хранение коллекционного фонда в лиофилизированном состоянии или в условиях низкотемпературного замораживания, или криоконсервации; ведение баз данных, паспортизация и каталогизация фагов; консультативная и научно-методическая помощь научным и практическим учреждениям по вопросам систематики и номенклатуры, оказание услуг по поиску и подбору штаммов с заданными характеристиками; осуществление дея-

тельности по депонированию и защите интеллектуальной собственности [4]; расширение географии поиска активных рас фагов для конструирования универсальных основ бактериофаговых препаратов против эпидзначимых инфекционных агентов с изучением кандидатных фагов для последующего введения в состав маточных культур для получения целевого продукта на основе бактериофагов.

На сегодня ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора располагает коллекцией бактериальных вирусов с различной литической активностью в отношении микроорганизмов I–III групп патогенности. В коллекцию включены уникальные фаги, лизирующие возбудителей чумы, холеры и псевдотуберкулеза. Многие из них являются основой медицинских изделий для *in vitro* диагностики [5]. Так, разработаны и серийно выпускаются четыре зарегистрированных на территории РФ диагностических холерных препарата бактериофагов: фаг дифференциально-диагностический (ДДФ), бактериофаги диагностические холерные классический и эльтор, бактериофаги диагностические холерные эльтор *ctx+* и *ctx-*, бактериофаги диагностические холерные ТЭПВ-1-7; для индикации чумного микроба – бактериофаги Покровской (П) и Л-413С; для идентификации возбудителя псевдотуберкулеза – псевдотуберкулезный бактериофаг [6].

Несмотря на многолетний опыт работы по выделению и изучению бактериофагов, конструированию и производству на их основе диагностических препаратов, коллекция фагов ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора для решения научно-производственных задач не в полной мере отвечает требованиям, предъявляемым к коллекциям бактериофагов как к фонду штаммов вирусов, организованному по признакам их происхождения, видового родства, способу воздействия на организм хозяина и поддерживаемому в жизнеспособном состоянии с сохранением исходных характеристик.

В связи с этим целью данной работы является приведение в соответствие с требованиями, изложенными в Постановлении Правительства РФ от 30 сентября 2021 г. № 1668, и в соответствии с Федеральным законом от 30 декабря 2020 г. № 492-ФЗ «О биологической безопасности в Российской Федерации» рабочей коллекции бактериофагов ФКУН Российский противочумный институт «Микроб», специфичных в отношении микроорганизмов I–III групп патогенности.

### Материалы и методы

В работе использованы штаммы бактериофагов рабочей коллекции ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора.

В настоящее время фаги, находящиеся в рабочей коллекции, хранятся в жидком состоянии и ежегодно подвергаются обновлению маточного ма-

териала с обязательным контролем основных характеристик. Отсутствие стандартности питательных сред, используемых для поддержания жизнеспособности культур бактериофагов, приводит к снижению количественного показателя специфической активности и качественных показателей биологических свойств при хранении.

Первый этап исследования направлен на разработку технологии стабилизации свойств коллекционных штаммов монофагов. В предварительных экспериментах нами были определены количественные составы криопротектирующих сред для каждого монофага отдельно [7]. В работе для лиофилизации монофагов холерных использовали стабилизатор, состоящий из пептона 10 %, желатина 1,5 %, трегалозы 1 %. Для лиофилизации чумных псевдотуберкулезных монофагов применяли среду, содержащую в своем составе пептон 10 %, желатин 1,5 %, тиомочевину 1,5 %. Защитные среды обеспечивали сохранность показателя фаговых частиц на 75 и на 77 % соответственно, что позволяло осуществлять успешное воспроизводство бактериофага на протяжении всего срока экспериментального хранения – 7 лет при температуре от 4 до 8 °C.

В качестве метода стабилизации вирусного материала выбрана именно лиофилизация как метод, позволяющий максимально сохранить жизнеспособность бактериальных и вирусных культур, а также объем, исходную структуру материала и его первоначальные свойства как в процессе стабилизации, так и при последующем хранении [8, 9]. Образцы бактериофагов соединяли с соответствующей защитной средой в соотношении 1:1 и подвергали лиофилизации на сублимационной установке (Heto Power Dry PL 9000/50, Дания) в течение 36 ч при изменении температуры материала от минус (40±5) °C до (25±2) °C. В качестве альтернативного метода стабилизации использовали хранение монофагов при температуре минус 70 °C в низкотемпературном морозильнике (Thermo Scientific, США). В результате проведенных экспериментов отмечена стабильность свойств лиофилизированных образцов в течение 63 мес. vs 12 мес. при минус 70 °C.

## Результаты и обсуждение

Одной из важных задач коллекционной деятельности является идентификация и паспортизация культур бактерий и вирусов, которые необходимы для использования в биотехнологической отрасли, а также для защиты авторских прав на штаммы, используемые в коммерческих целях. Исходя из требований, предъявляемых к паспортам бактериальных коллекционных штаммов, нами предложен вариант информационного поля, содержащего данные о коллекционных штаммах бактериофагов. Содержание паспорта включало видовое название штамма, описание способа его получения, а также информацию о культурально-морфологических свойствах, раз-

мерах, условиях сохранения, составе среды хранения и титре фага. Так как коллекция бактериофагов в основном состоит из производственных штаммов, на основе которых изготавливаются коммерческие серии диагностических препаратов, в паспорте указывали биологические свойства и производственные показатели фага (скорость адсорбции, длительность латентного периода и/или минимальный латентный период, его урожайность и множественность инфекции). Необходимо отметить, что форма паспорта подразумевает открытые поля, которые можно дополнять по мере получения новых данных. Так, например, после проведения полногеномного секвенирования в паспорт вносили информацию о размере генома и маркерных генетических детерминантах, определяющих различные процессы в жизненном цикле бактериофагов (гены рекомбиназ и белков сегрегации плазмид, гены вирулентности и т.д.). Наряду с этим, молекулярно-генетический анализ уточнял/определял таксономическое положение бактериофага и являлся одним из методов установления аутентичности объекта.

Следующий этап работы заключался в проведении процедуры авторского депонирования бактериофагов рабочей коллекции в Государственную коллекцию патогенных микроорганизмов Российского противочумного института «Микроб». Депонирование оригинальных производственных штаммов бактериофагов имеет большую значимость в связи с выполнением ряда важных функций: гарантирует сохранность уникальных фаговых изолятов; обеспечивает централизованную регистрацию, систематизацию и обогащение данных о бактериофагах; регулирует правовой статус бактериофагов и их доступность для научных исследований и иных применений; обеспечивает воспроизводимость исследований. Соответственно депонирование штаммов обеспечивает их систематизированное хранение, изучение и регулируемую доступность с защитой от несанкционированного использования [10].

Отобранные штаммы бактериофагов лиофилизировали по указанному выше режиму с использованием защитных сред по разработанным рецептурам. Каждый бактериофаг паспортизировали и осуществляли процедуру авторского депонирования в Государственную коллекцию патогенных бактерий ФКУН противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора.

Таким образом, рабочая коллекция бактериофагов, специфичных в отношении микроорганизмов I–III групп патогенности, приведена в соответствие с требованиями Федерального закона от 30 декабря 2020 г. № 492-ФЗ «О биологической безопасности в Российской Федерации» и Постановления Правительства РФ от 30 сентября 2021 г. № 1668 «Об утверждении Правил создания, пополнения, ведения и использования коллекций патогенных микроорганизмов и вирусов, а также Правил создания и ведения национального каталога коллекционных штаммов

патогенных микроорганизмов и вирусов». Наличие в арсенале экспериментально-производственных мощностей открытой пополняемой охарактеризованной рабочей коллекции бактериофагов способствует расширению возможностей использования фонда штаммов бактериальных вирусов при конструировании и производстве медицинских изделий для *in vitro* диагностики опасных инфекционных болезней и проведения научных изысканий различной направленности.

Работа выполнена в рамках НИР 89-2-21 «Научно-прикладные аспекты производства и совершенствования препаратов для иммунопрофилактики и диагностики опасных бактериальных и вирусных инфекций» (2021–2025 гг.).

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

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

### Список литературы

1. Зурабов А.Ю., Каркищенко Н.Н., Попов Д.В., Жиленков Е.Л., Попова В.М. Создание отечественной коллекции бактериофагов и принципы разработки лечебно-профилактических фаговых препаратов. *Биомедицина*. 2012; (1):134–8.
2. Гумаюнова К.С., Зинина О.С., Овчинникова М.В., Гаевская Н.Е., Синягина Ю.В., Никифоров А.К. Оценка результатов испытаний экспериментального фага для диагностики холеры эльтор. *Вестник биотехнологии и физико-химической биологии им. Ю.А. Овчинникова*. 2021; 17(4):34–40.
3. Давыдов Д.С., Парфенюк Р.Л., Дурманова З.В., Мовсесянц А.А. Основные требования к порядку ведения коллекций производственных штаммов бактериофагов. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2024; (4):146–9. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-4-146-149.
4. Онищенко Г.Г., Кутырев В.В., Осин А.В. Коллекционная деятельность в области использования патогенных микроорганизмов в обеспечении биологической безопасности Российской Федерации. *Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение*. 2016; 1(14): 37–46.
5. Онищенко Г.Г., Кутырев В.В., редакторы. Лабораторная диагностика опасных инфекционных болезней. Практическое руководство. М.: ЗАО «Шико»; 2013. 560 с.
6. Синягина Ю.В., Овчинникова М.В., Зинина О.С., Гумаюнова К.С., Никифоров А.К. Современный обзор производства диагностических и лечебно-профилактических бактериофагов. *Вестник биотехнологии и физико-химической биологии им. Ю.А. Овчинникова*. 2022; 18(4):62–71.
7. Гумаюнова К.С., Овчинникова М.В., Зинина О.С., Синягина Ю.В., Малькова А.А., Комиссаров А.В., Синицына Н.В., Глазкова Е.А. Выбор среды стабилизации при лиофилизации маточных культур бактериофагов. *Вестник биотехнологии и физико-химической биологии им. Ю.А. Овчинникова*. 2024; 20(2):101–8.
8. Cagol N., Bonani W., Maniglio D., Migliaresi C., Motta A. Effect of cryopreservation on cell-laden hydrogels: Comparison of different cryoprotectants. *Tissue Engineering – Part C: Methods*. 2018; 24(1):20–31. DOI: 10.1089/ten.tec.2017.0258.
9. Gan K.H., Bruttini R., Crosser O.K., Liapis A.I. Freeze-drying of pharmaceuticals in vials on trays: effects of drying chamber wall temperature and tray side on lyophilization performance. *International Journal of Heat and Mass Transfer*. 2005; 48:1675–87.
10. Gracheva I.V., Plotnikov O.P., Osin A.V. Current state of microorganisms depositing procedure in collection centers. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2010; 1(103):11–7. DOI: 10.21055/0370-1069-2010-1(103)-11-17.
11. Gan K.H., Bruttini R., Crosser O.K., Liapis A.I. Freeze-drying of pharmaceuticals in vials on trays: effects of drying chamber wall temperature and tray side on lyophilization performance. *International Journal of Heat and Mass Transfer*. 2005; 48:1675–87.
12. Gracheva I.V., Plotnikov O.P., Osin A.V. Current state of microorganisms depositing procedure in collection centers. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2010; 1(103):11–7. DOI: 10.21055/0370-1069-2010-1(103)-11-17.
13. Zurabov A.Yu., Karkishchenko N.N., Popov D.V., Zhilenkov E.L., Popova V.M. Creation of a domestic collection of bacteriophages and principles of developing therapeutic and prophylactic phage preparations. *Biomeditsina [Biomedicine]*. 2012; (1): 134–8.
14. Gumayunova K.S., Zinina O.S., Ovchinnikova M.V., Gaevskaya N.E., Sinyagina Yu.V., Nikiforov A.K. Evaluation of the results of tests of an experimental phage for the diagnosis of El Tor cholera. *Bulletin of Biotechnology and Physicochemical Biology named after Yu.A. Ovchinnikov*. 2021; 17(4):34–40.
15. Davydov D.S., Parfenyuk R.L., Durmanova Z.V., Movsesyants A.A. [Basic requirements for the procedure of maintaining collections of industrial strains of bacteriophages]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2024; (4):146–9. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-4-146-149.
16. Onishchenko G.G., Kutyrev V.V., Osin A.V. Collection activities in the field of using pathogenic microorganisms to ensure biological safety of the Russian Federation. *Infektsionnye Bolezni: Novosti, Mneniya, Obuchenie [Infectious Diseases: News, Opinions, Training]*. 2016; 1(14):37–46.
17. Onishchenko G.G., Kutyrev V.V., editors. Laboratory Diagnostics of Dangerous Infectious Diseases. Practice Guidelines. Moscow: CJSC “Shiko”; 2013. 560 p.
18. Sinyagina Yu.V., Ovchinnikova M.V., Zinina O.S., Gumayunova K.S., Nikiforov A.K. A modern review of the production of diagnostic and therapeutic-prophylactic bacteriophages. *Bulletin of Biotechnology and Physicochemical Biology named after Yu.A. Ovchinnikov*. 2022; 18(4):62–71.
19. Gumayunova K.S., Ovchinnikova M.V., Zinina O.S., Sinyagina Yu.V., Mal'kova A.A., Komissarov A.V., Sinitsyna N.V., Glazkova E.A. Selection of a stabilization medium for lyophilization of bacteriophage stock cultures. *Bulletin of Biotechnology and Physicochemical Biology named after Yu.A. Ovchinnikov*. 2024; 20(2):101–8.
20. Cagol N., Bonani W., Maniglio D., Migliaresi C., Motta A. Effect of cryopreservation on cell-laden hydrogels: Comparison of different cryoprotectants. *Tissue Engineering – Part C: Methods*. 2018; 24(1):20–31. DOI: 10.1089/ten.tec.2017.0258.
21. Gan K.H., Bruttini R., Crosser O.K., Liapis A.I. Freeze-drying of pharmaceuticals in vials on trays: effects of drying chamber wall temperature and tray side on lyophilization performance. *International Journal of Heat and Mass Transfer*. 2005; 48:1675–87.
22. Gracheva I.V., Plotnikov O.P., Osin A.V. Current state of microorganisms depositing procedure in collection centers. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2010; 1(103):11–7. DOI: 10.21055/0370-1069-2010-1(103)-11-17.

### Authors:

Gumayunova K.S., Ovchinnikova M.V., Chervyakova N.S., Zinina O.S., Glazkova E.A., Nikiforov A.K. Russian Research Anti-Plague Institute “Microbe”. 46, Universitetskaya St., Saratov, 410005, Russian Federation. E-mail: rusrapi@microbe.ru.

### Об авторах:

Гумаюнова К.С., Овчинникова М.В., Червякова Н.С., Зинина О.С., Глазкова Е.А., Никифоров А.К. Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб». Российская Федерация, 410005, Саратов, ул. Университетская, 46. E-mail: rusrapi@microbe.ru.



**К 80-летию Победы в Великой Отечественной войне 1941–1945 гг.  
To the 80th anniversary of the Victory in the Great Patriotic War of 1941–1945**

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-167-169

УДК 614.2:94(4)“1941/1945”(470.44)

**Т.С. Черкасская, Е.Ю. Павловская**

**Санитарно-эпидемиологическая служба Саратовской области  
в годы Великой Отечественной войны: вклад в Победу**

*ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Саратовской области», Саратов, Российская Федерация*

В статье рассмотрена деятельность санитарно-эпидемиологической службы Саратовской области в период Великой Отечественной войны. Актуальность работы обусловлена необходимостью осмысления исторического опыта противоэпидемической защиты населения в экстремальных условиях военного времени и роли тыловых регионов в обеспечении санитарной безопасности страны. **Цель** работы – проанализировать ключевые направления, методы и результаты работы санэпидслужбы Саратовской области в годы войны, оценить ее вклад в укрепление тыла и предотвращение эпидемий. Деятельность санитарно-эпидемиологической службы стала важнейшим фактором устойчивости тыла: она сохранила трудовой потенциал региона, обеспечила бесперебойную работу предприятий и предотвратила угрозу эпидемий среди гражданского населения и военнослужащих. Исторический опыт службы демонстрирует значимость санитарно-эпидемиологических мер как неотъемлемой части национальной безопасности в кризисных условиях.

**Ключевые слова:** санитарно-эпидемиологическая служба, Великая Отечественная война, тыл, эпидемиология, санитарная безопасность, эвакуация, Саратовская область, профилактика инфекций.

*Корреспондирующий автор:* Павловская Елена Юрьевна, e-mail: pavlovskaya\_ey@gigiena-saratov.ru.

*Для цитирования:* Черкасская Т.С., Павловская Е.Ю. Санитарно-эпидемиологическая служба Саратовской области в годы Великой Отечественной войны: вклад в Победу. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2025; 4:167–169. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-167-169

*Поступила 01.10.2025. Принята к публикации 10.10.2025.*

**T.S. Cherkasskaya, E.Yu. Pavlovskaya**

**Sanitary-Epidemiological Service of the Saratov Region during the Great Patriotic War:  
Contribution to Victory**

*Center of Hygiene and Epidemiology in the Saratov Region, Saratov, Russian Federation*

**Abstract.** The paper considers the activities of the sanitary-epidemiological service of the Saratov Region during the Great Patriotic War. The relevance of this work stems from the need to understand the historical experience of anti-epidemic protection of the population under extreme wartime conditions and the role of rearward regions in ensuring the country's sanitary security. **The aim** of this work was to analyze the key areas, methods, and results of operation of the sanitary-epidemiological service of the Saratov Region during the war and to assess its contribution to strengthening the home front and preventing epidemics. The work of the sanitary and epidemiological service became a crucial factor in the stability of the rear areas: it preserved the region's labor potential, ensured the smooth operation of enterprises, and prevented the threat of epidemics among the civilian population and military personnel. The historical experience of the service demonstrates the importance of sanitary-epidemiological measures as an integral part of national security in crisis situations.

**Key words:** sanitary-epidemiological service, Great Patriotic War, home front, epidemiology, sanitary safety, evacuation, Saratov Region, infection prevention.

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

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

*Corresponding author:* Elena Yu. Pavlovskaya, e-mail: pavlovskaya\_ey@gigiena-saratov.ru.

*Citation:* Cherkasskaya T.S., Pavlovskaya E.Yu. Sanitary-Epidemiological Service of the Saratov Region during the Great Patriotic War: Contribution to Victory. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections].* 2025; 4:167–169. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-167-169  
*Received 01.10.2025. Accepted 10.10.2025.*

В годы Великой Отечественной войны санитарно-эпидемиологическая служба Саратовской области выполняла важные задачи по предупреждению и недопущению распространения инфекционных болезней. Тыловые регионы, в том числе и Саратовская область, играли ключевую роль в обеспечении фронта всем необходимым: от вооружения и продовольствия до медицинской помощи и санитарно-гигиенического благополучия. Особое место в этом механизме занимала санитарно-эпидемиологическая служба. Перед ней стояли важные задачи по предупреждению и недопущению распространения инфекционных болезней в тылу, при перевозках эвакуируемого населения. Выполняя свой долг в тяжелейших условиях, работники санитарно-эпидемиологической службы Саратовской области проявляли мужество, профессионализм и самоотверженность, внося неоценимый вклад в Победу.

Санитарно-эпидемиологические станции были созданы приказом по Саратовскому областному отделу здравоохранения от 11 ноября 1939 г., поэтому к началу Великой Отечественной войны санитарно-эпидемиологическая служба Саратовской области находилась на этапе становления. Уже были заложены основные принципы организации, такие как эпидемиологический надзор, дезинфекционная работа, санитарно-просветительская деятельность. Однако задачи, поставленные Великой Отечественной войной, потребовали существенного пересмотра и мобилизации всех имеющихся ресурсов.

С началом войны многие медицинские работники, в том числе и сотрудники санэпидслужбы, были мобилизованы на фронт. Это создало острый дефицит квалифицированных кадров на местах. Тем не менее вновь привлеченные специалисты (студенты медицинских вузов, фельдшеры, медсестры) были переориентированы на выполнение оборонных задач. Проведена реорганизация существующих санэпидстанций и создана Государственная санитарная инспекция в составе 13 жилищно-коммунальных, 12 пищевых, 8 промышленных, 5 школьных инспекторов и 80 их помощников.

Основными направлениями деятельности санитарно-эпидемиологической службы области в годы войны были:

- борьба с инфекционными заболеваниями. В условиях массового перемещения населения (через эвакуационные пункты Саратова проследовало 820 тыс. человек) существовал высокий риск возникновения и распространения опасных инфекций: сыпного и брюшного тифа, дизентерии, холеры и др. Санитарно-эпидемиологические учреждения проводили активную профилактическую работу: дезинфекцию, дезинсекцию, обследование населения, выявление и изоляцию больных. Важную роль играла профилактика инфекционных заболеваний путем организации массовых прививок (оспенного детрита, дифтерийной сыворотки);

- санитарно-гигиенический контроль. Специалисты контролировали состояние жилых помещений, качество продуктов питания и питьевой воды. Вопросы централизованного водоснабжения привлекли серьезное внимание: введен в действие новый водопровод, капитально отремонтированы колодцы и разработан проект генеральной реконструкции канализации с выводом спуска за черту города;

- санитарное просвещение. Массовые передвижения советских войск и населения, связанные с эвакуацией, повысили значимость санитарно-просветительской работы среди населения. Успех, достигнутый специалистами службы во время войны в борьбе с дизентерией, особенно показателен. Уровень заболеваемости дизентерией снизился по сравнению с довоенным периодом;

- очистка города. Работники санитарной службы организовывали регулярные мероприятия по очистке города. На предприятия г. Саратова было возложено удаление нечистот с их территории, принимались меры по привлечению населения к очистке города, что позволило к весне 1945 г. удалить с поверхности почвы более 90 % отходов и нечистот.

Саратовская область как один из центров размещения эвакуированного населения столкнулась с такими серьезными вопросами в сфере борьбы с инфекционными заболеваниями, как:

- профилактика тифозных заболеваний: сыпной тиф представлял собой одну из самых грозных угроз. Санитарно-эпидемиологические учреждения организовывали массовую вакцинацию против тифа, проводили дезинсекцию (уничтожение вшей) в местах скопления людей, в том числе на вокзалах, в общежитиях, эвакуационных пунктах. На железнодорожных станциях Сталинград, Саратов, Ртищево, Балашов, Ершово, Покровск, Ахтуба были развернуты тифозные бараки, организован ряд смотровых пунктов;

- борьба с кишечными инфекциями: особое внимание уделялось санитарному состоянию эвакуационных пунктов, где проходили прием и размещение эвакуированного населения, а также военных госпиталей. Большое значение в распространении кишечных инфекций в городе всегда имели Белоглинский и Глебучев овраги, Очкино место, поселок Юриш и др.;

- санитарная обработка эвакуированных: многим жителям области пришлось разместить в своих домах семьи рабочих, прибывших с эвакуированными предприятиями. Санитарной службе приходилось проводить работу по осмотру населения, выявлению температурящих больных, заниматься госпитализацией выявленных инфекционных больных, санитарной обработкой, проведением дезинфекционных мероприятий, санитарно-просветительской работой.

Кроме непосредственно противоэпидемической деятельности санэпидслужба занималась широким спектром вопросов, связанных с обеспечением санитарного благополучия. Важной задачей было обеспечение санитарных норм на оборонных заводах, в во-

инских частях, на транспортных узлах. Это включало контроль за условиями труда, организацией питания, обеспечением питьевой водой, соблюдением правил личной гигиены. Промышленная санинспекция усилила надзор за соблюдением санитарных и оздоровительных мер на предприятиях и добила ряд улучшений в состоянии условий труда.

Несмотря на все трудности, вклад санитарно-эпидемиологической службы Саратовской области в общую Победу был поистине огромен. Предотвращение эпидемий среди гражданского населения, обеспечение санитарного благополучия в эвакуационных пунктах, на оборонных предприятиях позволило сохранить трудовой потенциал региона и обеспечить бесперебойную работу тыла. Саратовская область приняла тысячи эвакуированных из других регионов. Деятельность санэпидслужбы позволила минимизировать риски распространения инфекций среди этой группы населения, предотвращая возможные очаги эпидемий.

Деятельность санитарно-эпидемиологической службы Саратовской области в годы Великой Отечественной войны является ярким примером самоотверженности и высокого профессионализма. В условиях жесточайших испытаний, перед лицом реальной угрозы распространения смертельных заболеваний специалисты службы проявили нестигаемую волю и преданность своему делу. Они были на передовой борьбы за здоровье и жизнь людей, обеспечивая санитарную безопасность как армии, так и гражданского населения. Предотвращая эпидемии,

контролируя качество продуктов и воды, проводя дезинфекционные и дезинсекционные мероприятия, они внесли неоценимый вклад в укрепление тыла, сохранение трудового и военного потенциала региона.

Несмотря на острый дефицит кадров, медикаментов и оборудования, работники санэпидслужбы с честью выполняли свой долг, часто рискуя собственной жизнью. Их работа, зачастую остающаяся в тени громких военных подвигов, была фундаментом, на котором держалась устойчивость страны в один из самых трагических периодов ее истории. Изучение деятельности специалистов санэпидслужбы позволяет не только оценить масштаб их подвига, но и подчеркнуть важность санитарно-эпидемиологической службы как неотъемлемой части системы национальной безопасности.

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

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

#### Authors:

*Cherkasskaya T.S., Pavlovskaya E.Yu.* Center of Hygiene and Epidemiology in the Saratov Region. 69, Bolshaya Gornaya St., Saratov, 410031, Russian Federation. E-mail: fbuz@gigiena-saratov.ru.

#### Об авторах:

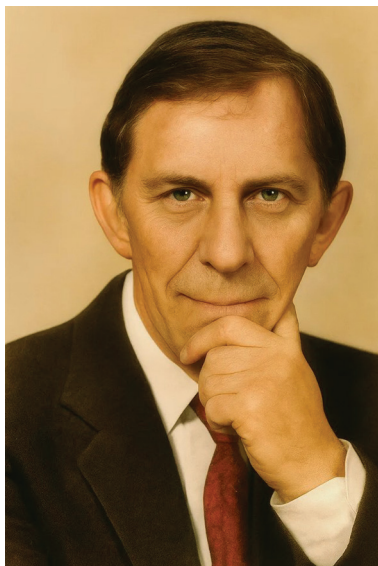
*Черкасская Т.С., Павловская Е.Ю.* Центр гигиены и эпидемиологии в Саратовской области. Российская Федерация, 410031, Саратов, ул. Большая Горная, 69. E-mail: fbuz@gigiena-saratov.ru.

**К 100-летию со дня рождения Игоря Валериановича Домарадского  
(22.12.1925 – 09.09.2009)**

В декабре 2025 г. отмечается памятная дата – 100-летие со дня рождения Игоря Валериановича Домарадского – доктора медицинских наук, доктора биологических наук, профессора, академика Российской академии медицинских наук, академика Российской академии естественных наук, заслуженного деятеля науки Российской Федерации, заслуженного деятеля науки и техники Каракалпакии.

И.В. Домарадский родился 22 декабря 1925 г. в Москве в семье педагогов. В 1927 г. семья переехала в Саратов, где прожила до 1942 г., к этому времени он окончил среднюю школу. В 1942 г. немецкие войска уже подступали к Сталинграду, и семья приняла решение эвакуироваться из Саратова в Казахстан, в город Кызыл-Орда, где Игорь Валерианович поступил в медицинский институт, эвакуированный из Крыма. В 1943 г. был призван в ряды Красной армии и послан в училище связи в Ташкент. В марте того же года по состоянию здоровья (перенесенный в детстве полиомиелит) был снят с учета и вернулся в Кызыл-Орду. В 1944 г., после смерти отца, вместе с матерью вернулся в Саратов и продолжил медицинское образование. В 1947 г. с отличием окончил Саратовский медицинский институт и поступил в аспирантуру на кафедру биохимии. Здесь, по его воспоминаниям, произошла встреча с «...непосредственным учителем профессором Н.Н. Ивановским, который привил любовь к науке и научил критически относиться к себе». Именно во время прохождения аспирантуры на кафедре биохимии под руководством Н.Н. Ивановского началось становление Игоря Валериановича как ученого, которое продолжилось в период последующей их совместной работы в институте «Микроб».

В 1950 г. И.В. Домарадский окончил аспирантуру и поступил в Государственный научно-исследовательский институт микробиологии и эпидемиологии Юго-Востока СССР «Микроб» на должность и.о. младшего научного сотрудника, а после защиты кандидатской диссертации в этом же году стал младшим научным сотрудником и через два года – старшим научным сотрудником. Азотистый обмен у чумного микроба стал темой докторской диссертации, которую он успешно защитил в 1956 г., после чего был избран по конкурсу начальни-



ком отдела биохимии и биофизики института.

В 1957 г., в 33 года, Игорь Валерианович был назначен на должность директора Иркутского противочумного института. Он провел существенную структурную перестройку его подразделений, привлек к работе новые научные кадры, принял меры к оснащению института современным оборудованием и повышению методического уровня исследований. В этот период была организована уникальная для страны лаборатория особо опасных вирусов, созданы лаборатория холеры и патофизиологическая лаборатория, начато изучение механизма действия чумного ток-

сина. Итогом этих работ стала первая монография И.В. Домарадского «Очерки патогенеза чумы», опубликованная в 1966 г.

Деятельность Иркутского противочумного института была направлена в том числе на поддержание эпидемиологического благополучия на огромных просторах Сибири и Дальнего Востока. И.В. Домарадский совместно с заведующим эпидемиологического отдела института В.А. Краминским выдвинул гипотезу о возможности сохранения возбудителя чумы в природе в слабовирулентной форме и стал организатором поисков природных очагов чумы в Горном Алтае и Туве. В этот период были выявлены природные очаги чумы – Горно-Алтайский (Сайлюгемский) и Тувинский. Сотрудниками института совместно со специалистами противочумных станций изучены их пространственная и биоцено- тическая структуры, особенности экологии носителей и переносчиков, биологические и культурально- морфологические свойства возбудителя чумы, определены основные закономерности протекания эпизоотического процесса.

С 1964 по 1973 г. И.В. Домарадский возглавлял Ростовский-на-Дону противочумный институт. В эти годы под его руководством в институте проводили исследования генетики возбудителя чумы, результаты которых были представлены в вышедшей в 1974 г. книге «Биохимия и генетика чумного микроба». Ростовский период жизни Домарадского был отмечен знакомством с большим ученым З.В. Ермольевой, которая оказывала ему поддержку и «...причисляла к кругу своих друзей».

Значительный вклад И.В. Домарадский внес в создание специализированных противоэпидемических бригад (СПЭБ), основная идея, цели и задачи которых были сформулированы профессором Г.М. Мединским. В дальнейшем СПЭБ сыграли огромную роль в борьбе с эпидемическими проявлениями холеры и других особо опасных инфекций.

В 1965 г. в Каракалпакской АССР возникла вспышка холеры, в ликвидации которой, непосредственно участвовал И.В. Домарадский. Правительство страны в штабе по борьбе с холерой представлял заместитель министра здравоохранения СССР А.И. Бурназян, который отметил успешную работу И.В. Домарадского. В 1970–1971 гг. на юге страны с новой силой вспыхнула эпидемия холеры, в борьбе с которой самое активное участие принимали сотрудники Ростовского-на-Дону противочумного института, его директор лично участвовал в проведении противохолерных мероприятий. За заслуги в борьбе с холерой И.В. Домарадский был награжден орденом Ленина.

В 1972 г., уже будучи членом-корреспондентом АМН СССР, он защитил вторую докторскую диссертацию, на этот раз на соискание учёной степени доктора биологических наук. Примечательно, что вторая защита состоялась также в институте «Микроб», ровно через 16 лет после защиты первой докторской и в тот же день – 16 июня.

После успехов в ликвидации эпидемии холеры И.В. Домарадский был переведен в Москву в Главмикробиопром. В этот период Правительством СССР была поставлена задача развития направлений молекулярной биологии в медицинской микробиологии. Благодаря усилиям Игоря Валериановича была создана первая в стране лаборатория внехромосомной наследственности микробов, он внес существенный вклад в развитие молекулярной биологии и генетики в стране. В 1991 г. И.В. Домарадский избран академиком Академии медицинских наук СССР.

И.В. Домарадский является соавтором открытия, 50 изобретений, более 400 статей, 17 монографий, книг и учебных пособий. Работая в разных институтах страны, он подготовил 57 кандидатов и 13 докторов наук, которые успешно продолжили начатые им

научные исследования. И.В. Домарадский обладал всеми чертами настоящего Учителя. Он любил учеников, в работе с ними следуя примеру своего учителя Н.Н. Ивановского и традициям, унаследованным от alma mater – Саратовского медицинского института. О своих учениках он писал так: «Я всегда считал, что их подготовка – одна из первейших задач любого учебного заведения. В них я видел мое будущее и надеялся на то, что кому-то из них удастся сделать то, чего я сделать не мог или не успел. Ведь среди них были по-настоящему талантливые и интеллигентные люди».

И.В. Домарадский оставил след в истории изучения чумы как ученый, автор многих научных произведений, руководитель и наставник. Игорь Валерианович был, по его собственным словам, «патриотом противочумной системы», в учреждениях которой он проработал в совокупности 23 года, высоко ценил работу ее сотрудников. По его мнению, «...вклад в недопущение выхода чумы за пределы природных очагов и в снижение заболеваемости другими особо опасными инфекциями трудно переоценить... До сих пор работа противочумной системы остается примером комплексного, всестороннего подхода к изучению инфекционных заболеваний и их возбудителей, чему может позавидовать даже Запад». В монографии «Чума», вышедшей в 1998 г., к 101-летию системы противочумных учреждений, он подвел итоги изучения различных аспектов проблемы чумы, сформулировал свое видение направлений дальнейших исследований и еще раз подчеркнул «...огромный вклад отечественных ученых в изучение чумы».

За выдающиеся научные и практические достижения И.В. Домарадский награжден орденами Ленина, Дружбы народов, Знак Почёта и рядом медалей. Ему присвоены почетные звания «Заслуженный деятель науки РСФСР» и «Заслуженный деятель науки и техники Каракалпакской АССР».

И.В. Домарадский умер 9 сентября 2009 г. в Москве, похоронен на Троекуровском кладбище. Он был человеком незаурядным и неоднозначным в своих поступках и высказываниях. Таким он и останется в памяти тех, кто знал его лично, и в истории системы противочумных учреждений.

## К юбилею Геннадия Григорьевича Онищенко

21 октября 2025 г. отметил свой 75-летний юбилей Геннадий Григорьевич Онищенко – видный организатор отечественного здравоохранения и государственный деятель, выдающийся ученый-эпидемиолог, доктор медицинских наук, профессор, академик РАН, академик РАО.

Его многогранная деятельность – яркий пример безаветного служения делу защиты граждан нашей страны от биологических угроз. Геннадий Григорьевич внес большой вклад в научное обоснование, разработку и внедрение системы эпидемиологического надзора, санитарной охраны и биологической безопасности нашего государства. Под его руководством осуществлялись противоэпидемические мероприятия в зонах стихийных бедствий, вооруженных конфликтов, гуманитарных катастроф, эпидемических вспышек. Он лично возглавил мероприятия по ликвидации последствий Спитакского землетрясения 1988 г., во время эпидемических осложнений по холере в Дагестане в 1994 г. руководил проведением эффективных противохолерных мероприятий.

При участии Г.Г. Онищенко разработан ряд важнейших законов, реализованы федеральные целевые программы, создана надежная правовая защита здоровья миллионов россиян. Благодаря его усилиям сохранена система противочумных учреждений с ее научными достижениями, практическими разработками и традициями.

Г.Г. Онищенко много внимания уделял развитию системы управления рисками для здоровья населения, в том числе наиболее уязвимых групп – детей и беременных женщин; созданию эффективных механизмов эпидемиологического надзора и профилактики инфекционных и неинфекционных заболеваний; разработке методологии санитарно-гигиенических и противоэпидемических мероприятий с учётом региональных особенностей; борьбе с особо опасными и эмерджентными инфекциями (холерой, сибирской язвой, чумой, вирусными гепатитами, лихорадками и др.).

Г.Г. Онищенко является автором более 800 печатных трудов, в том числе 40 коллективных монографий. Под его научным руководством и при консультировании подготовлены 22 докторских и 20 кандидатских диссертаций.

Высокую оценку получили научные труды Геннадия Григорьевича, посвященные современным представлениям в области микробиологии, эпидеми-



ологии, диагностики, лечения и профилактики сибирской язвы. Указом Президента Российской Федерации № 1481 от 13 декабря 2003 г. в составе группы ученых Г.Г. Онищенко была присуждена Государственная премия Российской Федерации в области науки и техники за разработку и внедрение в медицинскую практику новых средств специфической профилактики, диагностики и лечения сибирской язвы.

В 2006 г. за научное обоснование, разработку и внедрение системы защиты населения Российской Федерации от новых биологических угроз Г.Г. Онищенко награжден Премией Правительства Российской Федерации в области науки и техники. В 2013 г. он стал обладателем звания «Человек года-2013».

Заслуги Геннадия Григорьевича Онищенко перед российским здравоохранением и медицинской наукой отмечены целым рядом высоких государственных наград: он награжден орденом «За заслуги перед Отечеством» IV степени (2005), орденом «За заслуги перед Отечеством» III степени (2021), Орденом Почёта (2010), медалью ордена «За заслуги перед Отечеством» I степени (2006), медалью «Во Славу Осетии» (Республика Северная Осетия-Алания), медалью Столыпина П.А. II степени (2018).

Сегодня Геннадий Григорьевич является заместителем президента Российской академии образования, он передает свой колоссальный опыт молодому поколению в Сеченовском Университете, выполняет важную работу в Президиуме РАН, Координационном совете РАН и РАО «Здоровье и образование детей, подростков и молодежи», ряде научных советов РАН. В 2025 г. награжден Почётной грамотой Российской академии наук. Как истинный врач и государственный деятель Г.Г. Онищенко ведет большую просветительскую работу, выступая в научно-популярных и общественно-политических СМИ с разъяснениями и комментариями по различным вопросам, касающимся сохранения здоровья и благополучия граждан нашей страны.

*Редакционный совет и редакционная коллегия журнала «Проблемы особо опасных инфекций» сердечно поздравляют Геннадия Григорьевича Онищенко с торжественной датой и желают доброго здоровья, благополучия, талантливых учеников и новых творческих успехов.*

## К юбилею Нины Ивановны Смирновой

17 декабря 2025 г. отметила юбилей Нина Ивановна Смирнова – доктор биологических наук, профессор, главный научный сотрудник лаборатории патогенных вибрионов отдела микробиологии ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора.

Н.И. Смирнова – известный ученый, один из ведущих специалистов страны в области микробиологии и генетики холерного вибриона. Занимается разработкой фундаментальных и прикладных вопросов молекулярной генетики, микробного патогенеза и эволюции патогенных свойств на модели *Vibrio cholerae* – возбудителя холеры, а также других холерных вибрионов. При ее непосредственном участии сконструированы штаммы с повышенной продукцией различных протективных антигенов и штаммы – кандидаты в живые вакцины, создана коллекция генетически маркированных штаммов холерных вибрионов разных серогрупп, депонированная в Государственной коллекции патогенных микроорганизмов Российского противочумного института «Микроб».

Важный и плодотворный этап в ее научной деятельности связан с выполнением фундаментальных и прикладных исследований в рамках государственных программ и грантов, в том числе международных.

Н.И. Смирнова была первой заведующей лаборатории патогенных вибрионов с начала ее основания (с 1996 г.), а также долгое время возглавляла отдел микробиологии института.

Много времени и сил Нина Ивановна уделяет педагогической деятельности. В 2003–2005 гг. была куратором Совета молодых ученых, участвовала в организации и проведении научных конференций и тематических школ. Долгое время читала курсы лекций «Микробиология и генетика холерного вибриона» в отделе образовательных программ и подготовки специалистов. Своими знаниями и опытом она щедро делится с молодыми учеными. Под руководством Н.И. Смирновой выполнены и защищены 21 диссертация, включая две докторские, в настоящее время ведется подготовка к защите еще одной кандидатской диссертации. Система воспитания научной молодежи у Нины Ивановны построена на индивидуальном обсуждении работы каждого ученика, заслушивании на общих научных семинарах, где происходит обмен идеями и часто возникают увлекательные научные дискуссии. Каждая диссертация проходит жесткий контроль качества. Некоторые из ее учеников продолжают работать в институте, в том числе и на руководящих должностях. Большой вклад



в подготовку кадров высшей квалификации был оценен по заслугам, и Нина Ивановна награждена государственной наградой Российской Федерации – знаком отличия «За наставничество». Научная зрелость школы Н.И. Смирновой была подтверждена присуждением ей в 1997–2000 гг. государственной научной стипендии при Президенте РАН, а также получением гранта Президента Российской Федерации для поддержки ведущих научных школ Российской Федерации (2003–2005 гг.).

Нина Ивановна Смирнова была членом экспертного совета Высшей аттестационной комиссии при Министерстве образования и науки Российской Федерации. Долгое время являлась членом специализированного диссертационного Ученого совета по защитах кандидатских и докторских диссертаций Д 64.1.006.01 при ФКУН Российский научно-исследовательский институт «Микроб». Входит в состав научно-производственного Ученого совета института, принимает активное участие в работе проблемных комиссий 48.03 «Биомедицинские аспекты изучения особо опасных и других инфекционных болезней» и 48.04 «Холера и патогенные для человека вибрионы» Координационного научного совета по санитарно-эпидемиологической охране территории Российской Федерации. Руководила работой проблемной комиссии института «Холера и патогенные для человека вибрионы», в настоящее время является активным членом данной комиссии и комиссии института «Биомедицинские аспекты изучения особо опасных и других инфекционных болезней». В составе редколлегии научно-практического журнала «Проблемы особо опасных инфекций» и научно-теоретического журнала «Молекулярная генетика, микробиология и вирусология» проводит экспертизу поступивших статей. Член экспертной комиссии по депонированию охраноспособных и авторских штаммов I–IV групп патогенности в Государственной коллекции патогенных микроорганизмов Российского противочумного института «Микроб» и экспертной комиссии по депонированию секвенированных нуклеотидных последовательностей.

Нина Ивановна Смирнова является (со)автором более 400 печатных работ, опубликованных в ведущих отечественных и зарубежных изданиях, монографий, а также 28 авторских свидетельств на изобретения и патентов Российской Федерации. В 1989 г. за изобретательскую работу отмечена нагрудным знаком «Изобретатель СССР».

За многолетний добросовестный труд Нина Ивановна Смирнова награждена знаком отличия

«Почетный работник Роспотребнадзора», Почетной грамотой Министерства здравоохранения и социального развития РФ, грамотами, благодарностями и ценными подарками от губернатора Саратовской области, почетными грамотами и благодарностями директора института «Микроб».

Н.И. Смирнова предана науке, ее отличает высокий профессионализм, скромность, человеческое достоинство, демократизм в общении.

*Коллектив Российского противочумного института «Микроб», редакционный совет и редакционная коллегия журнала «Проблемы особо опасных инфекций» сердечно поздравляют Нину Ивановну Смирнову с торжественной датой и желают доброго здоровья, благополучия, талантливых учеников и новых творческих успехов.*

## К юбилею Андрея Владимировича Топоркова

28 октября 2025 г. исполнилось 55 лет Андрею Владимировичу Топоркову – доктору медицинских наук, доценту, директору ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора.

Вся профессиональная деятельность А.В. Топоркова связана с противочумной системой. С 1998 по 2015 г. он работал в Российском противочумном институте «Микроб», прошел путь от младшего научного сотрудника до заместителя директора по научной и противоэпидемической работе. Здесь произошло его становление как исследователя и администратора.

С 2015 г. руководит ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора. В институте существенно модернизированы объекты инфраструктуры, повысившие надежность, экономичность и безопасность функционирования учреждения, в 2024 г. построен и введен в эксплуатацию новый современный лабораторный корпус. Особое внимание уделяется функционирующим на базе института референс-центрам и СПЭБ.

А.В. Топорковым была организована работа по обеспечению санитарно-эпидемиологического благополучия в период подготовки и проведения в Российской Федерации ряда крупных массовых мероприятий с международным участием, в рамках борьбы с распространением новой коронавирусной инфекции COVID-19 в субъектах Южного федерального округа. А с 2022 г. реализуется комплекс мероприятий по обеспечению биологической безопасности населения Запорожской области.

Под руководством А.В. Топоркова осуществляется координация оказания научно-методической и материально-технической поддержки в области противодействия инфекционным болезням в Социалистической Республике Вьетнам, а также участие специалистов в укреплении системы мониторинга и оперативного реагирования на чрезвычайные ситуации санитарно-эпидемиологического характера в Боливарианской Республике Венесуэла, странах Африки, Восточной Европы, Закавказья и Центральной Азии.

В сферу научных интересов Андрея Владимировича входит широкий круг вопросов эпидемиологии и микробиологии особо опасных инфекций, биологической безопасности. С его приходом были организованы и получили стремительное развитие вирусологические исследования. Под руководством А.В. Топоркова получены фундаментальные данные о распространении лихорадки Западного Нила на территории России, экологии и генетическом разнообразии ее возбудителя, разработаны принципиально новые подходы к организации эпидемиологического



надзора за ЛЗН в России. Впервые на территории РФ выявлен, изолирован и депонирован вирус озера Эбинур, на основе ГИС-технологий внедрены база данных и электронный атлас проявления ЛЗН в России, на российской платформе VGARus размещено более 100 последовательностей вируса Западного Нила. Разработаны и совершенствуются генодиагностические препараты, направленные не только на выявление, но и дифференциацию вирусов: ПЦР-тест-система для выявления и дифференциации 1, 2 и 4-го генотипов ВЗН, праймерная панель на выявление 2-го генотипа ВЗН, ПЦР-тест-система (LAMP) на ВЗН и мультиплексная тест-система для одновременной детекции вирусов Западного Нила, Эбинур и Синдбис. Огромное внимание уделяется изучению экзотических для нашей страны патогенов, вызывающих опасные инфекционные болезни, такие как мелиоидоз, сап и особо опасные микозы.

Андрей Владимирович является соавтором более 400 научных трудов: монографий, руководств, учебно-методических пособий, статей, патентов, нормативно-методических документов.

А.В. Топорков – член правления ООО «Всероссийское научно-практическое общество эпидемиологов, микробиологов и паразитологов», председатель его Волгоградского регионального отделения, член бюро Координационного научного совета по санитарно-эпидемиологической охране территории Российской Федерации, возглавляет его Проблемную комиссию ПК48.05 «Биологическая безопасность и противодействие биотерроризму». Он ведет активную научно-педагогическую деятельность, уже 10 лет возглавляя кафедру молекулярной биологии и генетики Волгоградского государственного медицинского университета.

А.В. Топорков удостоен высоких государственных наград: ордена Пирогова (2021 г.), медали ордена «За заслуги перед Отечеством» II степени (2019 г.), медали «За возвращение Крыма» (2014 г.); награжден благодарственным письмом Президента Российской Федерации (2018 г.). В декабре 2025 г. А.В. Топорков награжден Почетной грамотой Президента Российской Федерации.

*Коллективы Волгоградского противочумного института и Российского противочумного института «Микроб» сердечно поздравляют Андрея Владимировича Топоркова с юбилеем и желают крепкого здоровья, благополучия и новых профессиональных успехов!*

*Редакционный совет и редакционная коллегия журнала «Проблемы особо опасных инфекций» поздравляют А.В. Топоркова с торжественной датой и присоединяются к пожеланиям.*

## Правила для авторов

При направлении статьи в редакцию журнала «Проблемы особо опасных инфекций» следует соблюдать следующие правила:

1. Электронная версия статьи высылается через сайт журнала, по электронной почте или СЭД на адрес ФКУН Российский противочумный институт «Микроб». Оригинал статьи с подписями всех авторов и сопроводительные документы высылаются на почтовый адрес редакции: 410005, г. Саратов, ул. Университетская, 46. Каждая статья должна иметь направление от учреждения, в котором она выполнена, экспертное заключение, лицензионный договор о предоставлении права использования произведения и согласие авторов на обработку данных.

2. Размер статей (включая таблицы, рисунки, резюме и список литературы) не должен превышать у оригинальных – 12 с. (шрифт Times New Roman, размер шрифта – 12, межстрочный интервал – 1,5, поля – по 2 см), обзоров – 20 с., кратких сообщений – 6 с. Краткие сообщения не должны содержать таблицы и рисунки.

3. Оригинальная статья должна состоять из разделов: цель исследования, материалы и методы, результаты и обсуждение. Обзоры должны быть структурированы на разделы: цель, разделы по содержанию обзора.

4. К статьям должны прилагаться резюме и ключевые слова на русском и английском языках. У оригинальных статей резюме должно содержать от 200 до 250 слов и состоять из разделов: цель, материалы и методы, результаты и обсуждение. Использование сокращений и условных обозначений в резюме не рекомендуется. Для кратких сообщений объем резюме – 150 слов. Для обзоров резюме должно включать краткое изложение основной концепции статьи. После резюме приводятся ключевые слова или словосочетания на русском и английском языках (не более 8) в порядке значимости.

5. В начале статьи указываются: инициалы и фамилия авторов, название работы, названия учреждений – мест работы всех авторов, их должности и контактная информация (почтовый адрес с указанием индекса, телефон, адрес электронной почты). Если авторов несколько, у каждой фамилии и соответствующего учреждения предоставляется цифровой индекс. Корреспондирующий автор должен указать персональные контактные данные для редакции (адрес личной электронной почты и телефон). Все авторы должны указать свой идентификационный код автора научных трудов (ORCID).

В конце статьи должно быть приведено заявление об отсутствии/наличии конфликта финансовых либо иных интересов, связанных с написанием статьи. Заявление об отсутствии конфликта интересов может быть сформулировано следующим образом: авторы подтверждают отсутствие конфликта финансовых/нефинансовых интересов, связанных с написанием статьи. Если статья была написана в результате работы, которая финансировалась из дополнительных источников (грант, контракт, ФЦП и т.д.), это должно быть указано в конце статьи.

6. Если в работе имело место участие животных или людей как объектов исследования, авторы должны указать в рукописи, что все стадии исследования соответствовали законодательству РФ, международным этическим нормам и нормативным документам учрежде-

ния, а также одобрены соответствующими комитетами. В рукописи должно быть четко отражено, что от всех людей, ставших объектами исследований, получено информированное согласие.

7. Количество иллюстраций и таблиц не должно превышать 5 (либо 5 рис., либо 5 табл., либо 5 в совокупности). Иллюстрации необходимо вставить в текст статьи после ссылки на них, а также приложить файл в формате tiff или pdf. Рисунки должны быть четкими, количество обозначений сведено к минимуму. Все объяснения следует давать в подрисуночной подписи на русском и английском языках. Текст внутри рисунка также должен быть на двух языках – русском и английском.

8. Таблицы не должны дублировать графики, должны иметь краткое название, быть компактными, с шапками, точно отражающими содержание графа, весь материал продублирован на английском языке. Данные в таблицах должны быть статистически обработаны. Цифровой материал из таблиц не должен повторяться в тексте статьи.

9. Названия таблиц и рисунков, подрисуночные подписи должны быть переведены на английский язык. Фамилии иностранных авторов при упоминании в тексте статьи даются в иностранной транскрипции.

10. В списке литературы (в оригинальных статьях – не более 25 источников, проблемных и обзорах – не более 60, кратких сообщениях – не более 10) приводятся работы отечественных и зарубежных авторов за последние 10 лет в порядке упоминания в тексте (независимо от языка, на котором дана работа), а не по алфавиту. В тексте дается ссылка на порядковый номер списка (в квадратных скобках), а не на фамилию и годы.

Требования к оформлению списка литературы представлены на сайте журнала: <https://journal.microbe.ru/jour/about/submissions#authorGuidelines>.

Количество ссылок на собственные работы (самоцитирование) – не более трех. Под самоцитированием подразумевается цитирование не только первого, но и каждого из соавторов статьи.

11. Требования к электронным вариантам статей: файлы с текстом и подрисуночными подписями должны быть в формате doc; рисунки и фотографии – в отдельных файлах в формате tiff или jpg (разрешение – 300 пикс/дюйм); диаграммы и графики должны быть выполнены в программе Excel (в отдельных файлах в формате xls).

12. При невыполнении настоящих правил статьи не принимаются и отсылаются авторам на дооформление.

13. Редакция оставляет за собой право редактировать статьи, сокращать или исправлять, а также публиковать их в виде кратких сообщений. Вся работа проводится по авторскому оригиналу. После сокращения статья направляется на согласование автору.

14. Присланные в редакцию статьи проверяются системой «Антиплагиат», проходят рецензирование в соответствии с требованиями ВАК РФ. Рецензии, содержащие замечания, высылаются авторам. Фамилии рецензентов не разглашаются.

15. В случае отклонения статьи по рецензии редакция направляет автору мотивированный отказ.

16. Публикация – бесплатная.