

АНАЛИЗ ТЕКУЩЕЙ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОЙ СИТУАЦИИ В МИРЕ И СОВРЕМЕННЫЙ НАУЧНЫЙ ПОДХОД В ОРГАНИЗАЦИИ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО НАДЗОРА ЗА ИНФЕКЦИОННЫМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ

О.Е. Троценко¹, О.П. Курганова², Т.А. Зайцева³, Е.А. Базыкина¹

¹ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, Российская Федерация, г. Хабаровск;

²Управление Роспотребнадзора по Амурской области, Российская Федерация, г. Благовещенск-на-Амуре;

³Управление Роспотребнадзора по Хабаровскому краю, Российская Федерация, г. Хабаровск

Оценка риска трансграничного распространения инфекций, полученная в ходе анализа актуальной эпидемиологической обстановки в мире, выявила ряд биологических угроз для населения России, особенно обусловленных неблагоприятием в зарубежных странах по заболеваемости холерой, полиомиелитом, гриппом птиц, Ближневосточным респираторным синдромом, брюшным тифом и корью.

Риск завоза в Россию из других стран таких инфекционных заболеваний, как ВИЧ-инфекция, туберкулез, ИППП, пневмония, корь, ветряная оспа, сальмонеллез, наглядно демонстрируется на примере результатов медицинского освидетельствования иностранных граждан, въехавших в Амурскую область и Хабаровский край.

Возросшие миграционные потоки через границу нашей страны также способствуют трансграничному проникновению возбудителей инфекций в Российскую Федерацию, в том числе с высоким потенциалом эпидемического распространения за рубеж.

Геномный эпидемиологический надзор, который в настоящее время широко внедряется в России, в том числе и в Дальневосточном федеральном округе, позволяет своевременно выявлять изменения генома возбудителей, которые могут влиять на показатели проявления эпидемического процесса инфекций, что необходимо для принятия управленческих решений о масштабах приоритетных превентивных мер. В связи с этим совместная научная и практическая деятельность по противодействию биологическим угрозам и вызовам становится все более актуальной и эффективной.

Ключевые слова: оценка риска, трансграничное распространение, возбудители инфекционных заболеваний, геномный эпидемиологический надзор

ANALYSIS OF CURRENT EPIDEMIOLOGICAL SITUATION IN THE WORLD AND UP TO DATE SCIENTIFIC APPROACH OF EPIDEMIC SURVEILLANCE OVER INFECTIOUS DISEASES ORGANIZATION

O.E. TROTSENKO¹, O.P. KURGANOVA², T.A. ZAITSEVA³, E.A. BAZYKINA¹

¹FBUN Khabarovsk research institute of epidemiology and microbiology of the Federal service for surveillance on consumers rights protection and human wellbeing (Rospotrebnadzor), Russian Federation, Khabarovsk;

²Amur oblast Rospotrebnadzor regional office, Russian Federation, Blagoveshchensk-on-Amur;

³Khabarovsk krai Rospotrebnadzor regional office, Russian Federation, Khabarovsk

A number of biological hazards for population of the Russian Federation especially coming from countries with high incidence of cholera, poliomyelitis, avian influenza, Middle East respiratory syndrome, typhoid fever and measles was shown after evaluation of risk of cross-border spread of infectious diseases as a part of analysis of current epidemiological situation in the world.

Risk of importation of such infections as HIV-infection, tuberculosis, STI, pneumonia, measles, chicken pox, salmonellosis from different countries was demonstrated through medical evaluation of foreign citizens that entered Amur oblast and Khabarovsk krai.

Increased migration flows across the border of our country also contribute to cross-border spread of pathogens of infectious diseases including those that have a high epidemic potential. Genomic epidemiological surveillance that is widely implemented in Russia including the Far Eastern Federal district allows to identify genetic changes of pathogens that influence epidemic process of diseases which is needed in order to make management decisions of priority and scale of needed preventive measures. Taking abovementioned into account, current scientific and practical measures of combat against biological hazards and challenges becomes more pressing and effective.

Key words: *risk evaluation, cross-border spread, infectious disease causative agents, genomic epidemiological surveillance*

Инфекционная заболеваемость остается реальной угрозой для населения, создавая эпидемиологические риски распространения как внутри любой страны, так и трансграничным путем. Уровень летальности от инфекционных болезней в общей структуре летальности в мире составляет около 33%, а в развивающихся странах достигает 45% [4].

За последние 10 лет наблюдения в мире зарегистрировано более 40 вспышек инфекционных болезней, получивших дальнейшее эпидемическое распространение, в том числе вызванных новыми патогенами, в частности: вирусом гриппа A/H7N9, возбудителем ближневосточного респираторного синдрома (БРС) и новым коронавирусом SARS-CoV-2, который привел к масштабной пандемии COVID-19 [4].

Существенную угрозу санитарно-эпидемиологическому благополучию населения России представляет ряд факторов, таких как: высокая вероятность возникновения новых инфекций, возвращение старых инфекций, распространение известных инфекционных заболеваний на ранее неземичные территории, возросшая миграционная и внешнеторговая активность, наличие трансграничных природных очагов инфекций и общих границ России с 18 государствами [4, 10].

Перечень современных инфекционных угроз и вызовов в области биологической безопасности чрезвычайно широк, и наиболее опасные заболевания рассматриваются с точки зрения серьезности трансграничного распространения, способного за короткий промежуток вызвать санитарно-эпидемиологическую чрезвычайную ситуацию [7].

Следует подчеркнуть, что занос даже одного случая высоконтагиозной инфекции определяет высокий риск её дальнейшего распространения. Так, при низкой вероятности завоза опасных геморрагических лихорадок Эбола, Марбург и Ласса в нашу страну, он всё же возможен при приезде человека, находящегося в инкубационном периоде [4]. Также серьезное воздействие на санэпидблагополучие может оказать завоз холеры, легочной формы чумы, тяжелого острого респираторного синдрома, полиомиелита, брюшного тифа, оспы, нового подтипа вируса гриппа и других инфекций.

В связи с тем, что ряд инфекционных заболеваний имеет высокий потенциал эпидемического распространения, учреждения Роспотребнадзора в нашей стране постоянно анализируют текущую эпидемиологическую ситуацию, используя материалы ВОЗ, центров по контролю и профилактике заболеваний, министерств стран, а также научные публикации. При этом, для определения значимости трансграничного распространения инфекционных заболеваний обычно используется информация о зарегистрированных вспышках в мире и о возможности передачи возбудителя от человека к человеку.

В связи с этим, **цель данной работы** – представить краткий обзор эпидемиологической ситуации в мире по ряду инфекционных заболеваний, несущих различной степени выраженности угрозу санитарно-эпидемиологическому благополучию населения Российской Федерации на современном этапе, а также показать эффективность внедрения геномного эпидемиологического надзора в систему мониторинга инфекционной заболеваемости.

Анализ актуальной эпидемиологической обстановки по ряду инфекционных заболеваний в мире и оценка риска трансграничного распространения инфекций.

В настоящее время **холера** является серьезной проблемой для общественного здравоохранения в любой стране. С 1961 по 2022 г. во всем мире было зарегистрировано более 3500 случаев заносов холеры, и наиболее часто – из стран Азии. Считается, что с середины 2021 года в мире началась седьмая пандемия холеры. В 2022 г. ВОЗ сообщила о вспышках холеры в 30 странах, преимущественно расположенных в регионах Африки и Восточного Средиземноморья (рис. 1). Крупнейшая вспышка холеры в 2022 г. была зафиксирована в Пакистане. Согласно данным литературы, Гаити, Йемен и страны Юго-Восточной Азии (особенно Индия и Бангладеш) в настоящее время представляют опасность в плане распространения холеры [4, 10, 11].

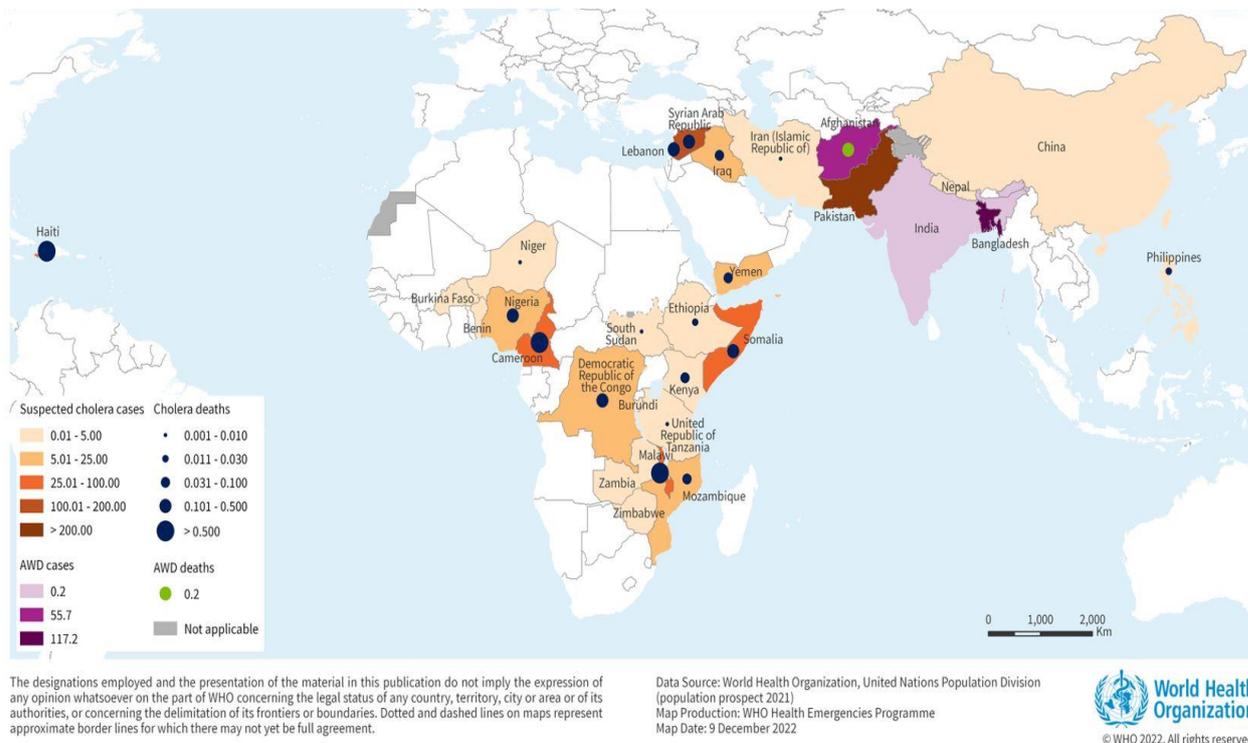


Рис. 1. Распространение заболеваемости холерой и смертности от холеры в мире (по данным ВОЗ)

Активность эпидемического процесса холеры в эндемичных странах способствовала завозу этого заболевания и в нашу страну. Так, в 2023 году зарегистрировано два случая завоза холеры из Индии. Риски завоза холеры из эндемичных стран в РФ сохраняются и в 2024 году. Следует отметить, что риск эпидемии холеры также особенно высок в субъектах, находящихся в длительной чрезвычайной ситуации, когда контакты населения с водоемами, зараженными холерными вибрионами, увеличиваются [17].

В предыдущие годы такое опасное заболевание, как **чума**, вызывало масштабные пандемии с высоким уровнем смертельных исходов. За последние 30 лет более 50 000 человек во всем мире были инфицированы возбудителем чумы, при этом уровень летальности составил около 10%. Природные очаги чумы существуют по всему миру, за исключением Австралии, и наибольшую опасность представляет человек с легочной формой чумы, которая легко передается окружающим воздушно-капельным путем.

Необходимо отметить, что до настоящего времени выноса инфекции за пределы страны не зафиксировано, даже при крупнейшей вспышке легочной чумы, произошедшей на Мадагаскаре в 2017 г. с вовлечением в эпидемический процесс свыше 2 тысяч заболевших [18]. В 2023 году случаи заболевания чумой зарегистрированы в пяти государствах: Демократической Республике Конго (60), Республике Мадагаскар (14), США (2), КНР (3) и Монголии (5 случаев), всего 84 случая, из которых 26,2% – с летальным исходом [19].

Примечательно, что зарегистрированные в мире локальные очаги заболеваемости чумой в настоящее время своевременно ликвидируются, что сводит к минимуму риски переноса этого опасного заболевания за пределы региона [4, 18].

В РФ в 2023 году эпизоотии чумы выявлены на территории двух природных очагов – Горно-Алтайского высокогорного и Тувинского горного. При этом были значительно снижены эпидемические риски в эпизоотически активных природных очагах, что стало гарантией обеспечения эпидемиологического благополучия по чуме среди населения [19].

Серьезные риски в плане трансграничного распространения представляет всё еще малоизученное и очень опасное заболевание – **Ближневосточный респираторный синдром (БВРС)**. Впервые вспышка БВРС зарегистрирована на Ближнем Востоке в 2012 году, а затем в 2015 году болезнь была занесена в медицинское учреждение Южной Кореи, где было зарегистрировано 186 случаев, у 36 (19,4%) из которых инфекция закончилась летальным исходом. К настоящему времени случаи БВРС зарегистрированы в 27 странах мира. Инфекция передается при тесном контакте с больным человеком или с животными (верблюдами), также возбудитель передается воздушно-капельным путем. Учитывая большие туристические потоки в страны

Ближнего Востока, особенно паломнические туры мусульманской общины, опасность заноса БВРС вполне реальна [4, 24, 25].

Вызывают озабоченность и постоянно регистрируемые вспышки **гриппа птиц**. При этом один из самых распространенных подтипов вируса – вирус гриппа птиц A/H5N1, поражающий птиц и млекопитающих и в редких случаях – человека. Показано, что гусиная/гуандунская линия вирусов гриппа A/H5N1 впервые появилась в 1996 году и с тех пор вызывает вспышки среди птиц, а также среди контактировавших с ними людей. Начиная с 2005 г. по 2014 гг. регулярная регистрация случаев гриппа птиц A/H5N1 среди населения была характерна для Китая, Камбоджи и Индонезии. Наибольшее число случаев гриппа птиц A/H5N1 пришлось на 2015 г., когда было зафиксировано 145 случаев инфицирования, причем 139 из них произошли в Египте. В Египте случаи гриппа птиц A/H5N1 перестали выявляться только в 2019 г. [24, 25].

С 2020 г. вариант H5 2.3.4.4b привел к падежу диких и домашних птиц во многих странах Африки, Азии и Европы. В 2021 г. вирус распространился на Северную Америку, а в 2022 году – на Центральную и Южную Америку. В 2022 и 2023 г. отмечена регистрация единичных случаев заболевания в Эквадоре, Чили, Великобритании, Китае и после 8 летнего перерыва – в Камбодже. Причем в Камбодже в 2023 г. зарегистрировано 4 летальных исхода из зарегистрированных 6 случаев гриппа A/H5N1 [2].

Следует отметить, что в результате последовательных двухэтапных реассортаций сегментов генома вируса гриппа А (то есть смешения генетического материала, приведшее к появлению совершенно новых комбинаций) среди птиц в марте 2013 г. в Китае были зарегистрированы первые случаи заражения людей новым вирусом гриппа A/H7N9, всего было инфицировано 1568 человек с летальностью около 40% [2, 21, 26].

В 2022 г. в Китае выявлены три случая заболевания людей гриппом A/H3N8 в результате контакта с домашней птицей. Кроме того, в Китае с 2014 г. регулярно регистрируются случаи заболевания гриппом A/H5N6, всего отмечено 89 случаев, в том числе 35 с летальным исходом [2].

В 2023 г. в КНР зафиксировано также 9 случаев заражения людей вирусом гриппа птиц A/H9N2 в результате контакта с домашней птицей, но все эти случаи завершились выздоровлением [2, 24].

Таким образом, вспышки гриппа птиц среди населения в последнее время возникают преимущественно в Китае, а также в Камбодже, Эквадоре, Чили и Великобритании.

Необходимо отметить, что у диких и домашних птиц в 2023 г. широкое распространение высокопатогенного вируса гриппа A/H5N1 клада 2.3.4.4b наблюдалось и на территории 25 субъектов России. Среди субъектов ДФО данные вспышки были зарегистрированы в 2023 году в Камчатском крае, Амурской, Магаданской и Сахалинской областях. Кроме того, в Сахалинской области в августе 2023 года зарегистрирована вспышка гриппа A/H5N1 клада 2.3.4.4b и у морских котиков [2]. Таким образом, особую настороженность должна вызывать ситуация с наиболее масштабным за последние годы географическим распространением высокопатогенного вируса гриппа птиц на территории РФ.

Несмотря на относительно благополучную ситуацию в РФ по **полиомиелиту**, в настоящее время существует высокий риск заражения полиомиелитом в соседних странах с растущей возможностью завоза этой инфекции в нашу страну [12]. Эндемичными по данному заболеванию до сих пор остаются Афганистан и Пакистан, в связи с чем риск завоза дикого полиовируса сохраняется для всех стран. Так, в 2010 году полиовирус был завезён на территорию Таджикистана, где получил широкое распространение из-за низкого охвата иммунизацией населения. В 2011 году полиовирус 1 типа из Пакистана был завезён в КНР, а в 2012 году – в Египет. В 2021 году зафиксирован завоз дикого полиовируса 1 типа в Малави из Пакистана [12, 13, 14].

Следует отметить, что из трех штаммов дикий полиовирус типа 2 был ликвидирован в 1999 г., а типа 3 — в 2020 г. В 2022 году ВОЗ сообщила о 30 подтвержденных случаях полиомиелита, вызванного диким полиовирусом 1-го типа: 2 случая в Афганистане, 22 случая – в Пакистане и 8 случаев – в Мозамбике. Причем в Мозамбике это были первые с 1992 года случаи, вызванные штаммами пакистанского происхождения [12].

Дикий полиовирус типа 1 до сих пор продолжает циркулировать в Афганистане и Пакистане (рис. 2). В 2023 г. в этих двух странах было зарегистрировано в общей сложности 12 случаев дикого полиовируса. В неэндемичных странах случаи инфицирования вирусом дикого полиомиелита в 2023 г. не регистрировались [22, 23].

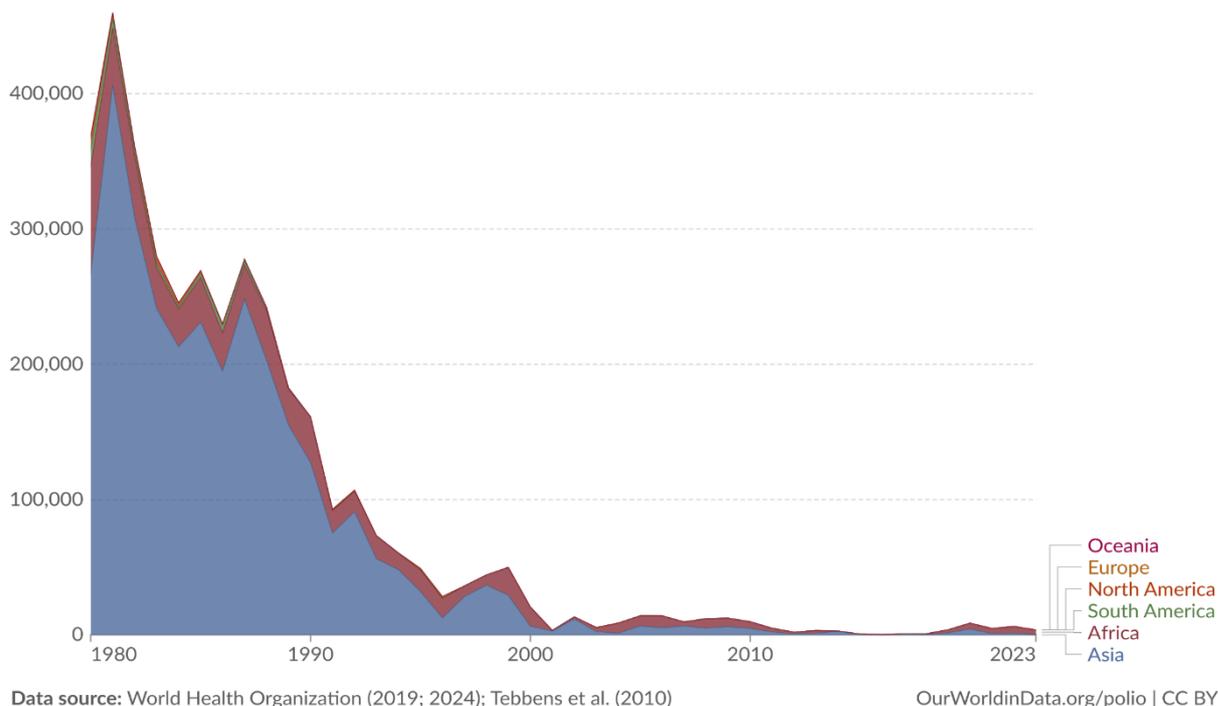


Рис. 2. Динамика заболеваемости паралитическим полиомиелитом в мире (по данным ВОЗ)

Кроме того, в мире сохраняется проблема вспышек, вызванных циркулирующими полиовирусами вакцинного происхождения, которые подобно диким полиовирусам обладают нейровирулентностью и способны к длительной трансмиссии и передаче другим индивидуумам [5, 13].

Первыми государствами с возникновением таких вспышек стали Египет (1988-2003 гг.), Доминиканская Республика (2000-2001 гг.) и Гаити (2000-2001 гг.) [5, 27]. В 2021 году уже 29 стран мира были охвачены вспышками полиомиелита, вызванного полиовирусами вакцинного происхождения 1 и 2 типов (рис. 3). В частности, в Республике Таджикистан выявлены 32 случая заболевания с клиникой острого вялого паралича и 22 случая выделения от здоровых контактных лиц [5, 13, 14].

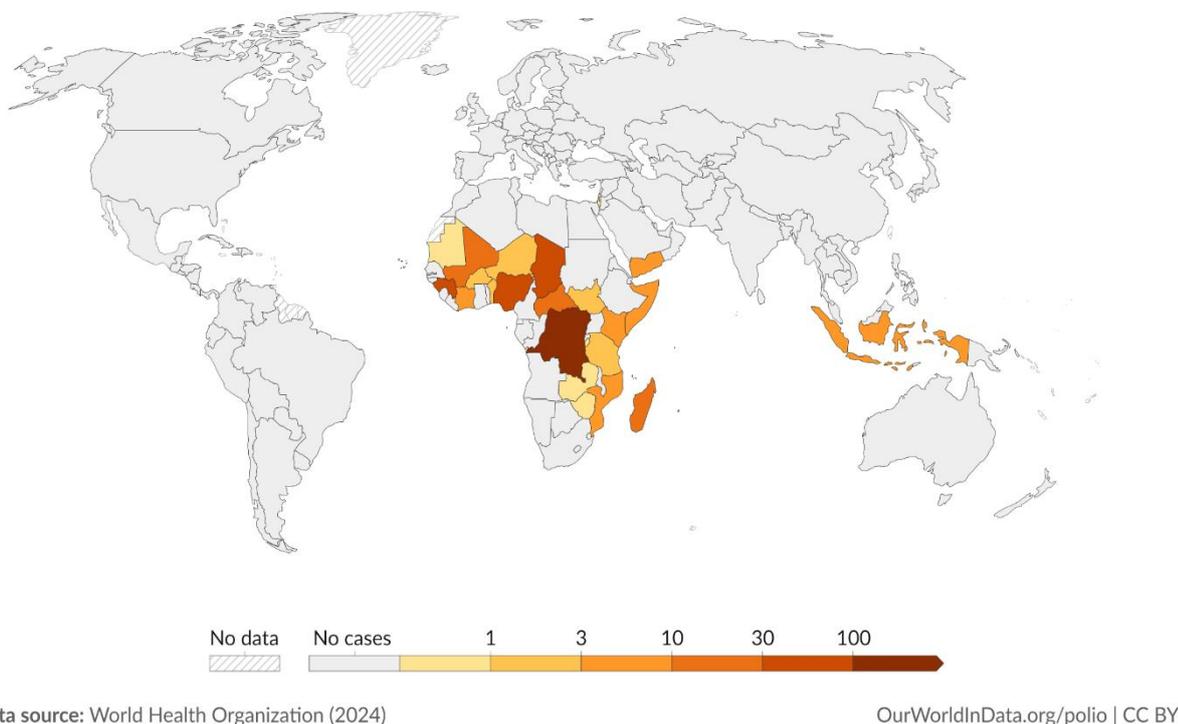


Рис. 3. Распространение паралитического полиомиелита вакцинного происхождения в 2021 году (по данным ВОЗ)

В этом же году при активном обследовании детей, прибывших из Таджикистана в Россию, было выявлено 106 носителей полиовирусов вакцинного происхождения. Благодаря четко слаженной противоэпидемической работе дальнейшего распространения в нашей стране инфекция не получила.

В мире сохраняется опасность распространения **брюшного тифа**. По оценкам ВОЗ, каждый год во всем мире брюшным тифом заболевают порядка 9 миллионов человек (по сведениям за 2019 год). Согласно данным центра по контролю и профилактике заболеваний (CDC), расчетная заболеваемость брюшным тифом среди населения в регионах ВОЗ варьировала в 2019 г. от 2-3 случаев на 100 тысяч населения в Америке и Европейском регионе до 306 случаев на 100 тысяч населения в Юго-Восточной Азии (табл. 1) [20].

Таблица 1.

Расчетная заболеваемость брюшным тифом на 100 тыс. населения в регионах ВОЗ в 2019 г.

Регион ВОЗ	Расчетная заболеваемость на 100 тыс. населения
Восточно-Средиземноморский регион	187
Западно-Тихоокеанский регион	23
Америки	3
Юго-Восточная Азия	306
Африканский регион	111 (71–166)
Европейский регион	2
Общая заболеваемость	119

В 2021 г., согласно информации Института метрики и оценки здоровья (США), заболеваемость брюшным тифом в мире выросла до 15 млн. случаев в год. Наибольшему риску подвергаются дети и группы населения, не имеющие доступа к чистой питьевой воде, в условиях где трудно поддерживать гигиену. Во многих эндемичных по брюшному тифу странах, особенно в Азии и Африке к югу от Сахары, путешественники могут заболеть брюшным тифом. В частности, это связано с низкими стандартами личной или пищевой гигиены, а также плохим качеством воды.

Следует обратить внимание на то, что вакцинация не обеспечивает 100% защиту от заболевания брюшным тифом [9], поэтому и вакцинированные лица также должны соблюдать меры профилактики, употреблять в пищу только кипяченую воду и свежую термически обработанную пищу.

Самым большим вызовом в последние годы стало пандемическое распространение **новой коронавирусной инфекции (COVID-19)**. Именно пандемия COVID-19 стала примером того, как любая вспышка инфекционного заболевания способна за считанные дни превратиться в глобальную угрозу. Несмотря на беспрецедентные профилактические меры, избежать заноса COVID-19 в нашу страну не удалось. Трансграничному распространению заболевания содействовала способность возбудителя вызывать инфекцию без клинических проявлений в большом проценте (до 40%) случаев [4, 6]. Однако стоит особенно отметить, что благодаря своевременному введению дополнительных мер по усилению санитарно-карантинного контроля в пунктах пропуска через государственную границу РФ, не было допущено заноса и распространения инфекции из КНР, где появились первые сообщения о вспышке ранее неизвестного заболевания [16].

Несмотря на то, что в настоящее время в мире повсеместно распространены менее опасные геноварианты возбудителя, проблема COVID-19 не должна оставаться без пристального внимания из-за высокой изменчивости возбудителя, вызывающей изменение его контагиозности и, вполне вероятно, даже патогенного потенциала.

Корь продолжает оставаться актуальным инфекционным заболеванием несмотря на то, что по расчетам ВОЗ, вакцинация предотвратила около 57 миллионов смертей в период с 2000 по 2022 год. Наибольшее число случаев кори в 2022 г. регистрировалось в Африканском, Восточно-Средиземноморском регионах и Юго-Восточной Азии – 97185, 56401 и 49201 заболевших, соответственно. Среди стран указанных регионов самое большое число случаев кори было зарегистрировано в 2022 г. в Индии (почти 41 тыс. случаев), Нигерии (почти 24 тыс. случаев), Йемене (почти 24 тыс. случаев) и Сомали (более 17 тыс. случаев). В Американском, Европейском регионах и Западно-Тихоокеанском регионе, напротив, абсолютная заболеваемость корью была относительно небольшой – 47, 825 и 1442 случаев, соответственно.[24].

В России корь остается актуальной проблемой, при этом в 2023 году зафиксирован очередной циклический подъем заболеваемости корью, зарегистрировано 13083 случая, из них 285 случаев (2,2%) были импортированы с территорий других государств, больше всего из Республи-

ки Таджикистан (94 или 33,0%), из Турции (45 или 25,8%), Азербайджана (14 или 4,9%), из ОАЭ (11 или 3,9%), из Таиланда и Египта (по 8 случаев или по 2,8%). Также в единичных случаях корь была завезена в РФ гражданами, прибывшими из Казахстана, Беларуси, Индонезии, Мальдивских островов, Индии, Молдовы, Армении, Туниса, ЮАР, Украины и др. стран [15].

Чрезвычайно высокая контагиозность возбудителя кори, обуславливающая возникновение множественных очагов инфекции в организованных коллективах, а также возникновение вспышек кори в зарубежных государствах и довольно частые случаи импортирования кори в нашу страну свидетельствуют о необходимости особенной настороженности медицинских работников в отношении данной инфекции и о необходимости сохранения должного охвата населения иммунизацией.

Следует также отметить риски трансграничного заноса и **трансмиссивных инфекций (ТИ)**, передающихся кровососущими переносчиками. Это желтая лихорадка, малярия, лихорадка Западного Нила (ЛЗН), лихорадка Денге, болезнь Зика, Крымская геморрагическая лихорадка (КГЛ), эпидемический сыпной тиф [4, 8]. Эндемичность в РФ проявляют только два вида таких трансмиссивных инфекций – ЛЗН и КГЛ. Остальные из перечисленных ТИ являются завозными, но без вторичной передачи инфекции. Лица, зараженные ими, эпидемиологической опасности практически не представляют, поскольку больной человек не является источником инфекции для окружающих. Передача инфекции другому лицу возможна лишь теоретически в случае распространения через местных переносчиков – комаров, что весьма маловероятно. Однако, как отмечают специалисты из Российского противочумного института «Микроб», на территории России, особенно на Северном Кавказе и Черноморском побережье, распространены популяции инвазивных тропических комаров, являющихся переносчиками возбудителей желтой лихорадки, лихорадки Денге, Зика и Чикунгунья [4].

Из числа трансмиссивных инфекций регистрируются наиболее частые завозы в РФ малярии и лихорадки Денге.

По оценкам ВОЗ, в 2022 году число впервые выявленных случаев **малярии** насчитывало 249 миллионов. Они регистрировались в 85 эндемичных странах и областях мира (всего эндемичных стран 101: 45 – в Африке, 21 – в Америке, 14 – в Восточном Средиземноморье, 9 - в Западной Океании, 8 – в Юго-Восточной Азии и 4 – в Европейском регионе). В Африканском регионе продолжает регистрироваться наибольшее число случаев малярии. В 2022 году на его долю пришлось 94% всех случаев малярии в мире. При этом, в четырех странах зафиксировано около 50% всех случаев малярии в мире: в Нигерии (27%), Демократической Республике Конго (12%), Уганде (5%) и Мозамбике (4%). Около 2% случаев малярии в 2022 г. в мире приходилось на регион Юго-Восточной Азии, причем из них 66% случаев заболевания были отмечены в Индии [24, 25].

Завозы малярии в Россию происходят довольно часто: в 2021 г. – в 32 субъекта, в 2022 г. – в 41 субъект, в 2023 г. – в 48 регионов. Большинство случаев малярии регистрируется у граждан, прибывших в Россию из стран Африки и Азии. Так, в 2023 году наибольшее число случаев (38 из 135) зарегистрировано среди возвратившихся из Центральной Африканской Республики, 18 случаев – из Нигерии, 7 случаев – из Гвинеи, по 6 случаев – из Анголы и Ганы, по 5 случаев – из Камеруна, Мали и Танзании, по 4 случая – из Уганды, Кот д'Ивуар, Индии и по 1-3 случая – еще из 21 страны [15].

При этом в связи с возрастающей туристической активностью населения завозные случаи малярии за последние 10 лет наблюдения (с 2014 по 2023 гг.) возросли с 101 до 135 случаев в год, в итоге за этот период всего импортировано 1014 случаев малярии в РФ [15].

На протяжении последних 10 лет отмечена тенденция и к росту числа завозных случаев **лихорадки Денге** – с 105 в 2014 г. до 162 в 2023 г. Всего за данный период зарегистрировано 1577 завозных случаев этого заболевания (табл. 2). В последние 3 года (2021-2023) случаи лихорадки Денге диагностированы у граждан, прибывших из-за рубежа, в 40 субъектах РФ. Всего за эти годы выявлено 200 случаев этой инфекции, 96 (48%) из которых завезены из Таиланда, 26 (13%) – из Мальдивской Республики. Лихорадка Денге также регистрировалась у вернувшихся из стран Африки, Южной и Юго-Восточной Азии, Среднего Востока, Северной Америки, островов Вест-Индии и Европы [4, 15].

Таблица 2.

Завозные случаи лихорадки Денге в Российскую Федерацию

(Цит.: Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия в Российской Федерации в 2023 году»)

Страны, где произошло возможное заражение(выборочно)	Число случаев в 2023 г.	Число случаев в 2014-2023 гг.	Удельный вес в %(2014-2023)
Таиланд	91	887	56,25
Вьетнам	2	205	13,00
Индонезия	6	91	5,77

Мальдивы	16	62	3,93
Индия	13	53	3,36
Шри-Ланка	8	42	2,66
Филиппины	1	34	2,16
Всего завозных случаев в Российскую Федерацию	162	1577	100,00

Следует отметить, что риски распространения в РФ **эпидемического сыпного тифа**, высокая заболеваемость которым сохранилась в некоторых развивающихся странах, весьма минимальны и могут реализоваться в случае заноса в социально неблагополучные слои населения. С 1999 г. в России данное заболевание вообще не регистрируется [4].

Демонстрация риска завоза инфекционных заболеваний на примере результатов медицинского освидетельствования иностранных граждан, въехавших в Россию.

Вероятность завоза инфекций туристами в отдельные субъекты РФ, в том числе и в Дальневосточный федеральный округ (ДФО), обусловлена не только таким эпидемиологическим фактором, как спектр инфекционных заболеваний за рубежом, представляющих опасность для населения нашей страны, но и фактором трудовой миграции, которая с каждым годом растет. Первыми преградами на пути завоза и последующего распространения заболеваний на территории страны является санитарно-карантинный контроль (СКК) на границе России, а также медицинское освидетельствование въехавших иностранных граждан.

Так, только за первое полугодие 2024 г. число въехавших иностранных граждан и прошедших медицинское освидетельствование составило, например, в Амурской области 29908 и в Хабаровском крае – 11327 человек (табл. 3). Наибольшая доля среди них пришлась на граждан Узбекистана (48,43% и 44,91%, соответственно) и Таджикистана (14,77% и 29,76%, соответственно в Амурской области и Хабаровском крае). На граждан Кыргызстана пришлось соответственно 10,42% и 9,62%, Казахстана – 4,39% и 1,74%.

Таблица 3.

Число въехавших иностранных граждан и прошедших медицинское освидетельствование (январь-июнь 2024 г.)

Страны, из которых прибыли иностранные граждане	Въехавшие в Амурскую область				Въехавшие в Хабаровский край			
	Всего лиц	Из них выявлены:			Всего лиц	Из них выявлены:		
		ВИЧ	Туберкулез	ИППП		ВИЧ	Туберкулез	ИППП
Таджикистан	4419	0	1	1	3258	1	1	0
Узбекистан	14484	3	6	10	5087	2	1	2
Кыргызстан	3117	1	3	24	1090	2	0	0
Армения	699	1	0	1	210	0	0	0
Азербайджан	766	0	0	1	265	2	0	0
Молдова	6	0	0	0	4	0	0	0
Казахстан	1312	0	1	4	197	5	2	0
Турция	1001	0	0	0	10	0	0	0
Украина	22	0	0	0	2	0	0	0
Другие страны	4082	1	1	7	1204	0	0	0
Всего	29908	6	12	48	11327	12	4	2

При этом, общее число лиц с выявленными социально-значимыми инфекциями (ВИЧ-инфекция, туберкулез и инфекции, передающиеся половым путем – ИППП) в этих двух регионах составило соответственно 66 и 18 (по удельному весу от числа обследованных - 0,22% и 0,16%).

В перечне стран – поставщиков ВИЧ-инфекции трудовыми мигрантами в указанные регионы оказались Узбекистан (5), Казахстан (5), Кыргызстан (3), Азербайджан (2), Армения (1 случай). Наибольшее число случаев завоза туберкулеза иностранными гражданами произошло из Узбекистана (7 из 16), а ИППП – из Кыргызстана (24 из 50) и Узбекистана (12 из 50).

Среди других инфекционных заболеваний, представленных в таблице 4, выявленных у прибывших иностранных граждан, на примере Амурской области чаще всего зарегистрированы пневмония (44 из 128 случаев, что составило 34,38%) и острые кишечные инфекции вирусной этиологии (40 из 128 случаев, что составило 31,25%). Помимо этого, корь была выявлена в 20 случаях (15,63%), ветряная оспа – в 11 случаях (8,59%), сальмонеллез – в 8 случаях (6,25%).

Таблица 4.

Спектр других инфекционных болезней, выявленных у въехавших иностранных граждан и прошедших медицинское освидетельствование
(Амурская область, январь-июнь 2024 г.)

Нозологическая форма	Абсолютное число	Удельный вес в процентах
Пневмония	44	34,38
ОКИ вирусной этиологии	40	31,25
Корь	20	15,63
Ветряная оспа	11	8,59
Сальмонеллёз	8	6,25
COVID-19	4	3,12
Краснуха	1	0,78
Всего	128	100,00

Приведенные данные о выявлении заболеваний у въехавших в субъекты ДФО иностранных граждан подтверждают риск завоза достаточно широкого спектра инфекций. В связи с этим важно еще раз подчеркнуть, что научно-обоснованная оценка риска заноса инфекции на территорию страны, проводимая для принятия решения об объеме первоочередных мероприятий, является необходимой для осуществления санитарно-эпидемиологического надзора и ключевой составляющей санитарно-карантинного контроля (СКК). Кроме того, повысить эффективность и создать системность работы по снижению риска заноса опасных инфекций из-за рубежа позволила модернизация системы обеспечения СКК, осуществлённая в 2023 г. путем внедрения на всех действующих СКП автоматизированной информационной системы «Периметр» [16].

Геномный эпидемиологический надзор – передовой научный подход, позволяющий предвидеть изменения свойств возбудителей, влияющих на показатели проявлений эпидемического процесса инфекций.

Растущая в последнее время угроза вспышек инфекций, и в частности пандемическое распространение геновариантов нового коронавируса, потребовала разработки передовых научных подходов в организации эпидемиологического надзора. Одним из таких подходов стал так называемый геномный эпидемиологический надзор, наглядно продемонстрированный на примере новой коронавирусной инфекции. Так, по инициативе Роспотребнадзора в России с декабря 2020 г. стартовал динамический мониторинг мутационной изменчивости циркулирующих геновариантов вируса SARS-CoV-2, участником которого стал и Хабаровский НИИЭМ Роспотребнадзора, осуществляющий фрагментное секвенирование для шести субъектов ДФО. В этот период циркулировал вариант Alpha (B.1.1.7), вызвавший рост числа заболевших в конце 2020 – начале 2021 г. Позднее в 2021 г. были идентифицированы варианты вируса Beta (B.1.351) и Gamma (P.1), не получившие широкого распространения в России. Летом 2021 г. появился новый вариант вируса – Delta (B.1.617.2), спровоцировавший значительный рост числа заболевших и госпитализированных больных, а также высокий процент летальности. Данный геновариант преобладал до конца 2021 г. [1]. Дальнейшее изменение генетических свойств вируса привело к уменьшению его патогенности, и в начале 2022 г. был выявлен новый вариант, получивший название Omicron (B.1.1.529). Постепенно происходил процесс диссоциации генетической линии Omicron, на территории РФ была отмечена циркуляция субвариантов BA.1, BA.1.1 и BA.2. Появление субвариантов OmicronBA.4 и особенно BA.5 привело к подъёму заболеваемости в июле 2022 г., который продолжался до конца октября 2022 г. В конце 2022 – начале 2023 г. появились высоко трансмиссивные варианты, такие как BQ.1, а также возродились так называемые «новые формы старых штаммов». Так, OmicronBA.2 вернулся в виде рекомбинантных форм XBB, доминирующих до конца 2023 г. Внутри этой рекомбинантной формы появились такие субварианты, как XBB.1.5 (Kraken), XBB.1.16 (Arcturus), XBB.1.9.2.1 (EG.5, Eris). В настоящее время явное лидерство занимает вариант SARS-CoV-2 BA.2.86 (Pirola), выявленный впервые в России в ноябре 2023 г. и вызвавший подъем заболеваемости в январе-феврале 2024 г. [1].

Таким образом, эволюция вируса SARS-CoV-2 привела к более интенсивной его передаче, уклонению от иммунного ответа и изменению тяжести инфекции.

Поскольку непрерывный молекулярно-генетический мониторинг позволяет выявлять изменения генома возбудителей, влияющие на показатели проявлений эпидемического процесса, геномный эпидемиологический надзор в настоящее время все чаще используется для сбора данных о других возбудителях, а также при расследовании вспышек других инфекционных заболеваний. Очень важным инструментом геномного надзора является филогенетический анализ, который позволяет выявить уровни генетических и, следовательно, эпидемиологических связей, определить предполагаемый регион происхождения источника инфекции, а в некоторых случаях даже временные рамки, в течение которых, вероятно, произошло заражение.

Следует отметить, что в Дальневосточном федеральном округе и ряде субъектов Сибирского федерального округа в рамках научно-практического сотрудничества на протяжении ряда последних лет проводится молекулярно-генетический мониторинг с применением фрагментного секвенирования и с последующим филогенетическим анализом таких возбудителей, как энтеровирусы (ЭВ), кишечные вирусы, вирус иммунодефицита человека (ВИЧ-1) и вирусы гепатитов.

Поскольку ЭВ подвержены высокой генетической изменчивости, отмечено постоянное появление новых геновариантов, патогенных для человека. Так, в настоящее время широкое распространение получил вирус *Коксаки А-6*, достаточно часто являющийся этиологической причиной групповой заболеваемости энтеровирусной инфекцией (ЭВИ). В результате филогенетического анализа было показано, что все штаммы вируса *Коксаки А-6*, идентифицированные в 2021 г., генетически отличались от штаммов, циркулировавших в РФ в прежние годы, большинство из них относились к 8-му субгенотипу, в то время как в 2017-2018 гг. в нашей стране преобладали вирусы 6-го субгенотипа. Кроме того, для циркулирующих в настоящее время штаммов 8-го субгенотипа *Коксаки А-6* обнаружена еще большая гетерогенность. Эти штаммы представлены, как минимум, четырьмя геновариантами (8-1, 8-2, 8-3 и 8-4). Таким образом, возобновление в 2021 г. циркуляции вируса *Коксаки А-6* явилось следствием заносов новых его геновариантов. В настоящее время вирус *Коксаки А-6* отнесен к пандемическим вариантам ЭВ [3].

Кроме ЭВ *Коксаки А-6*, в настоящее время вызывает беспокойство и вирус *ЕСНО-30*, заболеваемость которым чаще проявляется в виде серозно-вирусного менингита [3]. Среди курируемых Хабаровским НИИЭМ субъектов этот вирус получил широкое распространение в Иркутской области и Республике Бурятия. Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей *ЕСНО-30* показал, что в этих субъектах появился новый вариант генотипа *eC2*. Кроме того, выявление нового геноварианта в начале эпидемического сезона 2023 г. преимущественно в европейской части России свидетельствовало в пользу его завоза из туристически привлекательных для россиян зарубежных стран с последующим распространением внутри РФ.

Следует отметить, что по всему миру до сих пор регистрируются эпидемии и вспышки заболеваемости ЭВИ, которые несут потенциальную опасность импортированной инфекции в другие регионы мира. В связи с этим, и в Российской Федерации практически ежегодно происходят заносы туристами энтеровирусов из стран АТР, Турции, Египта. Возможность заносов ЭВИ мигрантами подтверждена выявлением у них *Коксаки А-6* (Красноярский край), *ЕСНО-6* (Хабаровский край), *ЕСНО-13* (Забайкальский край), *Коксаки А-4* (Приморский край), *ЕСНО-24* (Иркутская область).

Учитывая высокую изменчивость генома кишечных вирусов, в ДФО на регулярной основе проводятся молекулярно-генетические исследования кишечных вирусов, вызвавших групповую заболеваемость ОКИ. Так, в Хабаровском крае в одном из вспышечных очагов выявлены сразу 2 геноварианта норовируса *GII.4 Sydney [P16]* и *GII.4 Sydney [P31]*, имеющих разное происхождение. Данный факт свидетельствовал о том, что в формировании вспышки участвовали штаммы генотипа *GII.4 Sydney* разного происхождения, свидетельствующие о наличии не менее двух источников инфекции. Молекулярно-генетическое исследование ротавирусов из очагов групповой заболеваемости в разных муниципальных районах Хабаровского края выявило циркуляцию 3-х широко распространенных по G-генотипу вирусов: *G9*, *G4* и *G3*. По Р-генотипу штаммы ротавирусов, полученные нами из разных очагов групповой заболеваемости в Хабаровском крае, принадлежали к *P[8]* – наиболее часто встречающемуся типу.

Следует отметить, что в Амурской области активно циркулируют генотипы норовирусов *GII.4 Sydney [P16]* и *GII.7 [P7]*, участвующие в формировании очагов групповой заболеваемости. Причём в одном из очагов групповой заболеваемости ОКИ, возникшем в Амурской области в начале 2024 г., с помощью филогенетического анализа удалось подтвердить источник инфекции из числа работников пищеблока.

Необходимо подчеркнуть, что Дальний Восток России также характеризуется гетерогенностью генотипического пейзажа *ВИЧ-1*. Причем увеличение числа миграционных процессов способствует выявлению нехарактерных для ДФО геновариантов *ВИЧ*. Так, рекомбинантная форма *ВИЧ-1 CRF01_AE*, получившая распространение в ДФО, доминировала и продолжает доминировать в привлекательных для российских туристов странах Юго-Восточной Азии, в частности, Китае, Таиланде, Вьетнаме, Филиппинах [2, 7, 9, 16, 19].

Заключение

Оценка риска трансграничного распространения инфекций, полученная в ходе анализа актуальной эпидемиологической обстановки в мире, выявила ряд биологических угроз для населения России, во многом обусловленных неблагоприятием в зарубежных странах по заболеваемости холерой, полиомиелитом, гриппом птиц, Ближневосточным респираторным синдромом, брюшным тифом и корью.

Риск завоза в Россию из других стран таких инфекционных заболеваний, как ВИЧ-инфекция, туберкулез, ИППП, пневмония, корь, ветряная оспа, сальмонеллез, наглядно демон-

стрируется на примере результатов медицинского освидетельствования иностранных граждан, въехавших в Амурскую область и Хабаровский край.

Возросшие миграционные потоки через границу нашей страны также способствуют трансграничному проникновению возбудителей инфекций в Российскую Федерацию, в том числе с высоким потенциалом эпидемического распространения за рубеж.

Геномный эпидемиологический надзор, который в настоящее время широко внедряется в России, в том числе и в Дальневосточном федеральном округе, позволяет своевременно выявлять изменения генома возбудителей, оказывающие влияние на показатели проявлений эпидемического процесса инфекций, что необходимо для принятия управленческих решений о масштабах приоритетных превентивных мер.

В связи с этим совместная научная и практическая деятельность по противодействию биологическим угрозам и вызовам становится все более актуальной и эффективной.

Литература

1. Акимкин В.Г., Семенов Т.А., Хафизов К.Ф., Углева С.В., Дубоделов Д.В., Колосовская Е.В. Стратегия геномного эпидемиологического надзора. Проблемы и перспективы // Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунологии. – 2024. – Т. 101, №2. – С. 163-172. DOI: <https://doi.org/10.36233/0372-9311-507>.

2. Васильцова Н.Н., Панова А.С., Петров В.Н., Даниленко А.В., Святченко С.В. и др. Обзор эпизоотологической ситуации по высокопатогенному гриппу птиц в России и мире в 2023 г. // Проблемы особо опасных инфекций. – 2024. - №2. – С. 6-14. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-6-14.

3. Голицына Л.Н., Новикова Н.А., Зверев В.В., Селиванова С.Г., Пономарева Н.В. и др. Заболеваемость, этиологическая структура энтеровирусной (неполио) инфекции: Информационный бюллетень / ФБУН «Нижегородский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. академика И.Н. Блохиной» Роспотребнадзора. – 2024. - №11, май. – 30 с.

4. Зубова А.А., Иванова А.В., Сафронов В.А., Трескин А.А., Скударева О.Н. Современные вызовы системе санитарной охраны территории Российской Федерации // Проблемы особо опасных инфекций. – 2024. - №2. – С. 83-100. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-83-100.

5. Иванова О.Е. Полиомиелит в современных условиях: достижения и перспективы // Журнал инфектологии. – 2018. – Том 10, № 2. – С. 17-29. DOI: 10.22625/2072-6732-2018-10-2-17-29.

6. Кутырев В.В., Попова А.Ю., Смоленский В.Ю., Ежлова Е.Б., Демина Ю.В. и др. Эпидемиологические особенности новой коронавирусной инфекции (COVID-19). Сообщение 2: особенности течения эпидемического процесса COVID-19 во взаимосвязи с проводимыми противоэпидемическими мероприятиями в мире и Российской Федерации // Проблемы особо опасных инфекций. – 2020. - №2. – С. 6-12. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-2-6-12.

7. Кутырев В.В., Щербакова С.А., Иванова А.В., Куклев В.Е., Касьян Ж.А., Карнаухов И.Г. Россия и Венесуэлла: новое стратегическое партнерство в области реагирования на биологические угрозы и перспективы сотрудничества // Проблемы особо опасных инфекций. – 2024. - №2. – С. 115-121. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-115-121.

8. Леншин С.В., Патраман И.В., Альховский С.В., Вышемирский О.И. Вирусные инфекции, переносимые комарами, – риски возникновения аутохтонных случаев заболевания в Краснодарском крае (систематический обзор) // Эпидемиология и вакцинопрофилактика. – 2021. – Т. 20, №3. – С. 129-138. <https://doi:10.31631/2073-3046-2021-20-3-129-138>.

9. Маматкулов И.Х., Игнатов П.Е., Маматкулов А.И., Кудашева Л.В. Хроническое брюшно-тифозное бактерионосительство: проблемы и пути решения // Бактериология. – 2023. – Т.8, №1. – С. 59-61. DOI: 10.20953/2500-1027-2023-1-59-61.

10. Москвитина Э.А., Янович Е.Г., Куриленко М.Л., Кругликов В.Д., Титова С.В. и др. Холера: мониторинг эпидемиологической обстановки в мире и России (2010-2019 гг.). Прогноз на 2020 г. // Проблемы особо опасных инфекций. – 2020. - №2. – С. 38-47. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-2-38-47.

11. Москвитина Э.А., Горобец А.В., Прометной В.И. Эпидемиологическое значение миграции населения при холере // Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. – 2003. - №1. – С. 15-19.

12. Намазова-Баранова Л.С., Баранов А.А., Брико Н.И. и др. Позиция Экспертов Союза педиатров России в отношении ухудшения глобальной ситуации с вирусом полиомиелита. Сентябрь 2022 // Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. – 2022. – Т. 21, № 6. – С. 104-106.

13. О реализации мероприятий по поддержанию свободного от полиомиелита статуса Российской Федерации в 2021 г.: Письмо Роспотребнадзора от 06.06.2022 № 02/11965-2022-32.

14. О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2021 году: Государственный доклад. – М.: Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, 2022. – 340 с.

15. О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2023 году: Государственный доклад / Москва: Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, 2024. – 364 с.
16. Попова А.Ю., Ежлова Е.Б., Смоленский В.Ю., Летюшев А.Н., Трескин А.А., Иванова А.Н. и др. Автоматизированная информационная система «Периметр» – инструмент для модернизации информационного и технического обеспечения санитарно-карантинного контроля // Проблемы особо опасных инфекций. – 2023. - №3. – С. 6-14. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-3-6-14.
17. Попова А.Ю., Носков А.К., Ежлова Е.Б., Кругликов В.Д., Монахова Е.В. и др. Эпидемиологическая ситуация по холере в Российской Федерации в 2023 г. и прогноз на 2024 г. // Проблемы особо опасных инфекций. – 2024. - №1. – С. 76-88. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-76-78.
18. Попова А.Ю., Кутырев В.В., Щербакова С.А., Ежлова Е.Б., Демина Ю.В. и др. Вспышка легочной чумы на о. Мадагаскар в 2017 г. // Проблемы особо опасных инфекций. – 2017. - №4. – С. 5-14. DOI: 10.21055/0370-1069-2017-4-5-14.
19. Попов Н.В., Карнаухов И.Г., Кузнецов А.А., Матросов А.Н., Иванова А.В. и др. Эпидемиологическая ситуация по чуме в мире. Прогноз эпизоотической активности природных очагов чумы Российской Федерации на 2024 г. // Проблемы особо опасных инфекций. – 2024. - №1. – С. 67-75. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-67-75.
20. Hancuh M., Walldorf J., Minta AA. et al. Typhoid Fever Surveillance, Incidence Estimates, and Progress Toward Typhoid Conjugate Vaccine Introduction — Worldwide, 2018–2022 // MMWR Morb. Mortal. Wkly. Rep. - 2023. – N. 72. – P.171–176. DOI: <http://dx.doi.org/10.15585/mmwr.mm7207a2>.
21. He D., Gu J., Gu M., Wu H., Li J. et al. Genetic and antigenic diversity of H7N9 highly pathogenic avian influenza virus in China // Infect. Genet.Evol. – 2021. – N93. – P. 104993. DOI: 10.1016/j.meegid.2021.104993.
22. <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-statement-at-the-healthy-hopes-press-briefing---11-october-2023> [Интернетресурс].
23. <https://polioeradication.org/polio-today/polio-now/outbreak-preparedness-response> [Интернетресурс].
24. WHO.<https://www.who.int/health-topics/> [Интернет ресурс].
25. World health statistics 2024: monitoring health for the SDGs, Sustainable Development Goals. – 96 p.
26. Xu R., de Vries R.P., Zhu X., Nychlat C.M., McBride R. et al. Preferential recognition of avian-like receptors in human influenza A H7N9 viruses // Science. – 2013. – V. 342, N.6163. – P. 1230-1235. DOI: 10.1126/science.1243761.
27. Yang C., Naguib T., Yang S., Nasr E., Jorba J., Ahmed N. et al. Circulation of endemic type 2 vaccine-derived poliovirus in Egypt from 1983-1993 // J. Virol. – 2003. – Vol. 77, N 15. – P. 8366-8377.

Сведения об ответственном авторе:

Троценко Ольга Евгеньевна – доктор медицинских наук, директор ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, adm@hniiem.ru
