

12. Jiang W., Bonnert T.P., Venugopal K., Gould E.A. A single chain antibody fragment expressed in bacteria neutralizes tick-borne flaviviruses // *Virology*. — 1994. — Vol. 200. — P. 21-28.

13. Laemmli U.K. Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4 // *Nature*. — 1970. — Vol. 227. — P. 680-685.

14. Presta L.G. Engineering of therapeutic antibodies to minimize immunogenicity and optimize function // *Advanced Drug Delivery Reviews*. — 2006. — Vol. 58. — P. 640-656.

15. Scerra A., Pluckthun A. Assembly of a functional

immunoglobulin Fv fragment in *Escherichia coli* // *Science*. — 1988. — Vol. 240. — P. 1038-1041.

16. Tsekhanovskaya N.A., Matveev L.E., Rubin S.G. et al. Epitope analysis of tick-borne encephalitis (TBE) complex viruses using monoclonal antibodies to envelope glycoprotein of TBE virus (persulcatus subtype) // *Virus Research*. — 1993. — Vol. 30. — P. 1-16.

17. Xie L., Jones R.M., Glass T.R., et al. Measurement of the functional affinity constant of a monoclonal antibody for cell surface receptors using kinetic exclusion fluorescence immunoassay // *Journal of Immunological Methods*. — 2005. — Vol. 304. — P. 1-14.

Адрес для переписки: Леванов Лев Николаевич — младший научный сотрудник лаборатории разработки средств экстренной профилактики ФГУН ГНЦ ВБ «Вектор» (630559 Новосибирская область, пос. Кольцово).

Телефон: 8(383) 336-58-95; — младший научный сотрудник лаборатории молекулярной иммунологии Института химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, 630090, город Новосибирск, проспект Лаврентьева, 8. E-mail: levanov_lev@mail.ru

© ШПЫНОВ С.Н., АРСЕНЬЕВА И.В., ГРАНИТОВ Н.В., РУДАКОВ В.М. — 2008

КЛЕЩЕВОЙ РИККЕТСИОЗ В АЛТАЙСКОМ КРАЕ: ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ, МОЛЕКУЛЯРНО-БИОЛОГИЧЕСКАЯ ВЕРИФИКАЦИЯ

С.Н. Шпынов, И.В. Арсеньева, В.М. Гранитов, Н.В. Рудаков
(Алтайский государственный медицинский университет, Барнаул;

Омская государственная медицинская академия; Омский НИИ природноочаговых инфекций)

Резюме. Последние десятилетия XX века характеризуются ростом заболеваемости природно-очаговыми инфекциями, передаваемыми клещами, в том числе клещевым риккетсиозом (сибирский клещевой тиф или клещевой сыпной тиф Северной Азии). Начиная с 1936 г. (начало официальной регистрации клещевого риккетсиоза) по 2007 г. в России зарегистрировано более 68 тысяч случаев этой инфекции. Наиболее существенный рост заболеваемости отмечен в Западной Сибири и на Дальнем Востоке. При этом эпидемическую ситуацию по клещевому риккетсиозу в Западно-Сибирском регионе определяет Алтайский край и Республика Алтай (показатель заболеваемости на 100 тыс. населения — более 50,0). Заболеваемость клещевым риккетсиозом зарегистрирована во всех ландшафтно-географических зонах Алтайского края. Проведенные молекулярно-биологические исследования позволили выявить «новые» бактериальные патогены из порядка *Rickettsiales* в переносчиках в очагах клещевого риккетсиоза на территории Алтайского края. Впервые осуществлена молекулярно-биологическая верификация заболеваний у пациентов с клещевым риккетсиозом в Алтайском крае и доказана этиологическая роль *R. sibirica sensu stricto* в возникновении заболеваний этой инфекцией.

Ключевые слова: клещевой риккетсиоз, верификация.

TICK-BORNE RICKETTSIOSIS IN ALTAI REGION: EPIDEMIOLOGICAL ASPECTS, MOLECULO-BIOLOGICAL VERIFICATION

S.N. Shpynov, I.V. Arsenjeva V.M., Granitov, N.V. Rudakov

(Altai State Medical University, Barnaul, Omsk State Medical Academy, Omsk Research Institute of Natural Foci Infections, Russia)

Summary. The last decades of the XX th century are characterized by the growth of the morbidity rate caused by natural-foci infections passed by the ticks, including tick-borne rickettsiosis (Siberian tick typhus or tick-borne spotted fever typhus of North Asia). From 1936 (the beginning of the official registration of the tick-borne rickettsiosis) to 2007, 68 thousand cases of this infection are registered in Russia. The most essential growth of the sickness rate is registered in West Siberia and Far East. In this case Altai region and the Republic of Altai (the ratio of the sickness rate is 50,0 persons per 100 thousand of the population) define the epidemiological situation on the tick-borne rickettsiosis on the territory of the Western-Siberian region. The sickness rate of the tick-borne rickettsiosis is registered in all geographical landscapes of Altai region. The carried-out moleculo-biological studies have allowed to reveal "new" bacterial pathogens out of the *Rickettsiales* in the vectors in the tick-borne rickettsiosis centers on the territory of Altai region. The moleculo-biological verification of the diseases among the patients having the tick-borne rickettsiosis was realized in Altai region for the first time and the etiological role of *R sibirica sensu stricto* in the origination of this infection diseases was proved.

Key words: tick-borne rickettsiosis, verification.

Клещевой риккетсиоз (КР) (сибирский клещевой тиф или клещевой сыпной тиф Северной Азии) — природноочаговая облигатно-трансмиссивная инфекция, вызываемая *Rickettsia sibirica*, эпидемически активные очаги которой имеют распространение в Азиатской части России. Эта инфекция зарегистрирована на 18 административных территориях юга Сибири и Дальнего Востока. С начала регистрации заболеваний КР в 1936 г. по 2007 г. (включительно) в России зарегистрировано более 68 тысяч случаев этой инфекции.

Официальная регистрация КР в Алтайском крае и республике Алтай (ранее — единая административ-

ная единица) ведется с 1942 г. За 65 лет исследований (1942 — 2007 гг.) в Алтайском крае (до 1995 г. республика Алтай включительно) было зарегистрировано 27877 случаев КР, из них 10985 случаев (39,4%) — за последнее десятилетие (1998 — 2007 гг.).

В последние десятилетия описан ряд «новых» патогенов человека из порядка *Rickettsiales* (*Anaplasma phagocytophila* и *R. heilongjiangensis*), вызывающих заболевания сходные по клинической картине с КР.

Цели настоящего исследования — анализ эпидемиологических особенностей КР в Алтайском крае (динамика, сезонность, клинико-серологические дан-

ные, территориальное распределения заболеваемости с выявлением территорий повышенного риска заражения населения), молекулярно-биологическая верификация диагноза КР, и изучение распространения α 1-протеобактерий из родов *Rickettsia*, *Anaplasma* и *Ehrlichia* в иксодовых клещах в Алтайском крае.

Материалы и методы

Осуществлен ретроспективный анализ заболеваемости КР в Алтайском крае и РФ за весь период регистрации. Изучено территориальное распределение заболеваемости КР в различных районах Алтайского края в разрезе ландшафтно-географических зон (подзон) края с определением среднесезонных показателей заболеваемости на 100 тыс. населения. Проведен анализ данных серологического обследования больных КР.

Для анализа многолетней заболеваемости использованы архивные данные отчетной документации санитарной службы (Федерального Центра ГСЭН МЗ РФ, Центра ГСЭН, ТУ Роспотребнадзора и ФГУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Алтайском крае»), истории болезней больных, парные сыворотки от больных.

Биоптаты с места первичного аффекта были забраны у 12 пациентов с диагнозом «Сибирский клещевой тиф», находившихся в инфекционном отделении МУЗ «Городская больница №5» г. Барнаула в весенне-летний период 2005 г.

Имаго иксодовых клещей трех родов (*Dermacentor*, *Ixodes* и *Haemaphysalis*) в количестве 94 экземпляра были собраны с растительности в Алейском, Бийском и Шипуновском районах края в апреле-мае 2003 г.

Фрагмент *ompA* гена, специфичный для всех риккетсий группы клещевой пятнистой лихорадки (КПЛ) 590 пар оснований (п.о.) был амплифицирован и секвенирован с использованием праймеров Rr190.70p и Rr190.701n (Fournier PE et al., 1998). Праймеры CSf (TAT GAC CAA TGA AAA TAA TAA) и CSFin (ACT TAT ACT CTC TAT GTA C), амплифицирующие ген цитрат синтетазы (*glTA*) были впервые использованы в данной работе совместно с праймерами CS409d и CS535r (Roux et al., 1997) для nested-ПЦР. Для амплификации *glTA* гена полной длины была применена hemi-nested ПЦР с использованием продуктов, полученных в первом раунде.

ДНК анаплазм и эрлихий была амплифицирована в ПЦР с применением прямого праймера 16SEHRD (5' GGTACCYACAGAAGAAGTCC 3') и обратного праймера 16SEHRR (5' TAGCACTCATCGTTTACAGC 3'), которые амплифицируют фрагмент 345 п.о. 16S рибосомальной РНК известных анаплазм и эрлихий (Parola et al., 2001).

ПЦР осуществляли в термоциклере Peltier PTC-200 (MJ Research, Inc, Watertown, MA) как описано (Roux et al., 1997). В качестве положительного контроля использовали ДНК *Rickettsia montanensis* и *Ehrlichia canis* в качестве отрицательного контроля — дистиллированную воду. Положительные ПЦР-продукты были очищены с применением QIAquick PCR purification kit (Qiagen) и секвенированы с использованием d-Rhodamine Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction kit (Applied Biosystems, Warrington, UK) на автоматическом секвенаторе ABI 3100 PRISM (Applied Biosystems). Полученные нуклеотидные последовательности были идентифицированы в режиме прямого доступа в GenBank.

Результаты и обсуждение

Алтайский край (показатели заболеваемости — 24,3-70,4 на 100 тыс. населения) и республика Алтай (54,2-97,3) занимают первое место по числу заболеваний КР не только в Западной Сибири, но и в Российской Федерации. На втором месте — Красноярский край — показатели — 4,9-9,5. На эти две административные

территории приходится более 80% всех случаев КР в России [3,5].

В многолетней динамике заболеваемости КР на территории Алтайского края отмечается чередование подъемов и спадов с общей тенденцией роста заболеваемости. Периоды подъема и снижения заболеваемости совпадают с аналогичными периодами по РФ (рис. 1).

Сопоставление динамики заболеваемости КР в России и Алтайском крае свидетельствует о росте показателей: в России с 0,2 в 1979 г. до 1,18 в 2005 г., т.е. в 5,9 раза — и увеличении показателей в Алтайском крае — с 4,4 в 1979 г. до 28,0 в 2005 г., т.е. в 6,7 раза. Первый пик заболеваемости КР в крае отмечается в 1954 г. (443 случая или 19,1 на 100 тыс. населения). Начиная с середины семидесятых годов в Алтайском крае, как и в целом в РФ, отмечается второй подъем заболеваемости КР. Так, в 1978–1987 гг. среднесезонные показатели составляли 8,7 на 100 тыс. населения (от 3,3 до 15,2 в отдельные годы), в 1988–1997 гг. — 29,1 (от 18,0 до 38,9), в 1998–2007 гг. — 41,7 (27,3–70,4). Наиболее высокие показатели заболеваемости КР приходились на 1990–2004 гг., когда ежегодно регистрировалось от 581 до 1867 случаев заболевания. По данным официальной регистрации в 2001 г. в Алтайском крае было зарегистрировано наибольшее количество случаев КР — 1867 (показатель — 70,4 на 100 тыс. населения), что составило 54% от общего числа случаев заболевания в РФ. Данные показатели свидетельствуют о высокой эпидемической активности очагов КР в Алтайском крае. В дальнейшем отмечается тенденция к некоторому снижению числа заболеваний: 1078 в 2002 г., 802 и 689 случаев в 2003 г. и 2007 г. соответственно.

Первые случаи заболевания отмечаются в апреле, последние — в октябре-ноябре. Эпидемический сезон длительный и в различные годы может продолжаться 7–8 месяцев, что обусловлено разнообразием видового состава клещей-переносчиков, отмечаемых в крае. Максимальная доля заболеваний регистрируется в мае-июне — 67,4%, с пиком в мае (41,3% от общего числа заболевших). В июле и августе происходит снижение доли заболеваний (9,4% и 6,2% соответственно), после чего в сентябре отмечается новый, хотя и меньший ее подъем (7,9%).

Территория Алтайского края за 65 лет (1942–2007 гг.) характеризуется расширением пространственной структуры нозоареала КР. Так, в 1946 г. заболевания зарегистрированы в 25 районах и 5 городах края [2], а в 1967 г. — в 49 районах из 63 (включая районы Горно-Алтайской автономной области, с 1991 г. — Республика Алтай) и 7 городах [4]. В настоящее время инфекция зарегистрирована во всех районах и городах края.

Природные очаги КР выявлены во всех ландшафтно-географических зонах Алтайского края. Картографический анализ данных многолетнего эпидемиологического надзора за заболеваемостью КР в крае позволил выделить районы с наибольшим уровнем за-

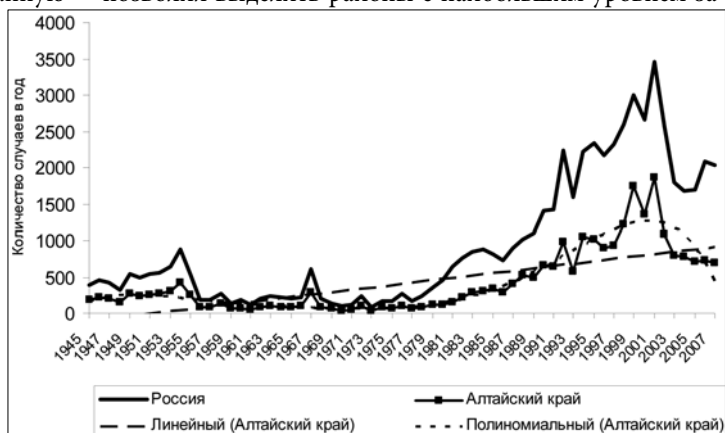


Рис.1. Заболеваемость ССТ в России и Алтайском крае с 1945 по 2007 гг. (количество случаев).

Генотипирование α -протеобактерий из порядка *Rickettsiales* (риккетсий, эрлихий и анаплазм) в искодовых клещах собранных на территории Алтайского края

Район	Вид клещей	Общее количество исследованных клещей (экз.)	Результаты генотипирования		Микст-инфицированность клещей
			вид α -протеобактерий	в экз. клещей	
Алейский	<i>Dermacentor reticulatus</i>	22	<i>Rickettsia raoultii</i>	8	
	<i>Dermacentor marginatus</i>	6	<i>Rickettsia raoultii</i>	4	
	<i>Ixodes persulcatus</i>	8	<i>Anaplasma phagocytophila</i>	1	1 — <i>Ehrlichia muris</i> , <i>Rickettsia tarasevichiae</i> , <i>Rickettsia</i> sp. AT-1; 1 — <i>Ehrlichia muris</i> , <i>Rickettsia tarasevichiae</i> , <i>Rickettsia</i> sp. RpA4; 1 — <i>Rickettsia tarasevichiae</i> , <i>Bacterium «Montezuma»</i>
			<i>Ehrlichia muris</i>	3	
			<i>Rickettsia tarasevichiae</i>	3	
			<i>Rickettsia</i> sp. AT-1	1	
			<i>Rickettsia raoultii</i>	1	
	<i>Haemaphysalis concinna</i>	20	<i>Bacterium «Montezuma»</i>	3	1 — « <i>Rickettsia heilongjiangensis</i> », <i>Rickettsia raoultii</i>
			« <i>Rickettsia heilongjiangensis</i> »	4	
Бийский	<i>Dermacentor reticulatus</i>	19	<i>Rickettsia raoultii</i>	7	
			<i>Rickettsia raoultii</i>	9	
Шипуновский	<i>Dermacentor marginatus</i>	19	<i>Rickettsia raoultii</i>	5	

болеваемости в разрезе ландшафтно-географических зон (подзон) края. По степени активности и устойчивости природные очаги в различных подзонах можно распределить следующим образом. Наиболее интенсивны и стабильны природные очаги подзоны разнотравно-типчаково-ковыльных степей, в меньшей степени — подзоны северной и южной лесостепей. В этих подзонах отмечаются наиболее высокие среднеголетние (1990–2007 гг.) показатели заболеваемости. В последние годы отмечается увеличение активности природных очагов в районах южной лесостепи. Меньшее значение имеют природные очаги подзоны Северного Алтая. Наименьшая активность отмечается в подзонах типчаково-ковыльных степей и Западного Алтая.

Наиболее высокие показатели заболеваемости КР, по среднеголетним данным (1990–2007 гг.), отмечены в Завьяловском (среднеголетний показатель на 100 тыс. населения — 236,6), Романовском (175,9), Кытмановском (169,1), Баяновском (151,5), Тогучинском (115,7), Целинном (115,6), Тюменцевском (113,6), Суевском (112,3) и Заринском (108,7) районах. В ряде степных районов (Славгородский, Табунский, Ключевской, Угловский, Кулундинский и другие районы), граничащих с северо-западными районами Казахстана, заболеваемость низкая.

Отмечено, что заболеваемость КР распределяется неравномерно по районам внутри одной ландшафтно-географической подзоны [1]. Так, в Крутихинском и Топчихинском районах, расположенных в южной лесостепи, отмечается низкая заболеваемость КР (среднеголетний показатель на 100 тыс. населения — 14,9 и 11,8 соответственно) в то время как в других районах данной подзоны — Усть-Пристанском (99,8) и Калманском (98,6) заболеваемость выше.

При серологическом исследовании крови больных КР за период 1991–2004 гг. положительные результаты отмечены в 47,7% случаев (от 28,3% до 65,5% в различные годы). При этом количество обследованных составляло 54,9 % от общего количества заболевших.

Таблица 1

При исследовании биоптатов с мест первичного аффекта, у больных в г. Барнауле, 10 из 12 проб были положительны в ПЦР с праймерами к фрагментам генов *ompA* и *gltA*. Для обоих генов нуклеотидные последовательности, полученные из всех 10 образцов, были идентичны и имели 100% гомологии с секвенсом *R. sibirica* для *gltA* (GenBank номер U59734) и *ompA* (GenBank номер U43807) генов.

При исследовании клещей из Алейского района было выявлено наибольшее количество α -протеобактерий из порядка *Rickettsiales* (риккетсий, эрлихий и

анаплазм). Так, в 8 из исследованных клещей *I. persulcatus* были идентифицированы *R. raoultii*, *R. tarasevichiae*, риккетсия близкая *Rickettsia* sp. AT-1, *A. phagocytophila*, *Ehrlichia muris* и *Bacterium «Montezuma»* (табл. 1).

При этом наблюдалась микст-инфицированность членистоногих. Так 2 клеща содержали по три вида α -протеобактерий: *Ehrlichia muris*, *Rickettsia tarasevichiae*, *Rickettsia* sp. AT-1; *Ehrlichia muris*, *R. tarasevichiae* и *R. raoultii*; и 1 экземпляр — 2 вида *R. tarasevichiae*, *Bacterium «Montezuma»*. Следует отметить, что примененная стратегия амплификации двух генов-мишеней риккетсий: *gltA* и *ompA* позволила установить наличие ДНК 2 видов риккетсий в каждом из двух клещей. Праймеры CSf, CSFin, CS409d и CS535r, позволили амплифицировать ген *gltA* *R. tarasevichiae*. Пара праймеров Rr190.70p и Rr190.70n амплифицирующие ген *ompA* большинства известных риккетсий не позволяют амплифицировать этот ген у *R. tarasevichiae*. В результате чего ими была амплифицирована ДНК 2 других видов риккетсий.

При исследовании 20 экземпляров *H. concinna* у 7 была выявлена ДНК *R. raoultii* и у 4 «*Rickettsia heilongjiangensis*», при этом одна особь была микст-инфицирована.

Таблица 2

Молекулярно-биологическая верификация штаммов группы КРП выделенных в очагах клещевого риккетсиоза в Алтайском крае

№	Название штамма	Источник	Год	Автор	Результат молекулярно-биологической верификации
1	42/65	<i>D. silvarum</i>	1965	М.С. Шайман	<i>R. sibirica</i>
2	55/65	<i>I. persulcatus</i>	1965	М.С. Шайман	<i>R. sibirica</i>
3	44/65	<i>D. reticulatus</i>	1965	М.С. Шайман	<i>R. sibirica</i>
4	130/66	<i>H. concinna</i>	1966	М.С. Шайман	<i>R. heilongjiangensis</i>
5	84/Kazantcheva	Human	1965	В.К. Ястребов	<i>R. sibirica</i>
6	87/Portunova	Human	1966	В.К. Ястребов	<i>R. sibirica</i>
7	148/66	<i>D. reticulatus</i>	1966	В.К. Ястребов	<i>R. sibirica</i>
8	Altay 24/86	<i>H. concinna</i>	1986	Н.В. Рудаков	<i>R. sibirica</i>
9	Baevo 105/87	<i>D. marginatus</i>	1987	Н.В. Рудаков	<i>R. sibirica</i>
10	Baevo 107/87	<i>D. marginatus</i>	1987	Н.В. Рудаков	<i>R. sibirica</i>
11	Gornyi 54/88	<i>D. nuttallii</i>	1988	Н.В. Рудаков, С.Н. Шпынов	<i>R. sibirica</i>
12	Altay 81/88	<i>D. silvarum</i>	1988	Н.В. Рудаков, И.Е. Самойленко	<i>R. sibirica</i>
13	Gornyi 37/89	<i>D. nuttallii</i>	1989	С.Н. Шпынов, Н.В. Рудаков	<i>R. sibirica</i>
14	Zavialovo 43/89	<i>D. marginatus</i>	1989	Н.В. Рудаков, И.Е. Самойленко	<i>R. sibirica</i>
15	Glubokoe 45/89	<i>D. marginatus</i>	1989	Н.В. Рудаков, И.Е. Самойленко	<i>R. sibirica</i>

ДНК *R. raoultii* была выявлена в клещах *Dermacentor reticulatus* собранных в Бийском районе, и клещах *Dermacentor marginatus* из Шипуновского района.

В период с 1965 по 1989 гг., Омский НИИ природно-очаговых инфекций осуществил сбор полевого материала и материала от больных в различных ландшафтно-географических зонах Алтайского края в очагах КР и клещевого энцефалита. В результате проведенной работы были выделены штаммы риккетсий группы КПП, в дальнейшем 15 штаммов были изучены с применением комплекса молекулярно-биологических методов (ПЦР-секвенирование) [6]. 14 из 15 выделенных на территориях Алтайского края штаммов, были генотипированы как *R. sibirica* (табл.2). Эти штаммы были изолированы от человека (2), из клещей *D. nuttalli* (2), *D. silvarum* (2), *D. marginatus* (4), *D. reticulatus* (2), *H. concinna* (1) и *I. persulcatus* (1). Один штамм изолированный из клещей *H. concinna* был идентифицирован как *R. heilongjiangensis*.

В результате исследований впервые осуществлена молекулярно-биологическая верификация заболеваний у 10 пациентов с КР в Алтайском крае и доказана этиологическая роль *R. sibirica* в возникновении случаев этой инфекции.

Молекулярно-биологическое типирование штаммов позволило установить, что доминирующим видом патогенных риккетсий была *R. sibirica*. Впервые на территории края был идентифицирован «новый» патоген «*R. heilongjiangensis*» (не идентифицированный штамм, которого был выделен д.м.н. М.С.Шайманом в Алтайском крае в 1966 г.).

Таким образом, при молекулярно-биологическом скрининге α-протеобактерий из порядка *Rickettsiales*

наибольшее разнообразие α-протеобактерий было выявлено в клещах *I. persulcatus*, в том числе возбудитель гранулоцитарного анаплазмоза человека (ГАЧ) — патоген *A. phagocytophila*. Часть случаев так называемого «серонегативного» клещевого риккетсиоза в Алтайском крае может быть вызвано другими α-протеобактериями из порядка *Rickettsiales*, выявленными в данной работе, прежде всего «*R. heilongjiangensis*», изолированной из клещей *H. concinna*. Однако наиболее распространенным видом α-протеобактерий из порядка *Rickettsiales* в иксодовых клещах в Алтайском крае является *R. raoultii*, которая была недавно описана, как «новый» патоген, что должно учитываться при дифференциальной диагностике случаев клещевых инфекций.

Таким образом, по заболеваемости населения КР Алтайский край и республика Алтай характеризуются наиболее высокими показателями в РФ, что является проявлением высокой эпидемической активности природных очагов. Заболеваемость КР зарегистрирована во всех ландшафтно-географических зонах Алтайского края. Отмечены существенные различия в основных эпидемиологических показателях КР в очагах различного ландшафтного типа, наибольшая эпидемическая активность очагов характерна для подзоны разнотравно-типчаково-ковыльных степей, в меньшей степени — лесостепной зоны (северная и южная лесостепи) и подзоны Северного Алтая. В очагах КР в Алтайском крае, кроме *Rickettsia sibirica*, выявлены другие патогенные α1-протеобактерии порядка *Rickettsiales* — *Anaplasma phagocytophilum*, *R. heilongjiangensis* и *R. raoultii*, что необходимо учитывать при дифференциальной диагностике клещевых инфекций.

ЛИТЕРАТУРА

1. Веселов Ю.В., Гранитов В.М., Горбунов Н.С. Материалы к географии клещевого сыпного тифа в Алтайском крае // Актуальные проблемы современной медицины. — Барнаул, 1970. — Вып. 2 — С. 93-94.
2. Кулагин С.М. Клещевой риккетсиоз Северной Азии // География природноочаговых болезней человека в связи с задачами их профилактики. — М., 1969. — С. 120-136.
3. Рудаков Н.В., Оберт А.С. Клещевой риккетсиоз. — Омск: ОмГМА, 2001. — 120 с.
4. Ястребов В.К. Эпидемиологическое значение очагов клеще-

вого риккетсиоза Северной Азии различного ландшафтного типа в Алтайском крае // Журн. микробиол. — 1971. — № 4. — С. 22-26.

5. Ястребов В.К. Современные нозоареалы клещевого энцефалита и клещевого риккетсиоза в Сибири // Бюллетень сибирской медицины. — 2006. — С. 131-136.

6. Shpynov S.N., Fournier P.-E., Rudakov N.V. et al. Short report: Molecular identification of a collection of spotted fever group rickettsiae obtained from patients and ticks from Russia // Am J. Trop. Med. Hyg. — 2006. — 74 (3). — P. 440-443.

Адрес для переписки: Арсеньева Ирина Владимировна. Заочный аспирант кафедры инфекционных болезней АГМУ, врач 1-го инфекционного отделения МУЗ «Городская больница №5» г. Барнаула. Тел.: раб. 68-84-09, 68-44-96; моб. 89609429025. E-mail: ariv26@mail.ru.

© КАЛЯГИН А.Н. — 2008

ВОЗМОЖНОСТИ ПРЕДУПРЕЖДЕНИЯ ДЕКОМПЕНСАЦИИ ХРОНИЧЕСКОЙ СЕРДЕЧНОЙ НЕДОСТАТОЧНОСТИ ЗА СЧЁТ ПРИМЕНЕНИЯ ВАКЦИН ПРОТИВ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ РЕСПИРАТОРНЫХ ИНФЕКЦИЙ

А.Н. Калягин

(Иркутский государственный медицинский университет,
Иркутский городской ревматологический центр,
МУЗ «Клиническая больница №1 г. Иркутска»)

Резюме. С целью оценки возможности применения вакцинации от инфекций респираторного тракта для предупреждения декомпенсации хронической сердечной недостаточности (ХСН) исследованы две группы больных: 1 группа — больные с ХСН на фоне ревматического порока сердца привитые от гриппа (n=35) и 2 группа — аналогичные непривитые больные (n=45). Больные наблюдались в течение одного года. Установлено, что вакцинация способствует уменьшению вероятности госпитализации, госпитализации по поводу декомпенсации ХСН, респираторных инфекций и, возможно, снижению риска смертности.

Ключевые слова: хроническая сердечная недостаточность, ревматические пороки сердца, факторы риска, воздействие на факторы риска, вакцинация, респираторные инфекции.

OPPORTUNITIES OF PREVENTION OF DECOMPENSATION OF CHRONIC INTIMATE INSUFFICIENCY DUE TO APPLICATION OF VACCINES AGAINST ACTIVATORS OF RESPIRATORY INFECTIONS

A.N. Kalyagin

(Irkutsk State Medical University, Irkutsk Munitipal Clinical Hospital №1, Russia)

Summary. With the purpose of an estimation of an opportunity of application of vaccination against infections of a respiratory tract for the prevention of decompensation of chronic heart failure (CHF) two groups of patients are investigated: