

УДК: 616.98:579.842.14Salmonella(571.6)

ЗООНОЗНЫЙ САЛЬМОНЕЛЛЕЗ НА ДАЛЬНЕМ ВОСТОКЕ: ОСНОВНЫЕ АСПЕКТЫ ПРОБЛЕМЫ

Ф.Н. Шубин, А.В. Раков, Н.В. Кузнецова, Е.В. Матосова

Федеральное государственное бюджетное учреждение «Научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Г.П. Сомова», Владивосток

Выполнено сравнительное изучение плазмидных характеристик популяций *Salmonella Enteritidis* в трех административных образованиях Дальнего Востока. Выявлена гетерогенность популяций микроба по плазмидным характеристикам и установлено, что более 90% спорадической заболеваемости населения этиологически связано с 10 плазмидными типами микроба. Этиологическая значимость плазмидных типов в субъектах федерации варьировала, однако ведущую роль в этиологии сальмонеллеза играют три плазмидных типа *Salmonella Enteritidis*: 38 MDa, 38:1,4 MDa и 38:4,2 MDa. Рассмотрены основные факторы распространения сальмонеллеза на Дальнем Востоке. Ими являются местные популяции микроба, циркулирующие на местных птицефабриках, завозные их части, поступающие в регионы вместе с завозимыми продуктами и миграции микроба в процессе транспорта племенного материала кур. Последние миграции имеют определяющее значение в поддержании гетерогенности микроба и распространении сальмонеллеза.

Ключевые слова: сальмонеллез, *Salmonella Enteritidis*, гетерогенность, плазмидные типы, этиологическая значимость, миграции сальмонелл.

ZOONOTIC SALMONELLOSIS IN THE FAR EAST: KEY OF PROBLEM

F.N. Shubin, A.V. Rakov, N.A. Ruznetsova, E.V. Matosona

Federal State Budgetary Scientific Institution "Research Somov Institute of Epidemiology and Microbiology", Vladivostok

A comparative study of plasmid characteristics of *Salmonella Enteritidis* population in the three jurisdictions of the Far East was performed. Heterogeneity of microbe populations by plasmid characteristics was revealed and more than 90% of sporadic morbidity etiologically related to the 10 plasmid types of microbe was found. The etiological significance of plasmid types of microbes in the regions varied, but the leading role in the etiology of salmonellosis play three *Salmonella Enteritidis* plasmid types: 38 MDa, 38:1,4 MDa and 38:4,2 MDa. The main factors of the spread of salmonellosis in the Far East were considered. They are the local population of the microbe, circulating in local poultry farms, imported portions coming into regions with imported poultry products, and microbe migrations during transport of chickens breeding material. Recent migrations are crucial in maintaining the microbe heterogeneity and spreading of *Salmonella*.

Keywords: Salmonellosis, *Salmonella Enteritidis*, heterogeneity, plasmid types, etiologic significance, migration of *Salmonella*

Сальмонеллез относится к группе зоонозных инфекций, возбудители которых способны обеспечивать высокий уровень спорадической заболеваемости и крупные вспышки болезни среди населения. В настоящее время *Salmonella enterica* subsp. *enterica* серовар *Enteritidis* (*Salmonella Enteritidis*) занимает ведущее значение в этиологии сальмонеллеза в России и во многих странах мира. Рост заболеваемости сальмонеллезом, вызванным *Salmonella Enteritidis*, начался с конца 1960-х годов первоначально в отдельных странах, а к середине 1980-х годов – в большинстве стран мира, включая Россию. Общим в эпидемиологии сальмонеллеза, вызванного *Salmonella Enteritidis*, является наличие связи заболеваемости населения с яйцами и продуктами птицеводства [7, 10]. Вместе с тем, заболеваемость населения в различных районах мира существенно отличается. Так, в странах Западной Европы показатели заболеваемости населения по странам различаются более чем в 10 раз (от менее 10 до более 100 на 100 тысяч населения) [14]. По данным Управления Роспотребнадзора значительные различия показателей заболеваемости населения (трех и четырехкратные) имеют место и в субъектах Российской Федерации. Следовательно, можно полагать, что значительные различия за-

болеваемости населения сальмонеллезом могут быть связаны с наличием общих, но не идентичных в конкретных регионах и странах причинных факторов.

Значительный прогресс в изучении сальмонеллеза связан с исследованиями молекулярной эпидемиологии инфекции на основе применения новых молекулярно-генетических технологий типирования сальмонелл. Методы генотипирования, применяемые для внутривидовой дифференциации штаммов сальмонелл, основаны на исследовании плазмидной и хромосомной ДНК. Первая группа методов включает плазмидный анализ микробов в комплексе с рестрикционным анализом плазмидных ДНК [12, 13]. Ко второй группе относятся RAPD-типирование [15], электрофорез в пульсирующем поле (PFGE) [9, 16], VNTR-типирование и его варианты и мультилокусное секвенирование-типирование [9]. Нами для генотипирования сальмонелл используется плазмидный анализ, который характеризуется достаточной разрешающей силой, легкостью выполнения и интерпретации полученных данных [16] и тем, что плазмиды содержатся у 98 % культур [3], что указывает на высокую долю типизируемых штаммов микроба. Кроме того, мониторинговые исследования сальмонелл предполагали изучение большого числа штаммов микроба, что не позволяло ориентироваться на применение дорогостоящих и трудоемких методов анализа хромосомной ДНК. Вместе с тем, применение молекулярно-генетических методов типирования штаммов *Salmonella Enteritidis* раскрывает гетерогенность микроба по внехромосомным частям его генома. Соответственно, получение новых данных о характеристике популяций сальмонелл открывает перспективу для познания эколого-эпидемиологических закономерностей сальмонеллеза и разработки новых подходов для профилактики инфекции.

Целью данного исследования являлось сравнительное изучение плазмидных характеристик популяций *Salmonella Enteritidis* в разных субъектах федерации Дальнего Востока, основных закономерностей формирования гетерогенных популяций микроба и их отражение в этиологии сальмонеллеза на основе данных централизованного мониторинга за возбудителем инфекции.

Материалы и методы исследования

Изучена плазмидная характеристика штаммов *Salmonella Enteritidis*, выделенных в 2005-2013 гг. от 7480 больных в Приморском, Хабаровском и Камчатском краях в процессе выполнения централизованного микробиологического мониторинга за возбудителями сальмонеллеза и 32 штаммов микробов, изолированные из продукции птицефабрик Дальнего Востока. От каждого больного изучено от одной до трех независимых культур. Идентификацию сальмонелл и изучение антигенной характеристики штаммов микроба проводили общепринятыми методами [6]. Определение спектра плазмид проводили у свежевыделенных штаммов микроба по методу C.I. Kado и Liu [11]. Электрофоретическое разделение плазмидных ДНК, их визуализацию и определение молекулярной массы проводили, как описано нами ранее [3]. При анализе спорадической заболеваемости населения использовали традиционные методы. Была проанализирована этиологическая значимость плазмидных типов в формировании заболеваемости населения. Результаты обработаны статистически [1].

Результаты и обсуждение

Значимость различных плазмидных типов *Salmonella Enteritidis* в этиологии сальмонеллеза в субъектах федерации Дальневосточного федерального округа (Приморский, Хабаровский и Камчатский края) представлена в табл. 1. В разработку взяты данные, полученные в 2006-2013 гг., поскольку они отражают результаты единовременных восьмилетних исследований. Как видно из табл. 1, популяция микроба у больных гетерогенна и у более 90% больных представлена 10 основными плазмидными типами. Степень гетерогенности *Salmonella Enteritidis*, определяемая количеством выявленных у больных плазмидных типов микроба, с которыми связано более 90% исследованных штаммов, в разных субъектах федерации варьирует в значительных пределах. Так в Приморском крае 91,1% исследованных штаммов распределились в 10 плазмидных типов, в Хабаровском крае 93,7% изученных штаммов представлены девятью плазмидными типами, а в Камчатском крае количество основных плазмидных типов сократилось до пяти. Следует особо подчеркнуть, что на всех административных территориях дифференцируются плазмидные типы *Salmonella Enteritidis*, играющие ведущую роль в этиологии сальмонеллеза.

В Приморском крае ими являются плазмидные типы 38 MDa, 38:1,4 MDa и 38:4,2 MDa, на долю которых приходится 77,1% больных. В Хабаровском крае - 38 MDa и 38:1,4 MDa, а их доля составила 63%. Напротив, в Камчатском крае наиболее значимую роль играют штаммы четырех плазмидных типов (38 MDa, 38:1,4 MDa 38:2,3 MDa и 38:4,2 MDa). Частота выделения от больных штаммов *Salmonella Enteritidis* основных плазмидных типов была неодинаковой. Среди 10 основных типов наиболее часто на всех административных территориях выделялись штаммы плазмидных типов 38:1,4 MDa и 38 MDa, при этом тип 38 MDa явно доминировал в Хабаровском крае, а 38:1,4MDa – в Приморском и Камчатском краях (различия статистически достоверны).

Таблица 1.

Значимость плазмидных типов *Salmonella* Enteritidis в этиологии спорадического сальмонеллеза в Дальневосточном регионе в 2006-2013 гг.

Плазмидные типы (в MDa)	Приморский край		Хабаровский край		Камчатский край	
	абс.	%	абс.	%	абс.	%
38	1349	21,7±0,5	408	42,3±1,6	58	19,4±2,3
38:1,4	2183	35,1±0,6	200	20,7±1,7	84	28,1±2,6
38:4,2	1263	20,3±0,5	49	5,1±0,7	51	17,1±2,2
38:26:1,4	224	3,6±0,2	12	1,2±0,1	-	-
38:3,2:2,9:1,4	76	1,2±0,1	5	0,5±0,2	-	-
38:2,3	119	1,9±0,2	65	6,7±0,8	48	16,1±2,1
38:30:2,3	152	2,4±0,2	80	8,3±0,9	-	-
38:3,3	93	1,5±0,2	61	6,3±0,8	10	3,3±1,0
38:2,6:1,4	93	1,5±0,2	23	2,4±0,5	-	-
38:3,0:1,4	109	1,8±0,2	-	-	-	-
Основные типы	5661	91,1±0,3	903	93,7±0,8	251	83,9±2,1
Редкие типы	556	8,9±0,3	61	6,3±0,8	48	16,1±2,1
Всего	6217	100,0	964	100,0	299	100,0

Штаммы редко выявляемых плазмидных типов *Salmonella* Enteritidis на всех территориях представлены большим числом типов, в том числе, в Приморском крае – 109, в Хабаровском – 29, в Камчатском – 20 типов. Главная особенность этой категории плазмидных типов состоит в том, что каждый из них не имеют существенного значения в этиологии инфекции, поскольку в большинстве случаев штаммы отдельных типов выделены от единичных больных, а их суммарная этиологическая значимость на протяжении всего периода наблюдения оставалась низкой.

Многолетняя динамика значимости плазмидных типов *Salmonella* Enteritidis в этиологии спорадического сальмонеллеза в 2006-2013 гг. по отдельным территориям представлена в табл. 2-4. Плазмидный анализ штаммов микроба, выделенных от 6217 больных в Приморском крае в 2006-2013 гг., показал, что гетерогенность по плазмидным характеристикам свойственна популяции микроба на протяжении всего периода наблюдения (табл. 2). Как видно из табл. 2, наиболее существенная роль в этиологии сальмонеллеза принадлежит первым трем доминирующим типам микроба с ежегодными колебаниями их суммарной значимости от 58,4% в 2008 г. до 87,4 % в 2013 г. Внутри этой группы штаммов этиологическая роль каждого из них по годам варьировала, однако имелись годы её статистически достоверных повышений и снижений. Так, для *Salmonella* Enteritidis плазмидного типа 38 MDa в течение восьмилетнего периода наблюдения были свойственны два подъема их этиологической значимости (2012 г. и 2013 г.) и четыре снижения (2007-2008 гг. и 2010 г. и 2011 г.). У микроба плазмидного типа 38:1,4 MDa также выявлено два достоверно значимых подъема этиологической значимости (2009 г. и 2013 г.) и два снижения (2006 г. и 2007 г.). Такое же положение свойственно и плазмидному типу 38:4,2 MDa, у которого выявлено три подъема этиологической значимости (2007 г., 2010-2011 гг.) и четыре снижения.

Многолетняя динамика этиологической значимости остальных семи плазмидных типов *Salmonella* Enteritidis носила различный характер. Их этиологическая значимость на протяжении всех лет наблюдения оставалась относительно низкой, но в отдельные годы имели место достоверно значимые двух- и трехкратные ее подъёмы в сравнении с многолетней средней. Например, у плазмидного типа 38:2,3 MDa значительное повышение этиологической значимости имело место в 2006 г., у типа 38:30:2,3 MDa – в 2008, а у 38:3,3 MDa – в 2013 г.

Многолетняя динамика этиологической значимости плазмидных типов *Salmonella* Enteritidis в Хабаровском крае в 2006-2013 гг. представлена в табл. 3. Как видно из табл. 3, несмотря на то, что набор основных плазмидных типов микроба в Хабаровском крае соответствует таковому в Приморском, многолетняя динамика их этиологической значимости существенно различается. Прежде всего, на протяжении всего периода исследований значимость плазмидного типа 38 MDa в этиологии спорадического сальмонеллеза в Хабаровском крае была статистически достоверно выше, чем в Приморском крае, и в отдельные годы (2009 г., 2012 г.) на его долю приходилось более 50% больных. Напротив, этиологическая значимость плазмидного типа 38:1,4 MDa в течение всех лет, кроме 2006 г. и 2011 г., была достоверно ниже, чем в Приморском крае. Следовательно, различным плазмидным типам микроба на обеих территориях свойственна характерная для каждого из них многолетняя динамика этиологической значимости.

Таблица 2.

Многолетняя динамика значимости плазмидных типов *S. Enteritidis* в этиологии спорадического сальмонеллёза в Приморском крае в 2006-2013 гг.

Плазмидные типы в MDa	Годы, значимость в этиологии болезни в %								Многолетняя средняя, % n=6217
	2006 n=525	2007 n=630	2008 n=754	2009 n=652	2010 n=802	2011 n=754	2012 n=1021	2013 n=1079	
38	21,7±1,8	14,1±1,4	14,9±1,3	23,5±1,7	14,3±1,2	13,7±1,3	37,1±1,6	27,5±1,3	21,7±0,5
38:1,4	22,9±1,8	22,9±1,7	29,2±1,7	40,0±1,9	37,7±1,7	37,1±1,7	33,5±1,5	49,3±1,5	35,1±0,6
38:4,2	23,6±1,9	35,6±1,9	14,3±1,3	11,0±1,2	28,8±1,6	31,3±1,7	15,1±1,2	10,6±0,9	20,3±0,5
Доминирующие	68,2±2,0	72,6±1,8	58,4±1,8	74,5±1,7	80,8±1,4	82,1±1,4	85,7±1,2	87,4±1,0	77,1±0,5
38:26:1,4	9,3±1,3	6,5±1,0	7,2±0,9	3,4±0,7	2,5±0,6	2,4±0,6	0,8±0,3	1,1±0,3	3,6±0,2
38:3,2:2,9:1,4	5,0±0,95	3,2±0,6	0,7±0,3	1,2±0,4	1,7±0,5	0,4±0,2	-	-	1,2±0,1
38:2,3	9,3±1,3	2,9±0,7	2,0±0,5	1,2±0,4	0,6±0,3	0,8±0,3	1,2±0,4	0,6±0,2	1,9±0,2
38:30:2,3	3,8±0,8	2,9±0,7	7,4±0,9	1,4±0,5	1,0±0,4	1,3±0,4	1,7±0,4	1,3±0,3	2,4±0,2
38:3,3	0,6±0,3	1,7±0,5	1,5±0,4	-	2,0±0,5	2,5±0,6	0,3±0,2	2,9±0,5	1,5±0,2
38:2,6:1,4	3,2±0,8	4,6±0,8	2,0±0,5	2,5±0,6	0,7±0,3	0,4±0,2	0,4±0,2	0,3±0,2	1,5±0,2
38:3,0:1,4	0,8±0,4	0,3±0,2	4,1±0,7	1,7±0,5	0,4±0,2	3,4±0,6	3,1±0,5	-	1,8±0,2
Основные типы	94,1±1,0	94,4±0,9	83,3±1,1	85,9±1,3	89,8±1,0	93,4±0,9	93,1±0,8	93,5±0,7	91,1±0,3
Редкие типы	5,9±1,0	5,4±0,9	16,7±1,1	14,1±1,3	10,2±1,0	6,6±0,9	6,9±0,8	6,5±0,7	8,9±0,3

Таблица 3.

Многолетняя динамика значимости плазмидных типов *S. Enteritidis* в этиологии спорадического сальмонеллёза в Хабаровском крае в 2006-2013 гг.

Плазмидные типы в MDa	Годы, значимость в этиологии болезни в %								Многолетняя средняя, % n=964
	2006 n=102	2007 n=101	2008 n=156	2009 n=85	2010 n=122	2011 n=118	2012 n=144	2013 n=136	
38	41,2±4,9	45,9±5,0	45,5±4,0	50,6±5,4	27,0±4,0	28,0±4,1	59,0±4,1	40,4±4,2	42,3±1,6
38:1,4	17,6±3,8	13,9±3,4	6,4±2,0	23,5±4,6	27,0±4,0	36,4±4,4	15,3±3,0	29,4±3,9	20,7±1,7
Доминирующие	58,8±4,8	59,8±4,9	51,9±4,0	73,8±4,8	54,0±4,5	64,4±4,4	74,3±3,6	69,8±3,9	63,0±1,6
38:2,3	19,6±3,9	11,2±3,1	3,8±1,5	4,7±2,3	8,2±2,5	7,6±2,4	2,8±1,4	-	6,7±0,8
38:30:2,3	8,8±2,8	5,0±2,2	25,6±3,5	8,2±3,0	3,4±1,6	3,4±1,7	2,8±1,4	5,1±1,9	8,3±0,9
38:3,3	2,9±1,6	6,9±2,5	3,8±1,5	1,2±1,2	9,0±2,6	3,4±1,7	6,3±2,0	14,7±3,0	6,3±0,8
38:4,2	2,0±1,4	2,0±1,4	3,8±1,5	3,9±2,1	13,9±3,1	11,4±2,9	0,7±0,7	2,9±1,4	5,1±0,7
38:26:1,4	-	2,0±1,4	2,6±1,3	1,2±1,2	2,5±2,5	-	0,7±0,7	0,7±0,7	1,2±0,1
38:3,2:2,9:1,4	1,0±1,0	-	1,3±0,9	-	1,6±1,1	-	-	-	0,5±0,2
38:2,6:1,4	2,0±1,4	5,0±2,2	2,6±1,3	1,2±1,2	0,8±0,8	1,7±1,2	4,2±1,7	1,5±1,0	2,4±0,5
Основные типы	95,1±2,1	91,1±2,8	95,5±1,6	92,9±2,8	92,6±2,4	90,7±2,7	91,7±2,3	94,8±1,9	93,7±0,8
Редкие типы	4,9±2,1	8,9±2,8	4,5±1,6	7,1±2,8	7,4±2,4	9,3±2,7	8,3±2,3	5,2±1,9	6,3±0,8

Этиологическая значимость остальных семи основных плазмидных типов *Salmonella* Enteritidis значительно ниже и варьирует по годам, а периодические повышения и понижения их значимости в этиологии болезни имели место только у первых четырех типов. У плазмидного типа 38:2,3 MDa статистически достоверное повышение этиологической значимости имело место в 2006 г., у 38:30:2,3 MDa – в 2008 г., у 38:3,3 MDa – в 2013 г. и у 38:4,2 MDa – в 2010 и 2011 гг. Соответственно, у каждого из этих типов имеются по одному году достоверно сниженной значимости.

Многолетняя динамика этиологической значимости плазмидных типов *Salmonella* Enteritidis в Камчатском крае в 2005 г., 2008 г. и в 2010-2012 гг. представлена в табл. 4. Как видно из табл. 4, плазмидная характеристика микроба в Камчатском крае существенно отличается от таковой в Приморском и Хабаровском краях. Среди имеющихся пяти основных плазмидных типов микроба отсутствуют типы, доминирующие в популяции на протяжении всех лет наблюдений. Плазмидный тип 38 MDa отличался повышенной этиологической значимостью в 2005 г. и в 2012 г., плазмидный тип 38:1,4MDa – в 2010 и 2011 гг., 38:2,3 MDa – в 2005 и 2008 гг. и 38:30:2,3 MDa – в 2008 г. Соответственно, в 2005 г. и 2008 г. существенную роль в этиологии сальмонеллеза играл плазмидный тип 38: 2,3 MDa, а в последующие годы – 38:1,4 MDa.

Таблица 4.

Многолетняя динамика значимости плазмидных типов *S. Enteritidis* в этиологии спорадического сальмонеллёза в Камчатском крае в 2005-2013 гг.

Плазмидные типы в MDa	Годы, значимость в этиологии в %					Многолетняя средняя, % n=299
	2005 n=55	2008 n=52	2010 n=69	2011 n=66	2012 n=57	
38	34,6±6,4	3,8±2,7	7,2±3,1	9,1±3,5	43,8±6,6	19,4±2,3
38:1,4	9,1±3,9	-	49,3±6,0	45,4±6,1	26,3±5,8	28,1±2,6
38:2,3	34,5±6,4	53,8±6,9	1,4±1,4	-	-	16,1±2,1
38:30:2,3	1,8±1,8	15,4±5,0	-	1,5±1,5	-	3,3±1,0
38:4,2	9,1±3,9	9,6±4,1	24,6±5,2	25,8±5,4	12,3±4,4	17,1±2,2
Основные типы	89,1±4,2	82,7±5,2	82,5±4,6	81,8±4,7	82,4±5,1	83,9±2,1
Редкие типы	10,9±4,2	17,3±5,2	17,5±4,6	18,2±4,7	17,6±5,1	16,1±2,1

Таким образом, гетерогенность популяции *Salmonella* Enteritidis характерна для всех изученных административных образований Дальневосточного федерального округа. Вместе с тем она ограничена существованием 10 плазмидных типов микроба. При этом, несмотря на близость плазмидных характеристик микроба, в каждом субъекте федерации популяции микроба имеют свои особенности, что определяется общими и специфическими для краев причинно-следственными факторами.

Учитывая тесную связь заболеваемости населения с продукцией птицеводства [10], ранее нами были выполнены исследования по характеристике популяций *Salmonella* Enteritidis на местных предприятиях птицеводства в Приморском [4] и Хабаровском краях [5], которые позволили дифференцировать местную и завозную популяции микроба. Показано, что местными для Приморского края являются плазмидные типы 38 MDa, 38:1,4 MDa и 38:4,2 MDa, а для Хабаровского края – 38 MDa, 38:1,4 MDa, 38:2,3 MDa, 38:30:2,3 MDa и 38:3,3 MDa. Дополнительные наблюдения за характеристикой микроба на птицефабриках с изучением 32 культур, выделенных из продукции предприятий в обоих краях, позволили подтвердить полученные ранее результаты. Следовательно, можно считать, что завозными для Приморского края являются семь основных плазмидных типов, представленные в табл. 2. Напротив, в Хабаровском крае завозными являются четыре плазмидных типа: 38:4,2 MDa, 38:26:1,4 MDa, 38:3,2:2,9:1,4 MDa и 38:2,6:1,4 MDa. Таким образом, в обоих краях местные птицефабрики являются фактором, формирующим гетерогенную популяцию микроба и, одновременно, объединяющим заболеваемость населения едиными источниками инфекции.

Формирование завозных популяций *Salmonella* Enteritidis в Приморском и Хабаровском краях непосредственно связаны с миграциями сальмонелл в процессе транспортировки пищевых продуктов внутри федеральных округов и между отдаленными районами страны. Соответственно, как видно из табл. 2 и 3, в Приморском крае этиологическая значимость завозных плазмидных типов микроба составляет 13,9%, а в Хабаровском крае – 9,2% от всей заболеваемости населения. При этом основная особенность завозной заболеваемости состоит в том, что она не укладывается в многолетние тенденции заболеваемости, что затрудняет ее эпидемиологическую диагностику.

Вопрос о механизмах формирования гетерогенной популяции *Salmonella* Enteritidis в Камчатском крае в настоящее время не может быть решён по причине отсутствия сведений о плазмидной

характеристике микроба на местной яичной птицефабрике. Однако, можно полагать, что основные факторы, играющие роль в Приморском и Хабаровском краях, действуют и в Камчатском крае.

Важным звеном распространения сальмонелл являются племенные предприятия [8]. Нами изучена возможность завоза *Salmonella* Enteritidis на производственные птицефабрики с поставляемым племенным материалом [2]. Показано, что возбудитель эффективно передается по цепочке: яйцо→цыпленок→курица→яйцо, сохраняя исходный плазмидный тип и высокую их инфицированность на отдельных звеньях передачи. Следовательно, племенные предприятия являются факторами, формирующими популяции микроба на местных птицефабриках, и служат основным механизмом формирования местных гетерогенных популяций сальмонелл.

Заключение

Спорадическая заболеваемость населения в трех субъектах Дальневосточного федерального округа определяется гетерогенной популяцией *Salmonella* Enteritidis, однако её гетерогенность ограничивается десятью плазмидными типами микроба, с которыми связано более 90% заболеваемости населения. Формирование гетерогенных популяций *Salmonella* Enteritidis в Дальневосточном федеральном округе является многофакторным явлением, включающим циркуляцию возбудителя на предприятиях промышленного птицеводства и связанную с ней местную часть популяции микроба, миграции возбудителя в процессе транспорта пищевых продуктов, формирующие её завозную часть, и, наконец, миграции возбудителя с племенным материалом, определяющим характеристику микроба на птицефабриках. Значимость основных плазмидных типов микроба в этиологии сальмонеллеза в различных субъектах федерации варьирует и определяется местными условиями ее формирования.

Литература

1. Савилов Е.Д., Астафьев В.А., Жданова С.Н., Заруднев Е.А. Эпидемиологический анализ. Методы статистической обработки материала. – Новосибирск: Наука-Центр, 2011.
2. Кузнецова Н.А., Шубин Ф.Н., Раков А.В. и др. Миграции сальмонелл с племенным материалом и их значение в формировании популяции *Salmonella enteritidis* на птицефабрике // Эколого-географические аспекты инфектологии: Материалы Всерос. науч. конф. - Новосибирск, 2011, С. 148-152.
3. Шубин Ф.Н., Ковальчук Н.И., Кузнецова Н.А. и др. Микробиологический мониторинг за *Salmonella enteritidis* в Приморском крае. Фенотипическая и плазмидная характеристика // Эпидемиология и инфекционные болезни. – 2002. - № 1. - С. 36-40.
4. Шубин Ф.Н., Кузнецова Н.А., Ананьев В.Ю. и др. Динамика многолетней этиологической значимости различных по происхождению плазмидных типов *S. Enteritidis* в формировании спорадической заболеваемости сальмонеллезом населения Приморского края // Тихоокеанский медицинский журнал. – 2010. - № 4. - С. 34-37.
5. Шубин Ф.Н., Кузнецова Н.А., Раков А.В. и др. Плазмидная характеристика популяции *Salmonella* Enteritidis в Хабаровском крае // Дальневосточный журнал инфекционной патологии. – 2010. - № 17. - С. 143-147.
6. Энтеробактерии: Руководство для врачей / Под редакцией В.И. Покровского. - М., 1985.
7. Braden C.R. *Salmonella enterica* serotype Enteritidis and eggs: a national epidemic in the United States // Clinical Infectious Diseases. – 2006. -Vol. 43 (15). - P. 512-517.
8. Davis R., Liebana E., Breslin M. Investigation of the distribution and control of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis PT6 in layer breeding and egg production // Avian Pathology. – 2003. - Vol. 32. - P. 227-237.
9. Foley S.L., Lynne A.M., Nayak R. Molecular typing methodologies for microbial source tracking and epidemiological investigations of gram-negative bacterial foodborne pathogens // Infection, Genetics and Evolution. – 2009. - Vol. 9. - P. 430-440.
10. Guard-Petter J. The chicken, the eggs and *Salmonella enteritidis* // Environmental Microbiology. – 2001. Vol. 3(7). - P. 421-430.
11. Kado C.I., Liu S.T. Rapid procedure for detection and isolation of large and small plasmid // J. Bacteriol. // 1981. -Vol. 145. - P. 1365-1373.
12. Lopes V.C., Velayudhan B.T., Halvorson D.A. et al. Comparison of methods for differentiation of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis phage type 4 isolates // Am. J. Vet. Res. – 2004. -Vol. 65, No 5. - P. 538-543.
13. Ridley A.M., Threlfall E.J., Rowe B. Genotypic characterization of *Salmonella enteritidis* phage types by plasmid analysis, ribotyping and pulsed-field gel electrophoresis // J. Clin. Microbiol. – 1998. -Vol. 36 (8). - P. 2314-2321.
14. Rudbeck M.J., Fisher I., Galle M. et al. Creating an online atlas of *Salmonella* serotypes in Europe // Eurosurveillance. – 2008. - Vol. 13, Issues 1-3. - P. 1-3.

15. Soto S.M., Guerra M.A., Gonzalez-Hevia et al. Potential of three-way randomly amplified polymorphic DNA analysis as a typing method for twelve *Salmonella* serotypes // Appl. Environ. Microbiol. – 1999. -Vol. 65. - P. 4830-4836.

16. Winokur P.L. Molecular epidemiological techniques for *Salmonella* strain discrimination // Front. Biosci. – 2003. - Vol. 8. - P. 14-24.

Сведения об авторах

Шубин Феликс Николаевич - д.м.н, ведущий научный сотрудник НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Г.П. Сомова, тел. 8(914) 965-62-25

Раков Алексей Владимирович - к.м.н., старший научный сотрудник НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Г.П. Сомова, тел. 8 (914) 718-2509

Кузнецова Наталья Анатольевна - к.м.н, старший научный сотрудник НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Г.П. Сомова, тел. 8 (914) 674-7021

Матосова Екатерина Владимировна - младший научный сотрудник НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Г.П. Сомова, тел. 8 (423) 2-44-26-04