

19. Gerasimov S.G. Evolution of Tick-borne Encephalitis in Central Federal District of Russia. Modeling of Replacement of Subtypes of Infectious Agent in Experiment. Diss. Moscow; 2012. (in Russian)
20. Druzhinina T.A. Ecologo-epidemiological Characteristics and the Prevention of Transmissible Infections, Passed by Ticks (by the Materials of Yaroslavl Region). Diss. Moscow; 2005. (in Russian)
21. Danchinova G.A., Shulunov S.S., Boloshinov A.B., Zlobin V.I. Some ecologo-epidemiological features of tick-borne encephalitis in republic of Buryatia. In: Epidemiological Situation and Strategy of Control of Tick-borne Encephalitis in Modern Stage. Moscow; 2003: 23–4. (in Russian)
22. Sanitary Regulations 3.1.3.2352–08. Prophylaxis of Tick-borne Encephalitis. Moscow; 2008. (in Russian)
23. Druzhinina T.A., Baranova N.S. Tick-borne encephalitis in Yaroslavl region: the features of epidemiology, clinical characteristics, prophylaxis. Sibirskiy meditsinskiy zhurnal. 2012; 4: 85–8. (in Russian)

Поступила 29.05.14  
Received 29.05.14

#### Сведения об авторах:

*Дружинина Татьяна Александровна*, доктор мед. наук, зам. начальника Управления Роспотребнадзора по Ярославской области, e-mail: druzhinina\_ta@76.rospotrebnadzor.ru; *Карань Людмила Станиславовна*, науч. сотр, руководитель научной группы отдела молекулярной диагностики и эпидемиологии; *Колясникова Надежда Михайловна*, канд. мед. наук, ст. науч. сотр. лаб. клещевого энцефалита и др. вирусных энцефалитов; *Баранова Наталья Сергеевна*, канд. мед. наук, доцент кафедры неврологии с медицинской генетикой и нейрохирургией; *Левина Людмила Сергеевна*, канд. биол. наук, вед. науч. сотр. лаб. клещевого энцефалита и др. вирусных энцефалитов; *Маленко Галина Викторовна*, канд. биол. наук, вед. науч. сотр. лаб. клещевого энцефалита и др. вирусных энцефалитов; *Погодина Ванда Вацлавовна*, доктор мед. наук, проф., руководитель лаб. клещевого энцефалита и др. вирусных энцефалитов; *Бочкова Надежда Георгиевна*, канд. мед. наук, ст. науч. сотр. лаб. клещевого энцефалита и др. вирусных энцефалитов.

© КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2014

УДК 616.932-036.21

*Москвитина Э.А., Мазрухо А.Б., Арешина О.А., Адаменко О.Л., Назаретян А.А., Анисимова Г.Б.*

## ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ХОЛЕРЫ НА СОВРЕМЕННОМ ЭТАПЕ СЕДЬМОЙ ПАНДЕМИИ

ФКУЗ Ростовский-на-Дону научно-исследовательский противочумный институт, 344002, Ростов-на-Дону, ул. М. Горького, 117/40

*В 2013 г. сохранилась тенденция роста заболеваемости холерой в мире (темпы 1,127 и 1,765% относительно 1961 и 2004 гг. соответственно). Особенностью, определяющей положительную тенденцию в динамике заболеваемости холерой, является вовлечение впервые в эпидемический процесс стран Северной Америки (Гаити, Доминиканской Республики и Кубы).*

*Использование критерия «плотность инфекции» позволило выявить особенности территориального распределения холеры по 109 странам мира. Помимо эндемичных территорий в Индии и Бангладеш, выявлено формирование эндемичных очагов в 12 странах Африки, последовательное во времени и поэтапное в пространстве (по провинциям, округам, штатам, регионам стран) распространение эпидемической холеры, что свидетельствует о продолжении седьмой пандемии. Распространение измененных в геноме вариантов холерных вибрионов Эль-Тор с эпидемическим и пандемическим потенциалом наряду с вышеизложенным определяет неблагоприятный прогноз по холере на глобальном уровне.*

*Ключевые слова: холера, пандемия, территориальное распределение, эндемичные территории, V. cholerae O1, прогноз.*

*Moskvitina E.A., Mazrukho A.B., Areshina O.A., Adamenko O.L., Nazaretyan A.A., Anisimova G.B.*

EPIDEMIOLOGICAL FEATURES OF CHOLERA AT THE PRESENT STAGE OF THE SEVENTH PANDEMIC

*The Rostov-on-Don Research Institute for Plague Control, 117/40, Gorky Street Rostov-on-Don, Russian Federation, 344002*

*In 2013 the cholera incidence remains on an upward trend in the world (with the rate of 1,127 per cent and 1,765 per cent relatively to 1961 and 2004 respectively). The features determining the positive tendency in the dynamics of cholera incidence is for the first time involvement of several countries of Northern America (Haiti, The Dominican Republic and Cuba) in the epidemic process. The use of the criterion «infection density» made it possible to reveal the peculiarities of territorial cholera distribution in 109 countries of the world. Apart from the endemic territories in India and Bangladesh, there was revealed the formation of endemic foci in twelve African countries, as well consecutive in time as stepwise spacing (in accordance with provinces, districts, states and regions of countries), dissemination of epidemic cholera which could serve the evidence of continuation of the seventh cholera pandemics. The spread of modified in genome variants of Vibrio cholerae El Tor with epidemic and pandemic potential, along with the above mentioned, determines the unfavorable forecast for cholera at the global level.*

*Key words: cholera, pandemic, territorial distribution, endemic territories, genome modified variants of Vibrio cholera O1, forecast.*

**Для корреспонденции (correspondens to):** *Москвитина Эльза Афанасьевна*, доктор мед. наук, проф., зав. лаб. эпидемиологии ООИ ФКУЗ Ростовский-на-Дону противочумный институт Роспотребнадзора; e-mail: plague@aaanet.ru

На современном этапе седьмой пандемии холеры продолжает оставаться приоритетной проблемой мирового здравоохранения в связи с существованием угрозы возникновения различных по происхождению чрезвычайных ситуаций биолого-социального характера, имеющих международное значение и проявляющихся в виде интенсивных и масштабных эпидемий и вспышек. Это определяет необходимость постоянного слежения за распространением холеры как одного из основных компонентов эпидемиологического надзора на глобальном и других территориальных уровнях. Необходимость сбора и обработки информации, по данным ВОЗ, определяется тем, что изменение обстановки в отношении инфекционных и прежде всего опасных инфекционных болезней в любой точке земного шара может затрагивать интересы практически любой страны. В Международных медико-санитарных правилах (2005) подчеркивается важность обмена информацией, который способствует эффективному предотвращению и сдерживанию эпидемий [1]. Не менее важным является использование при этом информационных технологий, основой которых являются базы данных, создаваемые с целью адекватного отражения явлений и удовлетворения информационных потребностей пользователей, анализа, оценки масштабов, характера распространения инфекции и прогноза.

## Материалы и методы

Для оценки эпидемической обстановки и прогноза использованы созданные в ФКУЗ Ростовский-на-Дону противочумный институт Роспотребнадзора проблемно-ориентированные базы данных “Холера Эль-Тор. Эпидемиологический анализ заболеваемости в мире”, “Холера Эль-Тор. Мир. Административные территории”, “Холера Бенгал”, “Холера Эль-Тор. Эпи-

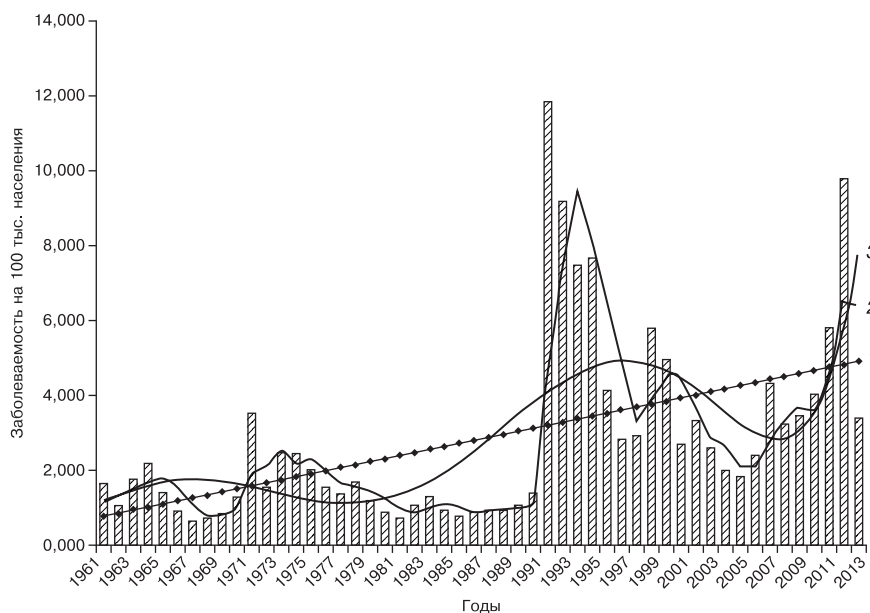
демиологический анализ заболеваемости в СНГ, России” с различной глубиной ретроспективы. Формирование их осуществляли с использованием сведений из Wkly Epidemiologic Record World Health Organization (WER WHO) (1961–2013), A ProMED-mail post (<http://www.promedmail.org>) (2007–2012), с сайтов Haitian Ministry of Public Health and Population (MSSP) [2], научных публикаций из поисковой системы PubMed.

## Результаты и обсуждение

По оценкам ВОЗ, официально сообщаемые данные о холере, предоставляемые разными странами, продолжают оставаться неполными по причине неадекватного функционирования (или отсутствия) систем лабораторной диагностики и эпидемиологического надзора или же исходя из экономических, социальных и политических причин [3, 4].

С 1961 по 2013 г. зарегистрировано 7 562 350 больных холерой в 171 стране. В 2013 г. сохранилась тенденция роста мировой заболеваемости (темпы 1,127 и 1,765% относительно 1961 и 2004 гг. соответственно). На 2014 г. прогнозируется сохранение положительной тенденции в динамике заболеваемости с учетом степенной, полиномиальной и прямолинейной линий тренда относительно эмпирических данных (см. рисунок). Динамика заболеваемости на глобальном уровне свидетельствует о факторах, оказывающих длительное воздействие на эпидемический процесс, и демонстрирует связь между изменениями уровня заболеваемости и их активностью. К числу основных из них относятся: продолжающееся пандемическое, поступательное распространение инфекции по континентам и странам за счет импорта инфекции в результате миграции населения, являющейся косвенным регулятором эпидемического процесса; чрезвычайные ситуации (ЧС), природные и социальные условия, способствующие активизации и функционированию социально-экологической системы эпидемического процесса на различных территориальных уровнях; наличие эндемичных очагов, откуда идет отсчет новых эпидемий и вспышек с распространением инфекции в сопредельные страны, а также межконтинентальных, меж- и внутрисубъективных завозов инфекции; клональное разнообразие ответственных за пандемию эпидемических штаммов холерных вибрионов O1-серогруппы.

По данным ВОЗ, “динамика заболеваемости холерой, начиная с 2005 года, в сочетании с появлением новых штаммов, приводящих к заболеванию с более тяжелым клиническим течением и обладающих повышенным уровнем антибиотикорезистентности, и с изменением климата выводят холеру на цен-



Динамика заболеваемости холерой в мире (1961–2013). Тенденции: 1 – прямолинейная; 2 – полиномиальная; 3 – степенная. По оси абсцисс – годы; по оси ординат – показатель заболеваемости на 100 тыс. населения.

тральное место в повестке дня проблем глобального здравоохранения” [5]. К этому следует добавить, что особенностью, определяющей положительную тенденцию в динамике заболеваемости холерой в мире в последнее десятилетие, является вовлечение впервые в эпидемический процесс стран Северной Америки, Гаити, Доминиканской Республики, Кубы и др. Эпидемии, вспышки и завозы холеры в страны Американского континента обусловили высокий удельный вес больных холерой в структуре мировой заболеваемости: 61, 23% (2011) и 60, 35% (2012). 69,12% (2013).

Установленный факт завоза холеры в регион Карибского бассейна, в Гаити, в 2010 г. из Непала [6] обусловил ширококомасштабную эпидемию в стране и показал, насколько быстро инфекционные болезни, в частности холера, могут распространяться с одного континента на другой в результате миграции населения. По данным Министерства общественного здравоохранения и народонаселения Гаити, с 18.10.10 по 31.12.13 зарегистрировано 696 794 больных холерой с вовлечением всех департаментов страны, 8531 человек умер. В 2013 г. летальность в целом по стране составила 1%, достигая в Южном и Юго-Восточном департаментах страны в отдельные периоды эпидемии 70–100%. Штаммы *V. cholerae*, выделенные от больных, идентифицированы как токсигенные серогруппы O1, биовара Эль-Тор, серовара Огава. Установлено наличие гена *ctxB* холерного токсина классического биовара, способного вызывать более тяжелое клиническое течение со смертельными исходами в первые часы после появления клинических признаков, присутствие в геноме холерных вибрионов островов пандемичности VSP-1 и VSP-2, обеспечивающих высокий уровень адаптации к условиям внешней среды, а также наличие SXT-интегративного конъюгативного элемента, обусловившего резистентность к антибиотикам [7].

В Доминиканской Республике, куда возбудитель холеры был занесен с водой поверхностных водоемов из Гаити в 2010 г., зарегистрирован 32 271 больной холерой (на декабрь 2013 г.) в 31 из 32 провинций страны, летальность – 1,4%. В конце июня 2012 г. впервые за период седьмой пандемии холеры выявлена на Кубе. Это связано с завозом инфекции из Гаити в провинцию Гранма, г. Мансанильо, с группой добровольцев и медицинского персонала (119 человек), которые выезжали в Порт-о-Пренс, столицу Гаити, в целях оказания помощи в борьбе с холерой. Начало вспышки обусловлено контаминацией воды нескольких скважин, используемой для питьевого водоснабжения [8]. Впоследствии холера распространилась с завозами внутри страны в Гавану и в провинции Сантьяго-де-Куба, Ла-Хабана, Артемиса, Гуантанамо, Ольгин, Лас-Тунас, Маябеке. В 2013 г. имела место вспышка впервые в провинции Сьенфуэгос, связанная с ритуальными традициями населения (поминки), а также повторно в провинциях Ольгин и Гуантанамо, что свидетельствует о

сохранении возбудителя в межэпидемический период. На Кубе выделен оригинальный гаитянский токсигенный штамм *V. cholera* O1, биовара Эль-Тор, серовара Огава [9].

Необходимо отметить, что развитие эпидемического процесса во времени особенно жестко связано с непременным развитием в пространстве. При изучении особенностей территориального распределения холеры по странам мира использован критерий “плотность инфекции”, который выражается показателем числа больных холерой на единицу площади [10]. При этом мы исходили из положения и нами подтверждено при холере, что между плотностью населения и “плотностью инфекции” при холере существует более высокая степень корреляции ( $r = 0,79 \pm 0,058$ ), чем между плотностью населения и уровнем заболеваемости ( $r = 44 \pm 0,104$ ). Ранжирование максимальных значений критерия по 109 странам мира (2003–2012) позволило выделить 4 группы стран: 1-я – с наиболее высокой «плотностью инфекции» – 101 и более; 2-я и 3-я группы с высокими – 51–100 и повышенными – 1–50 значениями критерия; 4-я группа – от 0,001 до 1,0.

Установлено, что повышенные, высокие и наиболее высокие значения «плотности инфекции» выявлены в 58 (53,2%) странах мира, в том числе в 41 (37,6%) стране Африканского континента (Либерия, Сьерра-Леоне, Зимбабве, Сомали, Камерун, Гана, Гвинея и др.), в 13 (11,9%) – Азии (Индия, Афганистан, Ирак, Непал, Вьетнам, Филиппины, Малайзия и др.) и трех – Северной Америки (Гаити, Доминиканская Республика, Куба). В 51 (46,8%) стране значение показателей было от 0,001 до 1,0.

Исходя из понятия «глобализация распространения инфекционных болезней» [11], мы можем констатировать глобальное распространение холеры при наличии различных по характеру ЧС, способствующих активизации эпидемических проявлений. Это ЧС природного характера: землетрясения, ураганы, наводнения, ливни, штормы и как следствие – техногенные ЧС, приводящие к разрушению инфраструктуры населенных мест, в том числе систем водоснабжения и водоотведения, с последующей контаминацией поверхностных водоемов, используемых для питьевого водоснабжения, неудовлетворительной очистке и отсутствию доброкачественной воды, неудовлетворительным санитарно-гигиеническим условиям (Африка: Ангола, 2007; Мозамбик, 2008, 2011; Кения, 2008, 2010, 2011; Зимбабве, 2008; Уганда, 2010; Сомали, 2010–2012; Нигерия, 2011, 2013; Камерун, 2010, 2011; Демократическая Республика Конго 2011–2013; Чад, Нигер, Сьерра-Леоне, Гана, Мали, 2010–2013 и др.; Северная Америка: Гаити, 2010–2013; Куба, 2012–2013). ЧС социального характера: локальные и региональные конфликты, массовые беспорядки ввиду политической и экономической нестабильности (Гаити, 2010), голод (Сомали, 2011), ЧС, связанные с войнами, локальными и региональными военными кон-



фликтами, могут оказывать существенное влияние на интенсивность эпидемических проявлений холеры (Судан, 2006, 2007; Ирак, Ангола, 2007, 2008), Демократическая Республика Конго (2008, 2012), Сомали (2011, 2012), Мали (2012, 2013). Как следствие – миграция населения, проживание в лагерях для беженцев, переселенцев с неудовлетворительными санитарно-гигиеническими условиями.

Нельзя не остановиться на природных и социальных условиях, влияющих на активизацию эпидемического процесса при холере. Среди природных условий следует отметить наличие постоянных рисков, обусловленных географическим положением стран в климатических поясах с различными типами климата (экваториальным, экваториально-муссонным, субэкваториальным и муссонным), высокими показателями суммы эффективных температур, количеством осадков, водонасыщенностью территорий (страны Южной Азии, Восточного, Центрального и Западного регионов Африки) [12], а также временных рисков, связанных с сезонами дождей, и с климатическим явлением ENSO, несущим засухи и наводнения и как следствие эпидемии холеры. По мнению S. Paz (2009), глобальное потепление может создать благоприятную среду для возбудителя в водной среде и повышение уровня заболеваемости холерой в эндемичных местностях.

Среди социальных условий необходимо отметить наличие постоянных территориальных рисков: международные пункты пропуска транспортных средств (завозы инфекции); неудовлетворительное состояние водоснабжения и водоотведения и как следствие потенциальная возможность реализации водного пути распространения возбудителя инфекции; урбанизация; высокая плотность населения, а также существование временных территориальных рисков: миграции (хадж, туризм и др.). Факторами, способствующими активизации и интенсивности эпидемических проявлений холеры при наличии источника возбудителя инфекции, являются традиции и обычаи населения (ритуалы захоронения, поминальные обеды и др.).

Одним из ключевых моментов на современном этапе седьмой пандемии, определяющих состояние и особенности эпидемиологии холеры, продолжает оставаться наличие эндемических очагов. С учетом понятия «эндемичность» [14] установлена возможность формирования эндемических очагов (за счет эколого-гигиенических условий, благоприятных для сохранения и переживания холерных вибрионов в объектах окружающей среды, регистрации холеры без завозов извне) в семи провинциях (Бакнинь, Хайдонг, Ханам, Ханой, Тайбинь, Таньхоа, Хайфон) Вьетнама, наличие эндемических очагов в Индии (штаты Гуджарат и Махараштра) и Пакистане (Северная провинция), а также на 25 административных территориях 12 стран Африки: в Восточном (Зимбабве, Кения, Замбия, Сомали, Танзания, Уганда, Мозамбик и др.), Западном (Нигерия, Гана) и в Центральном (Демократическая Республика Конго,

Камерун и Ангола) регионах при тенденции стабилизации в динамике заболеваемости в целом на континенте (2003–2013).

Следует отметить, что удельный вес больных холерой в 12 странах с эндемичными территориями (из 46 пораженных в Африке) составил 65%, в Азии – 29,58%. В остальных странах имело место последовательное во времени и поэтапное в пространстве распространение холеры, в том числе в новых провинциях, округах, штатах и регионах.

Хронический во времени (1 год, более 7 мес), разлитый по территории (поражены все департаменты Гаити и столица Порт-о-Пренс) типы эпидемического процесса, разрушенная инфраструктура в пострадавших от землетрясения городах и населенных пунктах, антисанитарные условия в лагерях для беженцев; природные условия, благоприятные для сохранения холерного вибриона в поверхностных водоемах, ураганы и наводнения являются предпосылками формирования эндемичных очагов и новых всплесков холеры в стране.

По мнению Chin Ch-Sh. и соавт. (2011), существует вероятность того, что экосистема Карибского бассейна станет «хозяином» для ряда генов, включая гены холерного токсина классического биовара и SXT-элемента, которые отсутствовали в этом регионе. Chin Ch-Sh. и соавт. (2011) на основании секвенирования геномных ДНК штаммов *V. cholerae* из Гаити, Ali A. и соавт. (2011) с использованием VNTR-генотипирования было показано, что эпидемия в Гаити была вызвана одним клоном, у которого, по мнению исследователей, было недостаточно времени, чтобы подвергнуться дивергенции и приобрести разные типы последовательностей, чего можно было ожидать от штаммов, в течение длительного времени персистирующих в природном резервуаре. Но уже в 2011 г. опубликованы результаты исследований, свидетельствующие об эволюции штамма, вызвавшего вспышку, на основании идентификации новых PFGE-профилей рестрикции (*NotI* и *SfiI*) и их новых сочетаний – *SfiI/NotI* при использовании метода геле-электрофореза в пульсирующем поле [17].

Необходимо отметить, что генетически измененные варианты *V. cholerae* O1 биотипа Эль-Тор в последовательности гена *ctxB* и других структурных вариациях, например в SXT и VSP-2, появились еще в начале 1990–2000-х годов [18, 19], несколько позже – измененные варианты *V. cholerae* O139 [20]. Генотипы штаммов *V. cholerae* O1, несущие классический аллель *ctxB-1*, обнаруженные в Индии, распространились в другие страны Азии и в Африку, а имеющие классический аллель *ctxB-7* – в страны Азии, Африки и на Американский континент. Это позволило сделать вывод, что штаммы *V. cholerae* O1 Эль-Тор, имеющие классический аллель *ctxB*, распространяются в глобальном масштабе [17].

К настоящему времени вспышки или импортируемые случаи холеры, обусловленные измененными в геноме вариантами холерных вибрионов O1 Эль-

Тор, имели место с 1991 г. в странах Азии (Индия, Бангладеш, Таиланд, Шри-Ланка, Малайзия, Вьетнам, Китай, Япония, Кувейт, Непал, Узбекистан и Иран), Африки (Алжир, Гвинея, Замбия, Марокко, Мозамбик); Америки (Гаити, Доминиканская Республика, Куба, Мексика, Пуэрто-Рико, Венесуэла, США, Канада, Багамские Острова, Мартиника, Сент-Мартин) и Европы (Румыния, Украина, Россия, Англия, Германия, Испания и Италия).

С 1992 по 2011 г. зарегистрировано более 135 тыс. больных холерой, обусловленной холерными вибрионами O139-серогруппы, в 26 странах, в том числе в 18 странах Южной, Юго-Восточной, Восточной и Центральной Азии, где имели место эпидемии и крупные вспышки. При слежении за динамикой заболеваемости холерой Бенгал нами установлена тенденция снижения заболеваемости (по всем линиям тренда относительно эмпирической динамики заболеваемости). В последнее десятилетие ВОЗ информировала о холере Бенгал в Китае (2003–2005, 2007–2009).

Эпидемиологическая обстановка в странах СНГ за анализируемый период определялась вспышками холеры завозного происхождения в Казахстане (2003, 2005) и Украине (2011) [21–23]. В генезе вспышки в Украине необходимо отметить неуставленный завоз возбудителя (холерного вибриона Эль-Тор серовара Огава, содержащего гены *ctxAB* и *tcpA*) с попаданием в водные объекты, благоприятные в экологическом плане для размножения холерного вибриона, с последующей реализацией в основном пищевого и водного путей передачи возбудителя инфекции. Ранее имели место также импортируемые единичные случаи холеры в Украину (2007) и в Казахстан (2008). Завозы холеры на фоне изоляции в указанных и других странах СНГ атоксигенных холерных вибрионов O1 биовара Эль-Тор из поверхностных водоемов и других объектов окружающей среды позволяют в целом оценить ситуацию как неустойчивую. Прогноз остается неблагоприятным в плане возможных завозов инфекции и заносов холерных вибрионов с водой рек из сопредельных, неблагополучных по холере стран.

В России сохраняется тенденция снижения заболеваемости с темпом -16,494 (в 2013 г. относительно 2004 г.). Наличие более 300 международных пунктов пропуска через государственную границу Российской Федерации, различные виды и объемы миграции населения определяют существование реальной угрозы завоза холеры всеми видами международного транспорта на любую административную территорию независимо от типа по эпидемическим проявлениям холеры. Подтверждением этому являются завозы холеры с выделением от больных холерными вибрионами O1 биовара Эль-Тор серовара Огава с генами *ctxAB*<sup>+</sup> и *tcpA*<sup>+</sup> в Башкортостан (2004), Мурманскую область (2006) и в Москву (2010, 2012) из Индии; в Тверскую область и в Москву (2005) из Таджикистана. Особенностью этого периода является завоз холеры, обусловленной атоксигенными холерными вибрионами

O1 биовара Эль-Тор, серовара Огава в Ростовскую область (2005) из Таджикистана с локальной вспышкой и реализацией водного пути передачи возбудителя инфекции. Установлено, что холерные вибрионы способны к продукции ряда дополнительных факторов патогенности, в их геноме обнаружены гены *tcpA*, определяющие продукцию структурной субъединицы пилей адгезии ТСП – основного фактора колонизации, входящих в состав острова патогенности VPI, последовательность attRS – сайт интеграции профага СТХф, гены дополнительных токсинов (*cef*, *rtxA*), ген гемагглютиниин/протеазы *hapA* – ключевой протеазы холерных вибрионов, маннозочувствительных пилей адгезии (*mshA*) и др. [24].

Необходимо отметить увеличение числа изолируемых атоксигенных, но содержащих гены токсинорегулируемых пилей штаммов холерных вибрионов из поверхностных водоемов в зонах рекреации, в местах сброса сточных вод в Республике Калмыкия (2003, 2007, 2011–2013) и других субъектах (Ростовская область, 2007; Алтайский край, 2011) с регистрацией одного больного (Республика Калмыкия, 2011), от которого изолирован холерный вибрион с указанной характеристикой.

## Заключение

Затронутые актуальные вопросы холеры в современный период указывают на значимость проблемы на глобальном уровне. Сохраняющаяся тенденция роста заболеваемости, завозы холеры, приводящие к крупным вспышкам и эпидемиям, наличие эндемичных очагов на трех континентах мира, распространение измененных в геноме вариантов холерных вибрионов Эль-Тор с эпидемическим и пандемическим потенциалом указывают в целом на неблагоприятный прогноз по холере на глобальном уровне и для России. Это диктует необходимость осуществления комплекса мероприятий в системе эпидемиологического надзора за холерой и обеспечение готовности учреждений Роспотребнадзора и Министерства здравоохранения к проведению регламентированных противохолерных мероприятий.

## ЛИТЕРАТУРА

1. Мелдупародные медико-санитарные правила (2005 г.). Женева: Всемирная организация здравоохранения; 2006.
2. Bienvenue sur le site du MSPP. <http://www.mspp.gouv.ht/site/index.php> (Documentation).
3. World Health Organization [Internet]. Cholera surveillance and number of cases. Geneva: WHO; 2007. <http://www.who.int/topics/cholera/surveillanc/cn/index.html>.
4. World Health Organization [Internet]. Cholera fact sheet. Geneva: WHO; 2010. <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs107/en/index.html>.
5. Cholera, 2009. Wkly Epidemiol. Rec. 2010; 85 (31): 293–308.
6. Hendriksen R.S., Price L.B., Schupp J.M., Gillette J.D., Kaas R.S., Engelthaler D.M. et al. Population genetics of *Vibrio cholerae* from Nepal in 2010: evidence on the origin of the Haitian outbreak. MBio. 2011; 2 (4): e00157-11.
7. Chin C.-S., Sorensen J., Harris J.B., Robins W.P., Charles R.C., Jean-Charles R.R., Bullard J. The origin of the Haitian cholera outbreak strain. N. Engl. J. Med. 2011; 364: 33–42.

8. Cholera, diarrhea & dysentery update 2012 (23): Cuba (GR). RFI [Internet] 02 Jul 2012 [cited 02 Jul 2012]. Archive number: 20120702.1187070. Available from: <http://www.promedmail.org>.
9. Cholera, diarrhea & dysentery update 2012 (32): Cuba. RFI [Internet] 17 Jul 2012 [cited 17 Jul 2012]. Archive number: 20120717.1204509. Available from: <http://wwwv.-promedmail.org>.
10. Облапенко Г.П., Вершинский Б.В. Пространственный аспект эпидемического процессам. Труды Института им. Пастера (Л.). 1976. 45: 40–8.
11. Черкасский Б.Л. Глобальная эпидемиология. М: Практическая медицина; 2008.
12. Москвитина Э.А. Современные тенденции в развитии седьмой пандемии холеры. Проблемы особо опасных инфекций. 2008; 1 (95): 22–6.
13. Paz S. Impact of temperature variability on cholera incidence in Southeastern Africa. 1971–2006. Ecohealth. 2009; 6 (3): 340–5.
14. World Health Organization. Cholera vaccines: WHO position paper. Wkly Epidemiol. Rec. 2010; 85 (13): 117–28.
15. Chen-Shan Chin, Sorenson J., Harris J.B., William M.D., Robins. P.D., Charles R.C. et al. The origin of the haitian cholera outbreak atrain. N. Engl. J. Med. 2011; 364: 33–42.
16. Ali A., Chen Y., Johnson J. A., Redden E., Mayette Y., Rashid M.H. et al. Recent clonal origin of cholera in Haiti. Emerg. Infect. Dis. 2011; 17 (4): 699–701.
17. Talkington D., Bopp C., Tarr C., Parsons M.B., Dahourou G., Freeman M. Characterization of toxigenic Vibrio cholerae from Haiti, 2010–2011. Emerg. Infect. Dis. 2011; 17 (11): 2151–4.
18. Goel A.K., Jain M., Kumar P., Bhadauria S., Kmboj D.V., Singh L. A new variant of Vibrio cholerae 01 El Tor causing cholera in India [letter]. J. Infect. Dis. 2008; 57: 280–1.
19. Pal B.B., Khuntia U.K., Samal S.K., Kar S.K., Patnaik B. Epidemics of severe cholera caused by El-Tor Vibrio cholerae 01 Ogawa possessing the ctxB gene of the classical biotype in Orissa. India. Int. J. Infect. Dis. 2010; 14: 384–9.
20. Fazil M.H., Bhanumathi R., Pandey H.P., Singh D.V. Characterization of Vibrio cholerae 0139 belonging to multiple ribotypes and isolated from diarrhoeal patients in Kerala, southern India. Infect. Genet. Evol. 2011; 11 (2): 454–9.
21. Оспанов К.С., Казаков С.В., Лйкимбаев А.М. Этапы создания системы санитарной охраны территории Республики Казахстан и ее современная характеристика. В кн.: Вопросы реагирования на ЧС санитарно-эпидемиологического характера: Материалы Круглого стола санитарно-эпидемиологических служб РФ и Республики Казахстан, проводимого в рамках 8-го Форума межрегионального сотрудничества РФ и Республики Казахстан с участием глав государств (14 сентября 2011 г., Астрахань). Астрахань; 2011: 94–101.
22. Мусалиева Р.С. Пути завоза и распространения холеры за 1993–2008 гг. Батыс Казакстан медицина журналы. Актобе. 2010; 1 (25): 78–9.
23. World Health Organization. Cholera. 2011. Wkly Epidemiol. Rec. 2012; 87 (31–32): 288–303.
24. Онищенко Г.Г., Ломов Ю.М., Москвитина Э.А., Подосинникова Л.С., Монахова Е.В., Водопьянов А.С. и др. Эпидемические проявления холеры, обусловленные ctxAB-tcpA<sup>+</sup> холерными вибрионами 01. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2007; 1: 23–9.
- cholerae from Nepal in 2010: evidence on the origin of the Haitian outbreak. MBio. 2011; 2 (4): e00157-11.
7. Chin C.-S., Sorensen J., Harris J.B., Robins W.P., Charles R.C., Jean-Charles R.R., Bullard J. The origin of the Haitian cholera outbreak strain. N. Engl. J. Med. 2011; 364: 33–42.
8. Cholera, diarrhea & dysentery update 2012 (23): Cuba (GR). RFI [Internet] 02 Jul 2012 [cited 02 Jul 2012]. Archive number: 20120702.1187070. Available from: <http://www.promedmail.org>.
9. Cholera, diarrhea & dysentery update 2012 (32): Cuba. RFI [Internet] 17 Jul 2012 [cited 17 Jul 2012]. Archive number: 20120717.1204509. Available from: <http://www.-promedmail.org>.
10. Oblapenko G.P., Vershinskiy B.V.. Spatial aspect of the epidemic process. Trudy Instituta im. Pastera. (Leningrad). 1976; т. 45: 40–8. (in Russian)
11. Cherkasskiy B.L. Global Epidemiology. Moscow: Prakticheskaya meditsina, 2008. (in Russian).
12. Moskvitina E.A. Current trends in the seventh cholera pandemic. Problemy Osobo opasnykh infektsiy. 2008; 1 (95): 22–6. (in Russian)
13. Paz S. Impact of temperature variability on cholera incidence in Southeastern Africa, 1971–2006. Ecohealth. 2009; 6 (3): 340–5.
14. World Health Organization. Cholera vaccines: WHO position paper. Wkly Epidemiol. Rec. 2010; 85 (13): 117–28.
15. Chen-Shan Chin, Sorenson J., Harris J.B., William M.D., Robins, P.D., Charles R.C. et al. The origin of the haitian cholera outbreak strain. N. Engl. J. Med. 2011; 364: 33–42.
16. Ali A., Chen Y., Johnson J.A., Redden E., Mayette Y., Rashid M.H. et al. Recent clonal origin of cholera in Haiti. Emerg. Infect. Dis. 2011; 17 (4): 699–701.
17. Talkington D., Bopp C., Tarr C., Parsons M.B., Dahourou G., Freeman M. Characterization of toxigenic Vibrio cholerae from Haiti, 2010–2011. Emerg. Infect. Dis. 2011; 17 (11): 2151–4.
18. Goel A.K., Jain M., Kumar P., Bhadauria S., Kmboj D.V., Singh L. A new variant of Vibrio cholerae 01 El Tor causing cholera in India [letter]. J. Infect. Dis. 2008; 57: 280–1.
19. Pal B.B., Khuntia H.K., Samal S.K., Kar S.K., Patnaik B. Epidemics of severe cholera caused by El Tor Vibrio cholerae O1 Ogawa possessing the ctxB gene of the classical biotype in Orissa, India. Int. J. Infect. Dis. 2010; 14: 384–9.
20. Fazil M.H., Bhanumathi R., Pandey H.P., Singh D.V. Characterization of Vibrio cholerae O139 belonging to multiple ribotypes and isolated from diarrhoeal patients in Kerala, southern India. Infect. Genet. Evol. 2011; 11 (2): 454–9.
21. Ospanov K.S., Kazakov S.V., Aykimbaev A.M. Formation stages of the sanitary protection system for the territory of the Republic of Kazakhstan and its modern characteristics. In: Problems of Response for Sanitary Epidemiological Emergency: Proceeding The Round Table of the San.-Epidemiological Services of the Russian Federation and Resp. Kazakhstan Held in the Framework of the 8-th Forum on Interregional Cooperation between Russia and Resp. Kazakhstan with the Participation of the Governmental Leaders (September 14, 2011, Astrakhan). [Astrakhan]: 94–101. (in Russian).
22. Musagalieva R.S. Transport and extension ways of cholera for 1993–2008. Batys Kazakstan meditsina zhurnaly. Aktobe. 2010; 1 (25): 78–9. (in Russian)
23. World Health Organization. Cholera, 2011. Wkly Epidemiol. Rec. 2012; 87 (31–32): 288–303.
24. Onishhenko G.G., Lomov Yu.M., Moskvitina E.A., Podosinnikova L.S., Monahova E.V., Vodop'yanov A.S. et al. Epidemical manifestations of cholera caused by ctxAB- tcpA<sup>+</sup> V. cholerae O1. Zhurnal mikrobiologii, jepidemiologii i immunobiologii. 2007; 1: 23–9. (in Russian)

## REFERENCES

1. The International Health Regulations (2005). Geneva: World Health Organization; 2006. (in Russian)
2. Bienvenue sur le site du MSPP. <http://www.mspp.gouv.ht/site/index.php> (Documentation).
3. World Health Organization [Internet]. Cholera surveillance and number of cases. Geneva: WHO; 2007. <http://www.who.int/topics/cholera/surveillance/en/index.html>.
4. World Health Organization [Internet]. Cholera fact sheet. Geneva: WHO; 2010. <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs107/en/index.html>.
5. World Health Organization. Cholera, 2009. Wkly Epidemiol. Rec. 2010; 85 (31): 293–308.
6. Hendriksen R.S., Price L.B., Schupp J.M., Gillice J.D., Kaas R.S., Engelthaler D.M. et al. Population genetics of Vibrio

## Сведения об авторах:

**Мазрухо Алексей Борисович**, канд. мед. наук, зав. лаб. ФКУЗ Ростовский-на-Дону противочумный институт Роспотребнадзора, e-mail: [plague@aanet.ru](mailto:plague@aanet.ru); **Арешина Ольга Анатольевна**, мл. науч. сотр., лаб. эпидемиологии; **Адаменко Ольга Леонидовна**, канд. мед. наук, науч. сотр., лаб. эпидемиологии; **Назаретян Ася Асватуровна**, мл. науч. сотр., лаб. эпидемиологии; **Анисимова Галина Борисовна**, вед. программист, канд. физ.-матем. наук, лаб. эпидемиологии.

Поступила 28.02.14

Received 28.02.14