
Дальневосточный Журнал Инфекционной Патологии

№ 53, 2026

Основатель и первый главный редактор журнала – профессор В.В. Богач

Редакционный совет:

Г.Г. Онищенко (академик РАН, д.м.н.,
профессор, Москва)
М.И. Михайлов (академик. РАН, д.м.н.,
профессор, Москва)
В.Ф. Учайкин (академик РАН, д.м.н.,
профессор, Москва)
Е.И. Ефимов (д.м.н., профессор, Нижний Новгород)
Н.В. Рудаков (д.м.н., профессор, Омск)
С.В. Балахонов (д.м.н., профессор, Иркутск)
Л.М. Сомова (д.м.н., профессор, Владивосток)
С.Ш. Сулейманов (д.м.н., профессор, Хабаровск)
И.Я. Егоров (д.м.н., профессор, Якутск)

Главный редактор

О.Е. Троценко, доктор медицинских наук

Редакционная коллегия:

В.П. Молочный - *зам главного редактора,*
д.м.н., профессор
Ю.Г. Ковальский, *д.м.н., профессор*
Г.С. Томилка, *д.м.н., профессор*
Т.А. Захарычева, *д.м.н., профессор*
И.И. Протасеня, *д.м.н., доцент*
А.П. Бондаренко, *к.м.н.*
А.Г. Драгомерецкая, *к.б.н.*
О.П. Курганова, *к.м.н.*
Е.Ю. Сапега, *к.м.н.*
М.Ю. Щелканов, *член-корр. РАН, д.б.н.*
П.А. Жуков – *технический редактор*

Учредитель –

ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора

Журнал зарегистрирован Управлением Федеральной службы по надзору в сфере связи, информационных технологий и массовых коммуникаций по Дальневосточному федеральному округу (Роскомнадзор).

Свидетельство о регистрации средства массовой информации ПИ № ТУ 27-00473 от 17.07.2014 г.

Периодичность издания – 4 раза в год

Журнал размещается в интегрированном научном информационном ресурсе в российской сети Интернет – Научной электронной библиотеке.

Полная версия журнала доступна на сайте Российской электронной библиотеки (www.elibrary.ru)

ISSN 2073-2899

Публикации в Дальневосточном журнале инфекционной патологии бесплатны

Адрес издателя и редакции:

680610, г. Хабаровск, ул. Шевченко, 2, Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора

Для корреспонденции:

680610, г. Хабаровск, ул. Шевченко, 2, Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора
редакция «Дальневосточного Журнала Инфекционной Патологии»

Е-mail: adm@hniiem.ru Наш сайт в Интернет: <http://www.hniiem.rosпотребнадzor.ru>

При цитировании ссылка на журнал обязательна

Мнение редакции журнала может не совпадать с мнением авторов

СОДЕРЖАНИЕ

CONTENTS

ОРИГИНАЛЬНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ

ЭТИОЛОГИЧЕСКАЯ ЗНАЧИМОСТЬ И
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ
ОСОБЕННОСТИ КОАГУЛАЗОНЕГАТИВНЫХ
СТАФИЛОКОККОВ В СТРУКТУРЕ
ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНФЕКЦИОННЫХ
ПРОЦЕССОВ

Гординская Н.А., Зайцева Н.Н., Борискина Е.В.,
Алексеева А.Е., Махова М.А., Денисенко Т.Л.,
Вилкова М.Ю.....5

РЕЗУЛЬТАТЫ МОНИТОРИНГА
ЭНТЕРОВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИИ В
СУБЪЕКТАХ ДАЛЬНЕВОСТОЧНОГО И
СИБИРСКОГО ФЕДЕРАЛЬНЫХ ОКРУГОВ
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ В 2025 Г.

Бутакова Л.В., Сапега Е.Ю.,
Троценко О.Е.12

ВЫЯВЛЕНИЕ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ
ЭНТЕРОВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИИ В
ОБРАЗЦАХ ВОДНОЙ СРЕДЫ, СОБРАННЫХ
ВО ВЬЕТНАМЕ В 2024 Г.

Бу Т.Л., Данг Т. В. Х., Голицына Л.Н.,
Зверев В.В., Пономарева Н.В., Махова М.А.,
Селиванова С.Г., Хоанг Д.Х.,
Льонг Т.М.....24

АНАЛИЗ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ СВЯЗЕЙ
МЕЖДУ ИЗОЛЯТАМИ ВИРУСА ГЕПАТИТА С,
ЦИРКУЛИРОВАВШИМИ СРЕДИ НАСЕЛЕНИЯ
В РЕГИОНАХ ДФО НА ПРОТЯЖЕНИИ 2021-
2025 ГГ.

Базыкина Е.А., Троценко О.Е., Котова В.О.,
Балахонцева Л.А.....32

ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ ВИЧ-
ИНФЕКЦИИ НА ЮГЕ И ДАЛЬНЕМ ВОСТОКЕ
РОССИИ

Суладзе А.Г., Матузкова А. Н., Твердохлебова Т.И.,
Скляная Е.А., Гапон Э.А., Шевченко Е.А.,
Таенкова И.О, Базыкина Е.А.....47

СОВРЕМЕННАЯ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКАЯ
СИТУАЦИЯ С РАСПРОСТРАНЕНИЕМ ВИЧ-
ИНФЕКЦИИ В ДАЛЬНЕВОСТОЧНОМ
ФЕДЕРАЛЬНОМ ОКРУГЕ (КРАТКИЙ АНАЛИЗ
ЗА 2025 г.)

Таенкова И.О., Троценко О.Е.,
Балахонцева Л.А.....58

ORIGINAL RESEARCH

ETIOLOGICAL SIGNIFICANCE AND MOLECULAR
AND GENETIC FEATURES OF COAGULASE-
NEGATIVE STAPHYLOCOCCUS IN THE
STRUCTURE OF INFECTIOUS PROCESSES
CAUSES

Gordinskaya N.A., Zaitseva N.N., Boriskina E.V.,
Alekseeva A.E., Makhova M.A., Denisenko T.L.,
Vilkova M.Yu.5

RESULTS OF MONITORING ENTEROVIRUS
INFECTION IN THE TERRITORIAL SUBJECTS
OF THE FAR EASTERN AND SIBERIAN
FEDERAL DISTRICTS OF THE RUSSIAN
FEDERATION IN 2025

Butakova L.V., Sapega E.Yu.,
Trotsenko O.E.....12

INVESTIGATION OF ENTEROVIRUSES IN
ENVIRONMENTAL WATER SAMPLES
COLLECTED IN VIETNAM, 2024

Thi LoanVu, Thi Viet Huong Dang, Golitsyna L.N.,
Zverev V.V., Ponomareva N.V.,
Makhova M.A., Selivanova S.G., Dang Hieu
Hoang, Thi Mo Luong24

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF HEPATITIS C
VIRUS ISOLATES CIRCULATION AMONG
POPULATION OF THE FAR EASTERN
FEDERAL DISTRICT CONSTITUENT ENTITIES
DURING 2021-2025

Bazykina E.A., Trotsenko O.E., Kotova V.O.,
Balakhonsteva L.A.....32

EPIDEMIOLOGICAL ASPECTS OF HIV-
INFECTION IN THE RUSSIAN SOUTH AND FAR
EAST

Suladze A.G., Matuzkova A.N., Tverdokhlebova T.I.,
Sklyanaya E.A., Gapon E.A., Shevchenko E.A.,
Taenkova I.O., Bazykina E.A.....47

CURRENT EPIDEMIOLOGICAL SITUATION
WITH THE SPREAD OF HIV INFECTION IN THE
FAR EASTERN FEDERAL DISTRICT (BRIEF
REVIEW OF YEAR 2025)

Taenkova I.O., Trotsenko O.E.,
Balakhontseva L.A.....58

РОЛЬ РЫБ АМУРСКОГО БАССЕЙНА (CYPRINIFORMES, SALMONIFORMES) В ЦИРКУЛЯЦИИ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ЭНДЕМИЧНЫХ ТРЕМАТОДОЗОВ Москвина Ю.И., Гаер С.И., Драгомерецкая А.Г., Троценко О.Е.65 ОБЗОРЫ КЛЕЩЕВЫЕ РИККЕТСИОЗЫ В РОССИИ И ОСОБЕННОСТИ ВИДОВОГО СОСТАВА ВОЗБУДИТЕЛЕЙ В ХАБАРОВСКОМ КРАЕ (ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ) Белкина Н.В., Драгомерецкая А.Г., Троценко О.Е., Аушева Т.А.....77 СТРАНИЦЫ ИСТОРИИ ИСТОРИЯ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ЧУМЫ В ПРИАМУРЬЕ (КОНЕЦ XIX – НАЧАЛО XX ВЕКА) Курганова О.П., Телюк Т.Н., Юргина О.М., Кобзарь В.П., Саблук Н.Р., Сорокоумова О.Ф., Двининидзе Е.В., Глебова Н.Н., Володина Ю.А.....90 ИНСТРУКЦИЯ ДЛЯ АВТОРОВ.....108	THE ROLE OF THE AMUR RIVER BASIN FISH (CYPRINIFORMES, SALMONIFORMES) IN CIRCULATION OF ENDEMIC TREMATODOSIS CAUSATIVE AGENTS Moskvina Yu.I., Gaer S.I., Dragomeretskaya A.G., Trotsenko O.E.....65 REVIEWS TICK-BORNE RICKETTSIOSIS IN RUSSIA AND PECULIARITIES OF SPECIES COMPOSITION OF TICK-BORNE RICKETTSIOSES CAUSATIVE AGENTS IN THE KHABAROVSK KRAI (LITERATURE REVIEW) Belkina N.V., Dragomeretskaya A.G., Trotsenko O.E., Ausheva T.A.....77 PAGES OF HISTORY THE HISTORY OF THE PLAGUE SPREAD IN THE PRIAMURYE REGION (END OF THE XIX – BEGINNING OF THE XX CENTURY) Kurganova O.P., Telyuk T.N., Yurgina O.M., Kobzar' V.P., Sabluk N.R., Sorokoumova O.F., Dvininidze E.V., Glebova N.N., Volodina Yu.A.....90 INSTRUCTION FOR AUTHORS.....108
---	---

ОРИГИНАЛЬНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ

УДК: 579.25:579.61+615.015.8]:579.861.2 Staphylococcus
DOI: 10.62963/2073-2899-2026-53-5-11

ЭТИОЛОГИЧЕСКАЯ ЗНАЧИМОСТЬ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ КОАГУЛАЗОНЕГАТИВНЫХ СТАФИЛОКОККОВ В СТРУКТУРЕ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНФЕКЦИОННЫХ ПРОЦЕССОВ

Гординская Н.А., Зайцева Н.Н., Борискина Е.В., Алексеева А.Е.,
Махова М.А., Денисенко Т.Л., Вилкова М.Ю.

Федеральное бюджетное учреждение науки «Нижегородский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. академика И.Н. Блохиной» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, г. Нижний Новгород, Российская Федерация

Ответственный за взаимодействие с редакцией: Гординская Наталья Александровна – доктор медицинских наук, ведущий научный сотрудник, зав. лабораторией микробиологии ФБУН ННИИЭМ им. академика И.Н.Блохиной Роспотребнадзора, e-mail: Gordinskaya.nata@yandex.ru.

АННОТАЦИЯ

В настоящее время значительное количество инфекционных процессов вызвано коагулазонегативными стафилококками, характеризующимися высоким уровнем антибиотикорезистентности.

Цель исследования: анализ частоты выделения стафилококков при инфекциях разной локализации, определение их видовой принадлежности, фенотипических и молекулярно-генетических особенностей.

Материалы и методы. Проанализирована видовая структура 1151 бактериального возбудителя инфекций различной локализации у взрослых пациентов медицинских организаций г. Нижнего Новгорода. Для определения биологических особенностей отобраны 330 клинических изолятов стафилококков, среди которых 123 штамма *S.aureus* и 207 коагулазонегативных (CoNS). Видовую идентификацию стафилококков проводили с помощью наборов STAPHYtest 24 на анализаторе ErbaScan (Erba Manheim). Фенотип чувствительности к антибиотикам определяли диско-диффузионным методом, минимальные подавляющие концентрации антибиотиков определяли с использованием наборов Сенсилатест Стафи. Детекцию *tesA*-гена осуществляли методом ПЦР-PB, для анализа резистомы штаммов проводили полногеномное секвенирование на платформе DNBSEQ G-50 (BGI, КНР).

Результаты. Анализ видовой структуры инфекционных патогенов показал, что на долю всех стафилококков приходится 28,72%, коагулазонегативные штаммы составили 18,0%, при этом доминировали *S.epidermidis*, *S.haemolyticus* и *S.hominis*. Более 80% наиболее часто выделяемых стафилококков характеризовались фенотипической устойчивостью к препаратам пенициллинового ряда, почти половина изолятов были резистентными к аминогликозидам, рифампицину и триметоприм/сульфометоксазолу. У наиболее часто выделяемых видов CoNS фенотип метициллинрезистентных имели в среднем 63,1% штаммов, что подтверждалось наличием гена *tesA*, кроме того, в геноме CoNS обнаружены гены устойчивости к β -лактамам, аминогликозидам, фторхинолонам, макролидам, тетрациклинам и сульфаметоксазолу.

Заключение. Высокий уровень антибиотикорезистентности и, в связи с этим, сложности эрадикации, ставят CoNS в один ряд с *S.aureus*, видовая принадлежность коагулазонегативных стафилококков при этом практически не имеет значения.

Ключевые слова: инфекционные патогены; коагулазонегативные стафилококки; антибиотикорезистентность, гены резистентности

Информация о вкладе авторов: Гординская Н.А. – планирование научной работы, анализ и интерпретация данных; Борискина Е.В., Денисенко Т.Л., Вилкова М.Ю. – сбор и интерпретация данных; Алексеева А.Е., Махова М.А. – составление черновика рукописи; Зайцева Н.Н. – утверждение окончательной версии рукописи.

Конфликт интересов: Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

Исследование одобрено локальным этическим комитетом ФБУН ННИИЭМ им. академика И.Н.Блохиной Роспотребнадзора. Протокол №1 от 02.03.2026 г.

Информированные согласия на исследования получены в медицинских организациях, направлявших биологические субстраты пациентов в лабораторию микробиологии ФБУН ННИИЭМ им. академика И.Н.Блохиной Роспотребнадзора.

ETIOLOGICAL SIGNIFICANCE AND MOLECULAR AND GENETIC FEATURES OF COAGULASE-NEGATIVE STAPHYLOCOCCUS IN THE STRUCTURE OF INFECTIOUS PROCESSES CAUSES

Gordinskaya N.A., Zaitseva N.N., Boriskina E.V., Alekseeva A.E., Makhova M.A., Denisenko T.L., Vilkova M.Yu.

Federal State Budgetary Institution of Science "Nizhny Novgorod Research Institute of Epidemiology and Microbiology named after Academician I.N. Blokhina" of the Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare, Nizhny Novgorod, Russian Federation

SUMMARY

Introduction. Currently, a significant number of infectious processes are caused by coagulase-negative staphylococci, which is often associated with their resistance to antibiotics.

Objective. Purpose of the study: analysis of the frequency of staphylococcus secretion in infections of different localization, determination of their species affiliation and identification of phenotypic and molecular genetic features.

Materials and Methods. The species structure of 1151 bacterial pathogens of various localization in adult patients of medical organizations in Nizhny Novgorod was analyzed. To determine biological features, 330 clinical isolates of staphylococci were selected, including 123 strains of *S. aureus* and 207 coagulase-negative (CoNS). Species identification of staphylococci was performed using STAPHYtest 24 kits on an ErbaScan analyzer (Erba Mancheim). Antibiotic susceptibility phenotype was determined by the disco-diffusion method, minimal inhibitory concentrations of antibiotics were determined using SensiLatest Stafi kits. Detection of the *mecA* gene was carried out by PCR-RB, for the analysis of the strain resistome whole-genome sequencing on the DNBSEQ G-50 platform (BGI, China).

Results. Discussion. Analysis of the species structure of infectious pathogens showed that all staphylococci accounted for 28.72%, coagulase-negative strains accounted for 18.0%, with *S. epidermidis*, *S. haemolyticus* and *S. hominis* dominating. More than 80% of the most frequently isolated staphylococci were characterized by phenotypic resistance to penicillin-type drugs, almost half of the isolates were resistant to aminoglycosides, rifampicin and trimethoprim/sulfomethoxazole. There are genes for resistance to β -lactams, aminoglycosides, fluoroquinolones, macrolides, tetracyclines and sulmomethoxazole in the CoNS genome. In the most frequently isolated CoNS species, an average of 63.1% of strains had a methicillin resistant phenotype, in addition, genes for resistance to β -lactams, aminoglycosides, fluoroquinolones, macrolides, tetracyclines and sulfomethoxazole were found in the CoNS genome.

Conclusion. The high level of antibiotic resistance and, consequently, the difficulty of eradication, place CoNS on the same level as *S.aureus*, and the species affiliation of coagulase-negative staphylococci is almost irrelevant.

Key words: *infectious pathogens; coagulase-negative staphylococci; antibiotic resistance, resistance genes*

Author contribution: Gordinskaya N.A. – planning of scientific work, analysis and interpretation of data; Boriskina E.V., Denisenko T.L., Vilkova M.Yu. – data collection and interpretation; Alekseeva A.E., Makhova M.A. – drafting of the manuscript; Zaitseva N.N. – approval of the final version of the manuscript.

Conflict of interest: The authors declare that they have no apparent or potential conflicts of interest related to the publication of this article.

The study was approved by the local ethics committee of the Federal Budgetary Institution of Science NNIIM named after Academician I.N. Blokhina of Rospotrebnadzor. Protocol No. 1 dated 02.03.2026.

Informed consent for the study was obtained from medical organizations that sent patients' biological substrates to the microbiology laboratory of the Federal Budgetary Institution of Science NNIIM named after Academician I.N. Blokhina of Rospotrebnadzor.

Введение

Бактерии рода *Staphylococcus* являются одними из доминирующих патогенов в этиологической структуре возбудителей инфекций [1]. К настоящему времени описано несколько десятков видов кокков, входящих в род *Staphylococcus*. Различные виды стафилококков входят в состав микробиоты локусов человеческого организма (кожа, слизистые оболочки и др.), которые являются для них естественными местами обитания [2]. В настоящее время нередко случаи гнойно-септических процессов, возбудителями которых являются не только золотистый стафилококк, но и различные коагулазонегативные виды, особенно в педиатрических стационарах [3,4,5,6,7]. Наиболее часто среди CoNS выделяют *S.epidermidis*, *S.hominis*, *S.haemolyticus*. По литературным данным коагулазонегативные стафилококки выявляют в 30% случаев катетер-ассоциированных инфекций, при этом *S. epidermidis* является одним из ведущих возбудителей инфекций кровяного русла [8]. Доказана этиологическая роль CoNS в развитии инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи [9,10]. Несмотря на преобладание патогенного потенциала у *S.aureus*, по сравнению с CoNS, у коагулазонегативных видов стафилококков также выявляют детерминанты патогенности, позволяющие им осуществить переход из комменсальной формы существования в инвазивную [11,12]. Значимая роль коагулазонегативных стафилококков в инфекционной патологии людей связана с их устойчивостью к антимикробным препаратам. Антибиотикорезистентные штаммы коагулазонегативных стафилококков выделяют из различных биотопов организма человека [13,14]. Проведение мониторинга резистентности к антибиотикам клинически значимых видов стафилококков является важным звеном системы инфекционного контроля в плане реализации Стратегии по сдерживанию распространения устойчивости микроорганизмов к антимикробным препаратам [15]. В этой связи проведено исследование, целью которого явился анализ частоты выделения стафилококков при инфекциях разной локализации, определение их видовой принадлежности, а также выявление фенотипических и молекулярно-генетических особенностей.

Материалы и методы.

Проанализирована видовая структура 1151 бактериального возбудителя инфекций различной локализации у взрослых пациентов медицинских организаций г. Нижнего Новгорода за 2024 – 2025 годы. Фенотипические и молекулярно-генетические характеристики определены у 330 клинических изолятов стафилококков, выделенных из носоглоточной слизи, мочи, фекалий, раневого отделяемого, крови у стационарных пациентов медицинских организаций. Из общего числа стафилококков 123 штамма принадлежали виду *S.aureus*, остальные 207 – коагулазонегативным видам. Видовую идентификацию стафилококков проводили с использованием набора биохимических тестов в планшетах STAPHYtest 24 на анализаторе ErbaScan (Erba Mannheim). Фенотип чувствительности к антибиотикам определяли диско-диффузионным методом на агаре Мюллера-Хинтона (HiMedia) с помощью дисков (Bioanalyse). Минимальные подавляющие концентрации антибиотиков определяли с использованием наборов Сенсиплатест Стафи (Erba Mannheim). Категории чувствительности/резистентности устанавливали по таблицам рекомендаций МАКМАХ «Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам», версия 2024-02 и EUCAST 2025 v. 15,0 [16,17]. Наличие гена *mecA* у стафилококков определяли методом ПЦР. Амплификацию проводили на приборе CFX-96 (Bio-Rad, США) в соответствии с методическими указаниями к набору

«АмплиСенс MRSA-скрин-титр-FL» (ФБУН ЦНИИЭ Роспотребнадзора, Россия). Детекция продуктов амплификации проводилась гибридизационно-флюоресцентным методом в режиме реального времени.

Для проведения полногеномного секвенирования выделение бактериальной ДНК шести штаммов стафилококков (*S. hominis* – 1 штамм, *S. epidermidis* – 2 штамма, *S. haemolyticus* – 3 штамма) выполняли с использованием набора «АмплиПрайм ДНК-сорб-В» (ФБУН ЦНИИЭ Роспотребнадзора, Россия) согласно инструкции производителя. Подготовку библиотек ДНК для секвенирования на платформе DNBSEQ-G50 (BGI, КНР) проводили с использованием следующих наборов: набор для быстрой подготовки библиотек ДНК MGIEasy Fast FS DNA Library Prep Set (BGI, КНР), набор MGIEasy Dual Barcode Circularization Kit (BGI, КНР) для циркуляризации ДНК с двойными баркодами для секвенирования на платформе DNBSEQ, набора праймеров CPAS Barcode Primer 3 Reagent Kit (BGI, КНР) для парноконцевого секвенирования двойных баркодов. Секвенирование готовых библиотек проводили с использованием набора для секвенирования DNBSEQ-G50 RS High-throughput Sequencing Set (FCL PE100). Сборку прочтений *de novo* осуществляли с помощью программного обеспечения SPAdes. Для поиска детерминант антибиотикорезистентности использовался сервис RGI (<https://card.mcmaster.ca/analyze/rgi>) базы данных CARD.

Результаты и обсуждение.

Анализ видовой структуры бактериальных возбудителей инфекционных процессов показал, что на долю стафилококков в целом приходится 28,72% (рис. 1).

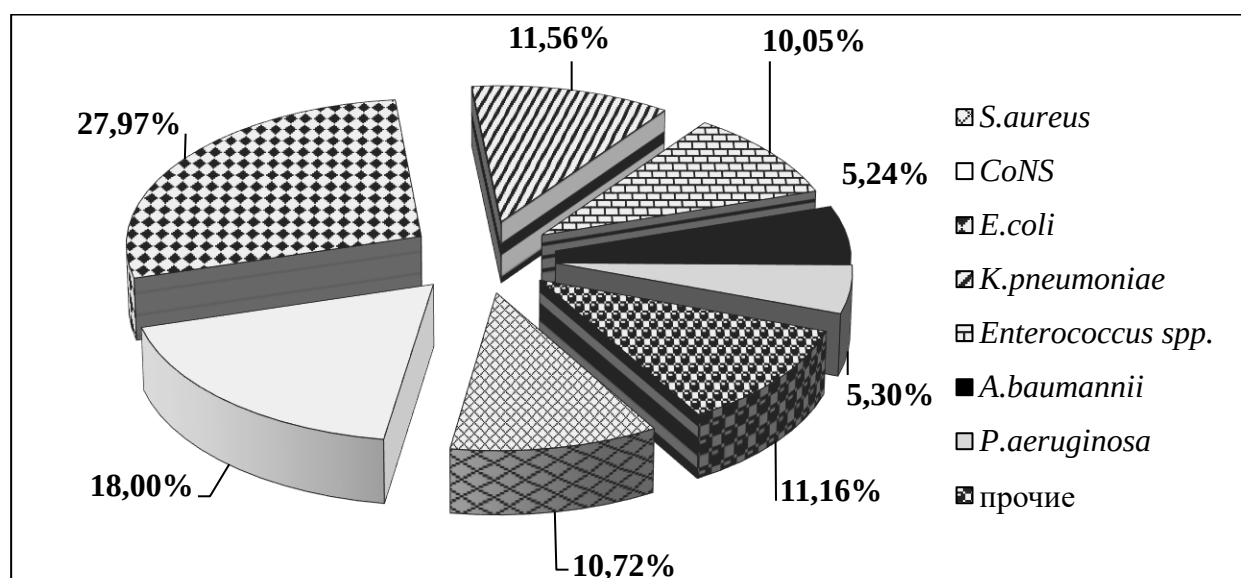


Рис. 1. Удельный вес возбудителей инфекций различной локализации

Коагулазонегативные виды стафилококков суммарно выделены в 18,0% случаев, *S.aureus* встречался в полтора раза реже и составил 10,72%. С целью определения фенотипических и молекулярно-генетических особенностей CoNS были отобраны коагулазонегативные штаммы, характеризующиеся устойчивостью к антимикробным препаратам. Микробиологический анализ стафилококков, выделенных при инфекциях различной локализации, показал значительное видовое разнообразие. Количество и видовая принадлежность CoNS, обнаруженных в различных биологических субстратах, представлены в таблице 1.

Таблица 1.

Количество и видовая характеристика коагулазонегативных стафилококков, выделенных из разных биосубстратов

Вид стафилококка	Число штаммов (абс)	Локус выделения штамма				
		Слизь носоглотки	Моча	Фекалии	Раневое отделяемое	Кровь
<i>S.epidermidis</i>	85	27	14	12	10	22
<i>S.haemolyticus</i>	56	14	11	4	16	11
<i>S.hominis</i>	31	9	3	8	7	4
<i>S.warneri</i>	12	5	1	1	2	3

<i>S.capitis</i>	9	5	1	2	1	0
<i>S.sciuri</i>	7	2	1	2	2	0
<i>S.lugdunensis</i>	4	3	0	1	0	0
<i>S.simulans</i>	3	2	0	1	0	0

Частота выделения штаммов *S.epidermidis* значительно превышает численность стафилококков других коагулазонегативных видов. В целом *S.epidermidis*, *S.haemolyticus* и *S.hominis* доминируют в общей видовой структуре стафилококков. Преобладание *S.epidermidis*, *S.haemolyticus* и *S.hominis* проявляется не только их численностью, именно штаммы этих видов отличаются высокой антибиотикорезистентностью. Фенотипы антибиотикоустойчивости клинических изолятов оценивали на основании суммарного анализа антибиотикограмм *S.epidermidis*, *S.haemolyticus* и *S.hominis* (рис. 2).

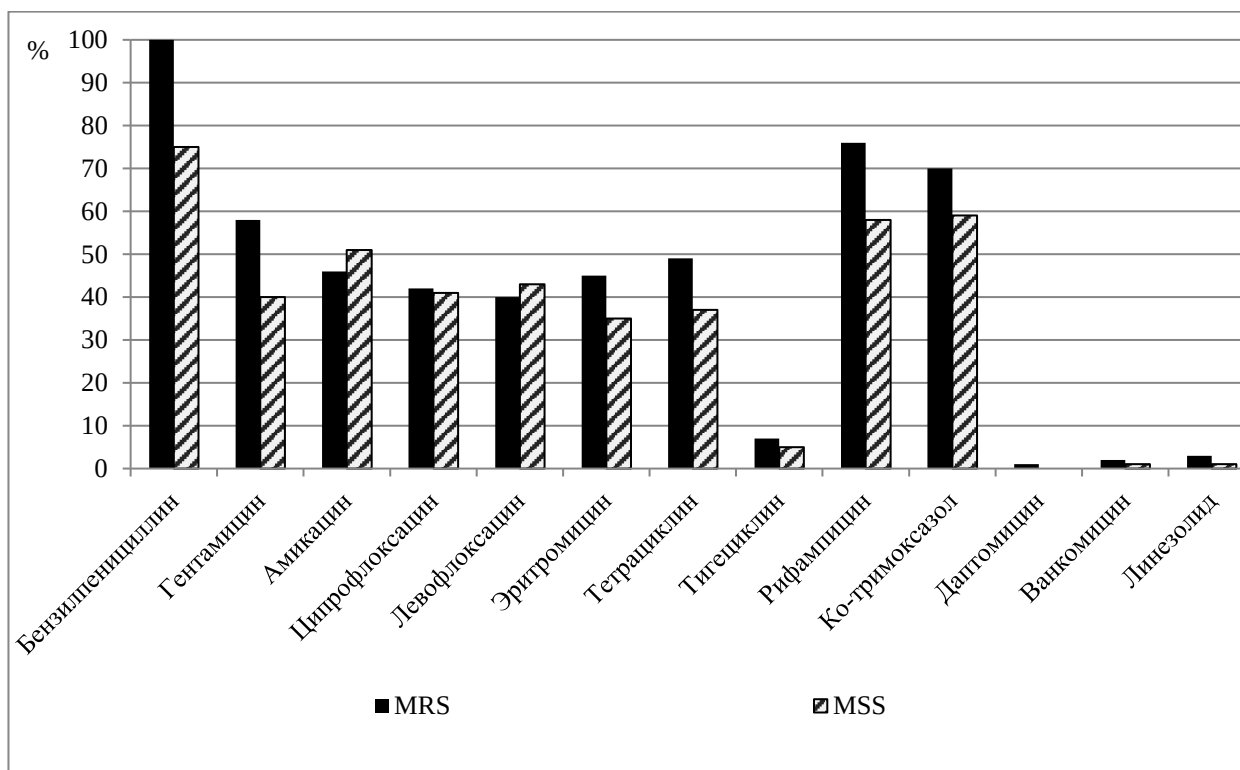


Рис. 2. Фенотип антибиотикорезистентности коагулазонегативных стафилококков

Более 80,0% изученных стафилококков характеризовались фенотипической устойчивостью к препаратам пенициллинового ряда, почти половина изолятов были резистентными к аминогликозидам, рифампицину и триметоприм/сульфометоксазолу. Необходимо отметить высокий уровень устойчивости CoNS к фторхинолонам. Количество метициллинрезистентных (MRS) штаммов среди коагулазонегативных стафилококков в среднем составило 55,3%, при этом, у трех наиболее часто выделяемых видов фенотип метициллинрезистентных имели *S.epidermidis* – 62,8%, *S.haemolyticus* – 97,3%, *S.hominis* – 29,2% штаммов. У остальных видов стафилококков метициллинрезистентные штаммы не были обнаружены, однако абсолютное количество таких изолятов в целом было минимальным.

Макимальную активность в отношении CoNS проявляли тигециклин, даптомицин, ванкомицин и линезолид. Таким образом, фенотипические проявления устойчивости коагулазонегативных стафилококков демонстрируют высокий уровень их антибиотикорезистентности и необходимость регулярного микробиологического мониторинга циркулирующих изолятов.

С целью анализа резистомы у шести штаммов коагулазонегативных стафилококков (*S. hominis* – 1 шт., *S. epidermidis* – 2 шт., *S. haemolyticus* – 3 шт.) проведено полногеномное секвенирование. Как обнаружено, в геноме CoNS имеются гены устойчивости к β -лактамам, аминогликозидам, фторхинолонам, макролидам и тетрациклинам (табл. 2). Анализ генов резистентности к антибактериальным препаратам подтвердил наличие среди CoNS штаммов с множественной лекарственной устойчивостью.

Широкое внедрение молекулярно-генетических методов исследования послужило увеличению разнообразия этиологической структуры инфекционных патогенов и возможности определения многочисленных характеристик, в частности механизмов развития устойчивости к антимикробным препаратам, ставшей в последние годы серьезной проблемой медицинских стационаров. Результаты работы показали существенную долю CoNS в структуре возбудителей инфекций, наличие в их геноме многочисленных детерминант устойчивости и определяющих фенотипические проявления резистентности к антимикробным препаратам. Таким образом, фенотипические и генетические данные резистентности коагулазонегативных стафилококков к антибактериальным препаратам обуславливают их значимое место среди возбудителей инфекционных заболеваний.

Таблица 2.

Гены резистентности CoNS к антибиотикам разных классов

№ штамма	β-лактамы	Амино-гликозиды	Макролиды	Тетра-циклины	Фторхинолоны	Сульфо-метоксазол
Sh 2060	<i>blaZ</i> ; <i>mecA</i>	<i>aac(6')</i>	-	<i>tet(M)</i> ; <i>tet(L)</i>	<i>gyrA</i> ; <i>aac(6'')-lb-cr</i>	<i>sul/I</i>
Sh 2064	<i>blaZ</i> ; <i>mecA</i>	<i>aac(6')</i> ; <i>aph(2')</i> ; <i>ant(2'')-I</i>	<i>erm(A)</i> ; <i>mph(C)</i>	-	<i>gyrA</i> ; <i>aac(6'')-lb-cr</i>	<i>sul/I</i>
Sh 2065	<i>blaZ</i> ; <i>mecA</i>	<i>aac(6')</i>	-	<i>tet(M)</i>	<i>gyrA</i> ; <i>aac(6'')-lb-cr</i>	<i>sul/I</i>
Sh 3089	<i>blaZ</i> ; <i>mecA</i>	<i>ant(2'')-I</i>	-	<i>tet(M)</i>	<i>aac(6'')-lb-cr</i>	<i>sul/I</i>
Se 2098	<i>blaZ</i> ; <i>mecA</i>	<i>aac(6')</i>	-	-	<i>aac(6'')-lb-cr</i>	-
Se 2176	<i>blaZ</i> ; <i>mecA</i>	<i>aac(6')</i> ; <i>aph(2')</i> ; <i>ant(2'')-I</i>	-	-	<i>gyrA</i> ; <i>aac(6'')-lb-cr</i>	-

Заключение. Этиологическая значимость коагулазонегативных стафилококков, частота их выделения из различных биологических субстратов, а также проблема высокой антибиотикорезистентности и, в связи с этим, сложности эрадикации, ставят CoNS в один ряд со *S.aureus*, видовая принадлежность коагулазонегативных стафилококков при этом практически не имеет значения. Данные о том, что клинические изоляты CoNS нередко характеризуются множественной лекарственной устойчивостью подтверждают необходимость регулярного микробиологического мониторинга для назначения адекватного и своевременного лечения инфекций, вызванных коагулазонегативными стафилококками.

Литература

1. Борисов А.М., Голубкова А.А., Тутельян А.В., Руженцова Т.А. Бактерии рода *Staphylococcus spp.* в этиологии гнойно-септических инфекций. Новые фавориты и новые направления в контроле заболеваемости. Эпидемиология и инфекционные болезни. 2025; 4: 82-88. DOI: 10.18565/epidem.2025.15.4.82-88.
2. Леонтьева А.В., Потоцкая Л.А., Червинец Ю.В. Анализ антибиотикорезистентности стафилококков полости рта, кишечника и влагалища. Тверской медицинский журнал. 2023; 1:196-199.
3. Миронова А.В., Миронов А.Ю. Анализ чувствительности коагулазонегативных стафилококков, выделенных из крови, к антимикробным препаратам групп access, watch и reserve. Клиническая лабораторная диагностика. 2026;71(1):45-49. DOI: 10.51620/0869-2084-2026-71-1-45-49.
4. Малеев В.В., Лазарева Е.Н., Понежева Ж.Б., Кузнецова Ю.В. Коагулазонегативные стафилококки как факторы развития синдрома системного воспалительного ответа у пациентов с отягощенным коморбидным фоном. Терапевтический архив. 2024; 11: 1021–1027. DOI:10.26442/00403660.2024.11.202994.
5. Michalik M, Samet A, Podbielska-Kubera A, et al. Coagulase-negative staphylococci (CoNS) as a significant etiological factor of laryngological infections: a review. Ann Clin Microbiol Antimicrob. 2020;19(26): 2-10. DOI: 10.1186/s12941-020-00367-x.

6. Paranthaman K, Wilson A, Verlander N, Rooney G., Macdonald N., Nsonwu O. et al. Trends in coagulase-negative staphylococci (CoNS), England, 2010–2021. Access Microbiol. 2023; 5(6): DOI:10.1099/acmi.0.000491.v3.
7. Vibovska V., Kovarovic V., Msslanova I., Indrakova A., Petras P., Sedo P., Svec P., Fisarova L., Siborova M., Mikalasek K., Sedlacek I., Doskaf J., Pantucek R. *Staphylococcus petrasii* diagnostics and its pathogenic potential enhanced by mobile genetic elements. Int J Med Microbiol. 2019; 309(8): 151355. DOI: 10.1016/j.jjmm.2019.151355.
8. Kitaya Sh, Kanamori H, Katori Y, Tokuda K. Clinical Characteristics and Outcomes of Persistent Staphylococcal Bacteremia in a Tertiary Care Hospital. Antibiotics (Basel). 2023;12:454. DOI: 10.3390/antibiotics12030454.
9. Маслов Ю. Н., Галямова Л. А., Пономарев А. Ю. Коагулазоотрицательные стафилококки как возбудители инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи. Лабораторная и клиническая медицина. Фармация. 2023; 3(3): 26 – 34. DOI: 10.14489/lcmp.2023.03.pp.026-034.
10. Скачкова Т.С., Головешкин Е.Н., Абросимова О.А., Тутельян А.В. Акимкин В.Г. Уровень и структура заболеваемости инфекциями, связанными с оказанием медицинской помощи, обусловленными стафилококками, в 2018-2021 гг. Эпидемиология и инфекционные болезни. 2023; 13 (2): 28-33. DOI: 10.18565/epidem.2023.13.2.28-33.
11. Cavanagh JP, Pain M, Bruun JA, Urbarova I, Wai SN, et al. Comparative exoproteome profiling of an invasive and a commensal *Staphylococcus haemolyticus* isolate. J.Proteomics. 2019; 97:106-114. DOI: 10.1016/j.jprot.2018.11.013.
12. Manandhar S., Singh A., Varma S., Pandey S., Shrivastava N. High level of persister frequency in clinical staphylococcal isolates. BMC Microbiology. 2022; 22, Article: 109. DOI: 10.1186/s12866-022-02529-7.
13. Афанасьевская Е.В., Касатов А.В., Николаева Н.В., Поспелова С.В. Анализ многолетней динамики антибиотикочувствительности коагулазоотрицательных стафилококков, изолированных в различные сроки от пациентов хирургического стационара. Пермский медицинский журнал имени академика Е.А. Вагнера. 2024; 41(2): 5-10.
14. Larsen J., Reisen C.L., Ba X., Sadgrove N., Padilla-Gonzalez G., Simmonds M. et al. Emergence of methicillin resistance predates the clinical use of antibiotics. Nature. 2022; 602:135-141. DOI: 10.1038/s41586-021-04265-w.
15. Samreen I., Ahmad H.A., Malak HH. Environmental antimicrobial resistance and its drivers: a potential threat to public health. J Glob Antimicrob Resist. 2021; 27:101-111. DOI: 10.1016/j.jgar.2021.08.001.
16. Российские рекомендации «Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам» Версия 2024-02. Клиническая микробиология и антимикробная химиотерапия. 2024; 26, прил.2.
17. European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing. Breakpoint tables for interpretation of MICs and zone diameters. Version 15.0, valid from 2025-01-01.

УДК: 616.98:578.835.1Enterovirus-036.22:001.8(571)"2025"
DOI: 10.62963/2073-2899-2026-53-12-23

РЕЗУЛЬТАТЫ МОНИТОРИНГА ЭНТЕРОВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИИ В СУБЪЕКТАХ ДАЛЬНЕВОСТОЧНОГО И СИБИРСКОГО ФЕДЕРАЛЬНЫХ ОКРУГОВ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ В 2025 Г.

Бутакова Л.В., Сапега Е.Ю., Троценко О.Е.

*ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора,
Хабаровск, Российская Федерация*

Автор, ответственный за взаимодействие с редакцией: Бутакова Людмила Васильевна – научный сотрудник Дальневосточного регионального научно-методического центра по изучению энтеровирусных инфекций; e-mail: evi.khv@mail.ru

АННОТАЦИЯ

Введение. Энтеровирусная инфекция – инфекционное заболевание с выраженной сезонностью, разнообразными клиническими проявлениями, часто проявляющееся в виде вспышек. Изменчивость генома энтеровирусов, приводящая к образованию множества генетических вариантов, в том числе с высоким эпидемическим потенциалом, подтверждает необходимость непрерывного надзора за инфекцией.

Цели исследования: проанализировать заболеваемость энтеровирусной инфекцией и результаты молекулярного мониторинга энтеровирусов в субъектах Дальневосточного и Сибирского федеральных округов Российской Федерации в 2025 г., составить прогноз заболеваемости энтеровирусной инфекцией на 2026 г.

Материалы и методы. Для анализа заболеваемости энтеровирусной инфекцией использованы статистические данные органов Роспотребнадзора в Дальневосточном и Сибирском федеральных округах Российской Федерации. Нуклеотидные последовательности энтеровирусов получены с помощью секвенирования фрагмента VP1 генома по методу Сэнгера. Прогнозирование уровней заболеваемости на 2026 г. проведено на основе определения многолетней тенденции в динамике заболеваемости энтеровирусной инфекцией.

Результаты. В 2025 г. практически во всех субъектах Дальневосточного и Сибирского федеральных округов наблюдался рост заболеваемости энтеровирусной инфекцией с превышением среднемноголетних показателей. Зарегистрирован 61 очаг групповой заболеваемости. В структуре клинических проявлений преобладали экзантемные формы. Среди циркулирующих энтеровирусов доминировал вид *Enterovirus alphacoxsackie*. В Дальневосточном регионе преобладал Коксаки А16, в субъектах Восточной Сибири – Коксаки А6. Отмечено возобновление циркуляции Е18, давно не выявляемого в рамках постоянного молекулярного мониторинга. В Забайкальском крае зарегистрирован летальный случай от инфекции, вызванной энтеровирусом А71 С1. В 2026 г. по результатам прогноза в большинстве субъектов Дальнего Востока и Восточной Сибири продолжится рост заболеваемости Энтеровирусной инфекцией.

Заключение. Одним из важных факторов, оказавших влияние на интенсивность эпидемического процесса энтеровирусной инфекции в субъектах Дальневосточного и Сибирского федеральных округов в 2025 г., стала циркуляция новых генетических вариантов энтеровирусов.

Ключевые слова: энтеровирусная инфекция, энтеровирусы, эпидемиология, заболеваемость, мониторинг

Информация о вкладе авторов: Бутакова Л.В. – анализ эпидемиологических данных, проведение молекулярно-генетических исследований, интерпретация полученных результатов, подготовка первичного варианта рукописи; Сапега Е.Ю. – анализ эпидемиологических данных, проведение молекулярно-генетических исследований,

интерпретация полученных результатов; Троценко О.Е. – редактирование и утверждение окончательной версии рукописи.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Исследование одобрено локальным комитетом по биомедицинской этике ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора (протокол заседания №5 от 15.01.2026 г.).

Информированные согласия на исследования получены в медицинских организациях, направлявших биологический материал от пациентов в лабораторию ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора.

RESULTS OF MONITORING ENTEROVIRUS INFECTION IN THE TERRITORIAL SUBJECTS OF THE FAR EASTERN AND SIBERIAN FEDERAL DISTRICTS OF THE RUSSIAN FEDERATION IN 2025

Butakova L.V., Sapega E.Yu., Trotsenko O.E.

Khabarovsk research institute of epidemiology and microbiology, Khabarovsk, Russian Federation

SUMMARY

Introduction. Enterovirus infection is an infectious disease with pronounced seasonality, diverse clinical manifestations, and often manifesting in outbreaks. The variability of enterovirus genomes, leading to the development of numerous genetic variants, including those with high epidemic potential, confirms the need for continuous enterovirus infection surveillance.

Materials and methods. To analyze the incidence of enterovirus infections, statistical data from Rospotrebnadzor offices in the Far Eastern and Siberian Federal Districts of the Russian Federation were used. Partial VP1 sequences of enteroviruses were obtained using Sanger sequencing. Incidence rates of enterovirus infections for 2026 were projected based on long-term trends in the incidence.

Results. In 2025, enterovirus infection incidence increased in virtually all regions of the Far Eastern and Siberian Federal Districts, exceeding long-term averages. Sixty-one outbreaks of enterovirus infection were recorded. Exanthematous forms predominated in the clinical manifestations of enterovirus infection. Members of species *Enterovirus alphacoxsackie* were the dominant circulating enteroviruses. Coxsackievirus A16 predominated in the Far Eastern region, while Coxsackievirus A6 predominated in the regions of Eastern Siberia. A reemergence of E18, had not been detected for a long time by continuous molecular monitoring, was noted. A fatal case of enterovirus A71 C1 infection was recorded in the Zabaikalsky Krai. According to forecast results, the incidence of enterovirus infection will continue to increase in most regions of the Far East and Eastern Siberia in 2026.

Conclusion. One of the important factors that influenced the intensity of the enterovirus infection epidemic process in the subjects of the Far Eastern and Siberian Federal Districts in 2025 was the circulation of new genetic variants of enteroviruses.

Key words: *enterovirus infection, enteroviruses, epidemiology, incidence, monitoring*

Information about the authors' contributions: Butakova L.V. – epidemiological data analysis, conducting molecular genetic studies, interpretation of research data, drafting the manuscript. Sapega E.Yu. – epidemiological data analysis, conducting molecular genetic studies, interpretation of research data. Trotsenko O.E. – editing and approval of the final version of the manuscript.

Conflict of interest. The authors declare that there is no conflict of interest.

The study was approved by the local biomedical ethics committee of the Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology of Rospotrebnadzor (Protokol of the meeting No. 5 dated January 15, 2026).

Informed consent for research was obtained from medical organizations that sent biological material from patients to the laboratory of the Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology of Rospotrebnadzor.

Введение

В субъектах Дальневосточного и Сибирского федеральных округов ежегодно регистрируют как sporadические, так и групповые случаи энтеровирусной инфекции (ЭВИ). Заболевание выявляют преимущественно среди детского населения. Обострение эпидемической ситуации происходит в летне-осенний период, когда значительно увеличивается количество инфицированных ЭВИ под влиянием климатогеографических и социальных факторов. Некоторые типы энтеровирусов (A71, D68, E11, Коксаки B2 и др.) способны вызывать тяжелые поражения нервной и сердечно-сосудистой систем [1–4]. С учетом высокой изменчивости генома энтеровирусов и постоянно существующих рисков завоза генетических вариантов с повышенной нейровирулентностью необходим непрерывный эпидемиологический и молекулярно-генетический мониторинг для своевременного проведения комплекса противоэпидемических мероприятий.

Цели исследования: проанализировать заболеваемость энтеровирусной инфекцией и результаты молекулярного мониторинга в субъектах Дальневосточного и Сибирского федеральных округов Российской Федерации в 2025 г., составить прогноз заболеваемости энтеровирусной инфекцией на 2026 г.

Материалы и методы

Для анализа заболеваемости ЭВИ в 16 курируемых Дальневосточным региональным научно-методическим центром по изучению энтеровирусных инфекций (далее – региональный центр) субъектах Дальневосточного и Сибирского федеральных округов использовали данные форм государственного статистического наблюдения №№ 1, 2 «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях», а также материалы, предоставленные территориальными органами Роспотребнадзора.

Идентификацию типов энтеровирусов в биологическом материале проводили с помощью амплификации используемого для типирования фрагмента гена VP1 генома энтеровирусов [5] с последующим получением нуклеотидных последовательностей секвенированием по методу Сэнгера и их сравнением с референсными сиквенсами, представленными в GenBank.

Статистическую обработку полученных результатов исследования проводили в Microsoft Excel 2016, используя стандартные статистические методы. Расчет прогнозируемого уровня заболеваемости ЭВИ на 2026 г. проводили на основе определения многолетней тенденции в динамике заболеваемости для каждого субъекта отдельно [6].

Результаты и обсуждение

В 2025 г. в Дальневосточном федеральном округе и курируемых региональным центром 5 субъектах Сибирского федерального округа зарегистрировано 6698 (85,2 ‰₀₀₀₀) и 4502 (72,2 ‰₀₀₀₀) случаев энтеровирусной инфекции соответственно (табл. 1). При этом отмечен рост заболеваемости ЭВИ по сравнению с предыдущим годом в 2 и 2,5 раза соответственно, а также существенное превышение среднемноголетнего уровня заболеваемости (СМУ 2010-2024 гг.): в 3 раза для Дальневосточного округа и в 5 раз – суммарно для курируемых субъектов Сибирского округа.

Среди субъектов, входящих в состав Дальневосточного округа, лишь в Республике Саха (Якутия) выявлено снижение заболеваемости ЭВИ по сравнению с 2024 г. и показатель заболеваемости не превысил среднемноголетний. Относительно стабильная эпидемическая ситуация по заболеваемости ЭВИ наблюдалась в Еврейской автономной области, где показатель заболеваемости оказался выше СМУ лишь на 2,5%. В остальных территориях наблюдалось неблагополучие по заболеваемости энтеровирусной инфекцией со значительным превышением среднемноголетнего показателя в Амурской области (в 5,8 раза), Камчатском крае (в 5,5 раза), Приморском крае (в 5 раз), Сахалинской области (в 3,6 раза) и Забайкальском крае (в 3,6 раза). В Хабаровском крае и Магаданской области показатель заболеваемости превысил СМУ в 2,7 и 2,3 раза соответственно, в Республике Бурятия – на 64%. В Чукотском автономном округе выявлен рост заболеваемости ЭВИ в 5,4 раза по сравнению с предыдущим годом, однако рассчитать среднемноголетний показатель не представилось возможным (ввиду малого количества лет, когда в субъекте регистрировали случаи инфекции).

Во всех курируемых субъектах Сибирского федерального округа в 2025 г. наблюдался рост заболеваемости ЭВИ с превышением среднемноголетнего уровня: в 9 раз – в Красноярском крае, в 4 раза – в Республике Алтай, в 2,9 раза – в Республике Хакасия, в 2 раза – в Иркутской области и Республике Тыва.

В неблагополучных по заболеваемости ЭВИ субъектах в 2025 г. зарегистрированы очаги групповой заболеваемости (ОГЗ): в Дальневосточном федеральном округе – 57 очагов с количеством пострадавших 466 человек, в курируемых субъектах Восточной Сибири – 4 очага (42 пострадавших). Максимальное число очагов ЭВИ выявлено в Хабаровском крае и Сахалинской области. Тип энтеровируса с помощью метода секвенирования удалось установить в 45 эпидемических очагах. Среди идентифицированных энтеровирусов преобладали энтеровирусы вида *Enterovirus*

alphacoxsackie, при этом чаще всего выявляли Коксаки А16 (табл. 2). Ведущий путь передачи инфекции в ОГЗ ЭВИ – контактно-бытовой, а преобладающей клинической формой был энтеровирусный везикулярный стоматит с экзантемой.

Таблица 1.

Заболеваемость ЭВИ в субъектах Дальневосточного и Сибирского федеральных округов

Субъекты	2025		2024		Рост/ снижение	СМУ (2010-2024)
	Абс.	на 100 тыс.	Абс.	на 100 тыс.		
Республика Саха (Якутия)	73	7,3	117	11,7	- 37,6%	12,4
Приморский край	654	37,6	303	17,3	↑ в 2,2 раза	7,5
Хабаровский край	2192	171,5	1112	87,0	↑ в 2,0 раза	64,1
Амурская область	1026	136,8	518	69,1	↑ в 2,0 раза	23,6
Сахалинская область	1655	361,7	758	165,7	↑ в 2,2 раза	99,1
Еврейская авт. область	54	37,0	40	27,4	+ 35,0%	36,1
Камчатский край	171	59,4	27	9,4	↑ в 6,3 раза	10,7
Магаданская область	60	44,9	24	17,5	↑ в 2,6 раза	19,8
Чукотский авт. округ	81	168,6	15	31,4	↑ в 5,4 раза	-
Забайкальский край	552	56,1	313	31,8	↑ в 1,8 раза	15,7
Республика Бурятия	180	19,5	134	14,3	+ 36,4%	11,9
ДФО	6698	85,2	3361	42,8	↑ в 2,0 раза	28,6
Иркутская область	596	24,4	477	20,5	+ 19,0%	12,5
Красноярский край	3246	120,0	841	31,1	↑ в 4,0 раза	13,5
Республика Алтай	185	87,8	103	48,9	↑ в 1,8 раза	21,8
Республика Хакасия	110	20,9	24	4,5	↑ в 4,6 раза	7,3
Республика Тыва	365	108,1	359	106,3	+ 6 случаев	51,4
СФО (курируемые субъекты)	4502	72,2	1804	29,0	↑ в 2,5 раза	14,3

Таблица 2.

Типы энтеровирусов, выявленные в очагах групповой заболеваемости ЭВИ в субъектах Дальневосточного и Сибирского федеральных округов в 2025 г.

Субъекты	Всего ОГЗ / ОГЗ с установленным типом ЭВ	Тип энтеровируса
Хабаровский край	20/17	КВ-А16, КВ-А4, КВ-А6, КВ-А8, КВ-В2, Е18
Сахалинская область	18/13	КВ-А16, КВ-А10
Амурская область	7/4	КВ-А16, КВ-А5, КВ-А2
Чукотский АО*	5/2	КВ-А6*
Забайкальский край	4/4	ЭВ А71
Магаданская область	3/3	КВ-А16, КВ-А5
Иркутская область	3/2	КВ-А16, КВ-А6
Республика Хакасия	1	Тип ЭВ не установлен

Примечание: энтеровирусы в пробах из Чукотского автономного округа типированы в Московском региональном центре по надзору за ПОЛИО/ОВП и Референс-центре по мониторингу за ЭВИ (ФБУН ННИИЭМ им. акад. И.Н. Блохиной)

Энтеровирусный менингит (ЭВМ) в 2025 г. зарегистрирован в 10 из 16 курируемых региональным центром субъектах Дальневосточного и Сибирского федеральных округов (табл. 3). При этом превышение показателей заболеваемости ЭВМ над среднемноголетними (СМУ 2010-2024 гг.) выявлено для 4 территорий: для Иркутской и Амурской областей в 1,8 и 1,6 раза соответственно, для Хабаровского края и Республики Тыва незначительно (16,0% и 2,9%). Удельный вес менингита в структуре клинических форм ЭВИ составил $5,2 \pm 0,3\%$ для Дальнего Востока и $3,6 \pm 0,3\%$ – для курируемых субъектов Восточной Сибири суммарно.

Таблица 3.

Заболеваемость ЭВМ в субъектах Дальневосточного и Сибирского федеральных округов в 2025 г.

Субъекты	2025		2024		Рост/ снижение	СМУ 2010-2024
	Абс.	на 100 тыс.	Абс.	на 100 тыс.		
Республика Саха (Якутия)	0	-	3	0,3	- 3 случая	1,0
Приморский край	6	0,3	1	0,1	+ 5 случаев	0,4
Хабаровский край	296	23,2	254	20,0	+ 16,0%	20,0
Амурская область	19	2,5	0	-	+ 100%	1,6
Сахалинская область	5	1,1	6	1,3	- 1 случай	5,6
Еврейская авт. область	0	-	0	-	-	1,4
Камчатский край	2	0,7	0	-	+ 100%	-
Магаданская область	0	-	0	-	-	-
Чукотский авт. округ	0	-	0	-	-	-
Забайкальский край	3	0,3	1	0,1	+ 2 случая	0,4
Республика Бурятия	18	1,9	19	2,0	- 1 случай	2,4
ДФО	349	4,4	284	3,6	+ 22,2%	4,9
Иркутская область	38	1,6	30	1,3	+ 23,1%	0,9
Красноярский край	110	4,1	119	4,2	- 9 случаев	5,3
Республика Алтай	0	-	0	-	-	-
Республика Хакасия	0	-	0	-	-	-
Республика Тыва	12	3,6	10	3,0	+ 2 случая	3,5
СФО (курируемые субъекты)	160	2,6	159	2,6	+ 1 случай	2,9

У заболевших ЭВИ в Дальневосточном и Сибирском федеральных округах в 2025 г. среди установленных клинических форм преобладали экзантемные формы инфекции (B08.4 и A88.0): 41,9% (95%ДИ: 40,7–43,1) и 70,6% (95%ДИ: 69,3–71,9) соответственно.

При анализе возрастной структуры пациентов с ЭВИ в 2025 г. установлено, что большинство заболевших как в Дальневосточном (ДФО), так и в Сибирском (СФО) федеральных округах входило в возрастную группу 3-6 лет: 46,4% (95%ДИ: 45,2–47,6) и 37,5% (95%ДИ: 36,1–38,9) соответственно. Второе место по частоте встречаемости инфекции заняли дети 1-2 года: 31,3% (95%ДИ: 30,2–32,4) и 35,4% (95%ДИ: 34,0–36,8) соответственно (рис. 1).

В 2025 г. в лабораторию регионального центра биологический материал поступал из 15 курируемых субъектов (за исключением Чукотского автономного округа). Исследованы 1553 образца: 1474 пробы от людей (1181 – из Дальневосточного федерального округа, 293 – из субъектов Сибирского федерального округа) и 79 проб сточной воды (59 – из Дальневосточного округа и 20 – из Сибирского округа).

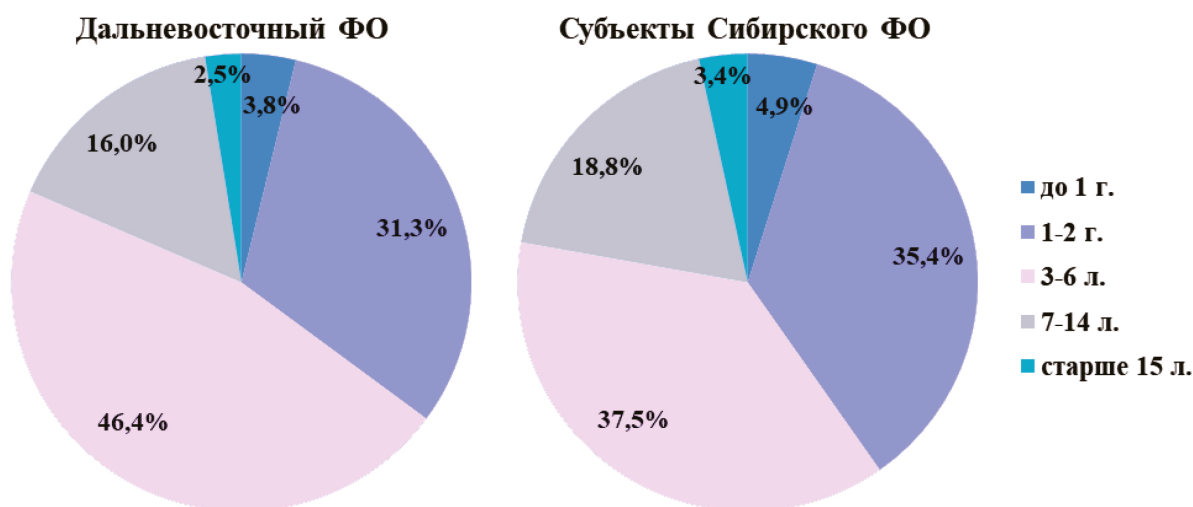
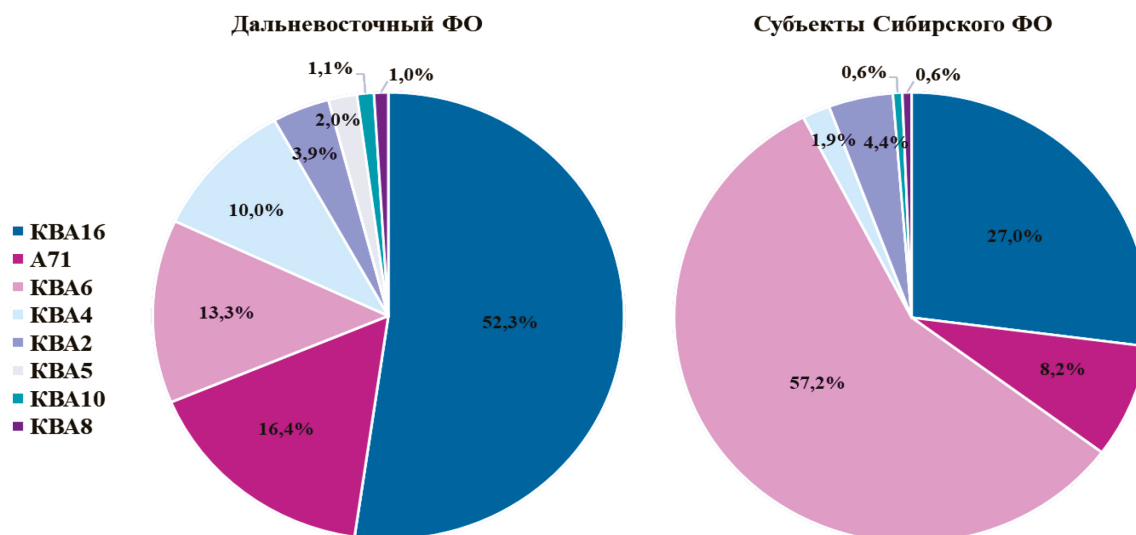


Рис. 1. Удельный вес заболевших ЭВИ разных возрастных групп в 2025 г.

С помощью секвенирования по Сэнгеру от людей получены 988 нуклеотидных последовательностей фрагмента гена капсидного белка VP1 неполиомиелитных энтеровирусов (НПЭВ): 782 – из Дальневосточного ФО, 206 – из Сибирского ФО. В видовой структуре НПЭВ в 2025 г. продолжили доминировать энтеровирусы вида *E. alphacoxsackie*, в Дальневосточном округе их доля составила $78,0 \pm 1,5\%$, в курируемых субъектах СФО – $77,7 \pm 2,9\%$. Удельный вес вида *E. betacoxsackie* составил $21,1 \pm 1,4\%$ и $21,3 \pm 2,8\%$ соответственно. Как и в предыдущие годы, энтеровирусы вида *E. coxsackievir* обнаруживали в незначительном количестве: в Дальневосточном округе – 7 штаммов 4 генотипов (Коксаки А1, А13, А24 и энтеровирус С116), в субъектах Сибирского округа – 1 штамм Коксаки А24. Энтеровирус D68 выявлен только в Иркутской области (1 штамм) от ребенка с герпангиной. Всего в 2025 г. в субъектах Дальнего Востока циркулировали 28 типов НПЭВ, в Восточной Сибири – 20 типов (табл. 4).

При этом в Дальневосточном федеральном округе в структуре идентифицированных генотипов *E. alphacoxsackie* ($n=610$) доминировал Коксаки А16 геногруппы В1 (52,3%), который был наиболее часто выявляемым вирусом в Хабаровском крае, Сахалинской, Магаданской областях и Амурской областях (рис. 2). Второе место занял энтеровирус А71 (16,4%), который преобладал в Забайкальском крае и Республике Бурятия. В субъектах Сибирского федерального округа, как и в 2024 г., продолжил лидировать Коксаки А6. Его удельный вес составил 57,2% от всех типированных энтеровирусов *E. alphacoxsackie* ($n=159$). Коксаки А6 преобладал в Красноярском крае, Иркутской области и Республике Хакасия. Вторым по количеству полученных последовательностей в Восточной Сибири стал Коксаки А16 (27,0%), который превалировал среди других энтеровирусов в Республике Алтай.

Рис. 2. Структура энтеровирусов вида *E. alphacoxsackie* в 2025 г.

У заболевших энтеровирусным менингитом в 2025 г. в Дальневосточном федеральном округе обнаружены 7 генотипов энтеровирусов, в субъектах Сибирского округа – 8 генотипов (рис. 3). При этом на Дальнем Востоке лидировали E18 (40,0%; 8/20) и энтеровирус A71 (35,0%; 7/20), а в Восточной Сибири чаще выделяли E9 (28,6%; 4/14) и E6 (21,4%; 3/14). Следует отметить, что в субъектах Дальнего Востока по данным молекулярного мониторинга вирус E18 давно не циркулировал. Так, в Хабаровском крае E18 не выявляли с 2014 г., в Амурской области – с 2017 г., а в Забайкальском крае и Магаданской области этот генотип в 2025 г. выявлен впервые.

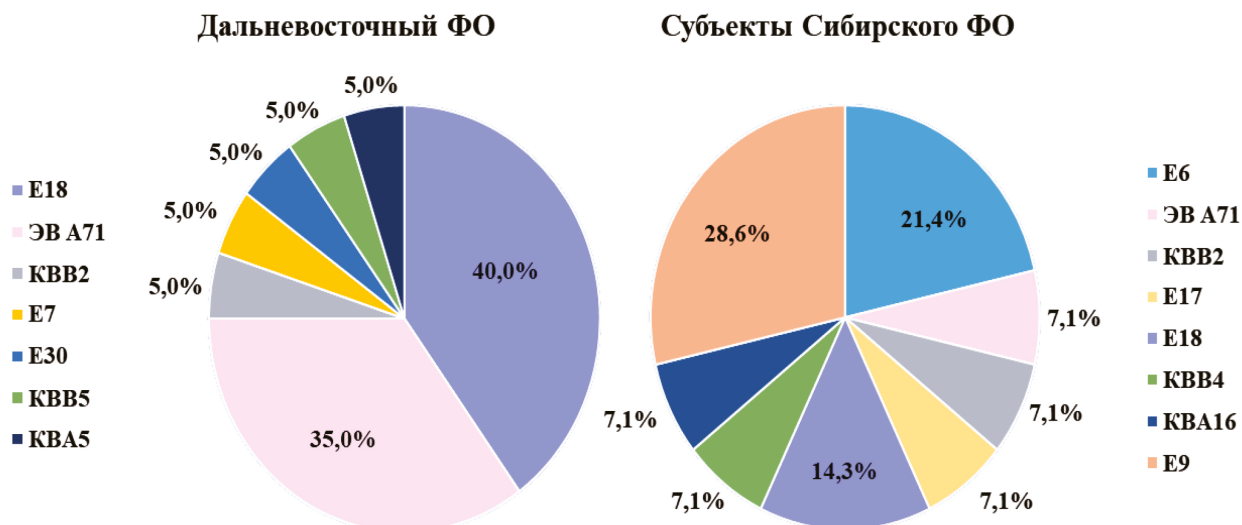


Рис. 3. Генотипы энтеровирусов, идентифицированные у заболевших менингитом в 2025 г.

Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей E18 (рис. 4) показал, что в 2025 г. на территории Дальнего Востока циркулировали штаммы, которые в соответствии с исследованием Li Z. et al. [7] можно отнести к доминирующему в настоящее время генотипу C2. Штаммы E18 из Хабаровского и Забайкальского края, Амурской и Магаданской областей образовали единую группу, в которую также вошел штамм из Иркутской области (СФО). Наиболее генетически близкими с этой группой оказались вирусы, циркулировавшие в Китае в 2019 г. (96,3–97,1%). В Сахалинской области в 2025 г. выявлен другой генетический вариант E18, отличающийся в среднем на 9,5% и сформировавший на филограмме кластер с вирусами, выделенными во Франции в 2022–2023 гг. и Венгрии в 2023 г. Высокая апостериорная поддержка этой группы (100%) позволяет сделать вывод о вероятном завозном случае E18 на территорию Сахалинской области в 2025 г. из стран Европы.

В 2025 г. в Дальневосточном федеральном округе отмечено увеличение активности циркуляции энтеровируса A71. Всего за 2025 г. получено 100 штаммов вируса (12,8% от всех типированных в округе НПЭВ), что в 3 раза выше количества штаммов A71, выделенных суммарно за 2021–2024 гг. (31 штамм). При этом большинство сиквентов энтеровируса A71 в 2025 г. получено из образцов от заболевших ЭВИ из Забайкальского края (53%; 53/100), где A71 лидировал среди других идентифицированных НПЭВ и вызвал 4 вспышечных очага ЭВИ в детских садах. A71-инфекция в очагах групповой заболеваемости протекала в виде везикулярного стоматита с экзантемой, катаральной и изолированной экзантемной форм. Кроме того, в 2025 г. в Забайкальском крае зарегистрирован летальный случай от ЭВИ ребенка 4 лет с диагнозом острая кишечная инфекция, осложненная эксикозом тяжелой степени. Из носоглоточного и ректального мазков, а также аутопсийного материала тонкого кишечника погибшего также выделен энтеровирус A71. Помимо Забайкальского края, энтеровирус A71 в 2025 г. циркулировал в Хабаровском и Приморском краях, Амурской и Магаданской областях, Республике Бурятия. При этом в Республике Бурятия A71 также лидировал среди других установленных типов НПЭВ (56,4%; 22/39), однако групповой заболеваемости или тяжелых случаев ЭВИ не вызвал.

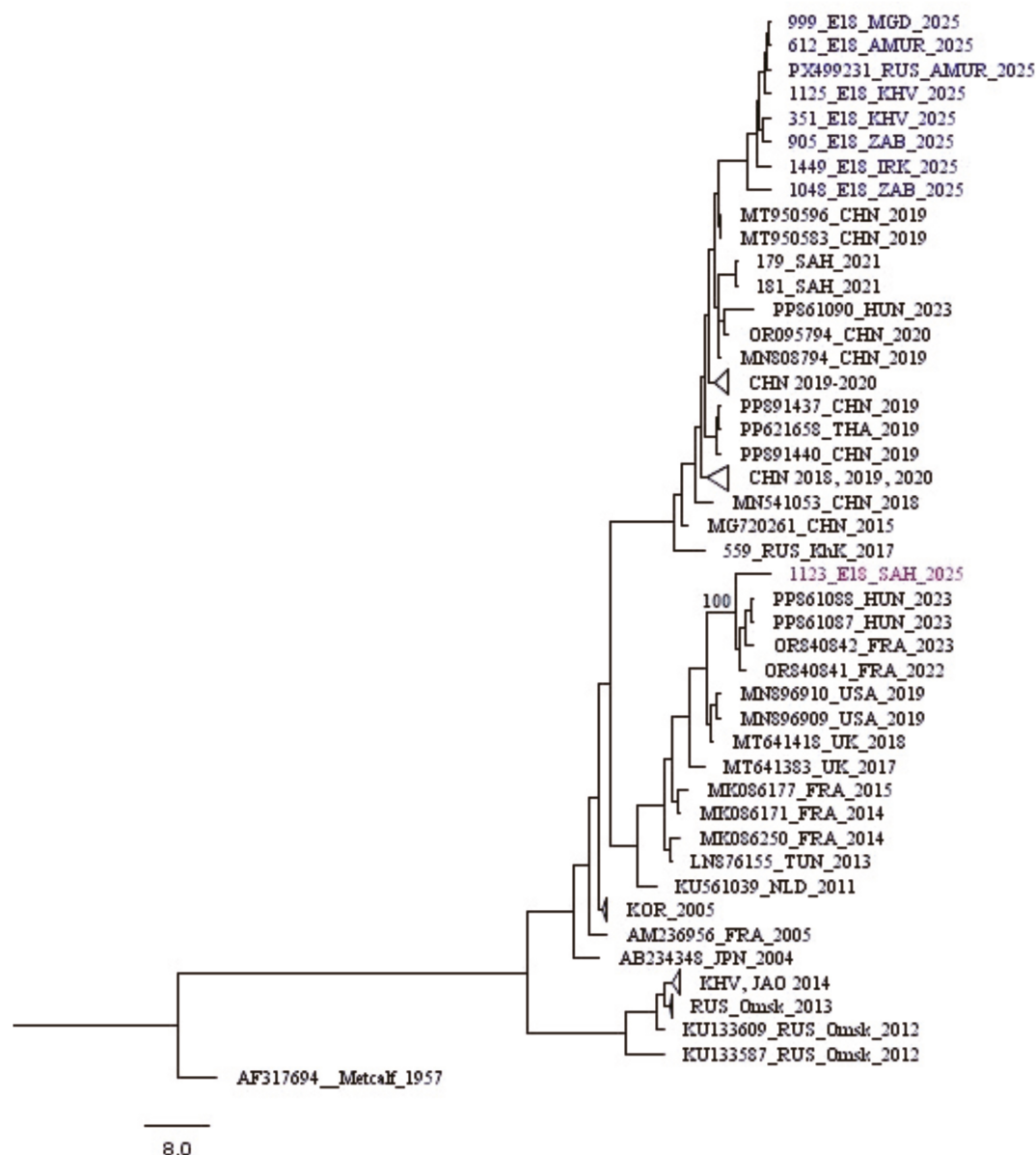


Рис. 4. Филогенетическое дерево, построенное на основе анализа частичных нуклеотидных последовательностей фрагмента VP1 энтеровируса E18 (348 н.о.)

На филогенетическом дереве нуклеотидные последовательности энтеровируса A71, полученные при расследовании вспышечных очагов и летального случая ЭВИ в Забайкальском крае в 2025 г., вошли в группу штаммов генотипа С1 (рис. 5). При этом вариант вируса, ставший причиной групповой заболеваемости, достоверно сгруппировался со штаммами из Магаданской области 2024 г. (100%). В то время как варианты A71, циркулировавшие в Забайкальском крае в 2023 и 2024 г., по-видимому, имели другое происхождение. Обращает на себя внимание то, что штамм энтеровируса A71, выделенный в июле 2025 г. от погибшего ребенка, вошел в общую группу с изолятом PZ117056, полученным в августе того же года от мигранта из Таджикистана в Новгородскую область (здоровый ребенок 1 года), а также со штаммами, обнаруженными в европейской части России в 2023-2024 гг., во Франции в 2023-2024 гг. и Испании в 2021 г. Высокое значение апостериорной вероятности для этой клады свидетельствует о том, что, возможно, этот генетический вариант A71 был завезен на территорию России из Европы. Способность энтеровируса A71 вызывать такие серьезные осложнения, как стволотной энцефалит, острый вялый паралич, нейрогенный отек легких, требует повышенной настороженности в отношении данного вируса со стороны эпидемиологов и специалистов клинического звена [8]. Несмотря на то, что A71-инфекция в России чаще проявляется в виде форм ЭВИ без поражения нервной системы [9, 10], завоз генетического варианта вируса с повышенной вирулентностью может спровоцировать масштабные вспышки нейроинфекции, как было в 2013 г. в Ростове-на-Дону [11].

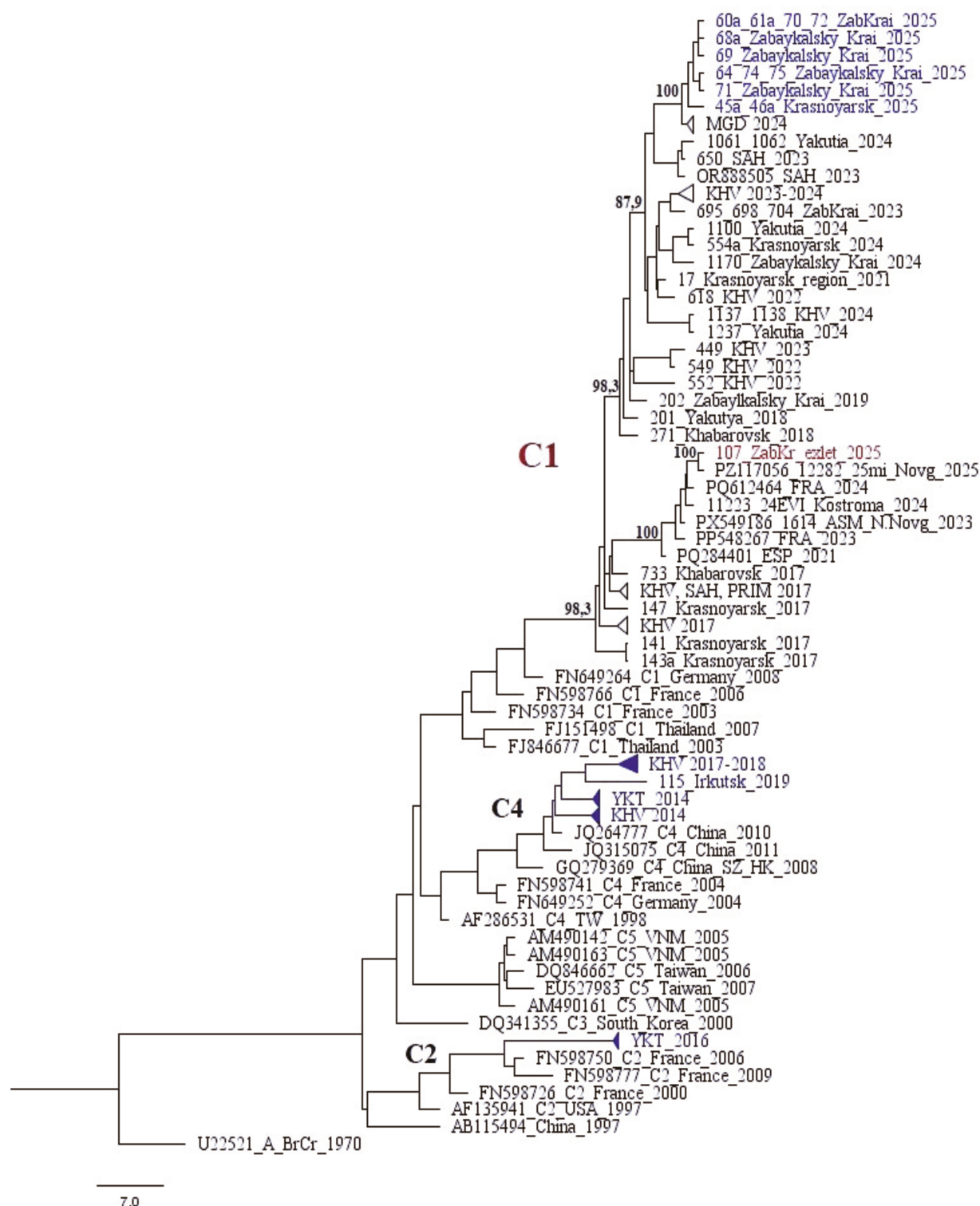


Рис. 5. Филогенетическое дерево, построенное на основе анализа частичных нуклеотидных последовательностей фрагмента VP1 энтеровируса A71 (324 н.о.)

В 2025 г. в региональный центр из субъектов Дальневосточного и Сибирского федеральных округов также поступали пробы от детей из групп риска (мигранты из Таджикистана). Были идентифицированы следующие генотипы энтеровирусов: Коксаки A4, E3, E6, Коксаки A13, Коксаки A24.

Таблица 4.

Неполиомиелитные энтеровирусы, выделенные у лиц с ЭВИ в 2025 г.

Тип НПЭВ	Хабар. край	Сахалин. область	ЕАО	Амурская область	Прим. край	Забайкал. край	Р. Бурятия	Р. Саха (Якутия)	Магадан. область	Камчат. край	Всего ДФО	Красн. край	Иркут. область	Р. Алтай	Р. Тыва	Р. Хакасия	Всего СФО
F. alphacoxsackie	КВА2	9	10		3					2	24	4	1			2	7
	КВА4	50		1	7	1	2				61		3				3
	КВА5	1			1	1	4		4		12						
	КВА6	24		5	2	20	3	3		16	81	36	37	2	2	14	91
	КВА8	2			3		1				6				1		1
	КВА10	2	3			1		1			7	1					1
	КВА16	158	112	1	21	2			22	3	319	19	5	19			43
	A71	11			2	4	22		8		100	7	6				13
	КВА9	1		1	9	1	5				17	1	1	2		4	8
	КВВ2	10	10					1			21	4		2			6
F. betacoxsackie	КВВ3		12		2		1	7			22						
	КВВ4						1				1	1					1
	КВВ5						4				4		3				3
	E1		1								1						
	E3	3			1						4		3				3
	E6	1				1		1			3	5	3				8
	E7	1									1						
	E9	7								2	9	2	2		1		5
	E11												1				1
	E16			1	2						3						
F. coxsackievir	E17			3	1		1				5		3				3
	E18	14	1		16	2			1	2	36		4				4
	E19								1		1						
	E20	6									6						
	E30	1		21		8			1		31	1	1				2
	КВА1	1		1		1					3						
	КВА13			1							1						
	КВА24	1			1						2		1		1		1
	C116					1					1						
	ЭВД68												1				1
Итого		303	149	35	69	29	39	13	37	25	782	81	75	25	5	20	206

Для курируемых субъектов Дальневосточного и Сибирского федеральных округов рассчитаны прогностические показатели заболеваемости ЭВИ на 2026 г. (табл. 5). Установлено, что выраженная тенденция к росту заболеваемости, ожидается в большинстве субъектов: в Хабаровском, Приморском, Забайкальском и Красноярском краях, Амурской и Сахалинской областях, Республиках Тыва и Алтай; умеренная тенденция роста заболеваемости прогнозируется в Камчатском крае и Иркутской области.

Таблица 5.

Прогностические показатели и темп роста/снижения заболеваемости ЭВИ в субъектах Дальневосточного и Сибирского федеральных округов на 2026 год

Субъекты	Прогностические показатели заболеваемости (°/0000)			Темп роста/снижения (%)*	СМПЗ ЭВИ (°/0000)
	минимальный	средний	максимальный		
Республика Саха (Якутия)	1,6	2,0	4,6	-10,6	14,9
Хабаровский край	72,8	89,5	100,6	6,6	69,8
Приморский край	16,3	20,4	26,5	13,1	17,8
Сахалинская область	181,6	234,7	287,8	9,7	160,4
Магаданская область	13,9	22,2	30,5	-2,8	26,2
ЕАО	13,4	27,0	36,1	-4,5	34,7
Амурская область	52,0	67,8	83,7	14,8	43,2
Камчатский край	6,6	11,9	24,4	1,2	14,6
Республика Бурятия	1,1	7,7	14,4	-8,9	15,1
Забайкальский край	25,04	34,4	40,7	11,8	22,4
Иркутская область	12,87	20,2	25,1	4,0	16,6
Республика Хакасия	5,0	7,3	9,6	-0,6	9,7
Красноярский край	18,7	31,2	39,6	11,0	27,3
Республика Тыва	69,8	107,1	144,4	7,2	76,6
Республика Алтай	49,0	58,3	67,6	18,2	31,7

Примечание: * от 0- до $\pm 1\%$ – заболеваемость стабильная; от $\pm 1,1$ до $\pm 5\%$ – тенденция динамики заболеваемости умеренная; от $\pm 5,1$ и более тенденция выраженная. Знак $\pm$ указывает направленность тенденции.

Заключение

Неблагополучная эпидемическая ситуация по заболеваемости энтеровирусной инфекцией в 2025 г. наблюдалась практически во всех курируемых региональным центром субъектах Дальневосточного и Сибирского федеральных округов. Одной из наиболее вероятных причин роста интенсивности эпидемического процесса ЭВИ в 2025 г. явилась циркуляция новых генетических вариантов энтеровирусов, обусловленная высокой активностью миграции населения. Риски появления на территории Дальнего Востока и Восточной Сибири энтеровирусов с высоким эпидемическим потенциалом и прогнозируемый рост заболеваемости в 2026 г. подчеркивают необходимость постоянного эпидемиологического и молекулярного надзора за энтеровирусной инфекцией.

Авторы выражают благодарность руководителям территориальных органов и организаций Роспотребнадзора субъектов Дальневосточного и Сибирского федеральных округов за взаимодействие в работе по эпидемиологическому надзору за энтеровирусной инфекцией.

Литература

1. Yang S.D., Li P.Q., Li Y.M., et al. Clinical manifestations of severe enterovirus 71 infection and early assessment in a Southern China population. BMC Infect Dis. 2017; 17(1): 153. DOI: 10.1186/s12879-017-2228-9.
2. Pfeiffer H.C., Bragstad K., Skram M.K., et al. Two cases of acute severe flaccid myelitis associated with enterovirus D68 infection in children, Norway, autumn 2014. Euro Surveill. 2015; 20(10): 21062. DOI: 10.2807/1560-7917.es2015.20.10.21062.

3. Ho S.Y., Liu Y.C., Ho S.Y., et al. Emergence of Echovirus 11 in severe and neonatal enterovirus Infections: a 9-year retrospective study in Taiwan before and after the COVID-19 Pandemic. *J Med Virol.* 2026; 98(4): e70929. DOI: 10.1002/jmv.70929.
4. Fratty I.S., Kriger O., Weiss L., et al. Molecular analysis of Coxsackievirus B2 associated with severe symptoms of the central nervous system. *J Med Virol.* 2024; 96(11): e70066. DOI: 10.1002/jmv.70066.
5. Nix W.A, Oberste M.S, Pallansch M.A. Sensitive, seminested PCR amplification of VP1 sequences for direct identification of all enterovirus serotypes from original clinical specimens. *J Clin Microbiol.* 2006; 44(8): 2698–2704. DOI: 10.1128/JCM.00542-06.
6. Петрухина М.И., Старостина Н.В. Статистические методы в эпидемиологическом анализе. – М., 2006. – 99 с.
7. Li Z., Yang X., Bai R., et al. Circulated echovirus 18 strains in Guangdong Province and worldwide: a novel perspective on genetic diversity and recombination patterns. *Virulence.* 2025; 16(1): 2534519. DOI: 10.1080/21505594.2025.2534519.
8. Wei Y., Liu H., Hu D., et al. Recent advances in Enterovirus A71 infection and antiviral agents. *Lab Invest.* 2024;104(2):100298. DOI: 10.1016/j.labinv.2023.100298.
9. Голицына Л.Н., Селиванова С.Г., Зверев В.В. и др. Заболеваемость и этиологическая структура энтеровирусной (неполио) инфекции: информационный бюллетень № 12 (электронный ресурс). Нижний Новгород: Нижегородский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. акад. И.Н. Блохиной, 2025. – 39 с.
<https://www.nniiem.ru/development/informanalit/evi.html>
10. Голицына Л.Н., Новикова Н.А., Зверев В.В. и др. Заболеваемость и этиологическая структура энтеровирусной (неполио) инфекции: информационный бюллетень № 11 (электронный ресурс). Нижний Новгород: Нижегородский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. акад. И.Н. Блохиной, 2024. – 29 с.
<https://www.nniiem.ru/development/informanalit/evi.html>
11. Akhmadishina L.V., Govorukhina M.V., Kovalev E.V., et al. Enterovirus A71 meningoencephalitis outbreak, Rostov-on-Don, Russia, 2013. *Emerg Infect Dis.* 2015; 21(8): 1440-1443. DOI:10.3201/eid2108.141084_

УДК: 614.777:578.5:578.835.Picornaviridae]:001.8(597)"2024"
DOI: 10.62963/2073-2899-2026-53-24-31

ВЫЯВЛЕНИЕ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ЭНТЕРОВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИИ В ОБРАЗЦАХ ВОДНОЙ СРЕДЫ, СОБРАННЫХ ВО ВЬЕТНАМЕ В 2024 Г.

¹Бу Т.Л., ¹Данг Т. В. Х., ²Голицына Л.Н., ²Зверев В.В., ²Пономарева Н.В.,
²Махова М.А., ²Селиванова С.Г., ¹Хоанг Д.Х., ¹Льонг Т.М.

¹ Совместный Российско-Вьетнамский тропический научно-исследовательский и технологический центр, Вьетнам

² ФБУН Нижегородский НИИ эпидемиологии и микробиологии им. академика И.Н. Блохиной Роспотребнадзора, Российская Федерация

Ответственный за взаимодействие с редакцией: Данг Тхи Вьет Хьонг, научный сотрудник, Совместный Российско-Вьетнамский тропический научно-исследовательский и технологический центр. viethuongk61@gmail.com

АННОТАЦИЯ

Введение. Энтеровирусы и парэховирусы - распространенные во всем мире возбудители энтеровирусной инфекции, которая является причиной заболеваний человека с разнообразной клинической симптоматикой. Важной составляющей эпидемиологического надзора за энтеровирусной инфекцией является исследование объектов окружающей среды.

Цель настоящего исследования: оценить частоту обнаружения энтеровирусов, парэховирусов и ряда других кишечных вирусов в водной среде Вьетнама.

Материалы и методы. В 2024 году в г. Ханое, г. Хошимине и провинции Донгтахп было отобрано 114 проб сточных и поверхностных вод, которые были исследованы на наличие энтеровирусов, парэховирусов, ротавирусов, норовирусов, аденовирусов F и астровирусов с использованием ОТ-ПЦР в режиме реального времени. Определение типа энтеровирусов проводили методом частичного секвенирования области VP1 генома.

Результаты и обсуждение. В целом, 68,4% проб были положительными по крайней мере на один вирус. Наиболее часто выявляемыми возбудителями были аденовирус F (57,0 %) и энтеровирус (20,2 %). В результате молекулярного типирования в пробе сточных вод до очистки был идентифицирован вирус ЕСНО6 генотипа C9b, выявлявшегося преимущественно в странах Юго-Восточной Азии. В то же время генетическая близость выявленного штамма вирусу, циркулировавшему в 2023 г. в Венгрии, может указывать на вероятность произошедшего заноса данного вируса ЕСНО6 генотипа C9b или его предкового штамма на территорию Вьетнама из географически отдалённых регионов.

Заключение. Полученные данные свидетельствуют о широком распространении кишечных вирусов в водной среде во Вьетнаме и подчеркивают важность вирусологического мониторинга водных объектов как компонента эпидемиологического надзора за энтеровирусными инфекциями.

Ключевые слова: энтеровирусы, парэховирусы, мониторинг циркуляции, водные объекты, генотип

Информация о вкладе авторов: Бу Тхи Лоан – организация работ по сбору образцов, отбор проб, подготовка первоначального варианта рукописи. Зверев В.В., Пономарева Н.В., Махова М.А., Селиванова С.Г. – отбор проб, проведение лабораторных исследований и анализ данных. Данг Хиеу Хоанг, Льонг Тхи Мо – критический пересмотр рукописи с внесением ценного интеллектуального содержания. Данг Тхи Вьет Хьонг, Голицына Л.Н. – анализ и интерпретация данных работы, критический пересмотр рукописи с внесением ценного интеллектуального содержания, редактирование и утверждение окончательной версии рукописи.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов
Исследование не требовало одобрения локального этического комитета

INVESTIGATION OF ENTEROVIRUSES IN ENVIRONMENTAL WATER SAMPLES COLLECTED IN VIETNAM, 2024

¹Thi Loan Vu, ¹Thi Viet Huong Dang, ²Golitsyna L.N., ²Zverev V.V.,

²Ponomareva N.V.,

²Makhova M.A., ²Selivanova S.G., ¹Dang Hieu Hoang, ¹Thi Mo Luong

¹Joint Vietnam-Russia Tropical Science and Technology Research Center, Vietnam

²Academician I.N. Blokhina Nizhny Novgorod Scientific Research Institute of Epidemiology and Microbiology of Rospotrebnadzor, Russian Federation

SUMMARY

Introduction. Enteroviruses and parechoviruses are globally pathogens of enterovirus infection, which causes human diseases with a variety of clinical symptoms. An important component of epidemiological surveillance of enterovirus infection is the study of environmental objects associated with a broad spectrum of human diseases.

Objective of the current research was to evaluate the frequency of detection of enteroviruses, parechoviruses and a number of other intestinal viruses in the aquatic environment of Vietnam.

Materials and methods. In 2024 a total of 114 wastewater and surface water samples were collected in Hanoi, Ho Chi Minh City and Dong Thap Province and screened for enteroviruses, parechoviruses, rotaviruses, noroviruses, adenoviruses F, and astroviruses using real-time RT-PCR. The type of enteroviruses was determined by partial sequencing of the VP1 region of the genome.

Results and discussion. Overall, 68.4% of the samples were positive for at least one virus. The most frequently detected pathogens were adenovirus F (57,0 %) and enterovirus (20,2 %). As a result of molecular typing, the ECHO 6 virus of genotype C9b was identified in the untreated wastewater sample, which was detected mainly in Southeast Asian countries. At the same time, the genetic proximity of the identified strain to the virus that circulated in 2023 may indicate the likelihood of the introduction of this ECHO6 virus of the C9b genotype or its ancestral strain into the territory of Vietnam from geographically remote regions.

Conclusion. These findings demonstrate the widespread presence of enteric viruses in aquatic environments and highlight the importance of virological environmental water monitoring as a component of epidemiological surveillance in Vietnam.

Keywords: enteroviruses, parechoviruses, surveillance, environmental waters, the genotype

Information about the authors' contributions: Vu Thi Loan – organization of work on the collection of samples, sampling, analysis and interpretation of research data, drafting the manuscript. Zverev V.V., Ponomareva N.V., Makhova M.A., Selivanova S.G. – sampling, laboratory testing, and data analysis. Hoang Dang Hieu, Luong Thi Mo – critical review of the manuscript with the addition of valuable intellectual content. Dang Thi Viet Huong, Golitsyna L.N. – analysis and interpretation of research data, critical review of the manuscript with the addition of valuable intellectual content, editing, and approval of the final version of the manuscript.

Conflict of interest. The authors declare that there is no conflict of interest.

The study did not require approval from a local ethics committee.

Введение

Энтеровирусные инфекции человека (ЭВИ) включают ряд инфекционных заболеваний, вызываемых вирусами 5-ти видов, 2-х родов семейства *Picornaviridae*: *Enterovirus* и *Parechovirus*. Согласно современной биномиальной номенклатуре, эти виды вирусов именуются как *Enterovirus alphacoxsackie*, *Enterovirus betacoxsackie*, *Enterovirus coxsackiepol*, *Enterovirus deconjuncti* (EV A-D, включают более ста представителей; ранее именовались как виды *Enterovirus A-D*, соответственно) и *Parechovirus ahumpari* (19 представителей)¹.

¹ Международный комитет по таксономии вирусов (International Committee on Taxonomy of Viruses): <https://ictv.global/>

Энтеровирусные инфекции могут различаться по клиническим проявлениям и тяжести течения: от бессимптомной инфекции или легких лихорадочных состояний до серьезных мультисистемных заболеваний, сопровождающихся поражением сердечно-сосудистой и центральной нервной системы. Благодаря особенностям молекулярной организации энтеровирусов и парэховирусов, в процессе эволюции могут формироваться штаммы с повышенной нейровирулентностью или нетипичной патогенностью, обладающие при этом эпидемическим потенциалом.

В настоящее время вирусы EV-A71, EV-D68, которые считаются наиболее нейровирулентными, и другие эмерджентные неполиомиелитные энтеровирусы включены ВОЗ в перечень приоритетных патогенов, в отношении которых необходимы «совместные усилия для достижения глобальной устойчивости к эпидемиям и пандемиям» [1].

Энтеровирусы и парэховирусы распространены повсеместно. Ежегодно по всему миру регистрируются вспышки, вызванные неполиомиелитными энтеровирусами, однако отмечено, что спектр циркулирующих штаммов имеет региональные особенности [2]. В регионах, расположенных во влажных тропических и экваториальных зонах, создаются благоприятные условия для распространения и активной круглогодичной циркуляции энтеровирусов и парэховирусов. Это способствует динамичной эволюции местных и импортированных штаммов, что повышает вероятность формирования эпидемически значимых вариантов.

В связи с вышесказанным систематическое глобальное наблюдение за циркуляцией энтеровирусов имеет значение для слежения за формированием и распространением эпидемических вариантов, прогнозирования развития эпидемической ситуации, своевременного проведения профилактических мероприятий и разработки средств вакцинопрофилактики.

Молекулярный мониторинг циркуляции энтеровирусов проводится во многих странах. Национальная лабораторная сеть США регулярно формирует отчеты о результатах лабораторной диагностики энтеровирусов [3]. В Японии на сайте национального института здравоохранения в режиме онлайн размещается информация о заболеваемости серозным менингитом, экзантемой, герпангиной, геморрагическим конъюнктивитом и этиологических агентах этих форм ЭВИ². В Европейском союзе сформирована сеть по лабораторной диагностике и мониторингу циркуляции энтеровирусов [4].

Эпидемиологический надзор за энтеровирусной инфекцией в Российской Федерации (РФ) в настоящее время представляет собой непрерывное системное наблюдение за эпидемическим процессом, включающее мониторинг заболеваемости всеми формами ЭВИ в целом и отдельно – энтеровирусным менингитом, диагностику энтеровирусов/парэховирусов у пациентов с различными клиническими проявлениями инфекции и в объектах внешней среды, а также молекулярно-эпидемиологическую характеристику возбудителей [5].

Эпидемиологический надзор за энтеровирусной инфекцией в Социалистической Республике Вьетнам (СРВ) основан на мониторинге заболеваемости энтеровирусной пузырчаткой полости рта и конечностей (HFMD), лабораторной диагностике энтеровирусной инфекции, и идентификации штаммов энтеровирусов, выявляемых у больных.

Важной составляющей эпидемиологического надзора за энтеровирусной инфекцией является исследование объектов окружающей среды. Вирусологический мониторинг сточных вод является эффективным инструментом для отслеживания циркуляции возбудителей, выделяющихся с фекалиями, что имеет особое значение для энтеровирусной инфекции, которая часто протекает в легкой форме или бессимптомно. Эти исследования позволяют оценивать циркуляцию вирусов на популяционном уровне вне зависимости от системы отчетности о заболеваемости [6].

Цель исследования: Оценить частоту обнаружения энтеровирусов/парэховирусов и других кишечных вирусов в водных объектах окружающей среды во Вьетнаме. Дать молекулярно-генетическую характеристику идентифицированных энтеровирусов.

Материалы и методы

В ноябре-декабре 2024 г. собрано 114 проб объектов окружающей среды (сточная вода, вода открыты водоемов) в г. Ханой, г. Хошимин и провинции Донгтхап. Отбор и концентрирование водных проб проводили методом погружения пакетов с сорбентом с помощью «Набора для сбора и концентрирования вирусов из поверхностных вод, водоисточников и колодцев» (производства Республики Беларусь).

Нуклеиновые кислоты выделяли с использованием набора реагентов «Рибо-преп», постановку реакции обратной транскрипции осуществляли с помощью набора «Реверта-L»

² Информационный веб-сайт по инфекционным заболеваниям Института здравоохранения Японии (Japan Institute for Health Security The Infectious Disease Information Website): <https://id-info.jihs.go.jp/en/index.html>

(Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора (ЦНИИЭ), Россия) в соответствии с инструкцией.

Обнаружение энтеро- и парэховирусов осуществляли методом ПЦР с ГФЛ-детекцией продуктов амплификации с использованием тест-системы «АмплиСенс® Enterovirus/Parechovirus-FL», обнаружение рота-, норо-, астро- и аденовирусов F – с использованием тест-системы АмплиСенс® ОКИ виро-скрин-FL (ЦНИИЭ, Россия). Определение типа энтеровирусов проводили методом частичного секвенирования области VP1 генома [7] в модификации [8]. Для амплификации полной нуклеотидной последовательности кДНК области VP1 генома вируса ECHO6 использовали видоспецифичные олигонуклеотидные праймеры [9]. Определение первичной структуры полученных фрагментов кДНК проводили в автоматическом режиме с использованием набора для постановки реакции секвенирования DTCS Quick Start Kit и системы генетического анализа GenomeLab GeXP («Beckman Coulter», США).

Для филогенетического анализа были использованы нуклеотидные последовательности генома штаммов вируса ECHO6, представленные в международных базах данных, и последовательности генома российских штаммов энтеровирусов, секвенированные в рамках мониторинга циркуляции энтеровирусов в РФ в 2022-2025 гг. [10]. Нуклеотидная последовательность области VP1 генома штамма вируса ECHO6, полученная в результате данного исследования, доступна в базе данных GenBank под номером PX549187.

Выравнивание нуклеотидных последовательностей, построение дендрограмм и анализ филогенетических взаимоотношений осуществляли с использованием программного обеспечения MEGA 7.0 [11]. Для реконструкции филогенетических взаимосвязей применяли алгоритм Maximum Likelihood и модель Tamura Nei; было проанализировано 1000 псевдореplikатов. Группы последовательностей с бутстреп поддержкой менее 70 при анализе не учитывались.

Результаты и обсуждение

В результате ПЦР тестирования 114 проб ООС, собранных в течение экспедиции в ноябре-декабре 2024 г., на вирусы кишечной группы (энтеровирусы, парэховирусы, ротавирусы, норовирусы, аденовирусы F, астровирусы), вирусы были обнаружены в 78 образцах, что составило $68,4 \pm 4,4$ % (табл. 1). В пробах сточной воды с очистных сооружений частота обнаружения вирусов в среднем составила $81,3 \pm 9,7$ % (100 % – до очистки и $62,5 \pm 17,1$ % – после очистки), в воде открытых водоемов (городские каналы и реки) – в среднем $66,3 \pm 4,8$ %. Частота обнаружения вирусов кишечной группы в воде открытых водоемов в г. Хошимин ($86,1 \pm 5,3$ %) была выше, чем в провинции Донгхап ($49,1 \pm 6,9$ %). Чаще других обнаруживались аденовирусы ($57,0 \pm 4,6$ %), на втором месте энтеровирусы ($20,2 \pm 3,8$ %), далее норовирусы ($12,0 \pm 3,0$ %), астровирусы ($11,4 \pm 3,0$ %), парэховирусы ($10,5 \pm 2,9$ %) и ротавирусы ($5,3 \pm 2,1$ %).

Таблица 1

Выявление вирусов кишечной группы в объектах окружающей среды, собранных в г. Ханой, г. Хошимин и провинции Донгхап в 2024 г.

Вид ООС		Город /провинция	Число исслед. проб	Число «+» проб	Число выявленных вирусов						
					ЭВ	ПЭВ	РВ	НВ	АдВ	АсВ	Всего
очистные сооружения	Сточная вода до очистки	г. Хошимин	8	8	6	4	1	3	5	2	21
	Сточная вода после очистки		8	5	1	-	-	2	3	-	6
	Всего		16	13	7	4	1	5	8	2	27
Вода открытых водоемов (каналы и реки)		г. Ханой	2	2	2	2	1	1	2	-	8
		г. Хошимин	43	37	9	6	1	6	36	10	68
		Донгтхап	53	26	5	-	3	2	19	1	30
		Всего	98	65	16	8	5	9	57	11	106
Всего			114	78	23	12	6	14	65	13	133

Примечание. Сокращения: ЭВ – энтеровирусы, ПЭВ – парэховирусы, РВ – ротавирусы, НВ – норовирусы, АдВ – аденовирусы, АсВ – астровирусы

Тип энтеровируса (ECHO6) был установлен в одной пробе сточной воды до очистки, отобранной с очистных сооружений в г. Хошимин.

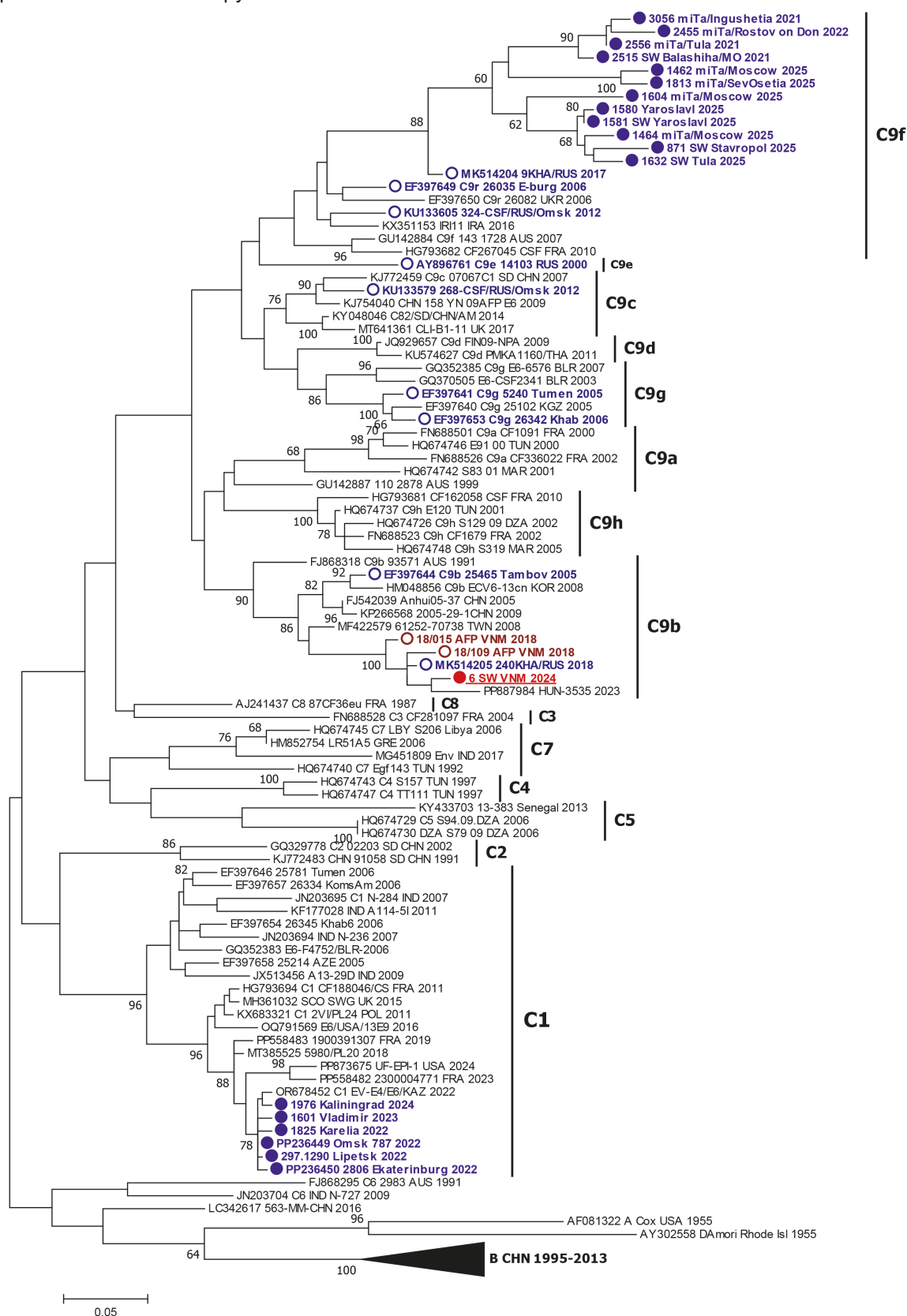


Рис. 1. Филогенетические взаимоотношения штамма вируса ECHO6, идентифицированного в сточной воде в СРВ в 2024 г. и в РФ в 2022-2025 гг.

Штаммы, идентифицированные в СРВ, выделены красным цветом; штаммы, идентифицированные в РФ, выделены синим цветом. ○ – обозначены штаммы, циркулировавшие в РФ и СРВ до 2019 г., включительно, ● – циркулировавшие в 2021–2025 гг.

Проведен филогенетический анализ нуклеотидной последовательности полного гена 1D (867 н.о.) штаммов вируса ЕСНО6, идентифицированных в 2024 г. в СРВ и в 2021-2025 гг. в РФ. Штамм вируса ЕСНО6, идентифицированный в СРВ в сточной воде в 2024 г., относился к генотипу С9b; штаммы ЕСНО6, циркулировавшие в РФ в 2021-2025 гг., относились к другим генотипам: С1 и С9f (рис. 1).

Штамм вируса ЕСНО6 генотипа С9b, идентифицированный в СРВ, сформировал монофилетический кластер с вирусами, выделенными в 2023 г. в Венгрии (№ PP887984) [12], в 2018 г. – от больных острым вялым параличом в Южном Вьетнаме (№№ OQ031483–OQ031484) и от больного энтеровирусной инфекцией из г. Хабаровска (№ MK514205) [13]. Гомология нуклеотидных последовательностей вьетнамского штамма ЕСНО6 с последовательностями российских и других зарубежных штаммов не превышала 96,7 %. Наиболее близок к изучаемому вирусу был вирус, циркулировавший в Венгрии.

Результаты исследования показали широкое распространение кишечных вирусов в водной среде Вьетнама, что подтверждается высокой частотой их выявления как в сточных, так и в поверхностных водах. Полученные данные согласуются с данными многочисленных исследований, в которых подчеркивается, что экологический вирусологический мониторинг является эффективным инструментом для отслеживания циркуляции кишечных вирусов в человеческой популяции, особенно вирусов, выделяющихся с фекалиями [14, 15].

Высокая частота выявления вирусов в пробах сточных вод, особенно до стадии очистки, свидетельствует о том, что сточные воды непосредственно отражают уровень циркуляции вирусов среди населения. Ранее проведенные исследования также показали, что мониторинг сточных вод способен обеспечивать раннее информирование о включении в циркуляцию эпидемических значимых вирусов в тот период времени, когда клинические случаи ещё не регистрируются или регистрируются спорадически, и тем самым сигнализировать о риске развития эпидемического подъема заболеваемости [15, 16].

Выраженные различия в частоте выявления кишечных вирусов в поверхностных водах между г. Хошимином и провинцией Донгтахп могут быть обусловлены более высокой плотностью населения, уровнем урбанизации и большей нагрузкой бытовых сточных вод в городских районах. Данное предположение согласуется с результатами исследований кишечных вирусов в водной среде, демонстрирующих тесную связь между антропогенной деятельностью и уровнем вирусного загрязнения природных водных источников [17].

Аденовирусы группы F являлись наиболее часто выявляемыми возбудителями в данном исследовании. Это соответствует литературным данным, указывающим на высокую устойчивость аденовирусов в водной среде и их частое использование в качестве вирусного индикатора фекального загрязнения при экологическом мониторинге [18]. Полученные результаты подтверждают значимую роль аденовирусов при оценке вирусологического качества водных источников.

Высокая частота выявления энтеровирусов, установленная в результате проведённых исследований, а также идентификация вируса ЕСНО6, который является частым возбудителем энтеровирусного менингита, подчеркивают ценность экологического мониторинга для обнаружения циркулирующих энтеровирусов, включая потенциально патогенные штаммы, которые могут не выявляться в полной мере в рамках надзора за заболеваемостью. Известно, что энтеровирусы, в том числе эховирусы, характеризуются высокой генетической вариабельностью и широким распространением в человеческой популяции. Филогенетический анализ показал, что последние десять лет в мире выявлялись ЕСНО6, относящиеся к трем генотипам: С1, С9b и С9f. Циркуляция вирусов генотипа С1 фиксировалась в Европейских странах, США, России и Казахстане [10, 19, 20]. Генотип С9f с 2017 по 2025 гг. в базах данных нуклеотидных последовательностей представлен штаммами, идентифицированными только в России [10]. Идентифицированный в результате данного исследования штамм вируса ЕСНО6 относился к генотипу С9b и проявил близкое родство со штаммами, выявлявшимися во Вьетнаме ранее. Как видно на рисунке штаммы вируса ЕСНО6, относящиеся к генотипу С9b, выявлялись в странах Юго-Восточной Азии на протяжении нескольких лет, что может указывать на эндемичный характер циркуляции ЕСНО6 генотипа С9b в этом регионе. Установленные факты согласуются с предыдущими исследованиями по молекулярной эпидемиологии ЕСНО6, в которых отмечалось существование регионально-специфичных генетических кластеров либо длительная циркуляция вирусов, относящихся к отдельным генетическим линиям [21, 22]. В то же время наиболее близки к изучаемому вьетнамскому штамму были вирусы, выделенные из клинического материала от больных ЭВИ в Венгрии в 2023 г. и в г. Хабаровске в 2018 г., что может указывать на вероятность произошедшего заноса данного вируса ЕСНО6 генотипа С9b или его предкового штамма на территорию СРВ из географически отдалённых регионов.

Заключение

Проведенное исследование является одним из первых, посвященных вирусологическому контролю водных объектов во Вьетнаме. В ходе работы с использованием комплекса молекулярно-генетических методов была установлена высокая частота обнаружения вирусов кишечной группы в водной среде, дана филогенетическая характеристика обнаруженного вируса ECHO6. Таким образом, полученные результаты подчеркивают значимость вирусологического мониторинга объектов окружающей в системе эпидемиологического надзора за энтеровирусными инфекциями во Вьетнаме.

Благодарности: Авторы выражают искреннюю благодарность руководству Нижегородского научно-исследовательского института эпидемиологии и микробиологии им. академика И.Н. Блохиной Роспотребнадзора (Россия) и Совместного Российско-Вьетнамского тропического научно-исследовательского и технологического центра (Вьетнам) за содействие и поддержку в проведении исследования.

Литература

1. World Health Organization (WHO), Pathogens prioritization: a scientific framework for epidemic and pandemic research preparedness, Geneva, WHO, 2024.
<https://www.who.int/publications/m/item/pathogens-prioritization-a-scientific-framework-for-epidemic-and-pandemic-research-preparedness>
2. Vlok vā M., Majer A. Global prevalence of non-polio enteroviruses pre- and post COVID-19 pandemic. *Microorganisms*. 2025; 13(8): 1801. DOI: 10.3390/microorganisms13081801.
3. Khetsuriani N., Lamonte-Fowlkes A., Oberst S., Pallansch M. A. Centers for Disease Control and Prevention enterovirus surveillance-United States, 1970-2005. *MMWR Surveillance Summaries* 2006; 55: 1-20.
4. Harvala H., Jasir A., Penttinen P. et al. Surveillance and laboratory detection for non-polio enteroviruses in the European Union/European Economic Area, 2016. *Euro Surveillance*. 2017; 22(45): 16-00807. DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.45.16-00807.
5. Лукашев А.Н., Голицына Л.Н., Вакуленко Ю.А., Ахмадишина Л.В., Романенкова Н.И., Сапега Е.Ю., Морозова Н.С., Новикова Н.А., Троценко О.Е., Иванова О.Е. Современные возможности и направления развития молекулярно-эпидемиологического мониторинга в надзоре за энтеровирусными инфекциями. Опыт Российской Федерации. *Инфекция и иммунитет*. 2018; 8(4): 452-464. DOI: 10.15789/2220-7619-2018-4-452-464.
6. Pang J., Wong J. C. C., Wulandari S. M. et al. *Wastewater surveillance for early pathogen detection in Asia*, *Int. J. Environ. Health Res.* 2026; 36(5): 788-797. DOI: 10.1080/09603123.2025.2544736.
7. Nix W. A., M. S. Oberste, Pallansch M. A. Sensitive, seminested PCR amplification of VP1 sequences for direct identification of all enterovirus serotypes from original clinical specimens. *J. of Clin. Microbiol.* 2006; 44: 2698-2704. DOI: 10.1128/JCM.00542-06.
8. Голицына Л.Н. Способ дифференциальной амплификации фрагмента области VP1 генома энтеровирусов видов *Enterovirus A* и *Enterovirus B*, 9. Патент № 2743352 Российская Федерация. Бюллетень ФИПС «Изобретения. Полезные модели», 2021 г., № 5, 17.02.2021.
9. Голицына Л.Н., Зверев В.В. Способ амплификации области VP1 генома энтеровирусов вида *Enterovirus B*, 10. Патент 2774424 С1. Российская Федерация Бюллетень ФИПС «Изобретения. Полезные модели», 2022 г., № 6, 21.02.2022.
10. Информационный бюллетень "Заболеваемость, этиологическая структура и вопросы профилактики энтеровирусной (неполио) инфекции"
<https://www.nniiem.ru/development/informanalit/evi.html>.
11. Kumar S., Stecher G., Tamura K. MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Mol. Biol. Evol.* 2016; 33(7): 1870-1874, DOI: 10.1093/molbev/msw054.
12. Deézi-Magyar N., Zsidei G., Kiss N. et al. Evaluating enterovirus diversity among symptomatic patients in Hungary during and after easing the COVID-19 lockdown. *Viol. J.* 2025; 22(1):204. DOI: 10.1186/s12985-025-02835-2.
13. Резник В.И., Присяжнюк Е.Н., Савосина Л.В. и др. Сравнительный анализ эпидемиологии и этиологии энтеровирусных инфекций в Хабаровском крае в 2018-2019 гг. *Дальневосточный журнал инфекционной патологии*. 2020; 38(38): 44-52.
14. World Health Organization, Guidelines for environmental surveillance of poliovirus circulation. Geneva, WHO, 2003.
15. Asghar H., Diop O. M., Weldegebriel G. et al. Environmental surveillance for polioviruses in the global polio eradication initiative. *J. Infect. Dis.* 2014; 210, Suppl. 1: S294-303. DOI: 10.1093/infdis/jiu384

16. Hellmer M., Paxeus N., Magnus L. et al. Detection of pathogenic viruses in sewage provided early warnings of hepatitis A virus and norovirus outbreaks. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2014; 80(21): 6771-6781. DOI: 10.1128/AEM.01981-14
17. Fong T. T., Lipp E. K. Enteric viruses of humans and animals in aquatic environments. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 2005; 69(2): 357-371. DOI: 10.1128/MMBR.69.2.357-371.2005.
18. Rames E., Roiko A., Stratton H., Macdonald J. Human adenovirus as a viral water quality indicator, *Water Res.* 2016; 96: 308-326. DOI: 10.1016/j.watres.2016.03.042.
19. Cherabuddi K., Tagliamonte M.S., Lednicky J.A. et al. A Case Cluster of Aseptic Meningitis Associated With a Newly Identified Recombinant Echovirus 6/Coxsackievirus B1 Enterovirus. *J. Infect. Dis.* 2025; 232(3): e486-e495. DOI: 10.1093/infdis/jiaf247.
20. Kamalova D., Akhmetova A., Amirgazin A. et al., Genetic Diversity of Human Enterovirus in Kazakhstan, during 2022. *Int. J. Microbiol.* 2024; 2024:7796913. DOI: 10.1155/2024/7796913.
21. Papa A., Skoura L., Dumaidi K., Spiliopoulou A., Antoniadis A, Frantzidou F. Molecular epidemiology of Echovirus 6 in Greece. *Eur. J. Clin. Microbiol. Infect. Dis.* 2009 Jun;28(6):683-7. DOI: 10.1007/s10096-008-0685-1.
22. Luchs A., Russo D. H., Cilli A., et al. Echovirus 6 associated to aseptic meningitis outbreak, in São Joaquim da Barra, São Paulo, Brazil. *Braz. J. Microbiol.* 2008; 39(1): 28–31. DOI: 10.1590/S1517-83822008000100007.

УДК: 578.5:578.891:001.891(571.6)"2021/2025"
DOI: 10.62963/2073-2899-2026-53-32-46

АНАЛИЗ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ СВЯЗЕЙ МЕЖДУ ИЗОЛЯТАМИ ВИРУСА ГЕПАТИТА С, ЦИРКУЛИРОВАВШИМИ СРЕДИ НАСЕЛЕНИЯ В РЕГИОНАХ ДФО НА ПРОТЯЖЕНИИ 2021-2025 ГГ.

Базыкина Е.А., Троценко О.Е., Котова В.О., Балахонцева Л.А.

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

Ответственный за взаимодействие с редакцией: Базыкина Елена Анатольевна – научный сотрудник лаборатории эпидемиологии и профилактики вирусных гепатитов и СПИД ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, e-mail: dvoids@mail.ru

АННОТАЦИЯ

Введение. Вирусный гепатит С продолжает оставаться острой проблемой современного здравоохранения. Осуществление молекулярно-генетического надзора за возбудителем дополняет существующий классический эпидемиологический анализ, позволяя изучать филогенетические связи, существующие между циркулирующими вариантами вируса.

Цель исследования – изучение филогенетических связей между вариантами вируса гепатита С, циркулировавшими на протяжении 2021-2025 гг. на отдельных территориях, входящих в состав Дальневосточного федерального округа.

Материалы и методы. Проведено секвенирование и филогенетический анализ 135 изолятов вируса гепатита С, циркулировавших среди населения Хабаровского края, Магаданской, Сахалинской и Амурской областей в 2021-2025 гг.

Результаты и обсуждение. Кластеризация нуклеотидных последовательностей вируса гепатита С, циркулировавших в Дальневосточном федеральном округе, характеризуется формированием клада с высоким уровнем апостериорной поддержки, включающих сиквенсы как из охваченных наблюдением субъектов Дальневосточного федерального округа, так и других регионов России и зарубежных стран. Из них можно выделить несколько кладов, обращающих на себя особое внимание. Например, наличие кластера, сформированного нуклеотидными последовательностями 3а субтипа вируса, изолированными от пациентов с сочетанной инфекцией ВИЧ и хроническим гепатитом С из Магаданской области, можно интерпретировать как сеть передачи вируса гепатита С среди лиц, живущих с ВИЧ. Несколько монофилетических кластеров, включающих сиквенсы, полученные от пациентов с моноинфекцией хроническим гепатитом С из Хабаровского края (2а субтип) и Амурской области (1b субтип), имеют признаки локальной передачи вируса среди населения регионов.

Выводы. Проведение регулярного мониторинга за вариантами вируса гепатита С способствует расширению существующих знаний о молекулярно-эпидемиологических закономерностях между циркулирующими в субъектах Дальневосточного федерального округа изолятами вируса.

Ключевые слова: вирус гепатита С, генотипы, филогенетический анализ, Амурская область, Хабаровский край, Магаданская область, Сахалинская область

Информация о вкладе авторов: Концепция и дизайн исследования – О.Е. Троценко, Е.А. Базыкина. Сбор и обработка материала – В.О. Котова, Л.А. Балахонцева. Написание текста – Е.А. Базыкина. Проведение филогенетического анализа – Е.А. Базыкина. Выполнение лабораторных исследований – В.О. Котова, Л.А. Балахонцева, Е.А. Базыкина. Редактирование текста – О.Е. Троценко. Утверждение окончательного варианта статьи – О.Е. Троценко.

Конфликт интересов: Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Исследование одобрено этическим комитетом ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, протокол 12 от 25.12.2020 г.

Все включенные в работу пациенты подписали **информированное согласие на участие в исследовании.**

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF HEPATITIS C VIRUS ISOLATES CIRCULATION AMONG POPULATION OF THE FAR EASTERN FEDERAL DISTRICT CONSTITUENT ENTITIES DURING 2021-2025

Bazykina E.A., Trotsenko O.E., Kotova V.O., Balakhontseva L.A.

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

SUMMARY

Introduction. Viral hepatitis C remains a pressing issue of modern healthcare. Molecular-genetic surveillance of the pathogen extends the classic epidemiological approach and allows the study of phylogenetic relationships between the circulating virus variants.

Objective of the research – to study phylogenetic relationship between the hepatitis C variants that were circulating in some constituent entities of the Far Eastern federal district during 2021-2025.

Materials and methods. Sequencing (n=135) and phylogenetic analysis of hepatitis C virus isolates circulating among the population of the Khabarovsk Krai, Magadan, Sakhalin and Amur Oblasts in 2021-2025 were performed.

Results and discussion. Phylogenetic clustering of the nucleotide sequences of the variants circulating in the Far Eastern federal district demonstrates clades comprising sequences from surveyed regions of the district, other territories of the Russian Federation, and foreign countries. Some of the monophyletic clusters should be paid special attention. For example, a cluster of 3a subtype hepatitis C virus nucleotide sequences derived from patients with HIV and chronic hepatitis C infection could represent a viral transmission network among people living with HIV in the Magadan Oblast. Other monophyletic clusters that include isolates obtained from patients with chronic hepatitis C monoinfection residing in the Khabarovsk Krai (2a subtype) and Amur Region (1b subtype) display features of a regional viral network.

Conclusion. Regular surveillance of hepatitis C virus variants contributes to expansion of the existing knowledge of molecular-epidemiological characteristics of isolates circulating in the constituent entities of the Far Eastern federal district.

Key words: *hepatitis C virus, genotypes, phylogenetic analysis, Amur Oblast, Khabarovsk Krai, Magadan Oblast, Sakhalin Oblast*

Information about the authors' contributions: Research concept and design – O.E. Trotsenko, E.A. Bazykina. Data collection and processing – V.O. Kotova, L.A. Balakhontseva. Manuscript drafting – E.A. Bazykina. Phylogenetic analysis – E.A. Bazykina. Laboratory research – V.O. Kotova, L.A. Balakhontseva, E.A. Bazykina. Text editing – O.E. Trotsenko. Approval of the final version of the manuscript – O.E. Trotsenko.

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

The study was approved by the Ethics Committee of the Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology of Rospotrebnadzor, Protocol No. 12 dated December 25, 2020.

All patients and their legal representatives signed an **informed consent** form to participate in the study.

Введение

Согласно данным ВОЗ, гемоконтактные вирусные гепатиты, вирусный гепатит С (ВГС) в частности, продолжают оставаться значительной проблемой здравоохранения во всем мире. По данным ВОЗ, за 2022 г., хроническим гепатитом С (ХГС) было инфицировано порядка 50 миллионов человек с ежегодным приростом числа инфицированных в один миллион человек. Абсолютные значения летальности от ХГС достигли 242 тыс. человек, которые в большинстве случаев были связаны с такими неблагоприятными исходами как цирроз печени и гепатоцеллюлярная карцинома [1].

Хронические гемоконтактные вирусные гепатиты наносят значительный экономический ущерб, который в Российской Федерации в 2024 г. составил более 81 млрд рублей, а число впервые выявленных случаев ХГС в 2024 г. в России составило 50,9 тыс. человек [2].

Несмотря на накопившиеся научные знания о патогенезе, иммунном ответе организма хозяина на внедрение возбудителей вирусных гепатитов, а также разработку и внедрение современных противовирусных схем в терапию заболеваний, изучение данных патогенов остается одной из первоочередных задач [3, 4, 5, 6].

Одним из факторов, обуславливающих сложность элиминации ВГС из организма хозяина, является его высокая генетическая изменчивость. ВГС разделен на восемь генотипов (1-8), а количество его субтипов превышает 90. Доминантными геновариантами ВГС, получившими распространение во всех странах мира, являются 1a, 1b, 2a, 2b, 2c и 3a. Для ВГС характерны значительные территориальные отличия в распределении геновариантов вируса, которые зачастую могут иметь особенности не только на уровне стран, но в регионах внутри страны, что следует учитывать при разработке мер противодействия распространению инфекции среди населения [7, 8].

На территории Российской Федерации чаще всего регистрируется циркуляция 1b и 3a субтипов ВГС, реже 1a и 2 генотипа [9, 10]. Особенностью циркуляции 2 генотипа ВГС в Российской Федерации является довольно высокая распространенность его рекомбинантной формы 2k/1b, которая при проведении рутинного анализа ПЦР расценивается как 2 генотип вируса, в связи с тем, что тест-системы, используемые в рутинной лабораторной практике, не захватывают участок генома, где располагается место рекомбинации. Разработка тест-систем, позволяющих диагностировать рекомбинантную форму 2k/1b ведется, однако для коммерческого использования они пока недоступны [11, 12].

Цель исследования – изучение филогенетических связей между вариантами ВГС, циркулировавшими на протяжении 2021-2025 гг. на отдельных территориях, входящих в состав Дальневосточного федерального округа (ДФО).

Материалы и методы:

Выборка для проведения секвенирования и филогенетического анализа включала последовательности ВГС, полученные от пациентов с хронической инфекцией, проживавших на момент забора биологического материала в Амурской (n=23, 2021 г.), Сахалинской (n=18, 2021, n=16, 2022 гг.) областях, Хабаровском крае (n=44, 2023, n=12, 2025 гг.) и Магаданской области (n=22, 2024 г.).

Коммерческий набор реагентов «АмплиПрайм РИБО-преп» (производства ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, г. Москва) использовался для проведения экстракции РНК ВГС из образцов плазмы крови объемом 100 мкл в соответствии с протоколом производителя.

Определение РНК ВГС, вирусной нагрузки в положительных образцах, а также генотипирование ВГС проводили методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с детекцией результатов в режиме реального времени с использованием коммерческих тест-систем «АмплиСенс® HCV-FL», «АмплиСенс® HCV-Монитор-FL», «АмплиСенс - 1/2/3» (ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, г. Москва).

Диагностический набор «Реверта-L» (ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, г. Москва) применялся для проведения обратной транскрипции РНК ВГС-положительных образцов. Полученная кДНК впоследствии использовалась для постановки ПЦР со специфическими праймерами к core-E1 участку генома (компания «Синтол», Россия) [13]. Продукты амплификации визуализировали методом электрофореза в 2,0% агарозном геле. Очистку ампликонов от компонентов реакционной смеси осуществляли с использованием коммерческого набора (diaGene, Россия).

Секвенирование очищенных ПЦР-фрагментов осуществляли с помощью набора BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kits (Applied Biosystems/Life Technologies, США) на генетическом анализаторе 3500 ABI PRISM (Applied Biosystems/Life Technologies, США). Полученные данные обрабатывали в программном обеспечении Sequencing Analysis Software 6 (Applied Biosystems, США).

Идентификацию генетически близких изолятов HCV проводили с использованием алгоритма BLAST, интегрированного в базу данных NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>). Множественное выравнивание нуклеотидных последовательностей выполняли в программе BioEdit v.7.1.9 с встроенной функцией ClustalW [14].

Для оценки филогенетических связей между последовательностями ВГС проводили построение филогенетических деревьев фрагментов генов Core-E1 ВГС в пакете программ BEAST 2.6.7. [15]. Для выбора модели нуклеотидных замен использовался параметр BIC (Bayesian information criterion), рассчитанный в программе IQ-TREE 1.6.12. [16].

В качестве модели молекулярных часов были выбраны расслабленные молекулярные часы с логнормальным распределением скорости нуклеотидных замен. Запуск (MCMC –Markov chain Monte

Carlo) проводили до тех пор, пока эффективный размер выборки (ESS – effective sample size) не составил 200 образцов. Визуализация филогенетических деревьев, построенных в программе BEAST 2.6.7., проводилась в программном обеспечении FigTree v1.4.4 (<https://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>).

Результаты и обсуждение

В ходе работы за 2021-2025 гг. было проанализировано 157 положительных на РНК ВГС образцов, из них 86 принадлежали 1 генотипу (54,8%; 95% ДИ: 47,0 – 62,5%), в том числе 75 (47,8%; 95% ДИ: 40,0-55,6%) – 1b и 11 (7,0%; 95% ДИ: 3,5 – 11,5%) – 1a субтипам ВГС, 60 (38,2%; 95% ДИ: 30,8 – 45,9%) – к 3a субтипу ВГС и 11 (7,0 %; 95% ДИ: 3,5 – 11,5%) – к 2 генотипу, из них девять типировались как 2a субтип, один как 2c субтип и один как рекомбинантная форма 2k/1b (рис. 1), что отражает классическое распределение геновариантов ВГС в целом по Российской Федерации [Ошибка! Источник ссылки не найден., 10].

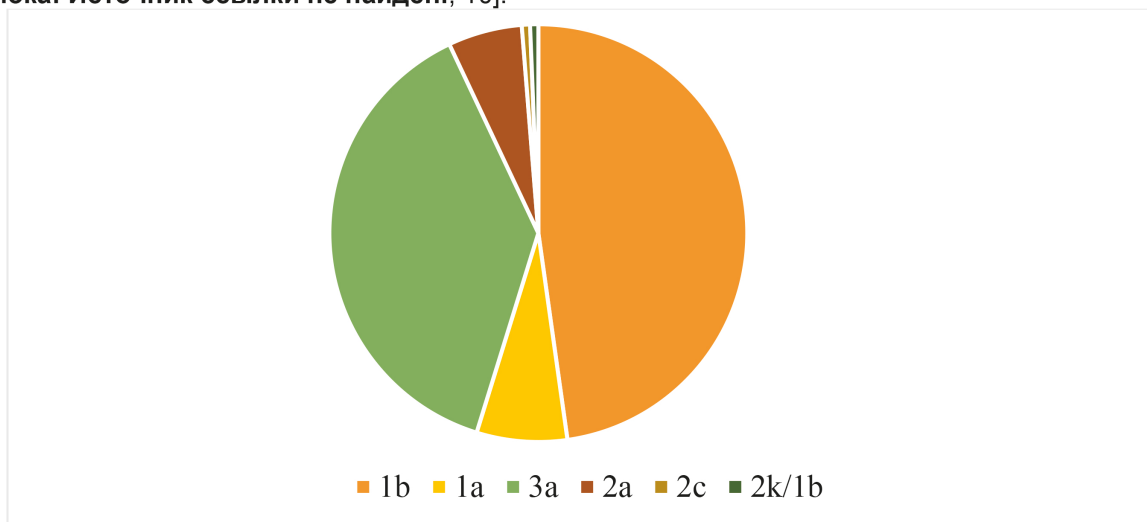


Рис. 1. Круговая диаграмма распределения геновариантов ВГС в выборке сиквенсов, полученных от пациентов, инфицированных ВГС в субъектах ДФО за 2021-2025 гг.

Были отмечены некоторые географические особенности распределения геновариантов ВГС (рис. 2).

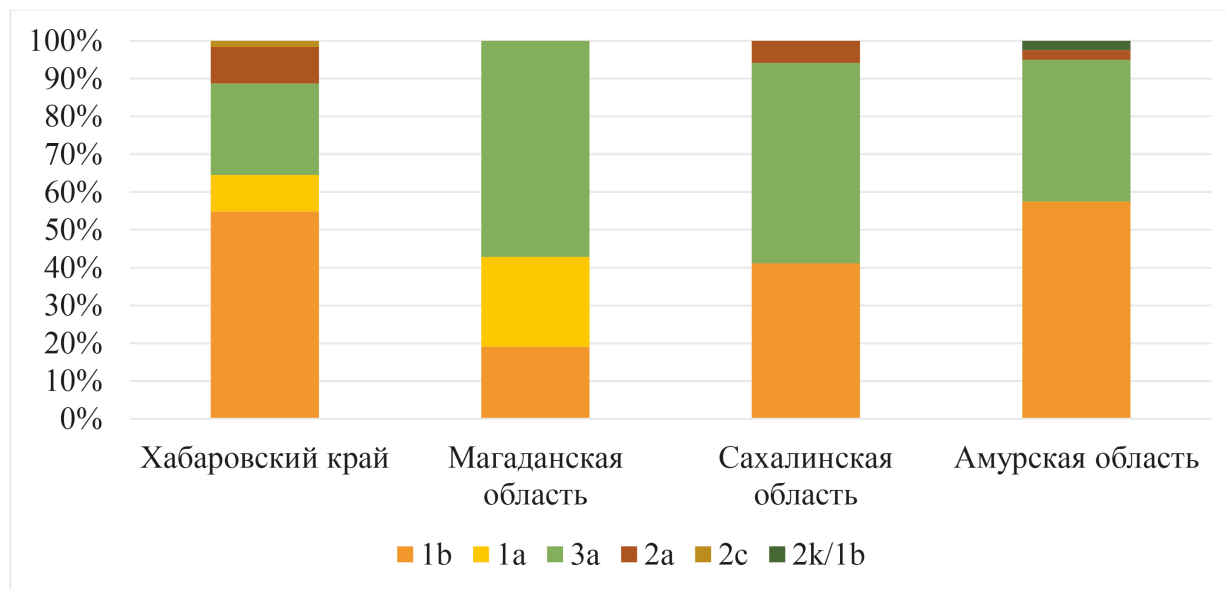


Рис. 2. Распределение геновариантов ВГС по субъектам ДФО, где был произведен забор биологического материала для исследования.

Так, в Амурской области доминировал 1b субтип ВГС (23 сиквенса, 57,5%; 95% ДИ: 42,1 – 72,2%), несколько реже определялся 3a геновариант вируса (15 сиквенсов, 37,5%; 95% ДИ: 23,3 – 52,9%), единичные пробы были типированы как 2 генотип (2a - 1 сиквенс, 2,5%; 95% ДИ: 0,001 – 9,5%; 2k/1b – 1 сиквенс, 2,5%; 95% ДИ: 0,001 – 9,5%).

В Магаданской области доминировал 3a субтип ВГС. Для субъекта также характерно относительно частое выделение 1a субтипа вируса (3a – 12 сиквенсов, 57,1%; 95% ДИ: 35,9 – 77,0%, 1a – 5 сиквенсов, 23,8%; 95% ДИ: 8,5 – 43,8%, 1b – 4 сиквенса, 19,0%; 95% ДИ: 5,5 – 30,1%).

В Сахалинской области было установлено преобладание 3a субтипа ВГС, чуть реже изолировали 1b геновариант (3a – 18 сиквенсов, 52,9%; 95% ДИ: 36,3 – 69,2%, 1b – 14 сиквенсов, 41,2%; 95% ДИ: 25,4 – 57,9%, 2a – 2 сиквенса, 5,9%; 95% ДИ: 0,6 – 16,1%).

Наибольшее разнообразие циркулирующих вариантов ВГС было установлено в Хабаровском крае. Превалировал 1b субтип – 34 сиквенса, (54,8%; 95% ДИ: 42,4 – 66,9%), 3a субтип выявлялся в 15 случаях (24,2%; 95% ДИ: 14,4 – 35,5%), у 6 пациентов были типированы 1a (9,7%; 95% ДИ: 3,6 – 18,2%) и 2a субтип вируса (9,7%; 95% ДИ: 3,6 – 18,2%), 2c субтип был представлен 1 сиквенсом (1,6%; 95% ДИ: 0,001 – 6,2%).

Общее филогенетическое дерево 1 генотипа ВГС для удобства прочтения разделено на три рисунка: 2.1, 2.2 и 2.3. Последовательности 1b субтипа, циркулировавшие на территории Хабаровского края, Сахалинской и Амурской областей, на дендрограмме образовали множество некрупных монофилетических кластеров, включавших не более 4 сиквенсов. Кластеризация происходила как с изолятами из одной территории, так и с Российскими и зарубежными последовательностями.

Сиквенсы из Хабаровского края сформировали 11 кластеров (KHN1-KHN11) со значимым уровнем апостериорной поддержки (от 0,7 до 1,0). Из них четыре кластера включали несколько сиквенсов из Хабаровского края (KHN3, рис. 2.1; KHN7, KHN8 и KHN10, рис. 2.2), три из них оказались монофилетическими (KHN7, KHN8 и KHN10, рис. 2.2). В кластере KHN3 (рис. 2.1) помимо сиквенсов из Хабаровского края прослеживается связь с канадскими геновариантами ВГС, что дает возможность заявлять о существовавшем обмене генетическими вариантами между странами. Оставшиеся семь кластеров включали последовательности из Хабаровского края и стран дальнего зарубежья: Южной Америки (KHN1 – Бразилия, KHN4 – Мексика, Рис. 2.1; KHN11 – Аргентина, рис. 2.3), Европы (KHN9 – Италия, Рис. 2.2) и Ближнего Востока (KHN2, KHN5 – Израиль, рис. 2.1; KHN6 – Турция, рис. 2.2).

Нуклеотидные последовательности из Сахалинской области сформировали восемь кластеров (S1-S6 и FE1-FE2), в четыре из которых входили сиквенсы из других регионов России. Кластеры FE1 и FE2 (рис. 2.2) представляют особый интерес, так как включают нуклеотидные последовательности дальневосточных изолятов ВГС. В кластер FE1 вошли только сиквенсы из ДФО (из Хабаровского края, Сахалинской и Амурской областей). Объединение сиквенсов, циркулировавших в Хабаровском крае в 2022 г. и в Сахалинской области в 2018 г., в кластеры может свидетельствовать в пользу наличия филогенетических связей между ними и подразумевает циркуляцию в регионах родственных вариантов, характерных для ДФО. Кластер FE2 в свою очередь, помимо сиквенсов из Сахалинской и Амурской областей, включала изоляты из Камбоджи (Азиатско-Тихоокеанский регион) и Уругвая (Южная Америка), что отражает сложные филогеографические связи, заложившие генетическое разнообразие в регионе.

Один монофилетический кластер (S5 – рис. 2.2) с высоким уровнем апостериорной поддержки (1,0), образованный вариантами 1b субтипа, циркулировавшими в Сахалинской области, может свидетельствовать о наличии тесной эпидемиологической связи между ними. В кластер S3 (рис. 2.2) вошли последовательности из Сахалинской (2022 г.) и Московской областей (2006 г.). Пять кластеров, включали как сиквенсы ВГС из Сахалинской области, так и из стран дальнего зарубежья: S1 (рис. 2.1) и FE2 (рис. 2.2) – с изолятами из Камбоджи, S2 (рис. 2.1) и S6 (рис. 2.2) – с изолятами из Испании, кластер S4 (рис. 2.2) помимо сиквенса из Сахалинской области включал последовательности из Испании и Израиля.

Из восьми кластеров, образованных нуклеотидными последовательностями, циркулировавшими в Амурской области (A1-A5, FE1 и FE2, рис. 2.2), в три вошли сиквенсы из различных субъектов России. Отдельно выделяется кластер A6 (рис. 2.3), который может быть примером локальной циркуляции вируса среди населения региона – на филогенетическом дереве сиквенсы расположились на отдельной ветке с высокими значениями апостериорной поддержки (более 0,9) в узлах.

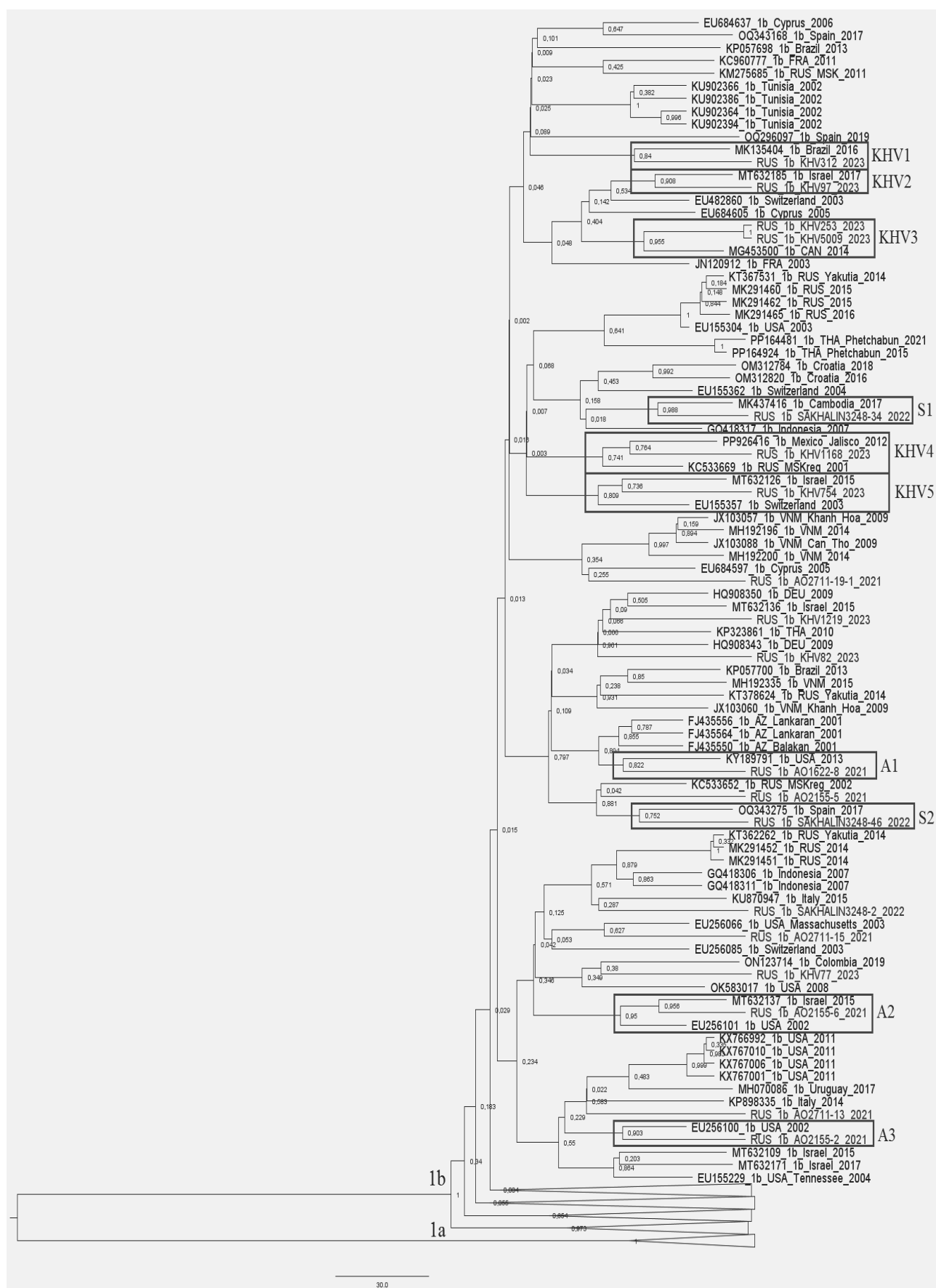


Рис. 2.1. Филогенетическое дерево 1 субтипа ВГС.

Примечание: Филогенетическое дерево построено с помощью метода байесовской статистики. Латинскими буквами выделены кластеры с достаточным уровнем апостериорной поддержки. Красным цветом отмечены последовательности, полученные от пациентов с моноинфекцией ХГС в ходе исследования.

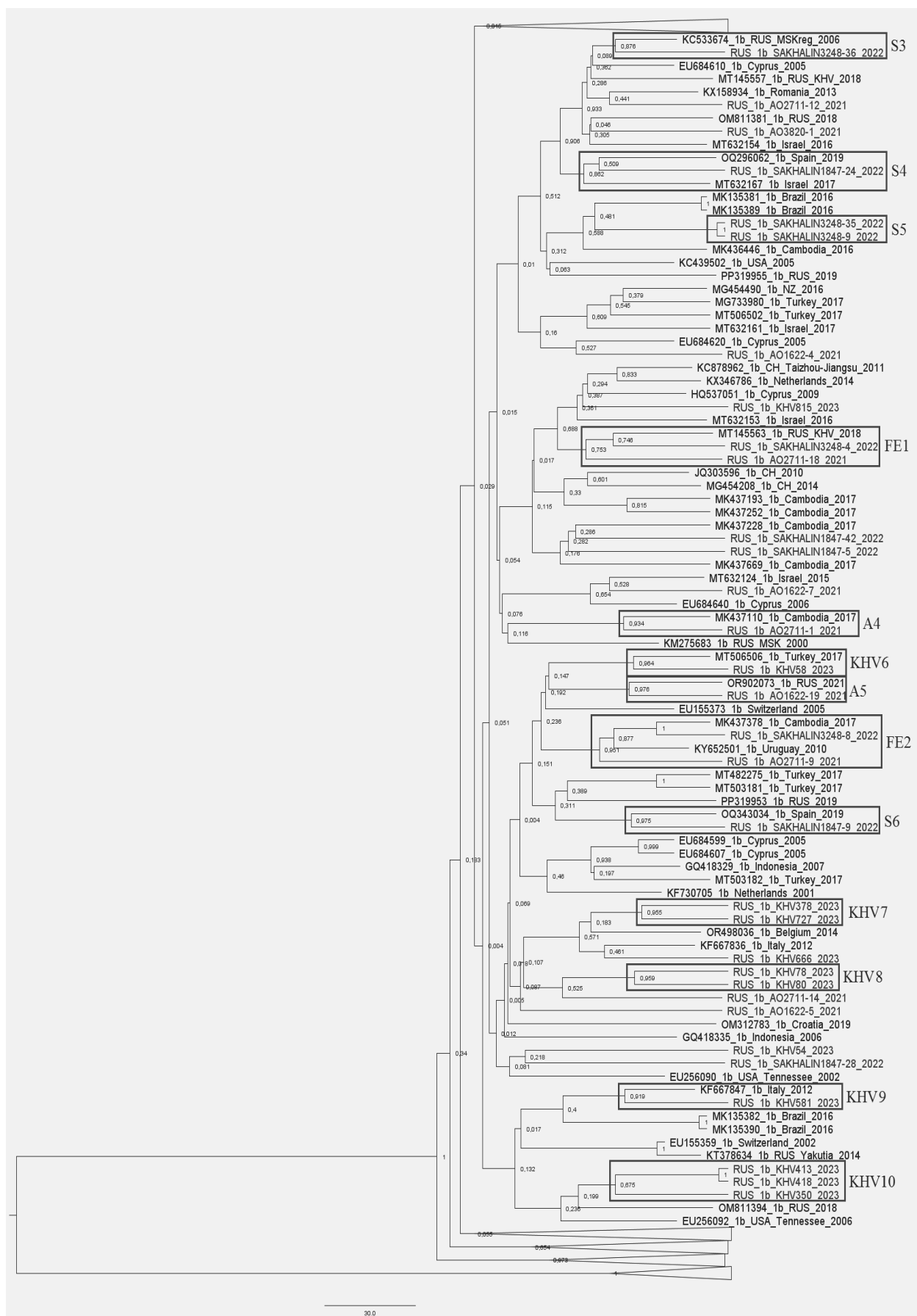


Рис. 2.2. Филогенетическое дерево 1 субтипа ВГС.

Примечание: Филогенетическое дерево построено с помощью метода байесовской статистики. Латинскими буквами выделены кластеры с достаточным уровнем апостериорной поддержки. Красным цветом отмечены последовательности, полученные от пациентов с моноинфекцией ХГС в ходе исследования.

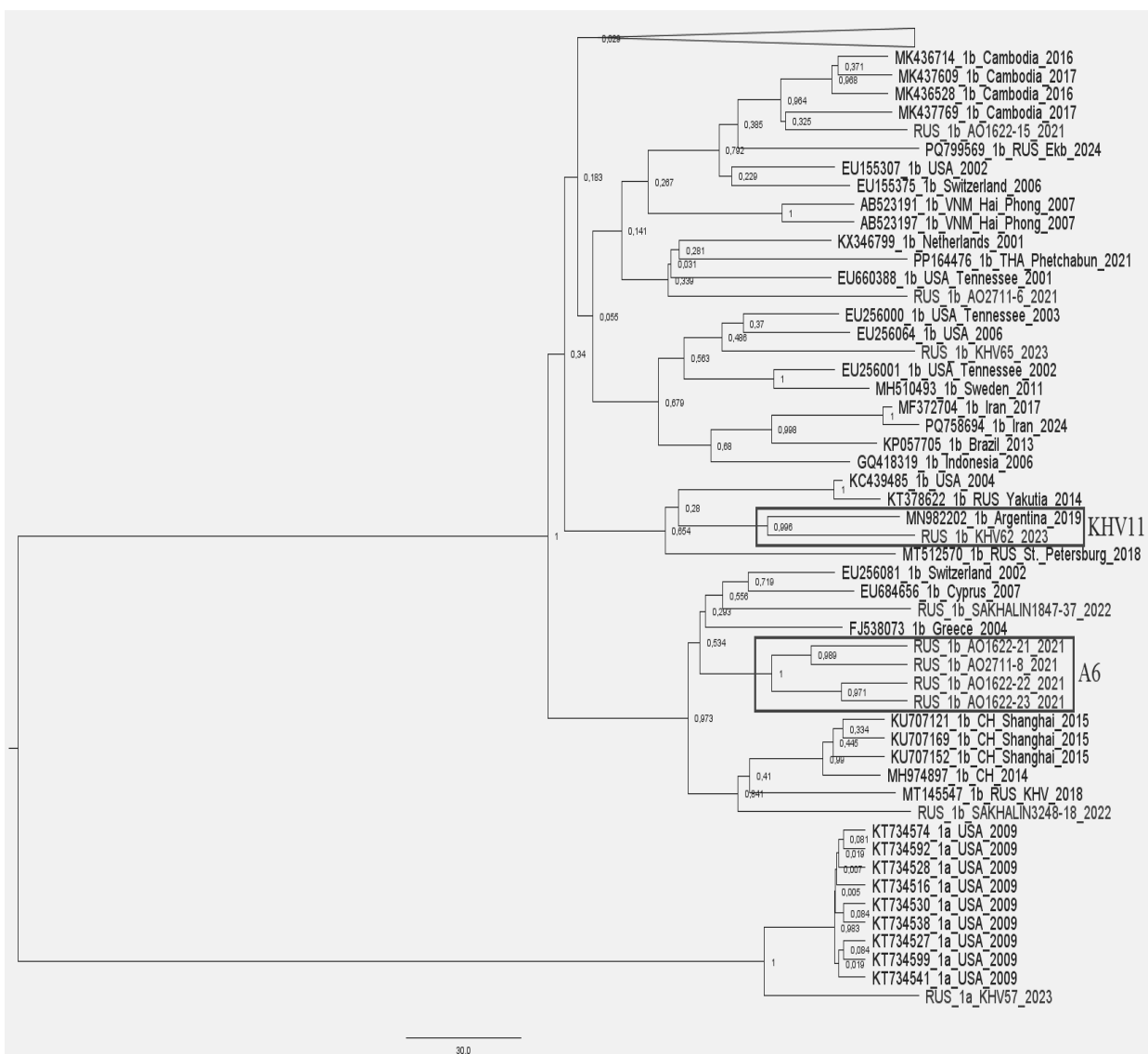


Рис. 2.3. Филогенетическое дерево 1 субтипа ВГС.

Примечание: Филогенетическое дерево построено с помощью метода байесовской статистики. Латинскими буквами выделены кластеры с достаточным уровнем апостериорной поддержки. Красным цветом отмечены последовательности, полученные от пациентов с моноинфекцией ХГС в ходе исследования.

Среди стран дальнего зарубежья, филогенетические связи с образцами из Амурской области чаще всего были установлены с изолятами из США (кластеры A1, A2, A3, рис. 2.1). Кластер A2, помимо нуклеотидной последовательности из США, включал Израильский сиквенс. В кластере A4 (рис. 2.2) последовательность из Амурской области сгруппировалась с сиквенсом из Камбоджи.

Субтип 1a (рис. 2.3) был представлен только одной последовательностью из Хабаровска. В ходе поиска схожих сиквенсов с помощью онлайн-программы Blast, наиболее близкими оказались нуклеотидные последовательности из США, однако при построении филогенетического дерева изолят из Хабаровского края кластеризовался отдельно. Учитывая полученную филогенетическую картину, а также факт преимущественного распространения 1a субтипа в странах Северной Америки (США и Канаде), можно предположить высокую вероятность североамериканского происхождения сиквенса из Хабаровского края.

Отсутствие крупных кластеров было характерно и для выборки сиквенсов 3a субтипа ВГС. Образовавшиеся клады можно разделить на состоящие из российских вариантов и включающие иностранные последовательности, причем, как и в случае с 1 генотипом, наблюдалась частая кластеризация с изолятами из зарубежных стран.

Сиквенсы из Хабаровского края образовали кластеры со значимой апостериорной поддержкой с изолятами из Кипра (кластер A, рис. 3.1), США и Афганистана (кластер G, рис. 3.1), а также Германии (кластер K, рис. 3.2). Лишь один кластер был сформирован локальными вариантами вируса (кластер J, рис. 3.2).

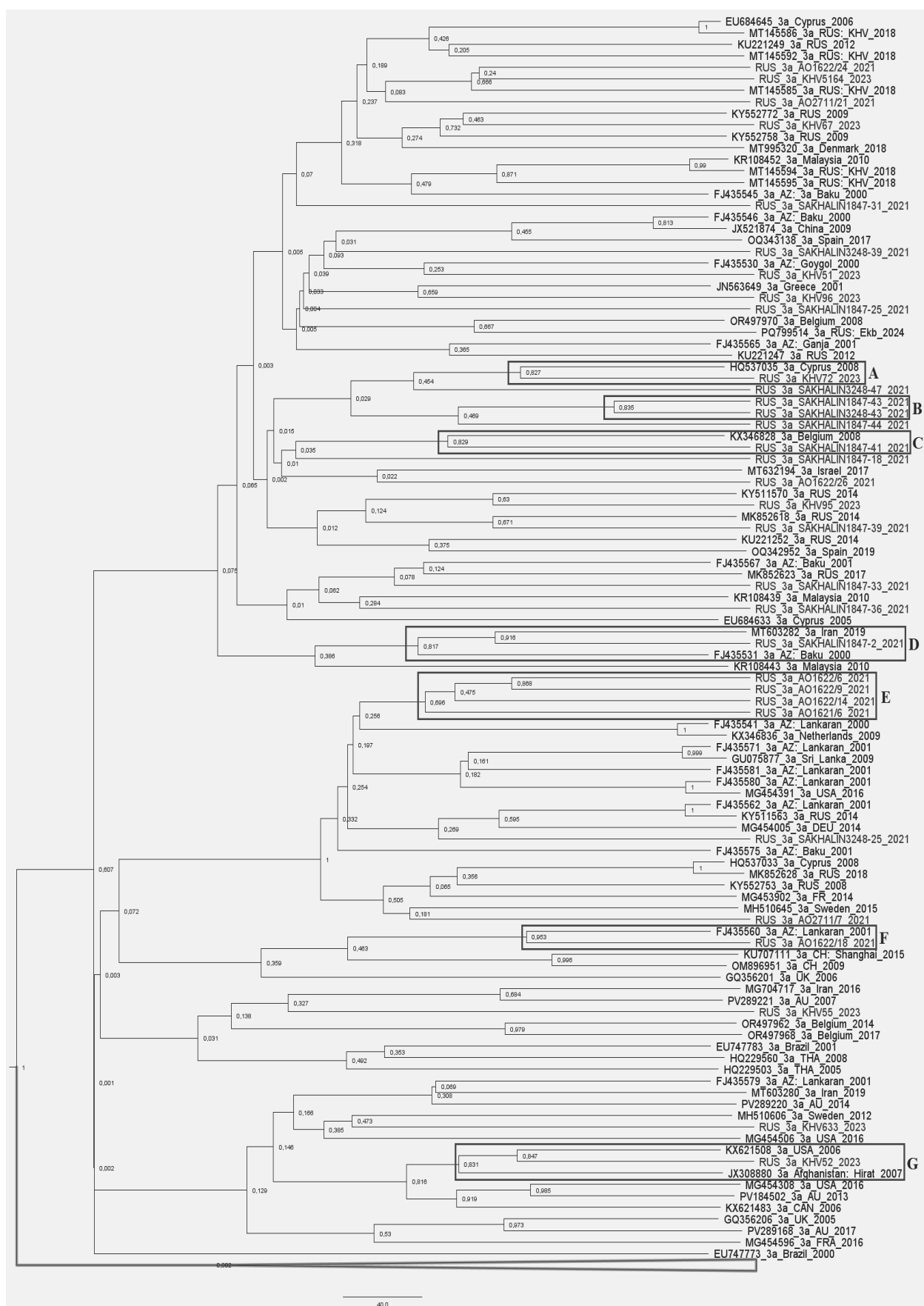


Рис. 3.1. Филогенетическое дерево 3 субтипа ВГС.

Примечание: Филогенетическое дерево построено с помощью метода байесовской статистики. Латинскими буквами выделены кластеры с достаточным уровнем апостериорной поддержки. Красным цветом отмечены последовательности, полученные от пациентов с моноинфекцией ХГС в ходе исследования.

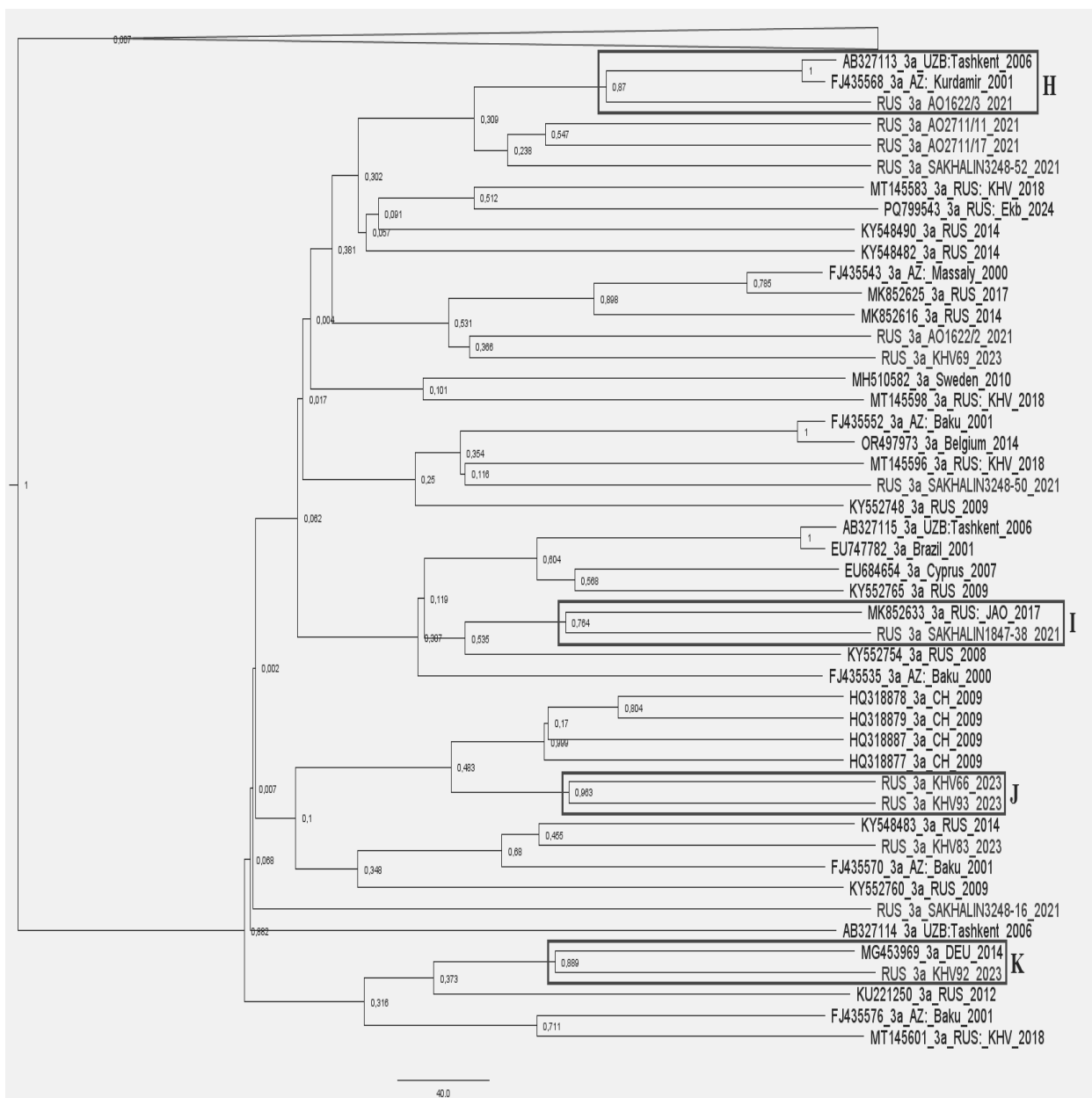


Рис. 3.2. Филогенетическое дерево 3 субтипа ВГС.

Примечание: Филогенетическое дерево построено с помощью метода байесовской статистики. Латинскими буквами выделены кластеры с достаточным уровнем апостериорной поддержки. Красным цветом отмечены последовательности, полученные от пациентов с моноинфекцией ХГС в ходе исследования.

Смешанные кластеры F и H (рис. 3.1, 3.2) демонстрируют наличие эволюционного родства между сиквенсами из Амурской области, Азербайджана (кластер F и H) и Узбекистана (кластер F), что может указывать на существование эпидемиологических связей между этими регионами.

Отдельная клада (кластер E, рис. 3.1), сформированная 4 нуклеотидными последовательностями, изолированными на территории Амурской области, может быть примером локальной сети передачи вируса, однако значения апостериорной поддержки в узле составили всего 0,69, в связи с чем целесообразно расширение выборки для подтверждения данного вывода.

В Сахалинской области, помимо монофилетического кластера, включающего 2 локальных сиквенса (кластер B, рис. 3.1), установлено наличие филогенетических связей между местными изолятами и образцами из Еврейской автономной области (кластер I, рис. 3.2), Бельгии (кластер C, рис. 3.1), Ирана и Азербайджана (кластер D, рис. 3.1).

Филогенетический анализ изолятов 2a субтипа ВГС (рис. 4) позволяет предположить локальную циркуляцию различных линий вируса в Хабаровском крае, на что указывает

формирование нескольких кластеров (кластеры 1, 2 и 3, рис. 4) со значимым уровнем апостериорной поддержки от 0,77 до 1,0, в которые вошли сиквенсы из Хабаровского края, отобранные с интервалом в несколько лет (2018 и 2023 гг.). Исключением является кластер 5 (рис. 4), где нуклеотидная последовательность из Хабаровского края оказалась в одной кладе с сиквенсами из США и Камбоджи. При этом, сиквенсы из США в данном кластере образуют изолированную, отдельно расположенную группу, что свидетельствует в пользу наличия у них единого общего предка, но не на тесную эволюционную связь.

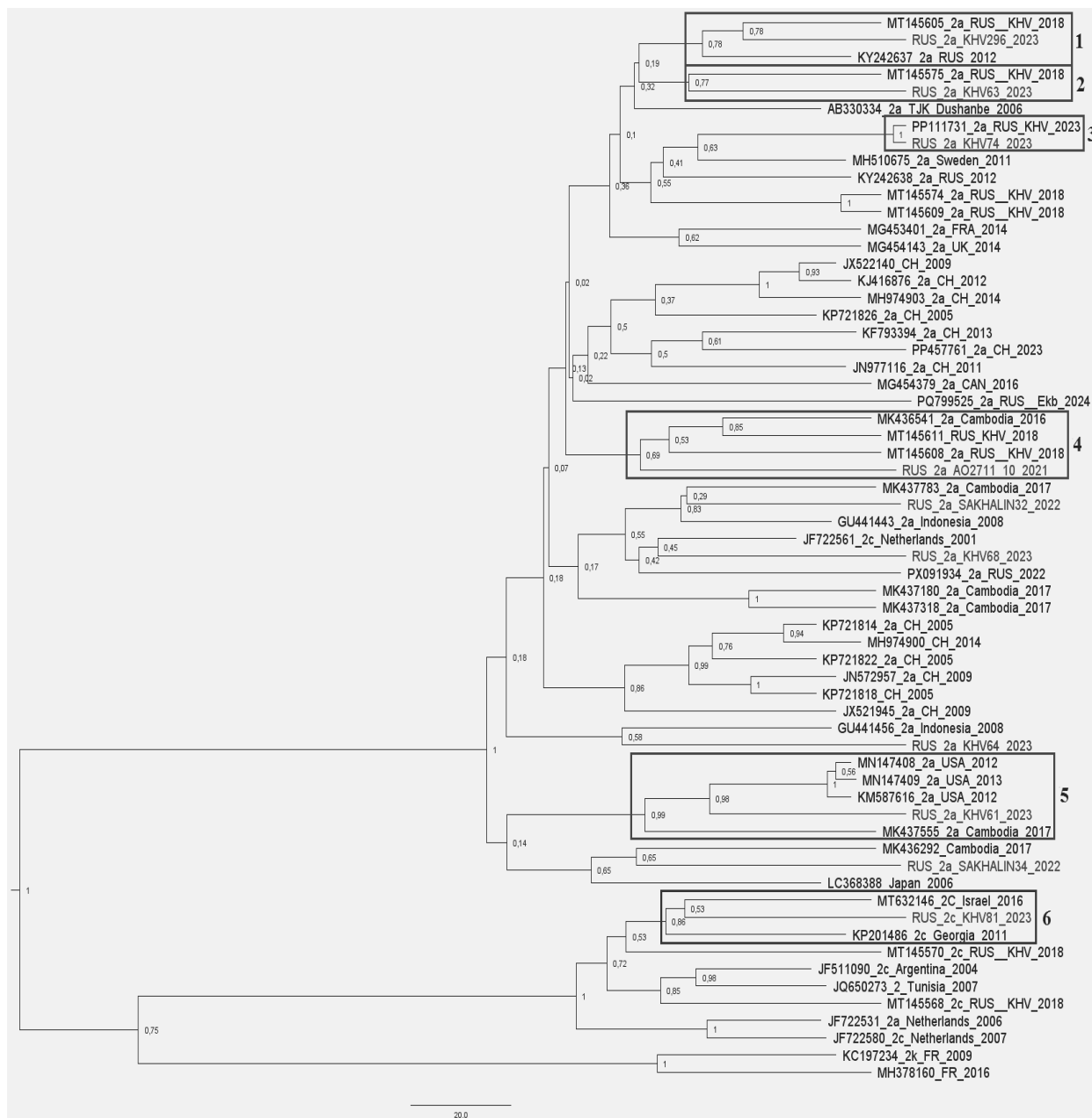


Рис. 4. Филогенетическое дерево 2 субтипа ВГС.

Примечание: Филогенетическое дерево построено с помощью метода байесовской статистики. Цифрами отмечены кластеры с достаточным уровнем апостериорной поддержки. Красным цветом отмечены последовательности, полученные от пациентов с моноинфекцией ХГС в ходе исследования.

Расположение на филогенетическом дереве единственного сиквенса 2с субтипа ВГС из Хабаровского края, свидетельствует о его большей генетической близости к изолятам из Грузии и Израиля, нежели к другим образцам из стран Европы, Южной Америки и Северной Африки (кластер 6, рис. 4).

На рисунках 5 и 6 проиллюстрированы филогенетические связи сиквенсов ВГС, изолированных от населения Магаданской области и Хабаровского края в 2024 и 2025 гг., соответственно. Нуклеотидные последовательности, представленные 3а субтипом, сформировали 5

кластеров со значимым уровнем апостериорной поддержки (0,75 и более). Два кластера представляют особый интерес.

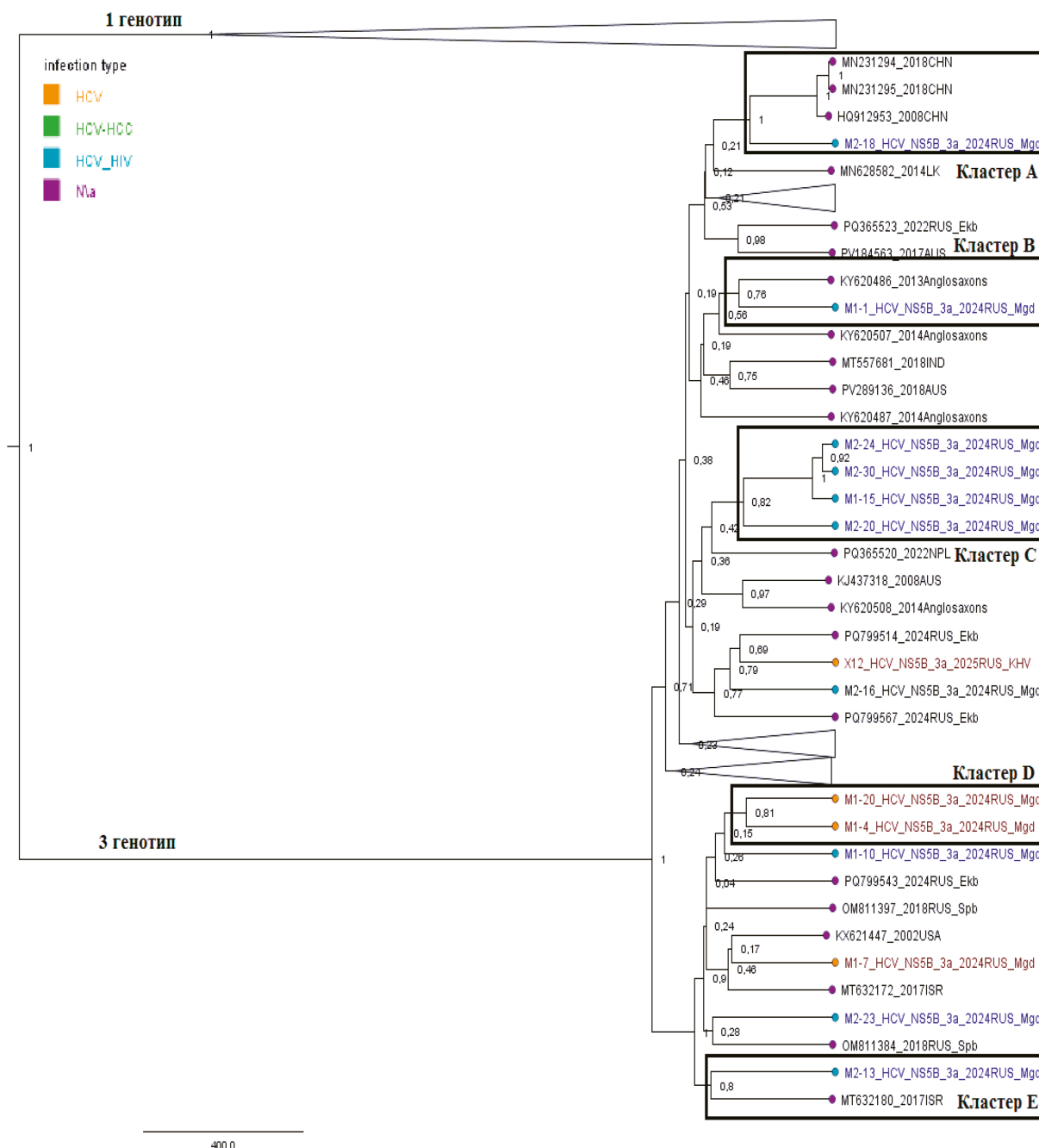


Рис. 5. Филогенетическое дерево 3a субтипа ВГС.

Примечание: Филогенетическое дерево построено с помощью метода байесовской статистики. Латинскими буквами выделены кластеры с достаточным уровнем апостериорной поддержки. Красным и синим цветом отмечены последовательности, полученные в ходе исследования: красные – от пациентов с моноинфекцией ХГС, синие – от пациентов с сочетанной инфекцией ВИЧ-ХГС.

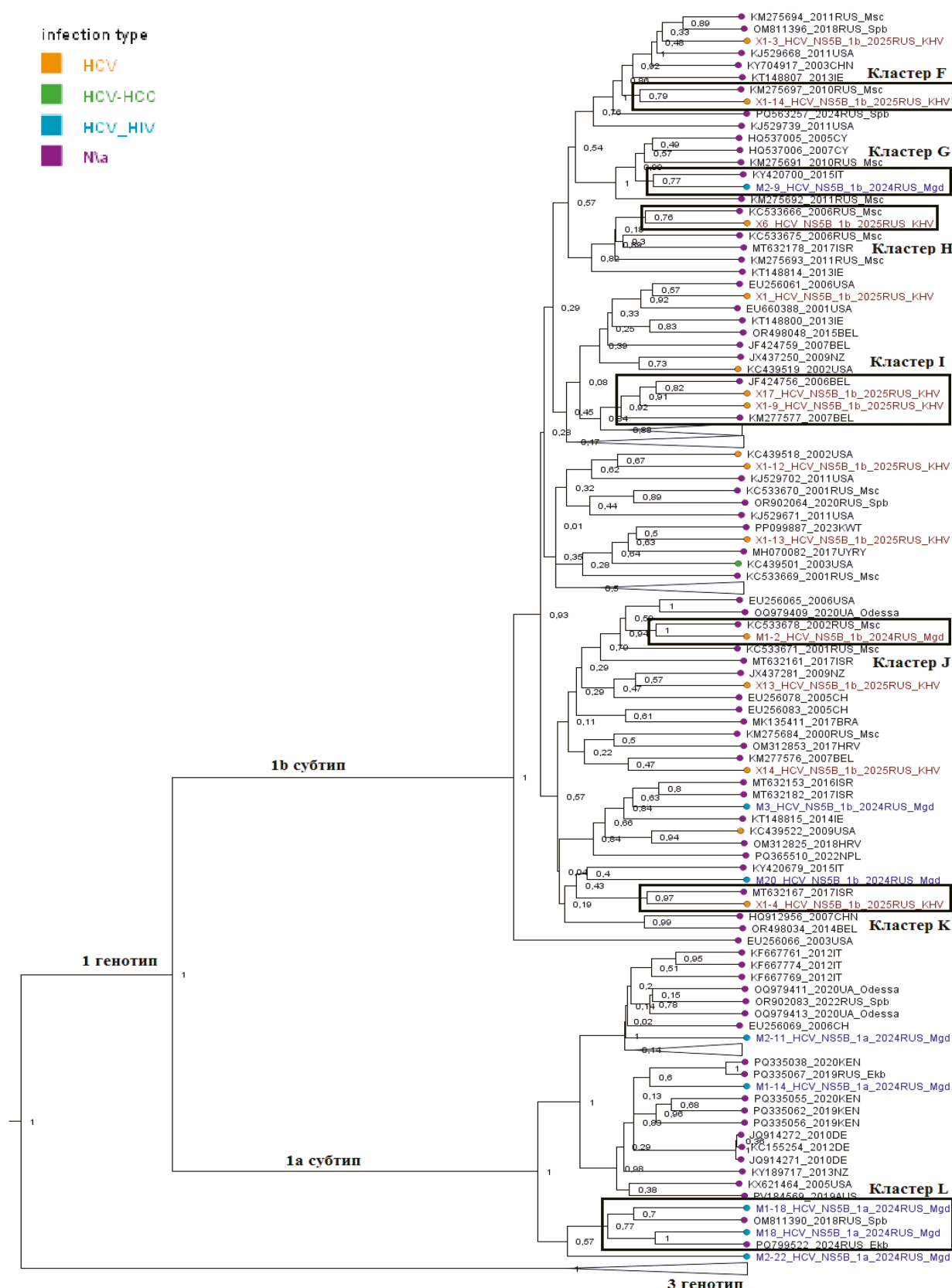


Рис. 6. Филогенетическое дерево 1 генотипа ВГС.

Примечание: Филогенетическое дерево построено с помощью метода байесовской статистики. Латинскими буквами выделены кластеры с достаточным уровнем апостериорной поддержки. Красным и синим цветом отмечены последовательности, полученные в ходе исследования: красные – от пациентов с моноинфекцией ХГС, синие – от пациентов с сочетанной инфекцией ВИЧ-ХГС.

Один из них включал 4 нуклеотидных последовательности, полученные от пациентов с ВИЧ-инфекцией, сочетанной с ХГС, проживавших в Магаданской области (кластер С, рис. 5), второй кластер (кластер А, рис. 5) объединил три сиквенса из Китая и один из Магаданской области. Три оставшихся кластера (рис. 5) включали по две нуклеотидных последовательности: изолят из Магаданской области и сиквенс, полученный в ходе крупного исследования, проводившегося в англоязычных странах (Boston study, кластер В), две последовательности из Магаданской области, полученные от пациентов с ХГС-моноинфекцией (кластер D), кластер Е был сформирован сиквенсами из Магаданской области и Израиля.

Кластеры, сформированные сиквенсами 1 генотипа ВГС, как правило, включали не более двух последовательностей из одного региона. Следует обратить внимание на то, что кластеризация последовательностей 1b субтипа, полученных в ходе исследования, происходила в основном с сиквенсами, загруженными из генбанка, что указывает на отсутствие между ними близкого генетического родства и высокую вероятность их независимого происхождения. Например, изоляты 1b субтипа из Хабаровского края и Магаданской области образовали несколько клад с московскими сиквенсами (кластеры F, H и J, рис. 6), загруженными из GenBank. Единственным исключением можно считать кластер I (рис. 6), который включал два сиквенса, полученных от пациентов из Хабаровского края с ХГС-моноинфекцией и бельгийские последовательности, что может указывать на европейское происхождение некоторых хабаровских вариантов 1b субтипа ВГС.

Среди зарубежных стран, одна из последовательностей 1b субтипа из Хабаровского края сформировала кластер с высоким уровнем апостериорной поддержки с сиквенсом из Израиля (кластер K, рис. 6), а у изолята из Магаданской области определенная филогенетическая близость отмечалась с изолятом из Италии (кластер G, рис. 6), что может свидетельствовать об обмене генетическими вариантами ВГС как внутри субъектов ДФО, так и с другими российскими регионами и странами дальнего зарубежья.

Ветвь 1a субтипа ВГС образовала кладу с довольно высоким уровнем апостериорной поддержки (0,77) и включала российские сиквенсы из Магаданской области, Екатеринбурга и Северо-Западного федерального округа (кластер L, рис. 6).

Полученную в ходе филогенетического анализа картину, для которой характерно образование отдельных клад, включающих несколько последовательностей, с высоким уровнем апостериорной поддержки, можно интерпретировать как локальную передачу вируса, что нередко наблюдается среди лиц, потребляющих инъекционные психоактивные вещества, особенно в случае наличия сочетанных инфекций [17, 18, 19]. Ярким примером служит кластер С, образованный сиквенсами 3a субтипа вируса (рис. 6), которые были изолированы от ВИЧ-позитивных лиц, проживавших в Магаданской области. Такая кластеризация указывает на высокую генетическую близость образцов, которые, вероятно, циркулируют в рамках единой сети передачи ВГС в регионе.

В то же время, последовательности, полученные от пациентов с моноинфекцией, отмеченные на дендрограмме красным цветом, в большинстве случаев формировали клады, состоящие не более, чем из двух сиквенсов. В целом, такая кластеризация сиквенсов на дендрограмме может свидетельствовать о наличии множества разрозненных очагов инфекции в регионах.

Заключение

Распределение геновариантов ВГС в полученной выборке из четырех субъектов ДФО (Хабаровский край, Магаданская, Сахалинская и Амурская области) соответствовало среднероссийскому – доминировали 1b и 3a субтипы с преобладанием 1b варианта – 47,8% (75 сиквенсов; 95% ДИ: 40,0 – 55,6%) и 3a варианта – 38,2% (60 сиквенсов; 95% ДИ: 30,8 – 45,9%), соответственно. Минорными оказались 1a субтип и 2 генотип – по 7,0% (11 сиквенсов; 95% ДИ: 3,5 – 11,5%) каждый. Были установлены некоторые особенности генотипического пейзажа в отдельных территориях округа. Например, в Магаданской области преобладал 3a субтип, 1a и 1b геноварианты встречались одинаково часто. В Сахалинской области 3a субтип встречался несколько чаще, чем 1b. В Хабаровском крае и Амурской области более, чем 50% сиквенсов типировались как 1b субтип.

Анализ филогенетических деревьев ВГС показал значительное генетическое разнообразие циркулирующих на территории ДФО вариантов вируса. Характерно формирование не крупных кластеров с высоким уровнем апостериорной поддержки, которые включают последовательности из субъектов ДФО, других регионов РФ, либо зарубежных стран. Признаки локальной передачи вируса прослеживалась в Амурской области для изолятов 1b субтипа вируса, в Хабаровском крае для 2a субтипа вируса и в Магаданской области для 3a субтипа вируса, причем если в случае Амурской области и Хабаровского края сиквенсы были получены от пациентов с моноинфекцией, то в Магаданской области – от пациентов с сочетанной инфекцией ВИЧ-ХГС, что свидетельствует в пользу наличия в регионе сети передачи ВГС среди пациентов с ВИЧ-инфекцией.

Литература

1. ВОЗ. Информационный бюллетень. Гепатит В. 2025. Available from: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/hepatitis-b>; 1. ВОЗ. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/hepatitis-c>.
2. Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2024 году», 424 с..
3. Чуланов В.П., Городин В.Н., Сагалова О.И., Иванова М.Р., Кравченко И.Э., Симакова А.И., и др. Бремя вирусного гепатита С в Российской Федерации: от реальной ситуации к стратегии. Инфекционные болезни. 2021; 19(4): 52–63. DOI: 10.20953/1729-9225-2021-4-52-63.
4. Ровный В.Б., Жарков А.В., Катичева А.В., Мастерова И.Ю. Роль пангенотипных препаратов прямого противовирусного действия в лечении хронического вирусного гепатита С. Инфекционные болезни. Новости. Мнения. Обучение. 2024;13(3):83-88. DOI:10.33029/2305-3496-2024-13-3-83-88.
5. Cheung A., Kwo P. Viral Hepatitis Other than A, B, and C: Evaluation and Management. Clin Liver Dis 2020; 24: 405-419; DOI: 10.1016/j.cld.2020.04.008].
6. Te H., Doucette K. Viral hepatitis: Guidelines by the American Society of Transplantation Infectious Disease Community of Practice. Clin Transplant 2019; 33:e13514; DOI: 10.1111/ctr.13514.
7. Simmonds P., Bukh J., Combet C., Deleage G., Enomoto N., Feinstone S., et al. Consensus proposals for a unified system of nomenclature of hepatitis C virus genotype. Hepatology. 2005. 42: 962–73. DOI: 10.1002/hep.20819.
8. Borgia S.M., Hedskog C., Parhy B., Hyland R.H., Stamm L.M., Brainard D.M., et al. Identification of a Novel Hepatitis C Virus Genotype From Punjab, India: Expanding Classification of Hepatitis C Virus Into 8 Genotypes. J Infect Dis. 2018. 218(11):1722– 1729. DOI: 10.1093/infdis/jiy401.
9. Пименов Н.Н., Комарова С.В., Карандашова И.В., Цапкова Н.Н., Волчкова Е.В., Чуланов В.П. Гепатит С и его исходы в России: анализ заболеваемости, распространенности и смертности до начала программы элиминации инфекции. Инфекционные болезни. 2018;16(3):37-45. DOI: 10.20953/1729-9225-2018-3-37-45.
10. Pimenov N., Kostyushev D., Komarova S., Fomicheva A., Urtikov A., Belaia O., et al. Epidemiology and Genotype Distribution of Hepatitis C Virus in Russia. Pathogens. 2022 Dec 6;11(12):1482. DOI: 10.3390/pathogens11121482.
11. Акимов И.А., Тимофеев Д.И., Мавзютов А.Р., Иванов М.К. Выявление циркулирующей рекомбинантной формы RF1_2k/1b вируса гепатита С в сыворотке крови пациентов методом ОТ-ПЦР в режиме реального времени. Клиническая лабораторная диагностика.2021;66(2):122-128. DOI: DOI: 10.51620/0869-2084-2021-66-122-128.
12. Дементьева Н.Е., Калинина О.В., Знойко О.О., Беляков Н.А., Жебрун А.Б. Циркулирующая рекомбинантная форма вируса гепатита С RF2k/1b: проблемы диагностики и терапии. ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии. 2016;8(1):42-52. DOI: 10.22328/2077-9828-2016-8-1-42-52.
13. Kichatova V.S., Kyuregyan K.K., Soboleva N.V., Karlsen A.A., Isaeva O.V., Isagulians M.G., et al. Frequency of Interferon-Resistance Conferring Substitutions in Amino Acid Positions 70 and 91 of Core Protein of the Russian HCV 1b Isolates Analyzed in the T-Cell Epitopic Context. J Immunol Res. 2018;2018:7685371. DOI: 10.1155/2018/7685371.
14. Hall T.A. BioEdit: A User-Friendly Biological Sequence Alignment Editor and Analysis Program for Windows 95/98/NT. Nucleic Acids Symposium Series. 1999. 41, 95-98.
15. Bouckaert R., Vaughan T.G., Barido-Sottani J., Duchêne S., Fourment M., Gavryushkina A., et al. BEAST 2.5: An advanced software platform for Bayesian evolutionary analysis. PLoS computational biology.2019;15(4), e1006650.
16. Nguyen L.T., Schmidt H.A., von Haeseler A., Minh B.Q. IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. Mol Biol Evol. 2015;32(1):268-274. DOI: 10.1093/molbev/msu300.
17. Kouyos R.D., Rauch A., Böni J., Yerly S., Shah C., Aubert V., et al. Clustering of HCV coinfections on HIV phylogeny indicates domestic and sexual transmission of HCV. Int J Epidemiol. 2014;43(3):887-896. DOI: 10.1093/ije/dyt276.
18. Falade-Nwulia O., Hackman J., Mehta S.H., McCormick S.D., Kirk G.D., Sulkowski M. et al. Factors associated with phylogenetic clustering of hepatitis C among people who inject drugs in Baltimore. BMC Infect Dis. 2020;20(1):815. DOI: 10.1186/s12879-020-05546-x.
19. Bartlett S.R., Applegate T.L., Jacka B.P., Martinello M., Lamoury F.M., Danta M. et al. A latent class approach to identify multi-risk profiles associated with phylogenetic clustering of recent hepatitis C virus infection in Australia and New Zealand from 2004 to 2015. J Int AIDS Soc. 2019;22(2):e25222. DOI: 10.1002/jia2.25222.

УДК: 616.98:578.828HIV-036.22(470.62/.67+571.6)"2005/2024"
DOI: 10.62963/2073-2899-2026-53-47-57

ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ ВИЧ-ИНФЕКЦИИ НА ЮГЕ И ДАЛЬНЕМ ВОСТОКЕ РОССИИ

Суладзе А.Г.¹, Матузкова А. Н.¹, Твердохлебова Т.И.^{1,2}, Складная Е.А.¹, Гапон Э.А.¹, Шевченко Е.А.¹, Таенкова И.О.³, Базыкина Е.А.³

¹ФБУН «Ростовский научно-исследовательский институт микробиологии и паразитологии» Роспотребнадзора, г. Ростов-на-Дону, Российская Федерация

²ФГБОУ ВО «Ростовский государственный медицинский университет» Минздрава России, г. Ростов-на-Дону, Российская Федерация

³ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, г. Хабаровск, Российская Федерация

Автор, ответственный за взаимодействие с редакцией – Матузкова Анна Николаевна, к.м.н., врач-инфекционист Южного окружного центра по профилактике и борьбе со СПИДом, ФБУН «Ростовский научно-исследовательский институт микробиологии и паразитологии», e-mail: matuzkova@yandex.ru

АННОТАЦИЯ

Введение. ВИЧ-инфекция остается одной из ведущих проблем мирового здравоохранения. Важнейшим компонентом системы мер по противодействию эпидемии является мониторинг проводимых противоэпидемических мероприятий с целью оценки их объема, качества и эффективности.

Целью настоящего исследования стало изучение особенностей развития эпидемического процесса ВИЧ-инфекции на территории Дальневосточного, Южного, Северо-Кавказского федеральных округов (ДФО, ЮФО и СКФО).

Материалы и методы. Авторами проведен анализ эпидемиологических данных, полученных от 15 территориальных центров по профилактике и борьбе со СПИДом (ЦПБ со СПИДом) ЮФО и СКФО, а также от 11 территориальных ЦПБ со СПИДом ДФО.

Результаты и обсуждение. Комплексное изучение тенденций развития эпидемического процесса ВИЧ-инфекции в трех приграничных федеральных округах Российской Федерации свидетельствуют об устойчивой активности причин, приводящих к новым заражениям на всех анализируемых территориях. За весь период регистрации случаев ВИЧ-инфекции с 1987 до 2024 гг. на территории Юга и Дальнего Востока России количество людей, живущих с ВИЧ (ЛЖВ), продолжало увеличиваться. При этом отмечалась территориальная неравномерность показателя пораженности ВИЧ-инфекцией, но в среднем он был в 2-2,5 раза ниже среднероссийского. Основные тенденции развития эпидемического процесса ВИЧ-инфекции в ЮФО и ДФО практически совпадали (по показателям пораженности, заболеваемости, смертности, половозрастной структуре, по основным известным факторам риска заражения).

Заключение. Отличительными чертами течения эпидемического процесса ВИЧ-инфекции в ДФО является выявление наиболее высоких показателей распространенности ВИЧ-инфекции в промышленных регионах, где традиционно высока миграционная активность. К особенностям развития эпидемического процесса ВИЧ-инфекции на территориях ЮФО и СКФО относятся: природно-климатические условия, благоприятные для проживания, активные миграционные процессы, широкое развитие туризма, этнокультурные традиции, обилие курортных зон, высокая плотность населения.

Ключевые слова: ВИЧ-инфекция, пораженность, заболеваемость, факторы риска, эпидемический процесс, ДФО, ЮФО, СКФО

Информация о вкладе авторов: Концепция и дизайн исследования – Суладзе А.Г., Матузкова А.Н., Твердохлебова Т.И. Сбор и обработка материала – Суладзе А.Г., Матузкова А.Н., Складная Е.А., Гапон Э.А., Шевченко Е.А., Таенкова И.О. Написание текста – Суладзе А.Г., Матузкова А.Н. Статистическая обработка – Суладзе А.Г., Матузкова А.Н.

Редактирование текста – Твердохлебова Т.И., Таенкова И.О., Базыкина Е.А. Утверждение окончательного варианта статьи – Твердохлебова Т.И.

Соблюдение этических стандартов: данное исследование не требует представления заключения комитета по биомедицинской этике или иных документов.

Конфликт интересов: Авторы декларируют отсутствие конфликта интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

EPIDEMIOLOGICAL ASPECTS OF HIV-INFECTION IN THE RUSSIAN SOUTH AND FAR EAST

Suladze A.G.¹, Matuzkova A.N.¹, Tverdokhlebova T.I.^{1,2}, Sklyanaya E.A.¹, Gapon E.A.¹, Shevchenko E.A.¹, Taenkova I.O.³, Bazykina E.A.³

¹FBUN “Rostov research-scientific institute of microbiology and parasitology” of the Federal service for surveillance on consumers rights protection and human wellbeing (Rospotrebnadzor), Rostov-on-Don, Russia;

²FGBOU VO “Rostov state medical university” of the Ministry of healthcare of the Russian Federation, Rostov-on-Don, Russia;

³FBUN Khabarovsk research institute of epidemiology and microbiology of the Federal service for surveillance on consumers rights protection and human wellbeing (Rospotrebnadzor), Khabarovsk, Russia

SUMMARY

Introduction. HIV-infection remains one of the pressing issues of the world healthcare. Surveillance over performed antiepidemic measures remains one of the main components aimed at containing the epidemic through assessing the scope, quality and efficiency of preventive measures.

The objective of the current research was to evaluate peculiarities of the HIV-infection epidemic process development in the Far Eastern, Southern and North Caucasian federal districts.

Materials and methods. Authors performed analysis of epidemiological data obtained from 15 centers for prevention and combat against AIDS located in the Southern, North Caucasian and from 11 centers located in the the Far Eastern federal districts.

Results and discussion. Performed evaluation of the HIV-infection epidemic process development in three border districts of the Russian Federation indicates sustained factors resulting in new cases of infection in all examined territories. The number of people living with HIV residing in southern territories and russian Far East continued to grow during the whole period of surveillance over HIV-infection from 1989 to 2024. Unevenness of territorial distribution of the HIV-infection prevalence rate was determined. However, the prevalence mean rate in the examined regions was below the national average by 2-2.5 times. Main tendencies of the HIV-infection epidemic process development in Southern and Far Eastern federal districts were similar (prevalence and incidence rates, mortality, age and gender distribution, main risk factors).

Conclusion. High prevalence rates of HIV-infection in industrial regions with traditionally high migration were the distinctive features of the epidemic process in the Far Eastern federal district. Southern and North Caucasian federal districts had following peculiarities of the HIV-infection epidemic process: favorable environmental conditions, intensive migration processes, large tourism sector, ethno-cultural traditions, abundance of resort zones, high density of the population.

Key words: HIV-infection, prevalence, incidence, risk factors, epidemic process, Far Eastern Federal district, Southern federal district, North Caucasian federal district

Information about the authors' contributions: Research concept and design – Suladze A.G., Matuzkova A.N., Tverdokhlebova T.I. Data collection and processing – Matuzkova A.N., Sklyanaya E.A., Gapon E.A., Shevchenko E.A., Taenkova I.O. Text drafting – Suladze A.G., Matuzkova A.N. Statistical analysis – Suladze A.G., Matuzkova A.N. Manuscript editing – Tverdokhlebova T.I., Taenkova I.O., Bazykina E.A. Approval of the final version of the manuscript – Tverdokhlebova T.I.

Compliance with ethical standards: This study does not require submission of a biomedical ethics committee report or other documents.

Conflict of interest: The authors declare that no conflict of interest related to the publication of the article.

Введение

Вирус иммунодефицита человека (ВИЧ) в современном мире остаётся серьёзной проблемой для системы здравоохранения. Несмотря на согласованные глобальные меры по профилактике и лечению, общее количество ВИЧ-инфицированных людей в мировом масштабе продолжает увеличиваться [1, 2]. По оценкам ЮНЭЙДС, в 2024 году во всем мире жили с ВИЧ 41 млн человек, с начала регистрации ВИЧ-инфекции были инфицированы ВИЧ 91,4 млн человек, из них умерли от причин, связанных с ВИЧ-инфекцией 44,1 млн человек. В 2024 г. число новых выявленных случаев ВИЧ-инфекции было на уровне 1 млн 300 тыс. человек. В течение 2024 года в мире умерли от ВИЧ-инфекции 630 тыс. человек [2]. В различных странах и регионах мира, по-прежнему, сохраняются условия, способствующие активной передаче ВИЧ, что делает достижение цели ликвидации глобальной эпидемии ВИЧ-инфекции к 2030 г. весьма сложной задачей [3]. Одной из серьёзных проблем стало изменение структуры путей передачи ВИЧ в ряде регионов мира, при этом гетеросексуальный путь передачи ВИЧ стал доминирующим, что повлекло за собой трансформацию половозрастной структуры новых случаев ВИЧ-инфекции.

В период с 2011 по 2024 гг. в Российской Федерации продолжалось увеличение пораженности населения ВИЧ-инфекцией [4, 5, 6]. В последние годы заболеваемость ВИЧ-инфекцией в стране имеет тенденцию к снижению, но продолжает регистрироваться на высоком уровне, существенно превышая показатели в странах Европы и Северной Америки [4].

Изучая тенденции ВИЧ-инфекции как целостной системы, необходимо детально анализировать динамику заболеваемости, факторы влияния и роль поведенческих детерминант [7, 8]. Широкая география Российской Федерации формирует современные миграционные процессы, которые поддерживаются тесными связями между регионами нашей страны, а также странами СНГ и ближнего зарубежья, играют важнейшую роль в обогащении трудового потенциала России.

В настоящее время в ряде регионов России наблюдается изменение динамики эпидемического процесса ВИЧ-инфекции [9-11]. Вместе с тем наблюдаемые тенденции в изменении половозрастной структуры больных ВИЧ-инфекцией диктуют необходимость детального изучения значимости различных контингентов, оперативного внедрения дополнительных мер, направленных на стабилизацию эпидемиологической ситуации. Приграничные территории могут играть значимую роль в развитии эпидемии ВИЧ-инфекции в связи с нестабильностью состава населения и постоянными миграционными потоками, что, в свою очередь, может влиять на эпидемиологическую ситуацию сразу в нескольких субъектах Российской Федерации [11].

Цель настоящего исследования - изучение особенностей развития эпидемического процесса ВИЧ-инфекции на территории Дальневосточного, Южного и Северо-Кавказского федеральных округов (ДФО, ЮФО и СКФО).

Материалы и методы

Проведен анализ эпидемиологических данных за 2005-2024 гг., полученных ФБУН «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора и ФБУН «Ростовский научно-исследовательский институт микробиологии и паразитологии» Роспотребнадзора из 26 территориальных Центров по профилактике и борьбе со СПИДом Дальневосточного, Южного и Северо-Кавказского федеральных округов (ДФО, ЮФО и СКФО), а также форм мониторинга Роспотребнадзора «Сведения о мероприятиях по профилактике ВИЧ-инфекции, гепатитов В и С, выявлению и лечению больных ВИЧ». Сведения о случаях ВИЧ-инфекции, зарегистрированных в новых воссоединенных территориях Российской Федерации (Луганская и Донецкая Народные Республики, Херсонская и Запорожская области) не включены в материалы работы и не обсуждаются в данной статье. Исторически так сложилось, что территориальный состав анализируемых федеральных округов менялся. После образования в 2000 г. 7-ми федеральных округов Российской Федерации в том же году Северо-Кавказский федеральный округ был переименован в Южный. В его состав вошли 13 субъектов Российской Федерации, расположенных на юге европейской части России. Впоследствии, в 2010 г. из ЮФО был выделен СКФО. Эпидемиологический анализ в период с 2005 по 2010 гг. проводился в соответствии с территориальным составом ЮФО и СКФО по состоянию на 2010 г. В целях повышения эффективности деятельности органов государственной власти в 2016 г. к ЮФО были присоединены Республика Крым и г. Севастополь. Соответственно, при изучении общих закономерностей и региональных особенностей эпидемического процесса ВИЧ-инфекции на Юге России с 2016 г. в эпидемиологический анализ дополнительно были включены сведения, полученные из данных территорий. В 2018 г. в состав ДФО были включены Республика Бурятия и Забайкальский край, таким образом, начиная с 2018 г. расчет эпидемиологических показателей в ДФО включал случаи о ВИЧ-инфекции, зарегистрированные в указанных субъектах. Визуализация данных эпидемиологического надзора за ВИЧ-инфекцией в субъектах Российской Федерации, пространственно привязанных к территории (карте), была апробирована с помощью свободной кроссплатформенной геоинформационной системы – NexGIS QGIS версия QGIS:25.8.1 [<https://nextgis.ru/>]. Выходные карты были созданы с использованием проекционной системы координат EPSG:4326 (WGS84 из Open

Street Map, <https://www.qgis.org/>). QGIS является открытой профессиональной ГИС-платформой, с помощью которой возможно визуализировать, редактировать и анализировать массивы данных, создавать картографическую информацию с размещением различных параметров. Статистическая обработка данных осуществлялась с использованием программы Microsoft Office Excel 2013.

Результаты и обсуждение

Эпидемический процесс ВИЧ-инфекции имеет свои особенности в различных регионах России, в частности, на Юге и Дальнем Востоке страны.

Дальневосточный федеральный округ (ДФО) - крупнейший в России регион (около 41% территории России), охватывающий восток страны от севера до субтропиков. Он граничит с Китаем, КНДР и Монголией (сухопутные), Японией и США (морские), омываясь водами Тихого и Северного Ледовитого океанов. ДФО имеет торгово-экономические и туристические связи, играющие ключевую роль в развитии региона. Основные торговые партнеры включают страны Азиатско-Тихоокеанского региона, такие как Китай, Япония и Республика Корея. Туристический потенциал основан на уникальной природе (Камчатка, Сахалин), экологическом и трансграничном туризме.

Южный и Северо-Кавказский федеральные округа расположены на юге европейской части России. ЮФО граничит на западе и северо-западе с Украиной, на востоке – с Казахстаном, на юге – с Абхазией. Территории ЮФО омываются Черным, Азовским и Каспийским морями. ЮФО – важнейший агропромышленный и туристический центр России с высоким потенциалом. Туристический сектор базируется на курортах Краснодарского края, Крыма и бальнеологических ресурсах. СКФО граничит на юге – с Грузией, Азербайджаном, Абхазией и Южной Осетией. Восточная граница проходит по Каспийскому морю, южная – по Главному Кавказскому хребту. СКФО также обладает значительными торгово-экономическими и туристическими ресурсами, опираясь на уникальные природные условия, курорты Кавказских Минеральных Вод и горные ландшафты.

В изучаемых округах ведущими угрозами распространения ВИЧ-инфекции, связанными с внешними рисками, являются высокая миграционная активность населения региона, интенсивное развитие международного туризма, расширение торгово-экономических связей. Также важнейшим аспектом является значительная активизация миграционных процессов на фоне нестабильной политической ситуации в мире [11-14].

За весь период регистрации случаев ВИЧ-инфекции (с 1987г.) в ЮФО и СКФО число людей, живущих с ВИЧ (ЛЖВ), продолжало увеличиваться и по состоянию на 31.12.2024 г. составило 87 875 человек. Показатель пораженности был на уровне 327,0 на 100 тыс. населения (по ЮФО - 443,0 на 100 тыс. населения; по СКФО - 139,7). Вместе с тем отмечалась территориальная неравномерность пораженности ВИЧ-инфекцией населения регионов ЮФО и СКФО. Высокий уровень пораженности ВИЧ (около 0,5% населения) на конец 2024 года в ЮФО был выявлен в Республике Крым (622,7 на 100 тыс. населения), Краснодарском крае (500,3 на 100 тыс. населения), г. Севастополе (484,9 на 100 тыс. населения), Волгоградской области (454,9 на 100 тыс. населения). Среди регионов СКФО наибольшей пораженностью ВИЧ характеризовались: Кабардино-Балкарская Республика (172,6 на 100 тыс. населения), Республика Северная Осетия-Алания (203,9 на 100 тыс. населения), Ставропольский край (177,1 на 100 тыс. населения) (рис. 1).

Наименее пораженными территориями на 31.12.2024 года на Юге России оставались Чеченская Республика (79,8 на 100 тыс.) и Республика Калмыкия (87,0 на 100 тыс.) (рис. 1).

Большинство ВИЧ-позитивного населения Юга России проживает в регионах ЮФО – 83,2% (в том числе в Краснодарском крае – 24,7% от общего числа ЛЖВ, в Республике Крым – 22,3%, в Ростовской области – 15,3%). На территории СКФО проживает 16,8% инфицированных ВИЧ (в том числе в Ставропольском крае – 5,5% от общего числа ЛЖВ, Республике Дагестан – 3,4%).

В ДФО среднеокружной показатель пораженности ВИЧ-инфекцией в 2024 г. составил 411,6 на 100 тыс. населения. Как и в южных территориях страны наблюдалась его территориальная неравномерность с колебаниями от 123,8 на 100 тыс. населения в Республике Саха (Якутия) до 695,9 в Республике Бурятия. Выше среднеокружного отмечен уровень пораженности также в Приморском крае, Чукотском автономном округе (ЧАО) и Забайкальском крае. Очевидно, что наиболее высокий показатель распространенности инфекции отмечен в промышленных районах, где пребывают наибольшее количество мигрантов, приезжающих на сезонные работы. В основном, приезжают в ДФО из Кемеровской, Иркутской, Новосибирской областей, Алтайского края. В указанных территориях показатели заболеваемости и пораженности выше среднероссийского уровня в 2-3 раза.

В 2024 г. на Юге России было зарегистрировано 5 825 новых случаев заражения ВИЧ. Показатель заболеваемости ВИЧ-инфекцией в 2024 г. составил 21,7 на 100 тыс. населения, что на 17% ниже аналогичного показателя за 2023 год. При сравнении анализируемого показателя по ЮФО и СКФО, как и в прошлые годы, значительно ниже заболеваемость ВИЧ-инфекцией была в СКФО.

С помощью ГИС-технологий проведена оценка плотности распределения случаев ВИЧ-инфекции, обнаружены зоны с различным уровнем заболеваемости и пораженности. Наибольшее эпидемиологическое значение имели территории, сочетающие близость к мегаполисам и

рекреационным зонам Чёрного и Азовского морей, горным курортам Северного Кавказа, а также курортной зоне Кавказских Минеральных Вод (рис. 1 и 2).

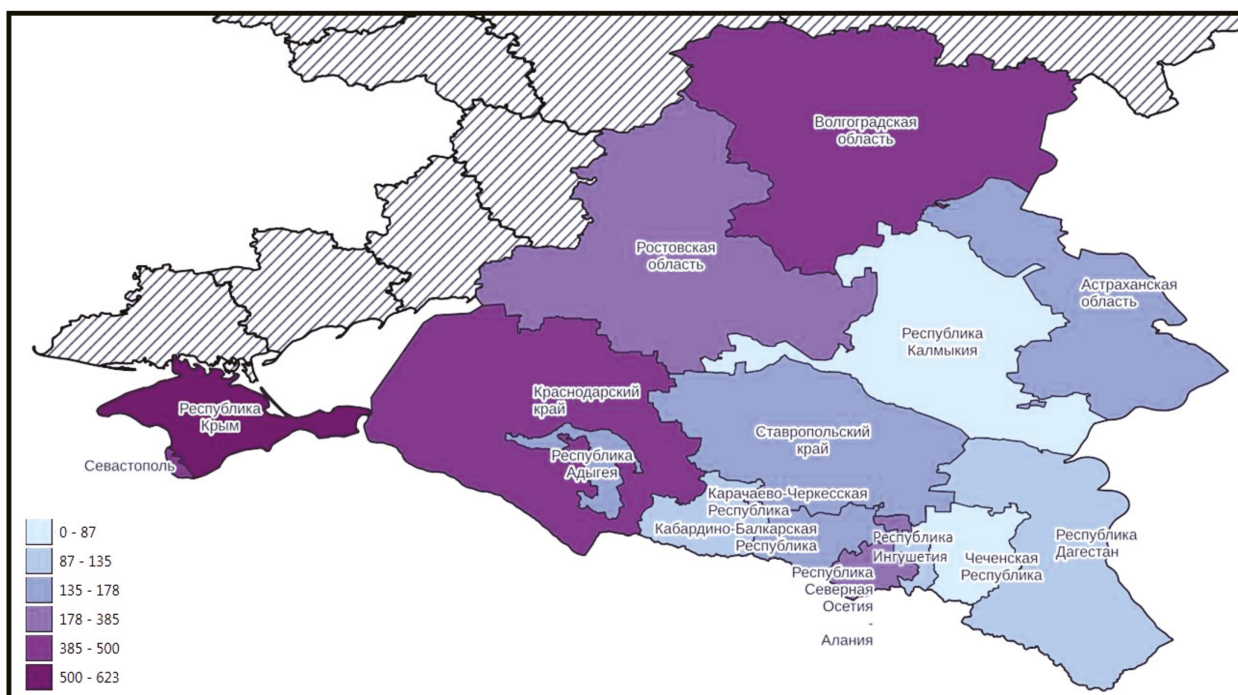


Рис. 1. Пораженность ВИЧ-инфекцией в субъектах Российской Федерации, входящих в состав ЮФО и СКФО, на 100 тыс. населения на 31.12.2024 г.

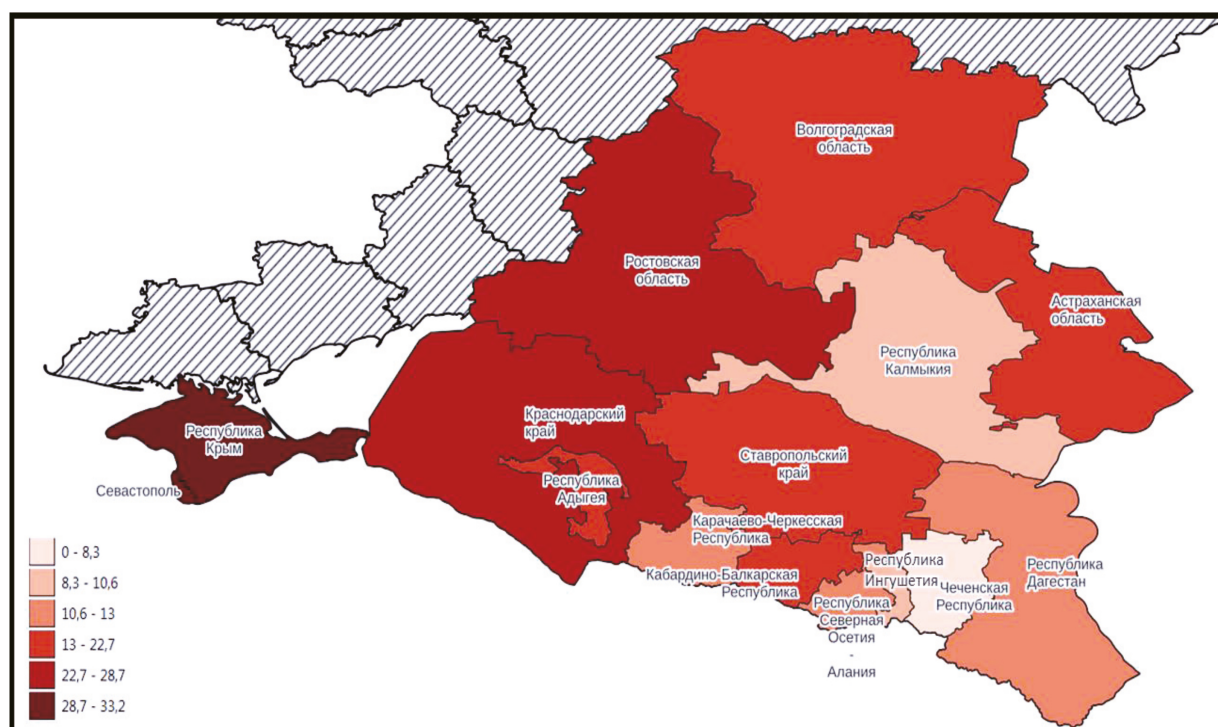


Рис. 2. Заболеваемость ВИЧ-инфекцией в субъектах Российской Федерации, входящих в состав ЮФО и СКФО, на 100 тыс. населения в 2024 г.

Кривая годовых показателей заболеваемости на Дальнем Востоке и Юге России с 2005 г. совпадает с общероссийской, но демонстрирует меньшую интенсивность развития эпидемического процесса, чем в целом по стране. Регистрируемая в последние годы заболеваемость ВИЧ-инфекцией в ДФО, ЮФО и СКФО имеет тенденцию к снижению (рис.3).

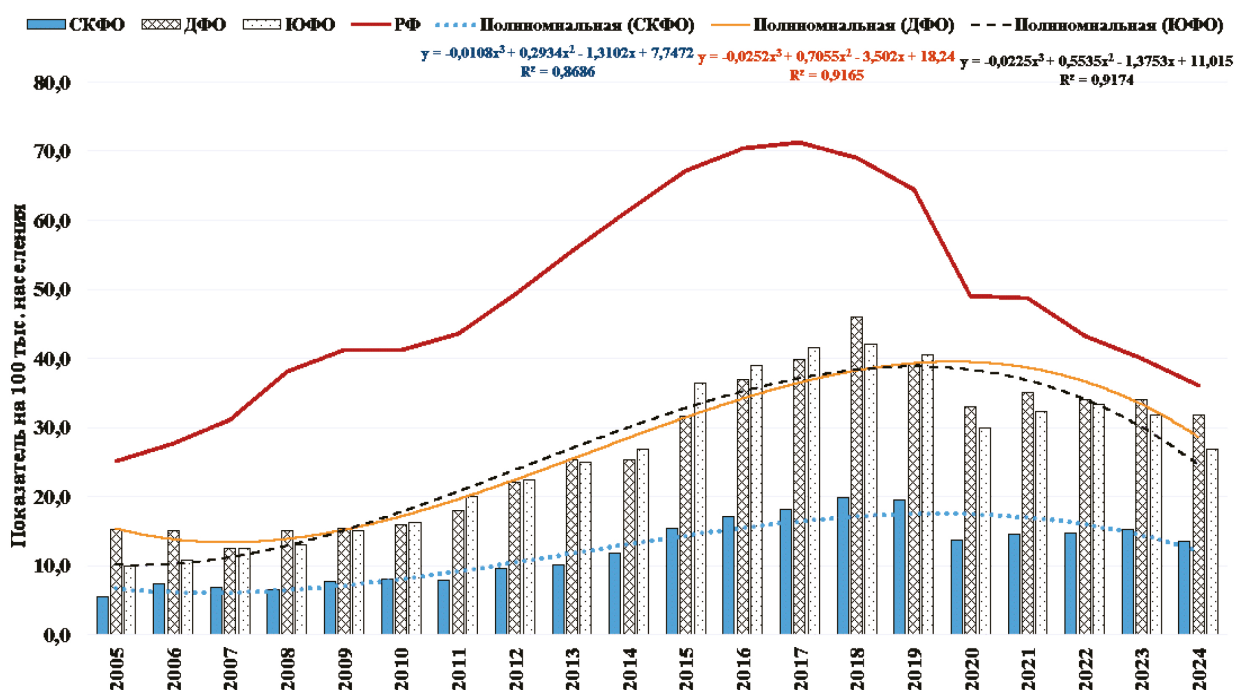


Рис. 3. Динамика заболеваемости ВИЧ-инфекцией населения ДФО, ЮФО и СКФО

Для изучения структуры временного ряда динамики заболеваемости ВИЧ-инфекцией за последние 20 лет был применен метод математического моделирования, который позволил провести периодизацию эпидемического процесса в ЮФО, СКФО и ДФО с выделением 3-х основных периодов:

1) период роста заболеваемости продолжительностью 10 лет с 2005 по 2016 гг. со среднемноголетним уровнем 9,5 на 100 тыс. населения в СКФО; 20,6 – в ЮФО и 20,7 – в ДФО. Присоединение к ЮФО г. Севастополя и Республики Крым в 2016 г., безусловно, отразилось и на увеличении показателей заболеваемости в ЮФО, но значимого влияния на динамику эпидемического процесса ВИЧ-инфекции на Юге России не оказало.

2) период стабилизации в течение 3-х лет с 2017 по 2019 гг. со средним уровнем анализируемого показателя 19,2 на 100 тыс. населения в СКФО; 41,4 – в ЮФО. Важным нюансом является включение Республики Бурятия и Забайкальского края в состав ДФО в 2018 г. Данные субъекты характеризуются высокими показателями заболеваемости ВИЧ-инфекцией, что привело к её значительному росту в ДФО начиная с 2018 г. Оценка среднего уровня заболеваемости ВИЧ-инфекцией за 2017-2019 гг. в целом по ДФО будет приводить к искажению трактовки тенденции эпидемиологических показателей, так как выявленный рост заболеваемости был обусловлен не истинным ухудшением эпидемической ситуации, но изменением состава регионов округа.

3) период снижения заболеваемости ВИЧ-инфекцией продолжительностью 5 лет с 2020 по 2024 гг. со среднемноголетним уровнем 14,3 на 100 тыс. населения в СКФО; 30,9 – в ЮФО и 33,6 – в ДФО.

Наиболее оптимальной математической моделью эпидемического процесса ВИЧ-инфекции для трех анализируемых федеральных округов Российской Федерации явилась полиномиальная аппроксимация ($R^2=0,9$ для ЮФО, СКФО и ДФО) (рис. 3). Полученные значения коэффициента детерминации R^2 позволяют говорить о достаточно высокой вероятностной связи расчетных значений с ретроспективными данными по заболеваемости ВИЧ-инфекцией на уровне достоверности $p<0,05$. Результаты данного исследования свидетельствуют об адекватности и своевременности проводимых мероприятий и существенных положительных изменениях в борьбе с распространением ВИЧ-инфекции.

За период 2020-2024 гг. заболеваемость ВИЧ-инфекцией, как показатель интенсивности эпидемического процесса на Юге России, оставалась стабильной в пределах 22,0 – 26,0 на 100 тыс. населения. Сравнение показателей заболеваемости между Южным и Северо-Кавказским федеральными округами на протяжении 20 лет показывает, что эпидемический процесс развивается в них в сходном направлении, однако, в регионах Южного федерального округа он развивается с большей интенсивностью.

В период с 2020 по 2024 гг. уровень заболеваемости в субъектах ЮФО был в пределах 26,9 – 33,3 на 100 тыс. населения. Значительно превышены были средние по округу показатели

Выше среднероссийского уровня в южных территориях (ЮФО и СКФО) показатель заболеваемости был только в Республике Крым в 2021 и 2023 гг. (рис.4 и 5).

В 2024 г. по отношению к 2023 г. темп прироста числа новых зарегистрированных случаев ВИЧ-инфекции на Юге России имел отрицательное значение (-15,2%). В 2024 г. отрицательный темп прироста регистрировался в 14-ти субъектах ЮФО и СКФО. Наибольшие отрицательные значения отмечались в Республике Крым (-28,1%), Карачаево-Черкесской Республике (-27,4%), Ростовской области (-26,1%), Республике Северная Осетия-Алания (-22,1%). Положительное значение темпа прироста показателя заболеваемости было зарегистрировано только в Республике Адыгея (3,9%).

Снижение заболеваемости ВИЧ-инфекцией в 2024 г. может быть обусловлено как изменением структуры обследуемых контингентов населения, влиянием различных социальных факторов (в том числе стигматизация и дискриминация представителей групп повышенного риска по заражению ВИЧ), так и эффективностью профилактических и противоэпидемических мер, в том числе расширением доступа к антиретровирусной терапии. Вместе с тем приток ВИЧ-позитивных в ЮФО из других территорий страны, а также из сопредельных стран, усилившийся в последние годы, значительно осложняет эпидемическую обстановку на Юге России, требует проведения адекватных противоэпидемических и профилактических мероприятий.

Средне-дальневосточный окружной показатель заболеваемости ВИЧ-инфекцией в последние годы относительно стабильный. В 2024 г. он равен 31,9 на 100 тыс. населения, что в 1,14 раза ниже общероссийского показателя, составившего в 2024 г. 36,1 на 100 тыс. населения [5]. В 2024 г., согласно данным референс-центра по мониторингу за ВИЧ и ВИЧ-ассоциированными инфекциями ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, из всех субъектов ДФО Чукотский автономный округ (ЧАО), Республика Бурятия, Приморский край, Камчатский край и Магаданская область вошли в число 34 субъектов РФ с наиболее высокой заболеваемостью, превышающей общероссийский показатель.

По итогам 2024 года в ЮФО и СКФО среди впервые зарегистрированных случаев ВИЧ-инфекции, по-прежнему, преобладали мужчины (60,8%). На долю женщин приходилось 39,2%. Соотношение мужчин и женщин, как и в 2023 году, составило 1,6:1. В ДФО также среди ВИЧ-инфицированных с впервые выявленным диагнозом в 2024 г. сохраняется высокая доля мужчин – 61,7%.

Как на Юге страны, так и на Дальнем Востоке отмечается тенденция заражения ВИЧ населения наиболее активного трудоспособного возраста. В 2024 году в ЮФО 59,9% случаев ВИЧ-инфекции были впервые выявлены у лиц в возрасте от 30 до 49 лет. В ДФО также, как и в ЮФО подавляющее большинство новых случаев заражения отмечалось в возрастной группе старше 40 лет. При этом в анализируемом году некоторые отличия возрастной структуры отмечались в СКФО, где наблюдалось смещение основной возрастной категории в сторону более молодого возраста от 20 до 39 лет, удельный вес которой составил 50,7% (табл 1).

Таблица 1.

Динамика распределения по возрастам новых случаев ВИЧ-инфекции, выявленных в ДФО, ЮФО и СКФО за 2023-2024 гг.

Возрастные группы	2023 г.			2024 г.		
	СКФО (%)	ЮФО (%)	ДФО (%)	СКФО (%)	ЮФО (%)	ДФО (%)
0-19 лет	2,3	1,3	2,4	2,0	1,3	1,5
20-39 лет	43,0	39,9	41,7	50,7	38,0	38,6
40 лет и старше	54,7	58,8	59,6	47,3	60,7	69,9

В ЮФО и ДФО, напротив, в последние годы увеличился удельный вес инфицированных ВИЧ более старших возрастных групп (таблица). Такая закономерность отмечена и на других территориях [5-7, 9, 10]. Учитывая мультиморбидность, свойственную старшей возрастной категории, а также увеличивающуюся с каждым годом пораженность населения ВИЧ-инфекцией, возрастает число обращений ВИЧ-позитивных в медицинские организации (МО) за любыми видами медицинской помощи по клиническим показаниям, что требует пристального внимания за соблюдением санитарно-противоэпидемического режима в МО ЮФО и СКФО.

В течение периода 2020-2024 гг. у подавляющего большинства впервые выявленных инфицированных ВИЧ во всех 3-х анализируемых округах ведущим фактором передачи вируса иммунодефицита человека были «незащищенные» гетеросексуальные контакты. Отмечена тенденция к росту доли данного пути распространения ВИЧ в ДФО (с 62,2% в 2020 г. до 75,6% в 2024 г.), в ЮФО (с 70,3% до 78,0%, соответственно) и в СКФО (с 70,0% до 84,8%, соответственно). К

началу 2025 года удельный вес гетеросексуальной передачи ВИЧ в СКФО превысил аналогичный показатель по ЮФО и ДФО (84,8% против 78,0% и 75,6, соответственно).

Доля парентерального пути передачи при инъекционном потреблении наркотиков продолжала снижаться (с 26,2% - в 2020 году до 16,3% в 2024 г. на Юге России и с 28,9% - в 2020 году до 17,5% в 2024 г. в ДФО). Отмечено, что в СКФО произошло снижение доли инфицированных при внутривенном введении психоактивных веществ в 2,1 раза, в ДФО – в 1,7 раза, а в ЮФО – в 1,5 раза.

Доля вертикального пути передачи снизилась на Юге России и в ДФО с 2020 г. по 2024 г. в 2 раза (0,9% против 0,4% и 0,6% против 0,3%, соответственно).

Случаи подозрения на заражение ВИЧ при оказании медицинской помощи в медицинских организациях ЮФО, ДФО и СКФО за анализируемый период не получили подтверждения.

Важным показателем эффективности противодействия распространению ВИЧ-инфекции и мероприятий по минимизации ее отрицательных социально-экономических последствий является уровень смертности от ВИЧ-инфекции.

На Юге России показатель смертности среди ВИЧ-инфицированных с 2022 по 2024 гг. стабилизировался на уровне 11,9-12,0 на 100 тыс. населения, а в ДФО – 16,7-17,2 на 100 тыс. населения. В 2024 г. в ЮФО умерло 2 686 больных ВИЧ-инфекцией, в ДФО – 1 340 человек, а в СКФО – 520 человек. В субъектах Российской Федерации ЮФО показатель смертности в 2024 году составил – 16,2 на 100 тыс. населения, в ДФО – 17,1 на 100 тыс. населения, в СКФО – 5,1 на 100 тыс. населения. В 2024 году в ЮФО наиболее высокая смертность среди больных ВИЧ-инфекцией была зарегистрирована в Волгоградской области, Республике Крым и г. Севастополь, в СКФО - в Ставропольском крае, Республике Северная Осетия-Алания и Кабардино-Балкарской Республике, в ДФО - в Приморском крае, Республике Бурятия и Забайкальском крае.

При этом среди всех летальных исходов в 2024 г. менее половины случаев приходилось на умерших вследствие ВИЧ-инфекции: в ЮФО - 25,8%, в СКФО – 27,9%, в ДФО – 23,1%. При анализе смертности от заболеваний, непосредственно связанных с ВИЧ-инфекцией, в 2024 г. на Юге России отмечено снижение анализируемого показателя на 11,4% по сравнению с предыдущим годом (2023г. - 3,5 на 100 тыс. населения; 2024 г. - 3,1 на 100 тыс. населения), в ДФО – на 22,0% (2023г. – 5,0 на 100 тыс. населения; 2024 г. - 3,9 на 100 тыс. населения).

Таким образом, анализ параметров эпидемического процесса ВИЧ-инфекции на Дальнем Востоке и Юге России показывает, что регионы ДФО, ЮФО и СКФО можно отнести к территориям со средней пораженностью и медленным характером развития эпидемического процесса ВИЧ-инфекции по сравнению с другими регионами России. Выявленные различия интенсивности эпидемического процесса ВИЧ-инфекции (пораженность, заболеваемость) между субъектами Российской Федерации в ЮФО и СКФО можно объяснить региональными особенностями, такими как географическое расположение (приближенность или удаленность отдельных регионов от крупных очагов ВИЧ-инфекции), активные миграционные процессы, широкое развитие туризма, различия в этнокультурных традициях, а также демографическими различиями на окружном уровне (более низкая плотность населения в СКФО по сравнению с ЮФО). Невысокая интенсивность эпидпроцесса ВИЧ-инфекции в СКФО объясняется также более широким распространением традиционных и религиозных ценностей (порицание сексуальных отношений до брака и вне брака, употребления алкоголя и наркотиков и пр.).

Как и в предыдущем году, в настоящее время важным фактором, осложняющим эпидемиологическую обстановку в южных регионах страны, является значительное усиление миграционных процессов [12]. Внешние риски инфицирования ВИЧ также связаны с осложнением политической ситуации в стране, в том числе СВО, повлекшей за собой волну мигрантов, в том числе на Юг Российской Федерации, в основном – в Республику Крым, Ростовскую, Волгоградскую области и Краснодарский край.

Внутренние риски сводятся к возросшим туристическим потокам на курортные территории Черного и Азовского морей российскими гражданами, в том числе с удаленных регионов страны с высокой заболеваемостью ВИЧ-инфекцией. По-прежнему, высокий уровень заболеваемости регистрируется на территориях причерноморской курортной зоны и в портовых городах.

В ДФО наиболее высокий показатель распространенности инфекции отмечен в промышленных районах, в которые прибывает наибольшее количество мигрантов, приезжающих на сезонные работы. В основном, приезжают в ДФО из Кемеровской, Иркутской, Новосибирской областей, Алтайского края. В указанных территориях показатели заболеваемости и пораженности выше среднероссийского уровня в 2-3 раза.

Также важнейшим фактором активизации эпидемического процесса ВИЧ-инфекции является активизация наркотрафика, появление в незаконном обороте новых наркотических средств, обладающих наркотенным потенциалом психотропных веществ, увеличивается популярность синтетических неинъекционных психостимуляторов, под воздействием которых их потребители чаще практикуют более опасное сексуальное поведение.

Заключение

Социально-географические особенности территорий нашей страны еще на начальном этапе распространения ВИЧ-инфекции определили различия в развитии эпидемического процесса. Регионы ДФО, ЮФО и СКФО можно отнести к территориям со средней пораженностью и медленным характером развития эпидемического процесса ВИЧ-инфекции по сравнению с другими регионами России.

При сравнительном анализе были выявлены как сходные тенденции развития эпидемического процесса ВИЧ-инфекции, так и некоторые отличия. Так, во всех изучаемых округах основным контингентом ВИЧ-инфицированных были люди активного трудоспособного фертильного возраста (30-49 лет). Однако, если в начале 2000-х гг. основная часть выявляемых больных была в возрасте до 29 лет, то в последние годы ВИЧ-инфекция диагностируется в более старших возрастных группах. При этом половой путь передачи ВИЧ-инфекции (преимущественно, гетеросексуальный) стал доминирующим. Во всех изучаемых федеральных округах наблюдается превышение впервые зарегистрированных случаев над числом летальных исходов среди ВИЧ-позитивных лиц, что приводит к увеличению пораженности населения ВИЧ-инфекцией. Среди всех летальных исходов менее половины случаев приходилось на умерших вследствие ВИЧ-инфекции. В последние годы наметилась тенденция к снижению доли пациентов, непосредственной причиной смерти у которых явилась ВИЧ-инфекция. Наибольшее эпидемиологическое значение имели территории, сочетающие близость к мегаполисам.

К отличительным чертам течения эпидемического процесса ВИЧ-инфекции в ДФО стало выявление наиболее высоких показателей распространенности ВИЧ-инфекции в промышленных регионах, т. е. на территориях, где традиционно высока миграционная активность. Все это диктует необходимость обязательного прохождения скрининговой диагностики на ВИЧ-инфекцию всех лиц, прибывающих на вахтовую работу, и разработки межведомственного подхода для принятия согласованных решений системы здравоохранения с промышленными предприятиями и недропользователями.

Также были определены особенности, свойственные южным территориям. К ним относятся географическое расположение, природно-климатические условия, благоприятные для проживания, миграционные процессы, широкое развитие туризма, этнокультурные традиции, обилие курортных зон, высокая плотность населения. Невысокая интенсивность эпидпроцесса ВИЧ-инфекции в СКФО объясняется также более широким распространением традиционных и религиозных ценностей. Среди новых выявленных случаев ВИЧ-инфекции в СКФО в 2024 году наблюдалось смещение основной возрастной категории в сторону более молодого возраста от 20 до 39 лет, удельный вес которой составил 50,7%.

Литература

1. Котова В.О., Троценко О.Е., Балахонцева Л.А., Базыкина Е.А. Распространенность геновариантов ВИЧ-1 в мире и Российской Федерации (обзор литературы). Дальневосточный журнал инфекционной патологии. 2019;36:98-103.
2. Статистика ВИЧ: весь мир и регионы ВОЗ, 2025 г. https://cdn.who.int/media/docs/default-source/hq-hiv-hepatitis-and-stis-library/who-ias-hiv-statistics_2025-new.pdf?sfvrsn=5023deae_15.
3. De Lay PR, Benzaken A, Karim QA, et al. Ending AIDS as a public health threat by 2030: Time to reset targets for 2025. PLoS Med. 2021;18(6):e1003649. DOI: 10.1371/journal.pmed.1003649.
4. Ладная Н.Н., Покровский В.В. Эпидемическая ситуация по инфекции, вызываемой ВИЧ, в Российской Федерации в 2024 г. Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. 2025;15(3):13-18. DOI: 10.18565/epidem.2025.15.3.13-18.
5. Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека. О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2024 году: Государственный доклад. М.; 2025. 253 с.
6. Покровский В.В., Ладная Н.Н., Соколова Е.В. ВИЧ-инфекция. Информационный бюллетень №50. Москва; 2025. 79 с.
7. Грибова А.В., Эсауленко Е.В., Леонова О.Н., Краснова О.Г., Черкес Н.Н. Анализ эпидемического процесса ВИЧ-инфекции в полуконтинентальном регионе. Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение. 2025;14(2):48-56. DOI: 10.33029/2305-3496-2025-14-2-48-56.
8. Бояркина С.И., Ходоренко Д.К. Социетальные детерминанты как факторы риска распространения ВИЧ-инфекции в регионах России. Анализ риска здоровью. 2021;(3):118-128. DOI: 10.21668/health.risk/2021.3.11.
9. Рындич А.А., Матузкова А.Н., Твердохлебова Т.И., Суладзе А.Г., Воронцов Д.В. Динамика развития эпидемического процесса ВИЧ-инфекции на Юге России. Инфекционные болезни. 2023;21(3):6-13. DOI: 10.20953/1729-9225-2023-3-6-13.

10. Левахина Л.И., Блох А.И., Пасечник О.А. ВИЧ-инфекция в Сибирском федеральном округе Российской Федерации. ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии. 2025;16(4):107-116. DOI:10.22328/2077-9828-2024-16-4-107-116.
11. Мазус А.И., Николаева И.В., Антонова А.А., и др. Тенденции ВИЧ-инфекции в приграничной зоне Российской Федерации на примере Белгородской области. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2025;102(6):719-736. DOI: 10.36233/0372-9311-743.
12. Чернова О.А. Социально-демографические аспекты миграции и их влияние на устойчивость развития южнороссийских регионов. Регионоведение. 2023;31(4):634-649. DOI: 10.15507/2413-1407.125.031.202304.634-649.
13. Serwin K, Mielczak K, Urbańska A, et al. Comparison of HIV-1 A6 dispersal dynamics in Poland before and after the war in Ukraine. PLoS Pathog. 2025;21(8):e1013369. DOI: 10.1371/journal.ppat.1013369.
14. Мукомель В.И., Григорьева К.С., Монусова Г.А., и др. Адаптация и интеграция мигрантов в России: вызовы, реалии, индикаторы. Москва: Федеральный научно-исследовательский социологический центр Российской академии наук; 2022. 400 с. DOI: 10.19181/monogr.978-5-89697-407-9.2022.

УДК: 616.98:578.828HIV-036.22:008.1(571.6)"2025"
DOI: 10.62963/2073-2899-2026-53-58-64

СОВРЕМЕННАЯ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКАЯ СИТУАЦИЯ С РАСПРОСТРАНЕНИЕМ ВИЧ-ИНФЕКЦИИ В ДАЛЬНЕВОСТОЧНОМ ФЕДЕРАЛЬНОМ ОКРУГЕ (КРАТКИЙ АНАЛИЗ ЗА 2025 г.)

Таенкова И.О., Троценко О.Е., Балахонцева Л.А.

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

Ответственный за взаимодействие с редакцией: Таенкова Ирина Олеговна – научный сотрудник лаборатории эпидемиологии и профилактики ВИЧ-инфекции и вирусных гепатитов ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, e-mail: aids_27dv@mail.ru

АННОТАЦИЯ

Введение. Развитие эпидемии ВИЧ-инфекции в Дальневосточном федеральном округе, как и в России, остается актуальной медико-социальной проблемой, представляющей серьезную угрозу жизни человека и несущую серьезные социально-экономические последствия.

Цель исследования – выявление особенностей эпидемического процесса и обоснование необходимых мер по противодействию распространения ВИЧ-инфекции в Дальневосточном федеральном округе.

Материалы и методы. Материалом для исследования послужили данные, полученные по запросу Дальневосточного окружного центра по профилактике и борьбе со СПИДом, из 11 территориальных центров по профилактике и борьбе со СПИДом, входящих в состав Дальневосточного федерального округа. Использовался метод описательной и аналитической эпидемиологии. Статистический анализ осуществлялся стандартными методами.

Результаты и обсуждение. К январю 2026 г. кумулятивное число ВИЧ-инфицированных в округе составило 62 477 чел. Охват тестированием населения на ВИЧ-инфекцию достиг 36,1%. Показатель заболеваемости в 2025 году составил 26,9, а пораженности – 420,2 на 100 тыс. населения. Среди вновь выявленных случаев заболевания сохраняется высокая доля мужчин, подавляющее большинство новых случаев заражения отмечается в возрастной группе 40 лет и старше. Превалирует половой гетеросексуальный путь заражения (79,0%). На диспансерном учете состоит 92,8% от всех живущих с ВИЧ. Из числа ВИЧ-инфицированных, проживающих в 2025 году в ДФО, 81,5% получали антиретровирусную терапию. Смертность составила 16,4 на 100 тыс. населения, а летальность 0,82%. Активно проводилась профилактическая работа с населением.

Заключение. Эпидемия ВИЧ-инфекции в округе имеет концентрированный характер (инфицировано ВИЧ 0,42% от общей численности населения округа; на 15,7% уменьшилось количество впервые выявленных больных ВИЧ-инфекцией). С целью мониторинга ситуации будет продолжено изучение как основных эпидемиологических показателей, так и анализ уровня осведомленности различных групп населения о ВИЧ-инфекции, оценка профилактической работы.

Ключевые слова: ВИЧ-инфекция, Дальневосточный федеральный округ, пораженность, заболеваемость, смертность, пути передачи, антиретровирусная терапия, профилактика

Информация о вкладе авторов: Таенкова И.О. – планирование научной работы, сбор, анализ и интерпретация представленных данных, статистическая обработка, составление черновика рукописи. Балахонцева Л.А. – планирование работы, сбор данных об эпидемиологической ситуации в регионе. Троценко О.Е. – редактирование с внесением ценного интеллектуального содержания и утверждение окончательной версии рукописи.

Конфликт интересов: Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

Исследование одобрено этическим комитетом ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, протокол №4 от 15.01.2026 г.

CURRENT EPIDEMIOLOGICAL SITUATION WITH THE SPREAD OF HIV INFECTION IN THE FAR EASTERN FEDERAL DISTRICT (BRIEF REVIEW OF YEAR 2025)

Taenkova I.O., Trotsenko O.E., Balakhontseva L.A.

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

SUMMARY

Introduction. The development of the HIV epidemic in the Far Eastern Federal District, as well as in Russia, remains an urgent medical and social problem that poses a serious threat to human life and has serious socioeconomic consequences.

The purpose of the study is to identify the features of the epidemic process and to justify the necessary measures to counter the spread of HIV infection in the Far Eastern Federal District.

Materials and methods. The study was based on data obtained from 11 territorial AIDS prevention and control centers in the Far Eastern Federal District at the request of the Far Eastern District AIDS Prevention and Control Center. The study used descriptive and analytical epidemiology methods. Statistical analysis was performed using standard methods.

Results and discussion. By January 2026, the cumulative number of HIV-infected people in the district was 62,477. The coverage of the population by HIV testing reached 36.1%. The incidence rate in 2025 was 26.9, and the prevalence rate was 420.2 per 100,000 population. Among newly diagnosed cases, there is still a high proportion of men, and the vast majority of new infections occur in people aged 40 and older. The predominant mode of transmission is through heterosexual contact (79.0%). 92.8% of all people living with HIV are registered with a healthcare provider. In 2025, 81.5% of HIV-infected individuals in the Far Eastern Federal District were receiving antiretroviral therapy. The mortality rate was 16.4 per 100,000 population, and the lethality rate was 0.82%. Preventive work with the population was actively carried out.

Conclusion. The HIV epidemic in the district is concentrated (0.42% of the district's total population is infected with HIV; the number of newly diagnosed HIV-infected individuals has decreased by 15.7%). In order to monitor the situation, the study of both the main epidemiological indicators and the level of awareness of various population groups about HIV infection will continue, as well as the assessment of preventive measures.

Key words: HIV-infection, Far Eastern Federal district, prevalence, morbidity, mortality, transmission routes, antiretroviral therapy, prevention

Information about the authors' contributions: Taenkova I.O. – planning scientific work, collecting, analyzing, and interpreting the presented data, statistical processing, and drafting the manuscript. Balakhontseva L.A. – planning work and collecting data on the epidemiological situation in the region. Trotsenko O.E. – editing with valuable intellectual content and approving the final version of the manuscript.

Conflict of interest: The authors declare that they have no apparent or potential conflicts of interest related to the publication of this article.

The study was approved by the Ethics Committee of the Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology of Rospotrebnadzor, Protocol No. 4 dated January 15, 2026.

Введение

Эпидемия распространения ВИЧ-инфекции представляет серьезную угрозу жизни человека, поэтому как в России, так и в Дальневосточном федеральном округе (ДФО), актуальность этой

медико-социальной проблемы не снижается. Она охватывает все слои населения, так как преобладающий путь передачи этих инфекций – незащищенный половой гетеросексуальный контакт.

Высокая социальная значимость хронических инфекционных заболеваний, таких как ВИЧ-инфекция и вирусные гепатиты В и С, определяется их значительной распространенностью среди населения и серьезными социально-экономическими последствиями, к которым относятся увеличение смертности и инвалидизации среди населения трудоспособного возраста, а также снижение рождаемости, численности трудоспособного населения, ожидаемой продолжительности жизни граждан. Заболеваемость ВИЧ-инфекцией в последние годы имеет тенденцию к снижению. Однако суммарно экономическое бремя ВИЧ-инфекции, например, в 2024 г. в Российской Федерации оценивалась в 276,1 млрд руб. [1].

Территориальными центрами профилактики и борьбы со СПИДом (далее – центры) проводится комплексная диагностическая и лечебно-профилактическая работа по снижению распространения ВИЧ-инфекции. Ежегодно с целью выявления особенностей эпидемического процесса и обоснования необходимых мер по противодействию распространения ВИЧ-инфекции в ДФО проводится оценка эпидемиологической ситуации, проведения профилактической работы [2, 3].

Цель исследования – выявление особенностей эпидемического процесса и обоснование необходимых мер по противодействию распространения ВИЧ-инфекции в Дальневосточном федеральном округе.

Материалы и методы

Материалом для настоящего исследования послужили данные, полученные за 2025 год по запросу Дальневосточного окружного центра по профилактике и борьбе со СПИДом ФБУН «Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора из 11 территориальных центров по профилактике и борьбе со СПИДом, входящих в состав ДФО.

Для анализа использовался метод описательной и аналитической эпидемиологии. Обработка данных и последующий статистический анализ осуществлялся стандартными методами. Полученные данные проанализированы с использованием Excel 2013, с расчетом среднеарифметических показателей и их средней ошибки.

Результаты и обсуждение

За все время динамического наблюдения с начала эпидемии ВИЧ-инфекции в ДФО общее количество случаев, подтвержденных в иммунном блотинге, по состоянию на 01.01.2026 г. достигло 62 497 чел., из них в 2025 году выявлено 2 111 новых случаев, что на $15,7 \pm 0,5\%$ меньше предыдущего года (2024 г. – 2 503 случая).

Охват населения ДФО медицинским освидетельствованием на ВИЧ составил $36,1 \pm 1,04\%$ (2024 г. – $35,0\%$). Все территории округа превысили целевой показатель в $34,0\%$, обозначенный на 2025 г. в Государственной стратегии противодействия распространению ВИЧ-инфекции в РФ на период до 2030 года [4]. Кроме того, на профилактических мероприятиях (акции, беседы в трудовых коллективах) прошли экспресс-тестирование 20 360 человек.

Средне-дальневосточный окружной показатель заболеваемости ВИЧ-инфекцией в 2025 г. составил 26,9 (2024 г. – 31,9), а пораженности – 420,2 случаев на 100 тыс. населения ДФО (2024 г. – 411,6). Пораженность продолжает увеличиваться в связи с пожизненным характером заболевания ВИЧ-инфекцией. Наибольшая пораженность ВИЧ-инфекцией, как и в предыдущие годы, отмечалась в Республике Бурятия, Чукотском автономном округе (ЧАО), Приморском и Забайкальском краях (рис. 1).

Среди ВИЧ-инфицированных с впервые выявленным диагнозом сохраняется высокая доля мужчин – $59,2 \pm 1,07\%$ (2024 г. – $61,7 \pm 0,97\%$). Наибольший процент мужского населения, вовлеченного в эпидемический процесс, зафиксирован в Амурской области (69, 7%), Приморском крае (66,8%) и ЧАО (64,9%).

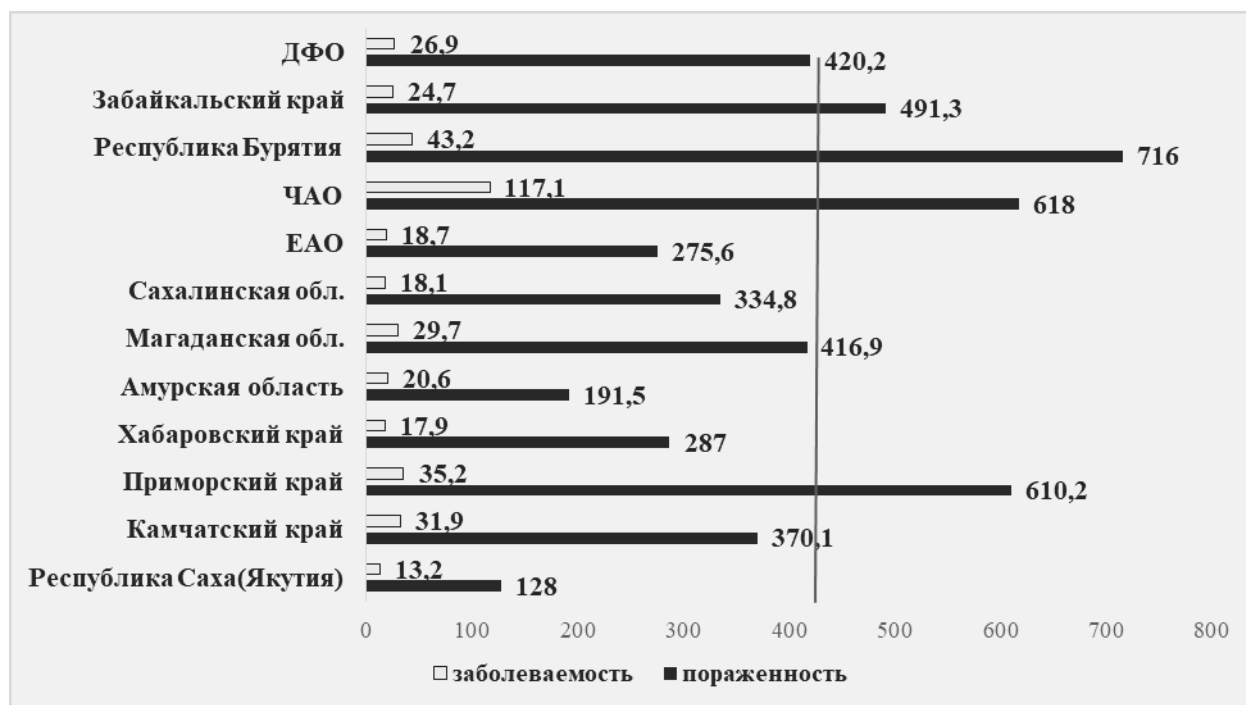


Рис. 1. Распределение показателей пораженности и заболеваемости ВИЧ-инфекцией по территориям ДФО в 2025 г. (на 100 тыс. населения)

Подавляющее большинство новых случаев заражения в округе отмечается в возрастной группе 40 лет и старше (табл. 1).

Таблица 1

Распределение ВИЧ-инфицированных лиц по возрастным группам в ДФО в 2025 г.

Возрастная группа	Абс. число	Доля, %
0 – 1 год	11	0,5±0,2
2 – 9 лет	2	0,1±0,1
10 – 19 лет	19	0,9±0,2
20 – 39 лет	788	37,3±1,1
40 лет и старше	1291	61,2±1,1

В 3-х территориях ДФО (Хабаровский край, Сахалинская обл. и Магаданский край) этот показатель превышает средне-окружной (61,2%). В 2025 г. среди зарегистрированных новых случаев ВИЧ-инфекции доля детей и подростков сохранилась на уровне 2024 г. – 1,5±0,26%.

В целом по ДФО в 2025 году, как и в РФ [2], преобладал половой гетеросексуальный путь передачи ВИЧ-инфекции (рис. 2).

Наибольший процент данного пути заражения зафиксирован в Республике Саха (Якутия) – 97,9%, Республике Бурятия и ЧАО по 95,7%, в Забайкальском и Хабаровском краях (95,5% и 86,8% соответственно).

Удельный вес парентерального пути инфицирования выше средне окружного показателя в ЕАО (37,0%) и в Сахалинской области (32,5%) Доля неустановленного пути заражения, связанная, по-видимому, со сложностями эпидемиологического расследования, в 2025 году практически в два раза меньше предыдущего года (2024 г. – 6,2±0,5%), а на перинатальный путь заражения пришлось всего 0,6±0,2%.

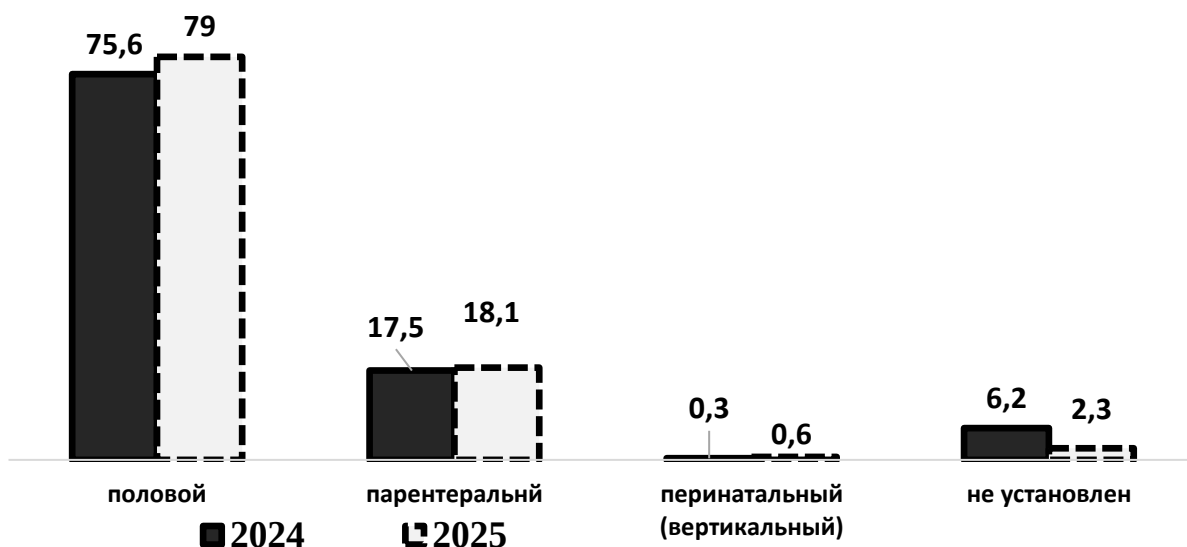


Рис. 2. Структура путей передачи ВИЧ-инфекции в ДФО в 2024-2025 гг. (%)

За весь период наблюдения в ДФО от ВИЧ-инфицированных матерей родилось 8 578 детей, из них в 2025 г. – 351 ребенок, что на $9,3 \pm 1,0\%$ меньше предыдущего года. Наибольшее количество детей, рожденных от ВИЧ-инфицированных матерей, как и в 2024 г., зафиксировано в Приморском крае (81 чел.), Республике Бурятия (72 чел.) и в Забайкальском крае (62 чел.). Однако надо отметить, что в Приморском крае количество таких детей снизилось на 22,1%.

Охват химиопрофилактикой новорожденных детей в 2025 г. в 10 территориях ДФО, кроме Хабаровского края (90,5%), составил 100,0% при целевом показателе в РФ на 2025 г. в 99,5% [4]. В таблице 2 представлен охват химиопрофилактикой передачи ВИЧ-инфекции на этапах беременности, родов и новорожденным.

Таблица 2

Охват химиопрофилактикой беременных женщин и их новорожденных детей в ДФО в 2025 г.

Химиопрофилактика:	Абсолют. число	Доля, %
Во время беременности	343	$97,67 \pm 0,8$
В родах	342	$97,32 \pm 0,9$
Новорожденным детям	347	$99,1 \pm 0,5$

Подтверждена ВИЧ-инфекция в 2025 г. только у 5 детей: в Камчатском, Приморском и Забайкальском краях, республике Саха (Якутия).

На диспансерном учете в 11 территориальных центрах по борьбе со СПИДом ДФО по состоянию на 01.01.2026 г. состояло 30 653 чел. или $92,8 \pm 0,1\%$ от всех живущих с ВИЧ-инфекцией (2024 г. – 29 037 чел. или $89,93 \pm 0,2\%$ от всех живущих с ВИЧ-инфекцией).

АРВ-терапию получали 29 223 чел. или $81,5 \pm 0,2\%$ от всех живущих с ВИЧ в ДФО ВИЧ-инфицированных лиц (2024 г. – 26 342 чел. или $81,6 \pm 0,2\%$ от всех лиц, живущих с ВИЧ). Наибольший охват лечением лиц, живущих с ВИЧ-инфекцией, отмечен в Республике Саха (Якутия) – 95,4%, в Приморском крае – 92,4%, в Магаданской области и в Хабаровском крае – 91,7% и 91,0% соответственно.

Среди лиц, состоящих на диспансерном учете, АРВ-терапию получали $92,0 \pm 0,2\%$ (2024 г. – $92,8 \pm 0,2\%$). Наибольшая доля таких ВИЧ-инфицированных зафиксирована в Магаданской области (99,8%), Приморском крае (98,7), Камчатском крае – 96,8%; ЕАО – 95,2%; Хабаровском крае – 94,4%.

В таблице 3 представлены данные о состоящих на диспансерном учете и получающих АРВ-терапию из числа ВИЧ-инфицированных лиц по территориям округа.

Таблица 3

**Распределение ВИЧ-инфицированных лиц, состоящих на Д-учете
и получающих АРВТ, по территориям ДФО в 2025 году**

Территории	Кол-во лиц, состоящих на диспансер- ном учете (абс. число)	Доля лиц, состоящих на учете, от всех живущих с ВИЧ (%)	Доля лиц, получавших АРВТ, от всех живущих с ВИЧ (%)	Доля, получавших АРВТ, от состоящих на Д-учете (%)
Республика Саха (Якутия)	1 285	100,0±0,4	95,4,7±0,1	95,4±0,6
Камчатский край	954	89,6±0,9	87,6±1,0	96,8±0,6
Приморский край	9 656	92,4±0,3	92,4,6±0,3	98,7±0,1
Хабаровский край	3 665	99,4±0,1	91,0±0,5	91,6±0,5
Амурская область	1 197	91,5±0,7	83,9±1,0	91,6±0,8
Магаданская область	555	98,9±0,4	91,7±1,2	99,8±0,2
Сахалинская область	1 532	98,4±0,3	89,9±0,8	90,4±0,8
Еврейская автономная область	366	92,0±1,4	88,4±1,6	96,2±1,0
Чукотский автономный округ	270	86,0±2,0	86,0±2,0	96,0±1,1
Республика Бурятия	6 542	94,1±0,3	88,0±0,4	93,4±0,3
Забайкальский край	4 631	92,3±0,4	90,0±0,4	91,3±0,4
ДФО	30 653	89,9±0,2	81,6±0,2	92,0±0,2

За весь период наблюдения к концу 2025 года в ДФО умерли 22 377 чел. или 35,8±0,3% от числа всех зарегистрированных случаев ВИЧ-инфекции (2024 г. – 20 727 чел. или 34,8% от числа всех случаев).

Из них в 2025 г. умерли 1 290 чел., в т. ч. непосредственно от причин, связанных с ВИЧ – 290 чел. или 22,5±1,16% от всех умерших с ВИЧ в 2025 г. (2024 г. умерли 1 340 чел., в т. ч. 310 чел. непосредственно от причин, связанных с ВИЧ или 23,13%).

Смертность в 2025 г. среди ВИЧ-инфицированных составила 16,4 на 100 тыс. населения ДФО (2024 г. – 17,1 на 100 тыс. населения), а летальность – 0,82±0,5% (2024 г. – 0,96%). Сравнительные данные об умерших по территориям округа представлены в таблице 4.

Таблица 4

**Сравнительные данные об умерших среди ВИЧ-инфицированных
по территориям ДФО**

Территории	Умершие за весь период наблюдения	в т. ч. умершие в 2025 г.	из них от причин, непосредств. связанных с ВИЧ	
			(абс. число)	в процентах от умерших в 2025 г.
Республика Саха (Якутия)	631	40	8	20,0±6,3
Камчатский край	254	17	1	5,9±5,2
Приморский край	11 390	570	77	13,5±1,4
Хабаровский край	1 236	52	33	63,5±6,7
Амурская область	657	74	38	51,4±5,8
Магаданская область	197	17	5	29,4±11,0
Сахалинская область	617	61	8	13,1±4,3
4,32ЕАО	136	12	1	8,3±7,9
ЧАО	135	12	2	16,7±10,8
Республика Бурятия	4 100	275	94	34,2±2,9
Забайкальский край	3024	160	23	14,4±2,8
ДФО	22 377	1 290	290	22,5±1,2

Наибольшее абсолютное число умерших в 2025 г. – в Приморском крае, в Республике Бурятия и Забайкальском крае. При этом доля умерших, непосредственно от причин, связанных с ВИЧ, в

Приморском и Забайкальском крае не превышает среднеокружной показатель в $22,5 \pm 1,2\%$. Уже не первый год обращает на себя внимание высокая доля таких умерших в Хабаровском крае, Амурской области и в республике Бурятия.

Территориальными центрами в течение 2025 г. года осуществлена большая профилактическая работа. Так, для населения ДФО проведено 12 633 лекций и бесед с участием 782 957 чел., что в 2,7 раза больше предыдущего года (2024 г. - 290 798 чел.). Издано 110 наименований печатной продукции общим тиражом более 182 тыс. экз. За год для населения организовано 413 акций с участием 53 525 чел., на которых проведено 25 082 экспресс-тестирования.

Указанные мероприятия способствовали сохранению достаточно высокого уровня информированности населения в возрасте 14-49 лет по вопросам ВИЧ-инфекции, который в 2025 г. составил в ДФО 93,4% (2024 г. – 92,6%).

С целью изучения развития эпидемического процесса в ДФО, а также уровня информированности населения, в т. ч. медицинских и социальных работников, было проведено более 518 социологических исследований, по результатам которых были подготовлены научные публикации и информационные справки.

Заключение

Таким образом, отмечено нарастание процента охвата граждан медицинским освидетельствованием на ВИЧ-инфекцию. Среди населения ДФО в 2025 году пораженность ВИЧ-инфекцией составила 420,2, а заболеваемость – 26,9 на 100 тыс. человек. Для снижения темпов распространения ВИЧ-инфекции по территориям ДФО активно продолжались профилактические мероприятия, в связи с чем уровень осведомленности населения о ВИЧ-инфекции достаточно высок. Увеличилась доля ВИЧ-инфицированных лиц, находящихся под диспансерным наблюдением и получающих АРВ-терапию. Сохраняются стабильные показатели смертности и летальности среди ВИЧ-инфицированных граждан.

На основании данных, представленных в публикации, можно сделать вывод о том, что в настоящее время эпидемия ВИЧ-инфекции в ДФО имеет концентрированный характер (инфицировано ВИЧ 0,42% от общей численности населения округа; на 15,7% уменьшилось количество впервые выявленных больных ВИЧ-инфекцией).

С целью мониторинга ситуации с распространением ВИЧ-инфекции в ДФО будет продолжено изучение как основных эпидемиологических показателей, так и анализ уровня осведомленности различных групп населения о ВИЧ-инфекции, оценка профилактической работы.

Благодарности. Авторы выражают благодарность сотрудникам территориальных центров профилактики и борьбы со СПИДом Дальневосточного федерального округа за предоставленные сведения.

Литература

1. О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2024 году: Государственный доклад. М.: Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, 2025. С. Электронный доступ: https://www.rosпотребнадзор.ru/upload/iblock/b8a/u6lsxjabw032jkdf837nlaezxu3ue09m/GD_SEB.pdf (дата обращения: 20.03.2026 г.).
2. Таенкова И.О., Балахонцева Л.А., Котова В.О., Базыкина Е.А., Троценко О.Е. Эпидемиологическая ситуация с распространением ВИЧ-инфекции в Дальневосточном федеральном округе (краткий обзор за 2023 год) // Дальневосточный журнал инфекционной патологии. 2024; 46: 50-55. DOI: 10.62963/2073-2899-2024-46-50-55.
3. Таенкова И.О., Троценко О.Е., Балахонцева Л.А., Котова В.О., Базыкина Е.А. Распространенность ВИЧ-инфекции в Дальневосточном федеральном округе (краткий анализ за 2024 г.). Дальневосточный журнал инфекционной патологии. 2025; 49: 42-47. DOI: 10.62963/2073-2899-2025-49-42-47.
4. Государственная стратегия противодействия распространению ВИЧ-инфекции в Российской Федерации на период до 2030 года (Приложение): Распоряжение Правительства РФ «Об утверждении Государственной стратегии противодействия распространению ВИЧ-инфекции в Российской Федерации на период до 2030 года» от 21.12.2020 N 3468-р. Электронный доступ: <https://www.garant.ru/products/ipo/prime/doc/400033496/>

УДК:595.122:597.55(282.257.5)(571.620)
DOI: 10.62963/2073-2899-2026-53-65-75

РОЛЬ РЫБ АМУРСКОГО БАССЕЙНА (CYPRINIFORMES, SALMONIFORMES) В ЦИРКУЛЯЦИИ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ЭНДЕМИЧНЫХ ТРЕМАТОДОЗОВ

Москвина Ю.И., Гаер С.И., Драгомерецкая А.Г., Троценко О.Е.
ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора,
г. Хабаровск, Российская Федерация

Ответственный за взаимодействие с редакцией: Москвина Юлия Ивановна – младший научный сотрудник лаборатории паразитологии отдела природно-очаговых инфекций, e-mail: Laboratoriya.parazitologii.27@bk.ru

Аннотация

Введение. На территории Хабаровского края регистрируется циркуляция возбудителей эндемичных трематодозов – *Metagonimus* spp., *Nanophyetus schikhobalowi* и *Clonorchis sinensis*. Рыбы отрядов *Cypriniformes* и *Salmoniformes* служат для возбудителей этих трематодозов промежуточными хозяевами, а также являются источником инвазии для человека.

Цель исследования – оценить инвазированность метацеркариями трематод рыб отрядов *Cypriniformes* и *Salmoniformes*, отловленных в Амурском бассейне на территории Хабаровского края в 2022-2025 гг.

Материалы и методы. Проведено паразитологическое исследование 717 экз. рыб отрядов *Cypriniformes* и *Salmoniformes* методом неполного гельминтологического исследования в соответствии с МУК 3.2.3804-22.

Результаты и обсуждение. В результате ихтиопаразитологического исследования обнаружены три вида трематод: *Metagonimus* spp., *Nanophyetus schikhobalowi* и *Clonorchis sinensis*. Из рыб семейства *Cyprinidae* метацеркариями *Metagonimus* spp. инвазированы: *Hypophthalmichthys molitrix* с ЭИ 4,2% (95%ДИ: 1,84-6,62%), *Chanodichthys mongolicus* – ЭИ 14,3% (95%ДИ: 0-28,58%), *Parabramis pekinensis* – ЭИ 23,1% (95%ДИ: 10,92-35,24%) и выловленная в единичном экземпляре особь *Culter alburnus* с ЭИ 100%. Метацеркарии *C. sinensis* выявлены у *Rhynchocypris* cf. *percnurus* и *Chanodichthys erythropterus* с показателями ЭИ 3,7 % (95%ДИ: 0-7,4 %) и 33,3% (95%ДИ: 0-66,66%). Из семейства *Salmonidae* метацеркариями *N. schikhobalowi* инвазированы: *Brachymystax tumensis*, *Oncorhynchus keta* и мальки летней формы кеты с показателями ЭИ от 5,5% (95%ДИ: 3,6-7,4 %) до 64,5 % (95%ДИ: 55,91-73,09%). У *Brachymystax lenok* и *Hucho taimen* обнаружена сочетанная инвазия метацеркариями возбудителей – *Metagonimus* spp. и *N. schikhobalowi*. Показатели ЭИ *Metagonimus* spp. составили 3,5% (95%ДИ: 0,05-6,95 %) и 20,0 % (95%ДИ: 0-40%), *N. schikhobalowi* – 82,8 % (95%ДИ: 75,66-89,94%) и 60% (95%ДИ: 35,51-84,49%), соответственно. Представитель семейства *Thymallidae* – *Thymallus tugarinae* был инвазирован метацеркариями *N. schikhobalowi* с ЭИ 27% (95%ДИ: 21,84-32,16%).

Заключение. Результаты проведенного ихтиопаразитологического исследования подтверждают циркуляцию трематод *Metagonimus* spp., *Nanophyetus schikhobalowi* и *Clonorchis sinensis* в экосистеме бассейна реки Амур на территории Хабаровского края в звене промежуточных хозяев – рыб отрядов *Cypriniformes* и *Salmoniformes*. Исследованные виды рыб имеют промысловое значение, что обуславливает риск заражения населения трематодами, особенно среди жителей, употребляющих сырую, слабосоленую или вяленую рыбу.

Ключевые слова: Хабаровский край, река Амур, трематоды, *Metagonimus* spp., *Nanophyetus schikhobalowi*, *Clonorchis sinensis*

Информация о вкладе авторов: Москвина Ю.И. – разработка дизайна исследования, проведение исследований, анализ полученных результатов, обзор литературных источников, написание текста рукописи. Гаер С.И. – проведение исследований. Драгомерецкая А.Г. –

организация проведения исследования, написание текста рукописи. Троценко О.Е. – общая редакция и окончательное одобрение варианта статьи для опубликования.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликтов интересов.

Исследование не требовало одобрения этического комитета.

THE ROLE OF THE AMUR RIVER BASIN FISH (CYPRINIFORMES, SALMONIFORMES) IN CIRCULATION OF ENDEMIC TREMATODOSIS CAUSATIVE AGENTS

Moskvina Yu.I., Gaer S.I., Dragomeretskaya A.G., Trotsenko O.E.

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

SUMMARY

Introduction. Circulation of endemic trematodiasis causative agents such as *Metagonimus* spp., *Nanophyetus schikhobalowi* and *Clonorchis sinensis* were registered in the Khabarovsk Krai territory. Fish of the *Cypriniformes* and *Salmoniformes* orders are intermediate hosts for causative agents of the mentioned trematodiasis and are the source of infection in humans.

Objective of the research – to evaluate the invasion rate of *Cypriniformes* and *Salmoniformes* fish with trematode metacercariae caught in the Amur River basin in the Khabarovsk Krai territory during 2022-2025.

Materials and methods. Parasitological examination (partial helminthological study) of 717 *Cypriniformes* and *Salmoniformes* fish specimens was performed according to the methodological guidelines MUK 3.2.3804-22.

Results and discussion. Three species of trematodes were identified as a result of the ichtioparasitological study: *Metagonimus* spp., *Nanophyetus schikhobalowi* and *Clonorchis sinensis*. Among the **Cyprinidae** fish, *Metagonimus* spp. metacercariae were isolated in *Hypophthalmichthys molitrix* with an invasion rate (IR) of 4.2% (95%CI: 1.84-6.62%), *Chanodichthys mongolicus* – IR 14.3% (95%CI: 0-28.58%), *Parabramis pekinensis* – IR 23.1% (95%CI: 10.92-35.24%) and in a single specimen of *Culter alburnus* – IR of 100%. *C. sinensis* metacercariae were isolated in *Rhynchocypris cf. percunurus* and *Chanodichthys erythropterus* with an IR of 3.7 % (95%CI: 0-7.4 %) and 33.3% (95%CI: 0-66.66%). *N.schikhobalowi* metacercariae were isolated in the following **Salmonidae** fish: *Brachymystax tumensis*, *Oncorhynchus keta* and chum salmon with IR varying from 5.5% (95%CI: 3.6-7.4 %) to 64.5 % (95%CI: 55.91-73.09%). *Brachymystax lenok* and *Hucho taimen* were infested with two pathogens – *Metagonimus* spp. and *N.schikhobalowi* metacercariae. The IR rate for *Metagonimus* spp was 3.5% (95%CI: 0.05-6.95 %) and 20.0 % (95%CI: 0-40%), and for *N.schikhobalowi* – 82.8 % (95%CI: 75.66-89.94%) and 60% (95%CI: 35.51-84.49%) respectively. A fish of the **Thymallidae** family, *Thymallus tugarinae*, was infected with *N.schikhobalowi* metacercaria with IR of 27% (95%CI: 21.84-32.16%)

Conclusion. Results of the conducted ichtioparasitological research confirm circulation of trematodes *Metagonimus* spp., *Nanophyetus schikhobalowi* and *Clonorchis sinensis* among the intermediate hosts - *Cypriniformes* and *Salmoniformes* spp. fish in the Amur River basin ecosystem in the Khabarovsk Krai territory. The examined fish species are of commercial importance which determines the risk of trematode infection among the population that consumes raw, lightly salted or dried fish.

Key words: Khabarovsk Krai, Amur River, trematode, *Metagonimus* spp., *Nanophyetus schikhobalowi*, *Clonorchis sinensis*

Authors contribution. Moskvina Yu.I. – study concept, data collection, conducting the research, analysis and interpretation of the obtained results, manuscript drafting, literature review preparation; Gaer S.I. – conducting the research; Dragomeretskaya A.G. – research planning, manuscript drafting; Trotsenko O.E. – approval of the final version of the manuscript.

Conflict of interest. Authors declare no conflict of interest.
The research did not require ethical committee approval.

Введение

Трематоды относятся к типу паразитических плоских червей – *Plathelminthes*, классу сосальщиков – *Trematoda*. Эти организмы относятся к биогельминтам, жизненный цикл развития которых происходит с обязательной сменой хозяев. Дефинитивными хозяевами служат, в основном, позвоночные животные и человек, промежуточными – моллюски. В развитии многих трематод принимают участие также вторые промежуточные хозяева – рыбы, амфибии и членистоногие (крабы и др.). Большинство видов трематод по особенностям жизненного цикла относятся к зоонозам с природной очаговостью. Зоны распространения трематод совпадают с ареалами дефинитивных и промежуточных хозяев и приурочены к водным экосистемам, которые создают благоприятные условия для их развития и обитания [1].

Наибольшее эпидемиологическое значение имеют следующие таксономические группы трематод: отряд *Fasciolida*, семейство *Nanophyetidae*, вид *Nanophyetus salmincola*, Chapin, 1927, *N. schikhobalowi*, Skrjabin et Podjapolskaja, 1931; отряд *Heterophyida*, семейство *Heterophyidae*, род *Metagonimus* Katsurada, 1912 и семейство *Opisthorchidae*, вид *Clonorchis* (*Opisthorchis*) *sinensis*, Cobbold, 1875; Loos 1907 [1].

На территории Хабаровского края регистрируется циркуляция возбудителей эндемичных трематодозов – *Metagonimus* spp., *Nanophyetus schikhobalowi*, *Clonorchis sinensis*. Природные очаги метагонимоза приурочены к пойменным водоёмам р. Амур. Наиболее значимые очаги нанофетиоза преимущественно расположены в бассейнах горных притоков рек Амур и Уссури (Ануй, Горин, Амгунь, Хор и др.), а также на участках долины Амура, находящихся вблизи этих рек (в местах миграционных концентраций пресноводных и проходных лососей). Очаги клонорхоза локализуются в южных районах Хабаровского края, расположенные по долине р. Уссури (район имени Лазо, Бикинский, Вяземский), а также Хабаровском и Нанайском районах и в меньшей степени – Амурском и Комсомольском [2-5].

Стоит отметить, что именно рыбы отрядов *Cypriniformes* (Карпообразные) и *Salmoniformes* (Лососеобразные) служат для возбудителей данных трематодозов промежуточными хозяевами, а также являются источником инвазии для человека, домашних и диких животных. Заражение населения возбудителями трематодозов в большей степени обусловлено рядом социальных факторов, где ведущая роль отводится присутствию в рационе сырой, недостаточно термической обработанной или слабосоленой рыбы. Поскольку циркуляция возбудителей на большей части ареала имеет эпизоотический характер, основное внимание необходимо уделять минимизации риска инвазирования населения. Здесь ведущая роль принадлежит оценке состояния рыбохозяйственных водоёмов по паразитологическим показателям, паразитологический контроль сырья и рыбной продукции, обеззараживание рыбы от личинок паразитов, а также гигиеническому воспитанию населения [6-9].

На основании вышеизложенного, **целью** данной работы стала оценка инвазированности метацеркариями трематод рыб отрядов *Cypriniformes* и *Salmoniformes*, отловленных в бассейне реки Амур на территории Хабаровского края в 2022-2025 гг.

Материалы и методы

В рамках комплексной программы «Второй Амурской ихтиологической экспедиции» Хабаровский филиал ГНЦ РФ ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства и океанографии» (ГНЦ РФ ФГБНУ «ВНИРО») совместно с ФБУН «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора (ФБУН ХНИИЭМ) проводит мониторинг заражённости промысловых видов рыб бассейна реки Амур возбудителями паразитарных инвазий человека.

Объектом настоящего исследования послужили 717 особей рыб отрядов *Cypriniformes* и *Salmoniformes*. Отловленная рыба была отнесена к трём семействам – *Cyprinidae* (Карповые), *Salmonidae* (Лососёвые) и *Thymallidae* (Хариусовые). Семейство *Cyprinidae* насчитывало 10 родов, 10 видов, число выловленных рыб составило 248 особей, семейство *Salmonidae* – 2 рода, 5 видов, количество рыб – 395 особей и семейство *Thymallidae* – 74 особи. Рыба была отловлена в р. Амур и её притоках на территории Хабаровского края в 2022-2025 гг. Отлов рыбы осуществляли сотрудники Хабаровского филиала ГНЦ РФ ФГБНУ «ВНИРО» на основании разрешения на проведение рыболовства в научно-исследовательских и контрольных целях, выданного Амурским территориальным управлением Федерального агентства по рыболовству. Орудием лова служили сплавные сети с шагом ячеи от 40 до 70 мм, длиной от 30 до 150 м.

Ихтиопаразитологическое исследование проводили специалисты лаборатории паразитологии ФБУН ХНИИЭМ методом неполного гельминтологического вскрытия в соответствии с МУК 3.2.3804-22 «Методы санитарно-паразитологической экспертизы рыбы, моллюсков, ракообразных, земноводных, пресмыкающихся и продуктов их переработки» при соблюдении режимов работы с инвазионным

материалом, регламентированных СанПиН 3.3686-21 «Санитарно-эпидемиологические требования по профилактике инфекционных болезней».

Обнаружение метацеркарий трематод осуществляли компрессорным методом путём исследования органов и тканей – мест их наиболее вероятной локализации (почки, чешуйный покров, мышечная ткань, жабры с окружающей их тканью, лучи плавников) с использованием бинокулярного стереоскопического микроскопа МБС-10 (АО «ЛЗОС», Российская Федерация) при увеличениях 4х15, 7х15. При выявлении метацеркарий, проводили видовую идентификацию на основании изучения морфометрических показателей с применением определителя паразитов пресноводных рыб [10].

При обнаружении паразитов в каждой пробе производили их подсчёт, определяли интенсивность инвазии исследуемой особи. Затем рассчитывали экстенсивность инвазии (ЭИ) – число заражённых рыб в выборке, выраженное в процентах $(ЭИ) = n/N \cdot 100\%$, где n – число заражённых особей хозяев, N – число исследованных особей хозяев); среднюю интенсивность инвазии (СИИ) – число паразитов, приходящееся в среднем на одну заражённую рыбу $(СИИ) = m/n$, где m – число обнаруженных гельминтов, n – число заражённых особей хозяев) и индекс обилия (ИО) – число паразитов, в среднем приходящееся на одну исследованную рыбу данного вида, $(ИО) = m/n$, где m – число обнаруженных гельминтов, n – число исследованных особей хозяев).

Результаты и обсуждение

Хабаровский край является одним из крупных регионов Российской Федерации, расположен в умеренном поясе Северного полушария, простираясь в меридиональном направлении (с севера к югу) приблизительно на 1800 км. Площадь региона занимает 787 тыс. кв. км, что составляет 4,5% территории страны и 12,7% Дальневосточного федерального округа. В крае насчитываются более 200 тыс. рек общей протяжённостью свыше 550 тыс. км и более 56 тыс. озёр площадью водного зеркала свыше 4 тыс. кв. км [11, 12].

Значительную часть территории Дальнего Востока занимает бассейн реки Амур, площадь которого составляет 1855 тыс. кв. км. Длина Амура от слияния рек Шилка и Аргунь до впадения в Амурский лиман насчитывает 2824 км. Основные крупные левобережные притоки Амура – реки Зея, Бурея, Амгунь; правобережные – Сунгари и Уссури. В пойме Амура расположены крупные слабопроточные озёра, которые соединены с рекой протоками. На левом берегу расположены озёра – Болонь, Удыль, Орель, Чля, Падали, на правом – Кизи, Хумми, Кади, Иннокентьевское и множество более мелких пойменных и приустьевых озёр. По территории Хабаровского края р. Амур простирается 970 км в своём нижнем течении, пересекая шесть муниципальных районов (Хабаровский, Нанайский, Амурский, Комсомольский, Ульчский, Николаевский), впадает через Амурский лиман в Татарский пролив и Сахалинский залив в Охотском море. Большинство рек, принадлежавших бассейну Амура (Тунгуска, Горюн, Амгунь, Уссури, Анюй и др.) представляет ценность, как для рыболовного хозяйства, так и для транспортной системы [13].

Река Амур со своими притоками по характеру водного режима относятся к дальневосточному типу, для которого характерной особенностью является резко выраженное преобладание дождевого стока над снеговым и грунтовым. Также для рек Амурского бассейна типичны летне-осенние паводки и продолжительный ледостав, обусловленные особенностями муссонно-континентального климата [14].

Амурский бассейн обладает наиболее высокими показателями видового разнообразия ихтиофауны среди российских рек. Согласно данным С.Е. Кульбачного и М.Б. Скопец (2025), в нём обитает 143 вида рыб. Для сравнения, ихтиофауна реки Волги представлена 77 видами, Енисея – 63, Оби – 47, Лены – 46. Л.С. Берг (1909) объяснял это тем, что река Амур протекает по своеобразной климатической границе, где сосуществуют представители арктических и тропических пресных вод. Для представителей северных видов рыб, таких как лососи, температура воды в реке часто является верхним пределом их выживания, тогда как для тропических рыб – нижним. Г.В. Никольский (1956) в работе «Рыбы бассейна Амура», на основании материалов Амурской ихтиологической экспедиции 1945-1949 гг., выделил пять фаунистических комплексов: арктический (ледовитоморский), два бореальных (равнинный и предгорный), а также китайский и индийский. Данной классификацией он показал, что в одном месте соседствуют виды рыб северных, южных и умеренных широт. Стоит отметить, что Амур нередко называют «русской Амазонкой», это обусловлено значительной протяжённостью речной системы, а также богатым видовым разнообразием флоры и фауны [15, 16].

Важно отметить, что озёра, водоёмы и водотоки пойменной системы Амура играют важную роль в жизни пресноводных рыб. В первую очередь, они необходимы как места нереста рыб, для роста молоди, а также как нагульные водоёмы для рыб разных возрастных групп. Жизненный цикл большинства видов рыб тесно взаимосвязан с руслом Амура: в тёплый период они мигрируют в придаточные водоёмы для нереста и нагула, а осенью – возвращаются обратно. Видовое разнообразие рыб в амурских притоках зависит от их протяжённости до впадения в р. Амур, а также гидродинамических условий (скорость и тип течения) [13, 17].

В Амурском бассейне по видовой численности рыб доминирует отряд *Cypriniformes*, семейство *Cyprinidae*, которое представлено 65 видами. Второе место занимают рыбы отряда *Salmoniformes*, семейство *Salmonidae* – насчитывает 8 видов. Семейство *Thymallidae* описано 5 видами. Все они играют ключевую роль в экосистеме, составляя основу ихтиофауны пресных водоёмов дальневосточного региона [15].

В бассейне Амура лососевые рыбы представлены преимущественно проходными видами – кета (*Oncorhynchus keta*), горбуша (*O. gorbusha*), заходящими на нерест, и пресноводными – сибирский таймень (*Hucho taimen*), острорылый ленок (*Brachymystax lenok*), тупорылый ленок (*Brachymystax tumensis*), нижеамурский хариус (*Thymallus tugarinae*) и др., населяющими притоки. Представители семейства карповых – множеством видов, которые различаются по размеру, образу жизни. Многие из них, например, толстолобик белый (*Hypophthalmichthys molitrix*), белый лещ (*Parabramis pekinensis*), верхогляд (*Chanodichthys erythropterus*) и другие имеют большое промысловое значение, а уклей (*Culter alburnus*), горчак амурский обыкновенный (*Rhodeus sericeus*), пескарь амурский обыкновенный (*Gobio cynocephalus*) – промыслового значения не имеют и не являются объектами промышленного лова [15].

Стоит отметить, что Хабаровский край является одним из основных рыбодобывающих регионов России, стабильно занимает четвертое место по вылову на Дальнем Востоке и пятое – в стране. На территории края деятельность по добыче и переработке рыбы осуществляют 163 предприятия. Комитет рыбного хозяйства Правительства Хабаровского края ежегодно предоставляет право на осуществление рыболовства более чем 17,5 тыс. граждан в целях ведения традиционного образа жизни и ведения традиционной хозяйственной деятельности коренных малочисленных народов Севера (КМНС), Сибири и Дальнего Востока и более 50 их общинам. Ежегодно реализуется более 24 тыс. путёвок для предоставления права на любительское рыболовство [9, 18, 19].

Известно, что рыба и разнообразные блюда из неё являются традиционным элементом национальной кухни жителей Приамурья. Коренным народностям – нанайцам, ульчам, удэгейцам свойственно употребление её в сыром виде – тала, строганина и др. Также отловленную рыбу и продукты её переработки используют в качестве корма для домашних животных. Подавляющая часть мужского населения трудоспособного возраста небольших населённых пунктов края, расположенных на берегах Амура, занято рыболовством. Как правило, у них имеются собственные лодки, орудия ловли и другие приспособления. Кроме этого, в регионе ежегодно фиксируют нерегулируемый и неконтролируемый промысел рыбы, так называемый ННН-промысел, что приводит к формированию несанкционированных рынков, где реализуется продукция, не прошедшая обязательные санитарно-паразитологические исследования. Сложившаяся ситуация повышает риск инвазирования населения паразитарными инвазиями [9, 20].

Важно отметить, что жители населённых пунктов, расположенные по берегам Амура, отдалённые от краевого центра и крупных городов, являются эпидемиологически значимыми контингентами в отношении трематодозных инвазий (клонорхоз, метагонимоз, нанофиетоз). Также они не в полном объёме охвачены медицинским обследованием вследствие низкой транспортной доступности их места проживания, отсутствия регулярного транспортного сообщения и др.

На основании вышесказанного, особую актуальность приобретают мероприятия по оценке паразитологического состояния рыбохозяйственных водоёмов для снижения риска заражения населения, в частности исследование промысловых видов рыб, которые являются неотъемлемым звеном в циркуляции эндемичных видов трематод.

В результате ихтиопаразитологического исследования были обнаружены метацеркарии трех видов трематод: *Metagonimus spp.*, *Nanophyetus schikhobalowi* и *Clonorchis sinensis* (табл. 1).

Из десяти видов рыб семейства *Cyprinidae* метацеркариями *Metagonimus spp.* были инвазированы: толстолобик белый (*H. molitrix*), с показателями ЭИ 4,2% (95%ДИ: 1,84-6,62%) при АИ – 1-2 экз., монгольский краснопёр (*Chanodichthys mongolicus*) – ЭИ составила 14,3 % (95%ДИ: 0-28,58%) при АИ 1 метацеркария, белый лещ (*P. pekinensis*) – ЭИ 23,1 % (95%ДИ: 10,92-35,24%), АИ – 1-3 экз. и у единично выловленной особи уклей (*C. alburnus*) – 4 метацеркарии. Местом локализации метацеркарий метагонимусов являлся чешуйный покров.

Таблица 1

Результаты паразитологического исследования рыбы, отловленной в р. Амур и её притоках в 2022-2025 гг.

Вид рыбы	Исследова но, экз.	Наименование возбудителя	Инвазировано, особей						Место локализации
			Абс.	ЭИ (95%ДИ)	СИИ, экз.	АИ, экз.	ИО, экз.		
ОТРЯД КАРПООБРАЗНЫЕ – СУРРИНИФОРМЕС ВЛЕЕКЕР, 1859 СЕМЕЙСТВО КАРПОВЫЕ – СУРРИНИДÆ ФЛЕМИНГ, 1822 Род Толстолобики – <i>Hyporhthalmichthys Bleeker, 1859</i>									
Толстолобик белый (<i>Hyporhthalmichthys molitrix</i>)	71	<i>Metagoniopus</i> spp.	3	4,2(1,84-6,62)	1,66	1-2	0,07	Чешуя	
Итого:	71		3	4,2(1,84-6,62)					
Род Караси – <i>Sarassius Jaroski, 1822</i>									
Карась серебряный (<i>Sarassius gibelio</i>)	110	–	–	–	–	–	–	–	
Итого:	110		–						
Род Карпы – <i>Syrpinus Linnaeus, 1758</i>									
Амурский сазан (<i>Syrpinus rubrofuscus</i>)	14	–	–	–	–	–	–	–	
Итого:	14		–						
Род Белые амурские лещи – <i>Parabramis Bleeker, 1864</i>									
Белый лещ (<i>Parabramis pekinensis</i>)	13	<i>Metagoniopus</i> spp.	3	23,1(10,92-35,24)	1	1-3	0,23	Чешуя	
Итого:	13		3	23,1(10,92-35,24)					
Род Краснопёрки-угаи – <i>Tribolodon Dубowski, 1869</i>									
Монгольский краснопёр (<i>Chapodichthys mongolicus</i>)	7	<i>Metagoniopus</i> spp.	1	14,3(0-28,58)	1	1	0,14	Чешуя	
Итого:	7		1	14,3(0-28,58)					
Род Ханодихтисы – <i>Chapodichthys Bleeker, 1859</i>									
Верхоглаз (<i>Chapodichthys erythrorterus</i>)	3	<i>Clonorchis sinensis</i>	1	33,3(0-66,66)	2	1	0,67	М.т	
Итого:	3		1	33,3(0-66,66)					

Род Уклеи – <i>Culter Bleeker, 1855</i>									
Уклей (<i>Culter alburnus</i>)	1	<i>Metagonimus</i> spp.	1		100	4	4	4	Чешуя
Итого:	1		1		100				
Род Горчаки – <i>Rhodeus Agassiz, 1832</i>									
Горчак амурский обыкновенный (<i>Rhodeus sericeus</i>)	1	–	–		–	–	–	–	–
Итого:	1				–				
Род Пескари – <i>Gobio Cuvier, 1816</i>									
Пескарь амурский обыкновенный (<i>Gobio suposcephalus</i>)	1	–	–		–	–	–	–	–
Итого:	1				–				
Род Гольяны – <i>Rhynchocypris Gunther, 1889</i>									
Гольян озёрный (<i>Rhynchocypris cf. percnurus</i>)	27	<i>Clonorchis sinensis</i>	1		3,7(0-7,4)	1	0-1	0,04	М.т.
Итого:	27		1		3,7(0-7,4)				
ВСЕГО:	248		10		4,0(2,75-5,25)				
ОТРЯД ЛОСОСЕОБРАЗНЫЕ – SALMONIFORMES JOHNSON ET PATTERSON, 1996 СЕМЕЙСТВО ЛОСОСЁВЫЕ – Salmonidae Jaroski or Schinz, 1822 Род Ленки – <i>Brachymystax Gunther, 1866</i>									
Тупорылый ленок (<i>Brachymystax tumensis</i>)	31	<i>N.schikhobalowi</i>	20		64,5(55,91-73,09)	883,15	1-9460	569,77	Почки, плавники, жабры, М.п.
Острорылый ленок (<i>Brachymystax lenok</i>)	29	<i>N.schikhobalowi</i>	24		82,8(75,66-89,94)	2131,79	1-23040	1764,24	Почки, жабры, плавники, М.п.
		<i>Metagonimus</i> spp.	1		3,5(0,05-6,95)	1	0-1	0,03	Чешуя
Итого:	60		45		75,0(69,41-80,59)				

Род Тихоокеанские лососи – <i>Oncorhynchus Suckley, 1861</i>									
Кета осенняя (<i>Oncorhynchus keta</i>)	185	<i>N.schikhdolowi</i>	24	13,0(10,53-15,47)	741,38	20-4498	96,18	Почки	
Мальки кеты (<i>Oncorhynchus keta</i>)	145	<i>N.schikhdolowi</i>	8	5,5(3,6-7,4)	6,63	3-11	0,37	Почки	
Таймень сибирский (<i>Hucho taimen</i>)	5	<i>N.schikhdolowi</i>	3	60(35,51-84,49)	1423,67	383-3456	854,2	Почки	
		<i>Metagonimus spp.</i>	1	20(0-40,0)	1	0-1	0,2	Чешуя	
Итого:	335		36	10,8(9,11-12,49)					
ВСЕГО	395		81	20,5(18,47-22,53)					
СЕМЕЙСТВО ХАРИУСОВЫЕ – <i>Thymallidae Gill, 1884</i>									
Род Харюсы – <i>Thymallus Linck, 1790</i>									
Нижнеамурский харюс (<i>Thymallus tugarinae</i>)	74	<i>N.schikhdolowi</i>	20	27(21,84-32,16)	330,85	1-3175	89,4	Почки, плав-ники, М.п.	
Итого:	74		20	27(21,84-32,16)					
ВСЕГО:	717		111	15,5(14,15-16,85)					

Примечание: Абс. – абсолютное число; ЭИ – экстенсивность инвазии; СИИ – средняя интенсивность инвазии; АИ – амплитуда интенсивности; ИО – индекс обилия; М.п. – мышечная ткань; Д.м. – дорсальная мускулатура, М.п. – мышцы плаваников

Стоит отметить, что толстолобик белый, монгольский краснопёр, белый лещ являются промысловыми видами пресноводных рыб бассейна Амура, а также объектами спортивного рыболовства. Они обладают ценными потребительскими свойствами и используются в пищу населением. Традиционные способы приготовления леща (копчение, вяление, употребление в сушёном виде) технологически не предполагают предварительную очистку рыбы от чешуи. Употребление этого вида в сыром или слабосолёном виде, а также попадание чешуи в готовые блюда могут послужить причиной инвазирования людей возбудителями метагонимоза. Уклей представляет собой второстепенный объект промысла на Амуре и принимает участие в поддержании циркуляции возбудителя метагонимоза в природных очагах [9, 15].

Метацеркарии *C.sinensis* были обнаружены в мышечной ткани у одной особи голяна озёрного (*Rhynchocypris cf. percnurus*) и верхогляда (*C.erythropterus*). Показатель ЭИ составил 3,7 % (95%ДИ: 0-7,4 %) и 33,3 % (95%ДИ: 0-66,66%) при АИ 1 экз. на 20 чешуй у каждого вида. Особи верхогляда были отловлены в протоке Синдинской р. Амур в 2022 году, а голяна озёрного – в озере в районе международного аэропорта «Хабаровск имени Г.И. Невельского» в 2023 году.

Следует отметить, что верхогляд и голян обыкновенный не имеют промыслового значения, являются объектами спортивного и любительского рыболовства. Данные виды рыб играют важную роль в поддержании циркуляции возбудителя клонорхоза в природных очагах [6, 9, 15].

Три вида рыб семейства *Cyprinidae* в количестве 125 особей – карась серебряный (*Carassius gibelio*), амурский сазан (*Cyprinus rubrofasciatus*) и горчак амурский обыкновенный (*R. sericeus*) были свободны от инвазии.

Из семейства *Salmonidae* метацеркариями *N.schikhobalowi* были поражены особи тупорылого ленка (*B.tumensis*) с показателем ЭИ 64,5 % (95%ДИ: 55,91-73,09%) при АИ 1-9460 экз. Местом локализации метацеркарий возбудителя являлись почки, жабры, плавники и их мышцы. Рыба была выловлена в реках Маном и Хор в 2022 и 2025 годах.

Стоит отметить, что тупорылый ленок имеет ограниченное промысловое значение, требует охраны, особенно в нерестовый период и на путях миграций. Вид является ценным объектом спортивного рыболовства ввиду того, что мясо ленка обладает высокими потребительскими качествами (большим количеством полезных веществ и ценных для организма человека витаминов, минералов, микро- и макроэлементов) [15].

Результаты исследования почек особей осенней формы кеты (*O.keta*), отловленной в р. Анюй в 2022 г. и мальков летней расы, выловленных в реках Амгунь и Амур у села Сусанино в 2025 г., показали, что ЭИ нанофиетусами составила от 5,5 % (95%ДИ: 3,6-7,4 %) до 13 % (95%ДИ: 10,53-15,47 %) при АИ от 3-11 до 20-4498 метацеркарий.

Необходимо отметить, что тихоокеанские лососи являются главным объектом промысла Дальневосточного рыбохозяйственного бассейна, а также промежуточными хозяевами возбудителей не только нанофиедоза, но и дифиллоботриоза и анизакидоза.

В результате ихтиопаразитологического исследования у острорылого ленка (*B.lenok*) и тайменя сибирского (*H.taimen*), была обнаружена сочетанная инвазия метацеркариями возбудителей – *Metagonimus spp.* и *N.schikhobalowi*. Показатели ЭИ метагонимусами составили 3,5 % (95%ДИ: 0,05-6,95 %) и 20 % (95%ДИ: 0-40,0 %) при АИ – 1 метацеркария на 20 чешуй у обоих видов. Показатели ЭИ нанофиетусами – 82,8 % (95%ДИ: 75,66-89,94 %) при АИ 1-23042 экз. у острорылого ленка и 60 % (95%ДИ: 35,51-84,49%) при АИ от 383 до 3456 экз. – тайменя сибирского (отловлены в р. Хор в 2025 г.). Местом локализации метацеркарий метагонимусов являлись чешуя, а нанофиетусов – почки, жабры, плавники и мышцы плавников.

Следует подчеркнуть, что острорылый ленок имеет значение как объект любительского и спортивного рыболовства, а таймени отнесены к ценным видам водных биологических ресурсов. Вид *H.taimen* утратил прежнее многообразие хозяйственного применения. В настоящее время он наиболее значим как объект рыболовного туризма и источник получения рыбьей кожи в традиционном хозяйстве КМНС [21, 22].

Из семейства *Thymallidae* инвазия метацеркариями *N.schikhobalowi* была выявлена у нижнеамурского хариуса (*T.tugarinae*). Показатель ЭИ составил 27 % (95%ДИ: 21,84-32,16%) при АИ 1-3175 экз. Местом локализации метацеркарий нанофиетусов являлись почки, плавники и их мышцы. Рыба была отловлена в реках Маном и Хор в 2022 и 2025 годах.

Необходимо особо выделить, что среди пресноводных лососей хариус нижнеамурский имеет основное промысловое значение, является объектом спортивного и любительского рыболовства, вследствие широкого распространения, высокой численности и доступности, а также играет важную роль в экосистемах рек Амурского бассейна. Мясо хариуса ценится за вкусовые качества и полезные свойства, также используется населением в солёном и копчёном виде. Из пяти видов хариусов, обитающих в реках Амурского бассейна, именно нижнеамурский является основным фактором передачи *N.schikhobalowi* человеку. Данный вид является многочисленным представителем

ихтиофауны полугорных и горных рек бассейна Нижнего Амура. Другие виды хариусов в уловах встречаются редко [9, 13, 16].

Заключение

Результаты проведённого ихтиопаразитологического исследования подтверждают циркуляцию трематод *Metagonimus spp.*, *Nanophyetus schikhobalowi* и *Clonorchis sinensis* в экосистеме бассейна реки Амур на территории Хабаровского края в звене промежуточных хозяев – рыб отрядов *Cypriniformes* и *Salmoniformes*. Исследованные виды рыб имеют промысловое значение, что обуславливает риск заражения населения трематодами, особенно среди жителей, употребляющих сырую, слабосолёную или вяленую рыбу.

Фактические данные подтверждают необходимость ежегодного проведения мероприятий по оценке паразитологического состояния рыбохозяйственных водоёмов Хабаровского края для минимизации риска инвазирования населения. Для этого необходимо проведение мероприятий по гигиеническому воспитанию населения, особенно среди эпидемиологически значимых групп – рыбаков и членов их семей, жителей прибрежных населённых пунктов, работников рыбоперерабатывающих предприятий и др.

При информировании населения особое внимание должно уделяться способам обеззараживания рыбы от личинок возбудителей трематод в домашних условиях, необходимости исключения из рациона сырой и малосоленой рыбы, соблюдения режимов её обеззараживания и термической обработки, а также недопущению скормливания домашним животным необеззараженной рыбы и продуктов её переработки.

Литература

1. Сергиев В.П., Лобзин Ю.В., Козлов С.С. Паразитарные болезни человека (протозоозы и гельминтозы). СПб: Фолиант, 2016. 640 с.
2. Ушаков А.В. Характеристика сочетанных природных очагов клонорхоза, метагонимоза и нанофиетоза в экосистеме реки Амур и риск заражения населения. Здоровье населения и среда обитания. 2020; 7: 328: 51-58. DOI: 10.35627/2219-5238/2020-328-7-51-58.
3. Чертов А.Д., Фигурнов В.А., Подолько Р.Н., Близнач О.И. Гельминтозы Дальнего Востока (редкие наблюдения). Благовещенск: Поли-М, 2012. 125 с.
4. Посохов П.С. Клонорхоз в Приамурье. Библиотека инфекционной патологии. 2004; 11:13-31.
5. Иванова И.Б., Мжельская Т.В., Гриднева Н.М., Старостина И.С., Дурнева В.М. Клонорхоз – один из эндемичных трематодозов Дальнего Востока. Дальневосточный журнал инфекционной патологии. 2007; 10: 112-116.
6. Драгомерецкая А.Г., Зея О.П., Иванова И.Б. Трематодозы Приамурья: рыба как фактор передачи гельминтов человеку. Библиотека инфекционной патологии. 2012; 32: 47 – 53.
7. Драгомерецкая А.Г. Влияние особенностей ихтиофауны реки Амур на формирование очагов нанофиетоза в Хабаровском крае. Дальневосточный журнал инфекционной патологии. 2013. 23: 58-61.
8. Млынар Е.В., Хованский И.Е. Экологические аспекты увеличения показателя общей заболеваемости по метагонимозу в населённых пунктах Хабаровского края. Международный журнал прикладных и фундаментальных исследований. 2019; 3: 61-65.
9. Москвина Ю.И., Гаер С.И., Драгомерецкая А.Г., Троценко О.Е. Мониторинг инвазированности промежуточных хозяев как элемент эпиднадзора за биогельминтозами в Хабаровском крае. Дальневосточный журнал инфекционной патологии. 2025; 48: 61-68. DOI: 10.62963/2073-2899-2025-48-61-68.
10. Бауер О.Н. Определитель паразитов пресноводных рыб фауны СССР. Т. 3. Паразитические многоклеточные (Вторая часть). Л.: Изд-во «Наука», 1987. 583 с.
11. Система обмена туристской информацией. <https://nbcrs.org/regions/khabarovskiy-kray/vodnye-resursy-nalichie-rek-ozer>.
12. Туристический портал Хабаровского края. <http://travel.khv.ru/pages/6>.
13. Материалы общего допустимого улова водных биологических ресурсов во внутренних водах Хабаровского края, Амурской области и Еврейской автономной области, за исключением внутренних морских вод, на 2024 год (с оценкой воздействия на окружающую среду). Хабаровск: «ХабаровскНИРО», 2023. 224 с.
14. Антонов А.Л., Барабанщиков Е.И., Золотухин С.Ф., Михеев И.Е., Шаповалов М.Е. Рыбы Амура. Владивосток: Всемирный фонд дикой природы (WWF), 2018. 318 с.
15. Кульбачный С.Е., Скопец М.Б. Рыбы реки Амур. Хабаровск: Благотворительный фонд «Биосфера», 2025. 128 с.
16. Гонта К.С., Подолько Р.Н., Чертов А.Д. Рыбы Верхнего и Среднего Амура (справочник рыболова). Благовещенск: Изд-во БГПУ, 2021. 148 с.

17. Бурик В.Н. Рыбы китайского равнинного ихтиокомплекса в фауне Еврейской автономной области. Региональные проблемы. 2011; 14(1): 26-29.
18. Комитет рыбного хозяйства Правительства Хабаровского края. <https://fish.khabkrai.ru/events/Novosti/715>.
19. Коцюк Д.В. О повышении эффективности государственного регулирования рыбного хозяйства Хабаровского края с применением проектного управления. Вопросы рыболовства. 2024; 25(4): 137-158. DOI: 10.36038/0234-2774-2024-25-4-137-158.
20. Драгомерецкая А.Г., Бебенина Л.А, Троценко О.Е., Гаер С.И. Традиционный образ жизни коренного населения Хабаровского края как фактор, обуславливающий широту распространения возбудителей эндемичных гельминтозов. Здоровье населения и среда обитания. 2022; 3 (30): 72-77. DOI: 10.35627/2219-5238/2022-30-3-72-77.
21. Приказ Министерства сельского хозяйства РФ от 23.10.2019 г. № 596 «Об утверждении Перечня особо ценных и ценных видов водных биологических ресурсов». 4 с.
22. Золотухин, С.Ф. Жемчужины нашей природы. Таймени Хабаровского края. Хабаровск: ООО «Медиа-Мост», 2021.70 с.

ОБЗОРЫ

УДК: 616.98:579.881(470+571)(048)
DOI: 10.62963/2073-2899-2026-53-77-88

КЛЕЩЕВЫЕ РИККЕТСИОЗЫ В РОССИИ И ОСОБЕННОСТИ ВИДОВОГО СОСТАВА ВОЗБУДИТЕЛЕЙ В ХАБАРОВСКОМ КРАЕ (ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ)

Белкина Н.В., Драгомерецкая А.Г., Троценко О.Е., Аушева Т.А.
*ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора,
г. Хабаровск, Российская Федерация*

Ответственный за взаимодействие с редакцией: Белкина Надежда Владимировна – младший научный сотрудник лаборатории клещевого энцефалита и других природно-очаговых инфекций отдела природно-очаговых инфекций ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора; e-mail: hniiem-poi.labke@bk.ru

АННОТАЦИЯ

Клещевой риккетсиоз занимает второе место по распространенности среди клещевых трансмиссивных инфекций на территории азиатской части Российской Федерации. В последние годы наблюдается стремительный рост осведомленности об этой группе заболеваний. В основном, увеличение информации обусловлено развитием методов молекулярной диагностики, облегчающих идентификацию новых и ранее известных риккетсий. К настоящему времени на очаговых территориях Дальнего Востока России доказано существование по крайней мере трёх патогенных риккетсий группы клещевой пятнистой лихорадки – *R.sibirica subsp.sibirica*, *R.sibirica subsp.BJ-90*, *R.heilongjiangensis* и ряда риккетсий с неизвестной патогенностью. Результаты проведенного анализа указывают на ведущую роль *R.heilongjiangensis* как возбудителя клещевого риккетсиоза на территории Хабаровского края.

Ключевые слова: клещевые трансмиссивные инфекции, клещевые риккетсиозы, видовое разнообразие, Российская Федерация, Хабаровский край, *Rickettsia sibirica*, *Rickettsia heilongjiangensis*.

Информация о вкладе авторов. Концепция и дизайн исследования – Белкина Н.В., Драгомерецкая А.Г., Троценко О.Е.; анализ и интерпретация результатов – Белкина Н.В., Аушева Т.А.; обзор литературы – Белкина Н.В., подготовка рукописи – Белкина Н.В., Драгомерецкая А.Г., Троценко О.Е., Аушева Т.А. Все авторы ознакомились с результатами работы и одобрили окончательный вариант рукописи.

Конфликт интересов: авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов в связи с публикацией данной статьи.

TICK-BORNE RICKETTSIOSIS IN RUSSIA AND PECULIARITIES OF SPECIES COMPOSITION OF TICK-BORNE RICKETTSIOSES CAUSATIVE AGENTS IN THE KHABAROVSK KRAI (LITERATURE REVIEW)

Belkina N.V., Dragomeretskaya A.G., Trotsenko O.E., Ausheva T.A.
*FBUN Khabarovsk research institute of epidemiology and microbiology of the
Federal service for surveillance on consumers' rights protection and human
wellbeing, Khabarovsk, Russian Federation*

ABSTRACT

Tick-borne rickettsioses are ranked second among tick-borne infections in the Asian part of the Russian Federation. The infection levels of certain tick species can exceed 70%; however, the data

on the diversity of the species composition in the Russian Federation are scarce. Awareness concerning this group of diseases has grown rapidly in recent years. Much attention has been paid to the development of molecular genetic methods, which facilitate the identification of new and previously known rickettsiae. At least three pathogenic groups of rickettsiae causing spotted fever have been found in territories endemic for natural focal infections in the Russian Far East - *R. sibirica subsp.sibirica*, *R. sibirica subsp.BJ-90*, *R. heilongjiangensis*, and a number of rickettsiae with unknown pathogenic potential. The results of the conducted analysis indicate the prevailing role of *R. heilongjiangensis* in the etiology of tick-borne rickettsioses in the Khabarovsk Krai.

Key words: tick-borne infections, tick-borne rickettsioses, species diversity, Russian Federation, Khabarovsk Krai, *Rickettsia sibirica*, *Rickettsia heilongjiangensis*

Authors contribution: study concept and design – Belkina N.V., Dragomeretskaya A.G., Trotsenko O.E.; analysis and interpretation of the data – Belkina N.V., Dragomeretskaya A.G., Ausheva T.A.; literature review – Belkina N.V., Dragomeretskaya A.G.; manuscript drafting – Belkina N.V., Dragomeretskaya A.G., Trotsenko O.E., Ausheva T.A. All authors reviewed the results and approved the final version of the manuscript.

Conflict of interest: authors declare no conflict of interest.

Введение

Клещевые риккетсиозы (КР) - это группа трансмиссивных заболеваний, протекающих с лихорадкой (39,5-40°C), первичным аффектом в виде язвы на месте присасывания клеща, розеолезно-папулезной сыпью, увеличением близко расположенных к месту укуса лимфоузлов и головной болью [1]. Микроорганизмы были названы риккетсиями в честь американского исследователя Х.Т. Риккетса в 1916 г., открывшего возбудителя лихорадки Скалистых гор³.

Современная классификация дифференцирует риккетсий на пять групп: старейшая группа, предковая группа, группа сыпного тифа, группа клещевой пятнистой лихорадки I и II (ранее – «переходная» группа) (рис. 1) [2]. По клиническим и эпидемиологическим проявлениям, антигенным связям исторически выделяют клещевые риккетсиозы (КР) группы сыпного тифа (СТ) и клещевых пятнистых лихорадок (КПЛ) [3].

I Belli Group -BG	II Canadensis Group-CG	III Typhus Group-TG	IV Spotted Fever Group II (Earlier TGR)	V Spotted Fever Group I (Sample <i>Rickettsia</i> Species)
<i>R. bellii</i>	<i>R. canadensis</i>	<i>R. prowzekii</i> <i>R. typhi</i>	<i>R. akari</i> <i>R. australis</i> <i>R. hoogstraalii</i> <i>R. asemboensis</i> <i>R. felis</i>	<i>R. monacensis</i> <i>R. raoultii</i> <i>R. aeschlimannii</i> <i>R. rhipicephali</i> <i>R. massiliae</i> <i>R. rickettsii</i> <i>R. slovaca</i> <i>R. conorii</i> <i>R. sibirica</i> <i>R. parkeri</i> <i>R. africae</i>
		<i>R. helvetica</i>		

Рис. 1. Классификация видов риккетсий по группам на основе филогенетического анализа (по El Karkouri K. и др., 2022) [2]

Патогенные для человека виды риккетсий входят в состав риккетсий группы сыпного тифа (*Rickettsia prowzekii*, *Rickettsia typhi*) и риккетсий группы КР (*Rickettsia rickettsii*, *Rickettsia conorii*, *Rickettsia australis*, *Rickettsia acari*, *Rickettsia sibirica* и др.). Болезни группы СТ передаются вшами и блохами, а болезни группы КР передаются клещами.¹

¹ Литусов Н.В. Род *Rickettsia*. Иллюстрированное учебное пособие. Екатеринбург: Изд-во УГМУ, 2017. 35 с.

В настоящее время известно, что из 26 видов риккетсий группы КПЛ, переносимых иксодовыми клещами, шестнадцать являются патогенными для человека. Патогенность для остальных видов (в том числе и новых видов) пока не доказана (табл. 1) ².

Целью данного исследования является анализ данных по видовому составу возбудителей клещевых риккетсиозов на территории Российской Федерации и Хабаровского края.

Видовое разнообразие риккетсий, распространенных на территории Российской Федерации

Наряду с клещевым энцефалитом (КЭ) и иксодовыми клещевыми боррелиозами (ИКБ) КР входят в тройку наиболее распространенных клещевых трансмиссивных инфекций (КТИ) в Российской Федерации. За последние годы существенно изменились представления о распространенности риккетсий группы КПЛ и вызываемых ими заболеваний на территории страны. Случаи заболевания КР регистрируются в Республике Алтай, Красноярском крае, Республике Хакасия, в Тюменской, Курганской, Новосибирской, Кемеровской, Иркутской, Читинской, Амурской областях, Республиках Тыве, Бурятии, Хабаровском и Приморском краях, Еврейской автономной области [1].

В Российской Федерации в государственной статистической отчетности (форма № 2 «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях») проводится регистрация и учёт трех нозологических форм КР группы КПЛ:

- сибирский клещевой тиф (СКТ), вызываемый *R.sibirica sensu stricto*; основными переносчиками являются клещи рода *Dermacentor* и клещи *Haemaphysalis concinna*, эпидемически активные очаги распространены преимущественно в азиатской части России и в Казахстане. Регистрируются рецидивные формы сыпного тифа, вызываемые *R. prowazeki* - «Эпидемический сыпной тиф» и «Болезнь Брилла».

- астраханская пятнистая лихорадка (АПЛ), вызываемая *R.conorii* subsp. *caspiensis* nov. (353), переносчиком являются клещи *Rhipicephalus pumilio*, очаги зарегистрированы в Астраханской области и на сопредельных территориях.

- марсельская лихорадка (МЛ), вызываемая *R. conorii* subsp. *conorii*, переносчик —клещ *Rhipicephalus sanguineus*, очаги зарегистрированы на территории Крымского полуострова, Черноморского и Каспийского побережья Кавказа, Закавказья [3, 6].

По данным официальной регистрации, в Российской Федерации, за период 2012–2021 гг. 94,74 % заболеваний СКТ пришлось на девять субъектов: Алтайский край (36,48 %), Республику Алтай (14,15 %), Новосибирскую область (12,22 %), Хабаровский (10,45 %), Приморский (7,17 %), Красноярский (4,05 %) края, Республику Тыва (3,70 %), Иркутскую область (3,64 %), Республику Хакасия (2,88 %). Остальные восемь субъектов внесли незначительный вклад в общую структуру регистрируемой заболеваемости СКТ: 1,27 % – Республика Бурятия, 1,20 % – Забайкальский край, 0,91 % – Еврейская АО, 0,75 % – Амурская, 0,49 % – Кемеровская, 0,25 % – Тюменская, 0,22 % – Курганская, 0,1 % – Омская области. Благодаря ранжированию регионов по среднемуголетним показателям заболеваемости СКТ появилась возможность дифференцировать субъекты РФ по степени эпидемической опасности (рис. 2) [7].

На территории России циркулируют несколько видов риккетсий: *R. sibirica* subsp. *sibirica*, *R. conorii* subsp. *caspiensis*, *R. heilongjiangensis*, *R. slovacica*, *R. helvetica*, *R. raoultii*, *R. aeschlimannii*, *R. monacensis*, а также кандидатные виды “*Ca. R. tarasevichiae*”, “*Ca. R. principis*” и “*Ca. R. rara*” (рис. 3) ³ [8-10].

R. sibirica subsp. *sibirica* – возбудитель сибирского клещевого тифа. Основными переносчиками являются клещи рода *Dermacentor*, а также клещи вида *H. concinna* и *H. japonica*. В России был обнаружен в клещах в Новосибирской, Иркутской, Омской, Кемеровской, Тюменской областях, Алтайском, Красноярском Хабаровском, Приморском краях, Республике Бурятия, Хакасия, Коми [11-13, 9].

Возбудителем астраханской пятнистой лихорадки является *R. conorii* subsp. *caspiensis*. Переносчиком являются клещи вида *R. pumilio*. В конце 1970-х – начале 1980-х гг. в Астраханской области были отмечены первые случаи заболевания. Тем не менее только в 1991 г. был выделен и идентифицирован данный возбудитель. Заболеваемость регистрируется преимущественно в Астраханской, Вологодской областях и в Калмыкии. Симптоматика типичная для клещевых риккетсиозов, но только в 20% случаев выявляется первичный аффект [14].

Возбудитель марсельской лихорадки *R. conorii* subsp. *conorii* экологически связан с клещами *R. sanguineus*. Заболевание преимущественно распространено в Средиземноморском регионе, в бассейнах Черного и Каспийского морей [12]. Клинические проявления марсельской лихорадки очень схожи с симптоматикой других клещевых риккетсиозов.

Видовое разнообразие патогенных риккетсий, переносимых иксодовыми клещами² Таблица 1

Вид риккетсий	Название заболевания	Степень тяжести *	Особенности клиники	Клещи переносчики	Географическое распространение риккетсий
<i>R. rickettsii</i>	Пятнистая лихорадка скалистых гор	+++++	В ~97% случаев нет первичного аффекта	<i>Dermacentor spp.</i> , <i>Amblyomma spp.</i> , <i>Haemaphysalis leporispalustris</i> , <i>Rhipicephalus sanguineus</i>	Америка
<i>R. conorii</i> subsp. <i>conorii</i>	Средиземноморская пятнистая лихорадка	+++	В ~50% случаев нет первичного аффекта	<i>Rhipicephalus spp.</i> , <i>Haemaphysalis spp.</i>	Европа, Африка, Турция
<i>R. conorii</i> subsp. <i>caspia</i>	Астраханская пятнистая лихорадка	N	-	<i>Rhipicephalus spp.</i>	Европа, европейская часть России, Африка
<i>R. conorii</i> subsp. <i>indica</i>	Индийский клещевой тиф	N	Первичный аффект выявляется редко	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	Европа, Индия
<i>R. sibirica</i> subsp. <i>sibirica</i>	Сибирский клещевой тиф	++	Первичный аффект, розеолезно-папулезная сыпь, увеличение близко расположенных к месту укуса лимфоузлов, головная боль	<i>Dermacentor spp.</i> , <i>Haemaphysalis concinna</i>	Азиатская часть России, Китай, Монголия
<i>R. sibirica</i> subsp. <i>mongolotimonae</i>	ЛАР (typhrangitis-associated rickettsiosis)	N	В ~55% случаев увеличены лимфоузлы	<i>Nyalotoma spp.</i> , <i>Rhipicephalus pusillus</i>	Европа, Китай, Монголия, Африка
<i>R. africae</i>	Африканская клещевая лихорадка	++	В ~50% случаев нет сыпи, в ~54% случаев выявляются несколько первичных аффектов.	<i>Amblyomma spp.</i> , <i>Rhipicephalus spp.</i> , <i>Nyalotoma imbricatum</i>	Африка, Северная и Центральная Америка, Турция
<i>R. japonica</i>	Японская пятнистая лихорадка	++	-	<i>Haemaphysalis spp.</i> , <i>Ixodes ovatus</i> , <i>Dermacentor taiwanensis</i>	Япония, Южная Корея, Китай
<i>R. australis</i>	Квинслендский клещевой тиф	++	-	<i>Ixodes spp.</i>	Австралия
<i>R. helongjiangensis</i>	Нет названия	++	У 87,5% заболевших неярко выраженная сыпь, склонность к образованию подкожных лимфангоитов	<i>Haemaphysalis spp.</i> , <i>D. silvaticus</i>	Азиатская часть России, Китай, Южная Корея, Япония

<i>R. akari</i>	Везикулезный риккетсиоз	++	Везикулезная сыпь	Гамзовые клещи: <i>Allothrombomys sanguineus</i> , <i>Liponyssoides sanguineus</i>	Северная Америка, Африка
<i>R. parkeri</i>	Нет названия	++	-	<i>Amblyomma spp.</i>	Америка
<i>R. honei</i>	Пятнистая лихорадка острова Флиндерс	++	В 58-75% случаев нет первичного аффекта	<i>Aronomma hydrosauri</i>	Австралия, Азия
<i>R. helvetica</i>	Нет названия	+	В ~87% случаев нет первичного аффекта, сыпь выявляется редко, описан случай перимеокардита	<i>Ixodes spp.</i>	Европа, Россия, Северная Африка
<i>R. aeschlimannii</i>	Нет названия	+	-	<i>Hyalomma marginatum sp.</i>	Африка, Европа, Россия
<i>R. massiliae</i>	Нет названия	+	-	<i>Rhipicephalus spp.</i>	Южная Америка, Европа
<i>R. monacensis</i>	Нет названия	+	В ~67% случаев нет первичного аффекта	<i>Ixodes spp.</i>	Европа, Африка, европейская часть России
<i>R. massiliae</i>	Нет названия	+	-	<i>Rhipicephalus spp.</i>	Южная Америка, Европа
<i>R. monacensis</i>	Нет названия	+	В ~67% случаев нет первичного аффекта	<i>Ixodes spp.</i>	Европа, Африка, европейская часть России
<i>R. slovaca</i>	SENLAT/TIBOLA/ DEBONEL	+	В ~95% случаев нет сыпи, часто увеличены шейные и/или ушные лимфоузлы	<i>Dermacentor spp.</i>	Европа, Азия, европейская часть России
<i>R. raoultii</i>	Нет названия	N	От бессимптомных случаев до заболеваний разной степени тяжести, часто без сыпи и первичного аффекта	<i>Dermacentor spp.</i>	Европа, Азия, Россия

* - сведения из статьи [5]; N- не определено в статье

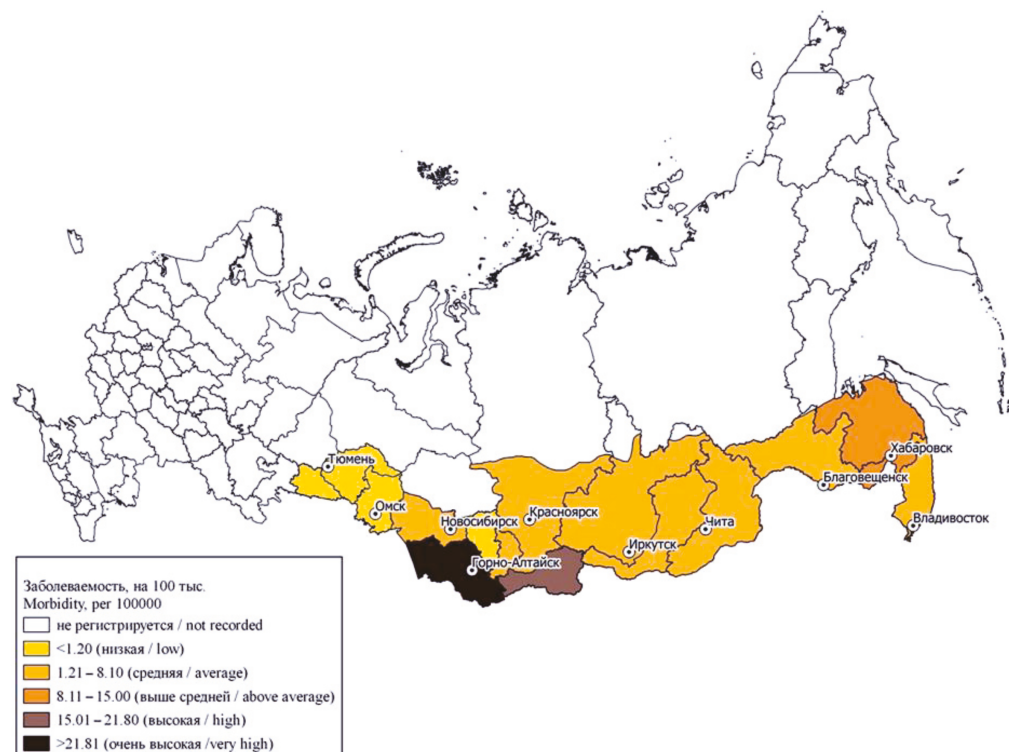


Рис. 2. Ранжирование субъектов РФ по среднесноголетним показателям заболеваемости сибирским клещевым тифом в 2012– 2021 гг. [6].

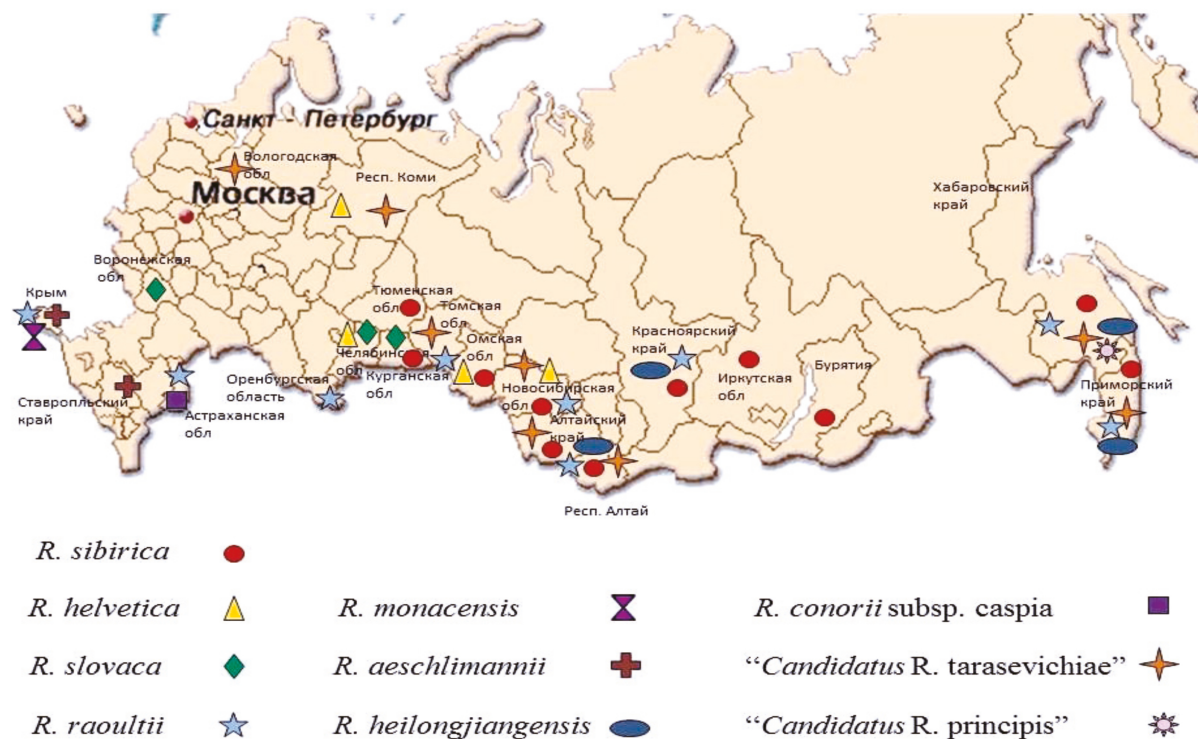


Рис. 3. Видовое разнообразие риккетсий, распространенных на территории Российской Федерации, по литературным данным².

На Дальнем Востоке России, на территории Восточной и Западной Сибири, а также в Китае, Казахстане, Киргизстане и Монголии выявляются случаи заболеваний КР, возбудителем которого является *Rickettsia heilongjiangensis* [1].

Основным переносчиком *R. heilongjiangensis* являются клещи *H. concinna*. Реже этот вид выявляется в клещах *I. persulcatus*, *D. silvarum*, *H. japonica* и *H. flava* [15-17]. Симптоматика клещевого риккетсиоза, вызываемого *R. heilongjiangensis*, схожа с СКТ, однако пик заболеваемости смещен на июль [16].

Впервые *R. slovaca*, как возбудитель, была выявлена в 1969 г. в Чехословакии и считалась непатогенной [18]. Позднее этот вид риккетсий был обнаружен у пациентов с синдромом SENLAT/TIBOLA/DEBONEL (scalp eschar and neck lymph adenopathy after a tick bite - *лимфаденопатия кожи головы и шеи после укуса клеща*/ tick-borne lymphadenopathy - *клещевая лимфаденопатия* / Dermacentor-borne necrosis erythema lymphadenopathy - некроз, эритема, лимфаденопатия, связанная с клещом). Основным переносчиком является клещ вида *D. marginatus*. Случаи заболевания регистрировались в Чехословакии, Испании, Польше, Франции, Португалии, Хорватии, Венгрии, Армении, Российской Федерации (Воронежская область, Ставропольский край) [19-23, 24]. В большинстве случаев симптоматика заболевания проявляется в увеличении затылочных и/или шейных лимфоузлов; редко выявляется лихорадка, сыпь, эритема на месте укуса [19, 23].

В 2008 г. на основании генетических и серологических характеристик было показано, что вид *R. raoultii* включает в себя такие геноварианты как *Rickettsia* sp. RpA4, *Rickettsia* sp. DnS14 и *Rickettsia* sp. Dns28². Данный вид риккетсий распространен в клещах во Франции, Германии, Испании, в Азии, в Северной Африке, России (Новосибирская, Омская, Амурская области, Алтайский, Хабаровский, Приморский края) [25-27, 9]. Основными переносчиками *R. raoultii* являются клещи рода *Dermacentor*, также выявляется в *R. pumilio*, а в единичных случаях - в клещах *H. concinna* и *I. persulcatus* [9].

В Китае Н. Li и соавт. (2014) описали несколько случаев обнаружения ДНК *R. raoultii* в образцах от пациентов, госпитализированных после укуса клещами [28]. Также серологическими методами были выявлены антитела к антигенам *R. raoultii* у пациентов в Польше, Франции и России [29-32]. ДНК *R. raoultii* была выявлена во Франции в клещах, снятых с пациентов с синдромом TIBOLA, а также в России в клещах, снятых с пациентов с лимфаденитом и с пациента с эритематозной реакцией [31, 30]. Клинические проявления риккетсиоза, вызванного *R. raoultii*, в некоторых случаях могут отсутствовать, но описаны случаи, когда происходит развитие инфекции разной степени тяжести, наблюдается синдром SENLAT/TIBOLA/DEBONEL, сыпь вокруг места укуса, эритематозная реакция, менингеальные проявления, в единичных случаях - макуло-папулезная сыпь и первичный аффект [28].

Впервые *R. helvetica* была обнаружена в клещах *I. ricinus* в Швейцарии, позднее - во многих европейских странах, в некоторых странах Африки и Азии, а также в клещах *I. persulcatus* в России (Омская область, Республика Коми), Эстонии и Японии [32-34, 16, 17]. Также ДНК *R. helvetica* была выявлена в образцах тканей диких животных в Европе (ежи, ящерицы, мыши, олени, диких кабаны) [21, 35]. Первое время *R. helvetica* считали непатогенной, однако позднее были отмечены случаи заболевания у пациентов в Швеции. Для риккетсиоза, вызванного *R. helvetica*, характерна лихорадка чаще без сыпи, описаны случаи перимиеокардита, менингита и саркоидоза [36-38].

В 1997 г. *R. aeschlimannii* была впервые выявлена в клещах *Hyalomma marginatum marginatum* в Марокко, а в 2002 г. был описан первый случай заболевания, вызванного *R. aeschlimannii* у туриста, вернувшегося из Африки [39]. В настоящее время заболевание регистрируется в Африке (Марокко, Алжир) и в Европе (Греция) [40-43]. Кроме того, *R. aeschlimannii* выявляется в клещах *H. punctata* в Казахстане (Алма-атинская область) и в клещах *H. marginatum marginatum* в Ставропольском крае и в Крыму [44, 45]. Симптоматика заболевания, вызванного *R. aeschlimannii*, типична для клещевых риккетсиозов, однако были описаны случаи без сыпи [40, 42].

R. monacensis выявляется в клещах *I. ricinus* в Испании, Португалии, Италии, Швейцарии, Люксембурге, Германии, Турции и Северной Африке [46, 31]. В России этот вид обнаружен в клещах *I. ricinus* в Калининградской области и в клеще *H. punctata* на полуострове Крым³. Были отмечены случаи инфекций, вызванных с *R. monacensis*, у пациентов в Испании и Италии. Заболевание сопровождалось типичными для клещевых риккетсиозов признаками, хотя выявлялись и случаи без первичного аффекта или без сыпи [47].

В 2003 г. на территории Российской Федерации (Южный Урал, Западная и Восточная Сибирь) был впервые выявлен "Candidatus *R. tarasevichiae*" в клещах *I. persulcatus* [48]. Было показано широкое распространение этого вида риккетсий в клещах *I. persulcatus* в Челябинской, Омской, Новосибирской, Тюменской, Красноярской, Томской областях, в Красноярском, Алтайском, Хабаровском и Приморском краях и Республике Коми [33, 17]. Уровень инфицированности варьирует и может достигать в некоторых областях 60% [17].

Относительно недавно “Candidatus *R. tarasevichiae*” считался непатогенным, однако Jia N. И соавт. (2013) и Liu H. с соавторами (2016) обнаружили ДНК данного вида риккетсий в образцах от 61 пациента в Китае с описанием нескольких летальных случаев. При риккетсиозе, вызванном “Candidatus *R. tarasevichiae*”, первичный аффект и лимфаденопатия выявляются очень редко, сыпь – в единичных случаях, у некоторых пациентов описаны менингеальные проявления [49,50]. Н.В. Рудаков и соавт. (2021) описали летальный случай в Красноярском крае, связанный с микст-инфицированием *R. sibirica* и Candidatus *R. tarasevichiae* [51].

Два новых вида “Candidatus *R. principis*” и “Candidatus *R. rara*” были впервые выявлены в Хабаровском крае в 2006 г. в клещах *H. japonica* и *H. concinna* (DQ365805). Позднее “Candidatus *R. rara*” был обнаружен в клещах *H. concinna*, *D. nuttalli* и *D. silvarum* в Китае (KP965740; KM386688; KT037688), их патогенность пока не изучена [8].

Клещевые риккетсиозы на территории Хабаровского края

Ранее считалось, что основным этиологическим агентом, вызывающим клещевой риккетсиоз на территории азиатской части России является *R. sibirica*. Однако только для трёх штаммов *R. sibirica*, изолированных в 1954-1966 гг. от пациентов с СКТ из Новосибирской области и с Алтая, видовая принадлежность была подтверждена секвенированием [17]. Помимо этого, ДНК *R. sibirica* была выявлена в образцах крови и первичных аффектов 44 пациентов из Алтайского края [52, 45].

К настоящему времени на очаговых территориях Дальнего Востока России доказано существование по крайней мере трёх патогенных риккетсий группы КПЛ – *R. sibirica subsp. sibirica*, *R. sibirica subsp. BJ-90*, *R. heilongjiangensis* и ряда риккетсий с неизвестной патогенностью [3, 7, 12, 29].

В 2004 году О.Ю. Медяников и соавт. ретроспективно установили этиологию случаев клещевого риккетсиоза на юге Хабаровского края как вызванных *R. heilongjiangensis*. Очаги этого риккетсиоза ранее были выявлены в Китае. Первый описанный штамм *R. heilongjiangensis* был выделен в 1982 г. как Heilongjiang изолят (штамм 054) из клещей *D. silvarum*, собранных на северо-востоке Китая. Здесь же в 1992 году были описаны случаи заболеваний людей в этой провинции, связанные с укусами клещей и по симптоматике схожие с клещевыми риккетсиозами [12]. Как новый вид *R. heilongjiangensis* формально был описан в 2003 г. [1, 16]. На территории Российской Федерации циркуляция возбудителя была установлена в Сибири (Алтайский, Красноярский) и на Дальнем Востоке (Хабаровский и Приморский края) [53, 16].

Реликтовый характер распространения *H. concinna* в послеледниковой Евразии определяет ареал этих переносчиков в виде отдельных «пятен» в различных частях нозоареала КР в Сибири и на Дальнем Востоке России [53]. Необходимо отметить, что штаммы *R. heilongjiangensis* были изолированы в ФБУН «Омский НИИ природно-очаговых инфекций» Роспотребнадзора значительно раньше первых «китайских» штаммов, однако они были идентифицированы лишь в последние годы. Первый штамм «130» *R. heilongjiangensis* выделил В.К. Ястребов в 1966 году из клещей *H. concinna*, собранных в Красногорском районе Алтайского края. Еще два штамма *R. heilongjiangensis* были выделены в 1981 году Т.А. Решетниковой из клещей *H. concinna*, собранных в Приморском крае. Но идентифицированы эти штаммы были лишь в 2006 году [55].

В 1936-1937 гг. впервые были описаны клинические и эпидемиологические характеристики риккетсиоза, вызываемого *R. heilongjiangensis*, однако из-за отсутствия методов дифференциальной лабораторной диагностики заболевание регистрировалось как клещевой риккетсиоз Северной Азии (КРСА) [16].

О.Ю. Медяников и соавт. (2004) сообщал о том, что клиническими особенностями инфекции, вызванной *R. heilongjiangensis*, являются наличие неярко выраженной сыпи только у 87,5% больных и склонность к образованию подкожных лимфангоитов. Было показано, что возбудитель клещевого риккетсиоза в Хабаровском крае, *R. heilongjiangensis*, является представителем подгруппы *Rickettsia japonica* группы КПЛ, что было подтверждено филогенетическим исследованием на основании анализа впервые секвенированного гена *ompB*. При исследовании иксодовых клещей и клинического материала в качестве скрининговой методики для идентификации ДНК риккетсий авторы использовали методику гнездовой (nested) ПЦР с модифицированными ими праймерами. Для амплификации полного гена использовали праймер CSendR, комплементарный крайнему 3'-участку гена *gltA*. Таким образом, комбинация праймеров CS2d и CSendR амплифицировала целиком ген цитрат-синтазы риккетсий группы КПЛ. Для более подробной идентификации риккетсий использовали ген *ompA*, кодирующий основной поверхностный антиген риккетсий группы КПЛ, 190-кДа белок, и ген *ompB*, кодирующий 120-кДа поверхностный антиген риккетсий. Гены были порционно амплифицированы и секвенированы [1].

Особенностями эпидемиологии КР, вызываемого *R. heilongjiangensis*, являются пик заболеваемости в июле и преимущественная подверженность заболеванию лиц старших возрастных групп, что объясняется особенностями биологии переносчика и хозяйственной деятельности человека в регионе.

Е.В. Мокрецова и соавт. (2021-2025 гг.) сообщали о том, что у больных клещевым риккетсиозом, обусловленным *R. heilongjiangensis*, наблюдалось повышение среднего уровня кадмия (Cd) в сыворотке крови в 1,5 раза. Средний уровень сывороточного селена (Se) у заболевших в разгаре болезни был в 1,4 раза меньше по сравнению с контрольной группой, уровень железа (Fe) был ниже в 3,5 раза. При этом, уровень меди (Cu) у заболевших повышался в 1,8 раза. По мнению авторов, нарушение баланса исследуемых микроэлементов, вероятно, отражается на снижении активности антиоксидантной антирадикальной защиты. Интенсивность интоксикационно-воспалительного синдрома характеризовалась статистически значимым повышением уровня противовоспалительных цитокинов IL-6, IL-8, TNF. Было показано, что статистически значимое снижение уровня железа, которое сопровождается уменьшением содержания противовоспалительного цитокина IL-6, свидетельствует об участии данного микроэлемента в формировании нутритивного иммунитета у больных КР, обусловленным *R. heilongjiangensis* [56-61].

В эпидемический сезон 2021-2025 гг. в лаборатории клещевого энцефалита и других природно-очаговых инфекций в результате исследования клинического материала от лихорадящих больных, имеющих в анамнезе присасывание клеща, генетический материал *R. heilongjiangensis* был выявлен в 74 из 575 проб – 12,9% (95% ДИ: 10,13-15,06%). У пациентов с подозрением на клещевой риккетсиоз клинический диагноз был подтвержден в 100% случаев. ДНК *R. sibirica* не была выявлена ни у одного из обследованных в этот период.

Важно отметить, что отдельная регистрация клещевых риккетсиозов, вызываемых *R. sibirica* и *R. heilongjiangensis*, в Хабаровском крае не проводится, диагноз в большом числе случаев устанавливается клинико-эпидемиологически. Практически все случаи клещевого риккетсиоза в Хабаровском крае регистрируются как СКТ и определить соотношение числа заболевших вследствие инфицирования тем или иным возбудителем в настоящее время не представляется возможным. Однако обнаружение *R. sibirica* лишь в 1 из 1657 проб (0,06%; 95% ДИ: 0,0-0,18%) иксодовых клещей, исследованных в 2021-2025 гг., позволяет предположить, что в подавляющем большинстве случаев заболевание было вызвано именно *R. heilongjiangensis*. В 2025 году в Хабаровском крае был зарегистрирован первый за историю наблюдений летальный случай клещевого риккетсиоза. В ходе исследования секционного материала (головной мозг, печень, селезенка) видовая принадлежность возбудителя *R. heilongjiangensis* была подтверждена методом real-time ПЦР и секвенирования по Сэнгеру. Вышеизложенное указывает на ведущую роль *R. heilongjiangensis* как возбудителя клещевого риккетсиоза на территории Хабаровского края.

Литература

1. Mediannikov O., Sidelnikov Y., Ivanov L., Mokretsova E. et al. New acute tick-borne rickettsiosis caused by *Rickettsia heilongjiangensis* in the Russian Far East // In: Clinical Microbiology and Infection, 14th European Congress of Clinical Microbiology and Infectious Diseases. Prague, 2004: 37.
2. El Karkouri K., Ghigo E., Raoult D., Fournier P.-E. Genomic evolution and adaptation of arthropod-associated *Rickettsia*. Sci. Rep. 2022; 12(1): 3807. DOI: 10.1038/s41598-022-07725-z.
3. Штрек С.В., Рудаков Н.В., Шпынов С.Н. и др. Эпидемиологическая ситуация по риккетсиозам в Российской Федерации за 2013–2024 гг. и краткосрочный прогноз заболеваемости на 2025 г. Проблемы особо опасных инфекций. 2025; 4: 45–53. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-45-53.
4. Павловский Е.Н. Природноочаговые болезни человека. М: Государственное издательство медицинской литературы МЕДГИЗ. 1960. 328 с.
5. Fang R., Blanton L.S., Walker D.H. Rickettsiae as Emerging Infectious Agents. Clin. Lab. Med. 2017; 37(2): 383-400. DOI: 10.1016/j.cll.2017.01.009.
6. Гафарова М. Т., Вербенец Е. А., Ачкасова Т. А., Шмойлов Д. К., Мидикари А. С. Эпидемиология и клинические особенности марсельской лихорадки в Крыму. Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение. 2017; 2: 61-66. DOI: 10.24411/2305-3496-2017-00035.
7. Рудаков Н.В., Пенъевская Н.А., Кумпан Л.В. и др. Эпидемиологическая ситуация по риккетсиозам группы клещевой пятнистой лихорадки в Российской Федерации в 2012–2021 гг. и прогноз на 2022–2026 гг. Проблемы особо опасных инфекций. 2022; 1:54–63. DOI: 10.21055/0370-1069-2022-1-54-63.
8. Mediannikov O., Sidelnikov Y., Ivanov L., Fournier P.E., Tarasevich I., Raoult D. Far eastern tick-borne rickettsiosis: identification of two new cases and tick vector. Ann. N. Y. Acad. Sci. 2006; 1078: 80-88.
9. Shpynov S., Fournier P.E., Rudakov N., Tarasevich I., Raoult D. Detection of members of the genera *Rickettsia*, *Anaplasma* and *Ehrlichia* in ticks collected in the Asiatic part of Russia. Ann. N. Y. Acad. Sci. 2006; 1078: 378-383. DOI: 10.1196/annals.1374.075.

10. Tarasevich, I.V., Shaginyan I.A, Mediannikov O.Y. Problems and perspectives of molecular epidemiology of infectious diseases. Ann. N. Y. Acad. Sci. 2003; 990: 751-756. DOI: 10.1111/j.1749-6632.2003.tb07455.x.
11. Бондаренко Е.И., Мокрецова Е.В., Здановская Н.И. и др. Выявление возбудителей клещевого риккетсиоза в клещах и крови пациентов на Дальнем Востоке с помощью ПЦР-анализа в режиме реального времени. Поликлиника. 2014; 5: 44-48.
12. Рудаков Н.В. Риккетсии и риккетсиозы. Руководство для врачей. Омск: Омский научный вестник, 2016. 424 с.
13. Ereemeeva M.E., Balayeva N.M., Ignatovich V.F., Raoult D. Proteinic and genomic identification of spotted fever group rickettsiae isolated in the former USSR. J. Clin. Microbiol. 1993; 10: 2625-2633. DOI: 10.1128/jcm.31.10.2625-2633.1993.
14. Самойленко И.Е., Решетникова Т.А., Кумпан Л.В., Рудаков Н.В. Новые клещевые риккетсиозы на территории России и сопредельных государств. Информационно-методическое письмо. Омск, 2014. 10 с.
15. Cheng C., Fu W., Ju W. et al. Diversity of spotted fever group Rickettsia infection in hard ticks from Suifenhe, Chinese-Russian border. Ticks Tick Borne Dis. 2016; 5: 715-719. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2016.02.023.
16. Mediannikov O.Y., Sidelnikov Y., Ivanov L. et al. Acute tick-borne rickettsiosis caused by Rickettsia heilongjiangensis in Russian Far East. Emerg. Infect. Dis. 2004; 10(5): 810-817.
17. Shpynov S.N., Fournier P.E., Rudakov N.V. et al. 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): 440-443. DOI: 10.4269/ajtmh.2006.74.440
18. Foldvari G., Rigo K., Lakos A. Transmission of Rickettsia slovaca and Rickettsia raoultii by male Dermacentor marginatus and Dermacentor reticulatus ticks to humans. Diagn. Microbiol. Infect. Dis. 2013; 76(3): 387-389. DOI: 10.1016/j.diagmicrobio.2013.03.005.
19. Ibarra V., Oteo J.A., Portillo A. et al. Rickettsia slovaca infection: DEBONEL/TIBOLA. Ann. N. Y. Acad. Sci. 2006; 1078:206-214. DOI: 10.1196/annals.1374.040.
20. Mechali F., Revest M. Emergence of Rickettsia slovaca infection in Brittany, France. Clinical Microbiology and Infection. 2009; 15: 230–231. DOI: 10.1111/j.1469-0691.2008.02149.x.
21. De Sousa R., Pereira B.I., Nazareth C. et al. Rickettsia slovaca infection in humans, Portugal. Emerg. Infect. Dis. 2013; 10: 1627-1629. DOI: 10.3201/eid1910.130376.
22. Sekeyova Z., Subramanian G., Mediannikov O. et al. Evaluation of clinical specimens for Rickettsia, Bartonella, Borrelia, Coxiella, Anaplasma, Francisella and Diplorickettsia positivity using serological and molecular biology methods. FEMS Immunol. Med. Microbiol. 2012; 64(1): 82-91. DOI: 10.1111/j.1574-695X.2011.00907.x.
23. Silva-Pinto A., Santos Mde L., Sarmiento A. Tick-borne lymphadenopathy, an emerging disease. Ticks Tick Borne Dis. 2014; 5(6): 656-659. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2014.04.016.
24. Шпынов С.Н., Parola P., Рудаков Н.В. и др. Генотипирование риккетсий группы клещевой пятнистой лихорадки, выявленных в России и Казахстане. Медицинская Паразитология. 2003; 3: 20-24.
25. Kohn M., Krücken J., McKay-Demeler J. et al. Dermacentor reticulatus in Berlin/Brandenburg (Germany): Activity patterns and associated pathogens. Ticks Tick Borne Dis. 2019; 10(1): 191-206. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2018.10.003.
26. Mediannikov O., Matsumoto K., Samoylenko I. et al. Rickettsia raoultii sp. nov., a spotted fever group rickettsia associated with Dermacentor ticks in Europe and Russia. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 2008; 7: 1635-1639.
27. Shpynov S., Fournier P.E., Rudakov N., Tankibaev M., Tarasevich I., Raoult D. Detection of a rickettsia closely related to Rickettsia aeschlimannii, "Rickettsia heilongjiangensis," Rickettsia sp. strain RpA4, and Ehrlichia muris in ticks collected in Russia and Kazakhstan. J. Clin. Microbiol. 2004; 42(5): 2221-2223. DOI: 10.1128/JCM.42.5.2221-2223.2004.
28. Li H., Zhang P.H., Huang Y. et al. Isolation and Identification of Rickettsia raoultii in Human Cases: A Surveillance Study in 3 Medical Centers in China. Clin. Infect. Dis. 2018; 66(7): 1109-1115. DOI: 10.1093/cid/cix917.
29. Рудаков Н.В., Самойленко И.Е., Решетникова Т.А. Проблемы лабораторной диагностики риккетсиозов группы клещевой пятнистой лихорадки в России. Клиническая лабораторная диагностика. 2015; 1: 50-52.
30. Рудаков Н.В., Самойленко И.Е., Рудакова С.А. и др. О роли Rickettsia raoultii в эпидемиологии клещевых риккетсиозов в России. Медицинская Паразитология. 2015; 19: 17-21.
31. Parola P., Paddock C.D., Socolovschi C. et al. Update on tick-borne rickettsioses around the world: a geographic approach. Clin. Microbiol. Rev. 2013; 26(4): 657-702. DOI: 10.1128/CMR.00032-13.

32. Switaj K., Chmielewski T., Borkowski P., Tylewska-Wierzbanowska S., Olszynska-Krowicka M. Spotted fever rickettsiosis caused by *Rickettsia raoultii*--case report. *Przegl. Epidemiol.* 2012; 66(2): 347-350. PMID: 23101229.
33. Kartashov M.Y., Glushkova L.I., Mikryukova T.P. Detection of *Rickettsia helvetica* and *Candidatus R. tarasevichiae* DNA in *Ixodes persulcatus* ticks collected in Northeastern European Russia (Komi Republic). *Ticks Tick Borne Dis.* 2017; 8(4): 588-592. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2017.04.001.
34. Katargina O., Geller J., Ivanova A. et al. Detection and identification of *Rickettsia* species in *Ixodes* tick populations from Estonia. *Ticks Tick Borne Dis.* 2015; 6(6): 689-694. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2015.06.001.
35. Sprong H., Wieringa P.R., Fonville M. et al. *Ixodes ricinus* ticks are reservoir hosts for *Rickettsia helvetica* and potentially carry flea-borne *Rickettsia* species. *Parasit. Vectors.* 2009; 2(1): 41. DOI: 10.1186/1756-3305-2-41.
36. Fournier P.E., Allombert C., Supputamongkol Y., Caruso G., Brouqui P., Raoult D. Aneruptive fever associated with antibodies to *Rickettsia helvetica* in Europe and Thailand. *J. Clin. Microbiol.* 2004; 42(2): 816-818. DOI: 10.1128/JCM.42.2.816-818.2004.
37. Nilsson K., Elfving K., Pahlson C. *Rickettsia helvetica* in patient with meningitis, Sweden, 2006. *Emerg. Infect. Dis.* 2010; 16(3): 490-492. DOI: 10.3201/eid1603.090184.
38. Oteo J.A., Portillo A. Tick-borne rickettsioses in Europe. *Ticks Tick Borne Dis.* 2012; 3(5-6): 271-278. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2012.10.035.
39. Raoult D., Fournier P.E., Abboud P., Caron F. First documented human *Rickettsia aeschlimannii* infection. *Emerg. Infect. Dis.* 2002; 8(7): 748-749. DOI: 10.3201/eid0807.010480.
40. Germanakis A., Chochlakis D., Angelakis E., Tselentis Y., Psaroulaki A. *Rickettsia aeschlimannii* infection in a Man, Greece. *Emerg. Infect. Dis.* 2013; 19: 1176-1177. DOI: 10.3201/eid1907.130232.
41. Bitam I., Parola P., Matsumoto K. et al. First molecular detection of *R. conorii*, *R. aeschlimannii*, and *R. massiliae* in ticks from Algeria. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 2006; 1078: 368-372. DOI: 10.1196/annals.1374.073.
42. Pretorius A.M., Birtles R.J. *Rickettsia aeschlimannii*: A new pathogenic spotted fever group rickettsia, South Africa. *Emerg. Infect. Dis.* 2002; 8(8): 874. DOI: 10.3201/eid0808.020199.
43. Mokrani N., Parola P., Tebbal S., Dalichaouche M., Aouati A., Raoult D. *Rickettsia aeschlimannii* infection, Algeria. *Emerg. Infect. Dis.* 2008; 14(11): 1814-1815. DOI: 10.3201/eid1411.071221.
44. Shpynov S., Rudakov N., Tohkov Y. et al. Detection of *Rickettsia aeschlimannii* in *Hyalomma marginatum* ticks in western Russia. *Clin. Microbiol. Infect.* 2009; 15: 315-316.
45. Shpynov S., Fournier P.E., Rudakov N. et al. Tick-borne rickettsiosis in the Altay region of Russia. *Clin. Microbiol. Infect.* 2009; 15: 313-314.
46. Maioli G., Pistone D., Bonilauri P. et al. Ethiological agents of rickettsiosis and anaplasmosis in ticks collected in Emilia-Romagna region (Italy) during 2008 and 2009. *Exp. Appl. Acarol.* 2012; 57: 199-208. DOI: 10.1007/s10493-012-9535-z.
47. Madeddu G., Mancini F., Caddeo A. et al. *Rickettsia monacensis* as cause of Mediterranean spotted fever-like illness, Italy. *Emerg. Infect. Dis.* 2012; 18(4): 702-704. DOI: 10.3201/eid1804.111583.
48. Shpynov S., Fournier P.E., Rudakov N., Raoult D. "*Candidatus Rickettsia tarasevichiae*" in *Ixodes persulcatus* ticks collected in Russia. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 2003; 990: 162-172.
49. Jia N., Zheng Y.C., Jiang J.F., Cao W.C. Human infection with *Candidatus Rickettsia tarasevichiae*. *N. Engl. J. Med.* 2013; 369: 1178-1180. DOI: 10.1056/NEJMc1303004.
50. Liu H., Li Q., Zhang X. Characterization of rickettsiae in ticks in northeastern China. *Parasit. Vectors.* 2016; 9(1): 498. DOI: 10.1186/s13071-016-1764-2.
51. Рудаков Н.В., Самойленко И.Е., Штрек С.В. и др. Клинико-лабораторная характеристика клещевого риккетсиоза, связанного с микст-инфицированием *R.sibirica* и *Candidatus R.tarasevichiae*. *Инфекция и иммунитет.* 2021; Т.11. № 6: 1173-1178. DOI: 10.15789/2220-7619-CAL-1597.
52. Dedkov V.G., Simonova E.G., Beshlebova O.V. et al. The burden of tick-borne diseases in the Altai region of Russia. *Ticks Tick Borne Dis.* 2017; 8(5): 787-794. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2017.06.004.
53. Мжельская Т.В., Кириллова А.В., Ковальский А.Г. и др. Анализ эпизоотической ситуации в природном очаге клещевого энцефалита на юге Хабаровского края по результатам исследования клещей, снятых с жителей г. Хабаровска. *Дальневосточный журнал инфекционной патологии.* 2014; 25: 85-87.
54. Рудаков Н. В., Шпынов С. Н., Самойленко И. Е. и др. Риккетсии и риккетсиозы группы клещевой пятнистой лихорадки в Сибири. Омск, 2012. 288 с.
55. Рудаков Н.В., Шпынов С.Н., Самойленко И.Е., Оберт А.С. Клещевой риккетсиоз и риккетсии группы клещевой пятнистой лихорадки в России. Омск: ИЦ «Омский научный вестник», 2011. 232 с.

56. Мокрецова Е. В., Томилка Г. С., Ковальский Ю. Г. и др. Селеновый статус больных клещевым риккетсиозом на юге Хабаровского края. Дальневосточный медицинский журнал. 2021; 2: 13-16. – DOI 10.35177/1994-5191-2021-2-13-16.

57. Мокрецова Е. В., Томилка Г. С., Ковальский Ю. Г. и др. Некоторые показатели цитокинового статуса крови больных клещевым риккетсиозом, обусловленным *Rickettsiae heilongjiangensis*, в Хабаровском крае. Дальневосточный медицинский журнал. 2023; 3: 18-21. – DOI 10.35177/1994-5191-2023-3-3.

58. Мокрецова Е. В., Томилка Г. С., Ковальский Ю. Г. и др. Корреляционная оценка взаимосвязи уровня селена и некоторых показателей оксидативного стресса в сыворотке крови у больных клещевым риккетсиозом на юге Хабаровского края. Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. 2024; 14(1): 71-76. – DOI 10.18565/epidem.2024.14.1.71-6.

59. Мокрецова Е. В., Томилка Г. С., Щупак А. Ю. и др. Влияние ассоциативной связи меди и цитокинового статуса на формирование нутритивного иммунитета у больных клещевым риккетсиозом, обусловленным *Rickettsia heilongjiangensis*. Вестник Северо-Восточного федерального университета им. М.К. Аммосова. Серия: Медицинские науки. 2025; 2(39): 78-86. – DOI 10.25587/2587-5590-2025-2-78-86.

60. Мокрецова Е. В., Томилка Г. С., Щупак А. Ю. и др. Участие железа в формировании нутритивного иммунитета у больных клещевым риккетсиозом на юге Хабаровского края. Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. 2025; 15(2): 75-79. – DOI 10.18565/epidem.2025.15.2.75-79.

61. Мокрецова Е. В., Томилка Г.С. О роли нутритивного и цитокинового статуса в патогенезе клещевого риккетсиоза на Дальнем Востоке. Медицинская наука Хабаровского края: Сборник научных трудов сотрудников ДВГМУ. К 95-летию Дальневосточного государственного медицинского университета. Хабаровск: Дальневосточный государственный медицинский университет, 2025: 143-151. – EDN OYADGX.

СТРАНИЦЫ ИСТОРИИ

УДК: 616.98:579.842.23Yersinia(571.61)(091)
DOI: 10.62963/2073-2899-2026-53-90-107

ИСТОРИЯ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ЧУМЫ В ПРИАМУРЬЕ (КОНЕЦ XIX – НАЧАЛО XX ВЕКА)

¹Курганова О.П., ²Телюк Т.Н., ³Юргина О.М., ¹Кобзарь В.П., ¹Саблук Н.Р.,
¹Сорокоумова О.Ф., ¹Двининидзе Е.В., ¹Глебова Н.Н., ¹Володина Ю.А.

¹Управление Роспотребнадзора по Амурской области, Российская Федерация, г. Благовещенск;

²АО «Амурская ярмарка», Российская Федерация, г. Благовещенск;

³ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Амурской области»
Роспотребнадзора, Российская Федерация, г. Благовещенск

Ответственный за взаимодействие с редакцией: Курганова Ольга Петровна – кандидат медицинских наук, руководитель Управления Роспотребнадзора по Амурской, e-mail: info@rospotrebnadzor-amur.ru

РЕЗЮМЕ

Данная статья является полнотекстовым аналогом раздела «Чума» из документально-публицистического издания «Открывая неизвестные страницы... Из истории санитарного дела в Амурской области (конец XIX – начало XX вв.)» / Ответственный редактор Т.Н. Телюк. – Благовещенск-на-Амуре: Амурская ярмарка, 2022. – 200 с. В статье приводятся сведения о распространении чумы в Приамурье в период освоения Дальнего Востока с конца XIX по начало XX века, обобщенные на основе данных многолетних исследований, архивных материалов, документальных свидетельств, публикаций в различных изданиях, научной, краеведческой и художественной литературы. Рассмотрены основные проблемы и трудности, с которыми столкнулись переселенцы во время эпидемий этого опасного заболевания, а также аспекты деятельности органов власти и полиции в борьбе с распространением холеры. В этой тяжелой борьбе показаны преданность делу, жизненный подвиг и мужество врачей и специалистов – предшественников санитарно-эпидемиологической службы России.

Ключевые слова: чума, история, эпидемии, Приамурье

THE HISTORY OF THE PLAGUE SPREAD IN THE PRIAMURYE REGION (END OF THE XIX – BEGINNING OF THE XX CENTURY)

¹Kurganova O.P., ²Telyuk T.N., ³Yurgina O.M., ¹Kobzar' V.P., ¹Sabluk N.R., ¹Sorokoumova O.F.,
¹Dvininidze E.V., ¹Glebova N.N., ¹Volodina Yu.A.

¹Rospotrebnadzor regional office in the Amur Oblast, Russian Federation, Blagoveshchensk;

²AO "Amur fair", Russian Federation, Blagoveshchensk;

³FBUZ "Center of hygiene and epidemiology in the Amur Oblast", Russian Federation,
Blagoveshchensk

ABSTRACT

This article is a full-text equivalent of the chapter "Plague" of the documentary-publicistic issue of "Opening the pages of unknown... From the history of sanitary matters in the Amur Oblast (end of the XIX – beginning of the XX century)."/ Executive editor T.N. Telyuk. – Blagoveshchensk-on-Amur: Amur fair, 2022. – p. 200. The article discusses the spread of the plague in Priamurye during exploration of the Far East at the end of the XIX and beginning of the XX century, based on the summarized data from long-term research, archival materials, documentary evidence, and articles in various periodicals, scientific, local history, and nonfiction literature. Main constraints and challenges the settlers have faced during epidemic of this dangerous disease are discussed as well as aspects of activities of the authorities and police in combating the spread of cholera. This hard work showed dedication, heroism and courage of physicians and specialists-predecessors of sanitary-epidemiological service of the Russian Federation.

Key words: the plague, history, epidemic, Priamurye

«В борьбе с эпидемиями у нас есть, что написать на знамени»

Д.К. Заболотный

Чума - острое природно-очаговое инфекционное заболевание, протекающее с исключительно тяжёлым общим состоянием, лихорадкой, поражением лимфоузлов, лёгких и других внутренних органов, часто с развитием сепсиса. Заболевание характеризуется высокой летальностью и крайне высокой заразностью. Существуют две основные клинические формы чумной инфекции: бубонная и легочная. Чума передается от животных человеку в результате укуса инфицированной блохи, непосредственного контакта с инфицированными тканями и воздушно-капельным путем. Чума успешно лечится антибиотиками, поэтому ранняя диагностика и раннее начало лечения может спасти жизнь.

Вопросами предупреждения эпидемий и борьбы с чумой и холерой на государственном уровне занималась «Высочайше учрежденная комиссия о мерах предупреждения и борьбы с чумной заразой». Она была основана 11 января 1897 года. Комиссия имела чрезвычайные полномочия. Именно эта комиссия объявляла те или иные местности угрожаемыми или неблагополучными по эпидемии, по ее распоряжению «открывали действия» губернские, уездные санитарно-исполнительные комиссии. В 1903 году были утверждены «Правила о принятии мер к прекращению холеры и чумы». Функции Комиссии постоянно расширялись: она ведала борьбой с холерой и желтой лихорадкой, с 1908 года - с сыпным тифом, с осени 1911 года - с заразными заболеваниями «в постигнутых недородом местностях Империи», с начала Первой мировой войны в 1914 году – мероприятиями по борьбе с инфекциями «в подвергшихся нападению неприятелей губерниях». Комиссия координировала деятельность всех служб и гражданских ведомств в решении вопросов, связанных с ликвидацией очагов эпидемий, оказывала содействие в финансировании противохолерных и противочумных мероприятий и организации бактериологических лабораторий и станций.

Как правило, эпидемии не были быстротечными. Каждая эпидемия, возникая на конкретной территории, проходит определенные этапы вызревания, имеет «свою» историю. Существенным вкладом в изучение эпидемий чумы является фундаментальная работа М.В. Супотницкого и Н.С. Супотницкой «Очерки истории чумы» в 2-х книгах, вышедшая в Москве в 2006 году. Среди большого количества исторических очерков, выделяется очерк XXXI «Эпидемия легочной чумы в Маньчжурии и Забайкалье (1910-1911)». Его материалы существенно дополняют содержание предлагаемого издания, позволяют воссоздать целостную картину деятельности врачей Приамурья и сопредельных с ним территорий по ликвидации эпидемии чумы. Приводим отдельные фрагменты этого очерка.



**Главные административные деятели
по борьбе с распространением эпидемии чумы в полосе отчуждения КВЖД:
М.Е. Афанасьев, князь С.Н. Хилков, Д.Л. Ховарт, Ф.А. Ясенский, М.К. Кошкарров**

Организация противоэпидемических мероприятий в России и на линии КВЖД, предпринятых в связи с эпидемией лёгочной чумы в Маньчжурии

Первые известия о заболеваниях чумой на станции Маньчжурия появились в столичной печати 15 октября 1910 года совершенно неожиданно. Как следовало из телеграммы губернатора Забайкальской области, 13 и 14 октября на станции Маньчжурия были обнаружены 28 больных легочной чумой, которые вскоре погибли. Высочайше учрежденная комиссия о мерах предупреждения и борьбы с чумной заразой немедленно объявила эти области неблагополучными по чуме, а Приморскую, Амурскую и Иркутскую губернии — угрожаемыми по чуме.



Санитарно-исполнительная комиссия по борьбе с чумой в Маньчжурии

Для усиления местного врачебного персонала были командированы из Санкт-Петербурга 12 врачей, в том числе в Приморскую область два врача, в Забайкальскую область шесть врачей, в Амурскую область четыре врача. Временно, до прекращения чумы в Маньчжурии, был запрещен въезд оттуда в Приамурскую область рабочих китайцев. Установлено, чтобы китайцы, на время неблагополучного состояния Маньчжурии по чуме, принимались к посадке на Забайкальской железной дороге только в наблюдательных пунктах, которые могут находиться на расстоянии не более 300 верст один от другого.

Кроме билета от них требовалось удостоверение о прохождении пятидневной обсервации.

Из неблагополучных по чуме местностей был временно запрещен вывоз тарбаганьих шкурок, без предъявления удостоверения о проведенной дезинфекции шкурок.

В середине января для ознакомления с положением дел на месте, в Сибирь выехал главный врачебный инспектор А.Н. Малиновский. Кроме того, в Петербурге для разработки экстренных мер при занесении чумы в пределы России, под председательством иркутского генерал-губернатора Л.М. Князева, состоялся ряд совещаний при участии представителей заинтересованных ведомств.

Для обсуждения мер, которые необходимо будет предпринять против возможного заноса из Маньчжурии чумы в сибирские и дальневосточные губернии и области, и для установления здесь противочумных мероприятий, на случай появления чумы, в Иркутске 7 февраля был созван соответствующий съезд.

Схема организации противоэпидемических мероприятий, предпринятых в России в связи с эпидемией легочной чумы в Маньчжурии, приведена далее.

Схема противоэпидемических мероприятий по линии КВЖД и в Харбине



Противоэпидемические мероприятия по линии КВЖД и в Харбине

1. Исключение проникновения в Российскую Империю носителей чумы.
2. Усиление врачебного наблюдения за состоянием здоровья населения как в Харбине, так и в полосе отчуждения.
3. Возможно раннее обнаружение и ликвидация очагов чумы, изоляция заболевших.
4. Тщательное обеззараживание жилищ и вещей больных чумой.
5. Сбор, захоронение или сжигание тел людей, умерших от чумы.
6. Устройство пропускных пунктов для медицинского осмотра всех прибывающих в город.
7. Улучшение жилищных условий беднейшего населения.
8. Устройство ночлежно-питательных пунктов для пришлого элемента, местных рабочих и безработных.
9. Санитарное просвещение населения.

В декабре по предложению Правления КВЖД в Харбин выехал известный специалист по чуме, профессор **Даниил Кириллович Заболотный** (1866-1929), выдающийся микробиолог, эпидемиолог и организатор здравоохранения. Закончил медицинский факультет Киевского университета, работал в бактериологических лабораториях, в конце XIX века - в институте Пастера в Париже. Участвовал в экспедициях по изучению чумы в Индии, Аравии, Персии, Монголии и других странах. Не раз рисковал своей жизнью, чтобы спасти чужие.



Д. К. Заболотный

В начале XX века Д.К. Заболотный более 10 лет боролся с холерой в Шотландии, Португалии, Маньчжурии и России. В 1912 году президент Французской Республики вручил Д.К. Заболотному за огромный вклад в развитие медицинской науки орден Почетного легиона. Это явилось выражением высокого международного признания заслуг российского естествоиспытателя. В 1918 году во время эпидемии холеры в Петербурге работал в больницах города, писал, что в этот период «...особенно трудно было применение массовых предохранительных прививок; главным препятствием была нехватка лабораторной посуды, питательных сред для приготовления вакцины». В 1920 году, по его инициативе и под его руководством, в Одессе была создана первая в стране кафедра эпидемиологии. В 1920-1923 годах он – ректор Одесской медицинской академии, с 1929 - возглавлял основанный им институт микробиологии и эпидемиологии в Киеве. Президент Академии наук УССР (1928-1929), член Академии наук СССР (1929).

Ко времени приезда Д.К. Заболотного в Харбин город стал промышленным центром Маньчжурии и Дальнего Востока. Он привлекал на заработки китайских рабочих, число которых летом достигало 60 тысяч, но из них только 25 тысяч жило в Харбине. Они скученно жили в торговой части города, где имелось большое количество грязных и обветшалых домиков - фанз. О санитарном состоянии Харбина доктор Викентий Мечиславович Богуцкий в 1911 году писал: «Лачуги китайской голытьбы, населяющей Японскую улицу, до того убоги, тесны и темны, что с трудом верилось, что это жилище людей. Часто, в первый момент, когда войдешь во внутрь фанзы с улицы, решительно ничего нельзя видеть за дымом и копотью. Встречались такие фанзы, где даже в ясный день было совершенно темно и для осмотра их приходилось зажигать лампу или свечу. Дальнейший осмотр, судя по началу, только дополнял безотрадную картину: насквозь промерзшие и прокопченные стены; маленькие, заклеенные бумагой вместо стекол, окна; прогнутые потолки и грязный, обычно заплесанный пол - составляют жилище китайской бедноты. Внутренняя обстановка обычно гармонирует жилищу: деревянные, редко - кирпичные нары, застланы грязными просаленными циновками, еще более просаленные столы и скамьи. Все это настолько антисанитарно, что возбуждает сильное опасение, что при занесении сюда чумы на дезинфекцию положиться нельзя». Нередко, когда из фанз выводили жильцов на обсервацию, русским врачам приходилось поражаться той массе изнеможенных людей, выползающих из всевозможных углов и чердаков: их количество часто превышало в 5 раз то, которое можно было предполагать по размерам фанзы.

В городе не было ни канализации, ни водопровода, ни упорядоченного ассенизационного дела, ни хороших мостовых. Заработок китайского чернорабочего составлял от 10 до 50 копеек в день, квалифицированные рабочие получали от 18 до 50 рублей в месяц. Русских рабочих в городе насчитывалось около 5000.

В Харбине для ликвидации эпидемии осуществлялись следующие противочумные мероприятия:

1. Усиление врачебного наблюдения за состоянием здоровья населения, как в Харбине, так и в полосе отчуждения;



Взятие анализа у подозреваемого больного и обработка жилища

2. Возможно раннее обнаружение и ликвидация очагов чумы, изоляция заболевших;



Противочумный отряд



Противочумные отряды китайцев



Отправка чумного больного в изоляцию

3. Тщательное обеззараживание жилищ и вещей больных чумой;



**Дезинфекция помещений
русскими бригадами**



Бригады врачей

4. Сбор, захоронение или сжигание тел людей, умерших от чумы;



Сбор и перевозка чумных трупов



**Доставка санитарами умершего
от чумы в покойницкую**



**Трупы чумных, собранных
в окрестностях Харбина, для сжигания**



**Захоронение чумных трупов
в окрестностях Сахалина**

5. Устройство пропускных пунктов для медицинского осмотра всех прибывающих в город;
6. Улучшение жилищных условий беднейшего населения;
7. Устройство ночлежно-питательных пунктов для пришлого элемента, местных рабочих и безработных.



Ночлежный приют для рабочих-китайцев и санитары



**Китаец-рабочий после пятидневной обсервации с проволочным браслетом и пломбой.
Периодический осмотр**

Д.К. Заболотный, сообщая свои впечатления от посещения чумной больницы, писал: «Вокруг больного чумой на метр заплевано кровавой мокротой, трудно ступить ногой, не попав в мокроту, нет посуды для дезинфекции ног после выхода из чумного помещения. Полы со щелями, нет плевательниц, и больные не обложены подстилкой, пропитанной сулемой; нет приспособлений для дезинфекции. Нет швабр. Не меняется собственное платье больных на больничное; нет одеял, а больные покрываются мешками. Вещи больных сложены тут же в кучу; мертвецы не выносятся тотчас же; а долго лежат среди других больных; санитары невежественны и совершенно не обучены. В помещении обсервируемых пол земляной».

Заболотный потребовал подвергать пассивной иммунизации сывороткой больничный персонал и обсервируемых, организовать регулярное термометрирование всех лиц, находящихся в чумном пункте, обучить санитаров уходу за больными.



Термометрирование китайцев

При участии профессора Заболотного в декабре на окраине Харбина был оборудован Московский чумной пункт, где были сосредоточены чумная больница, изоляционное помещение и вагоны-теплушки, предназначенные для обсервации и способные вместить до 4 тысяч человек.



Чумной барак в Харбине и санитары



Санитары чумного барака

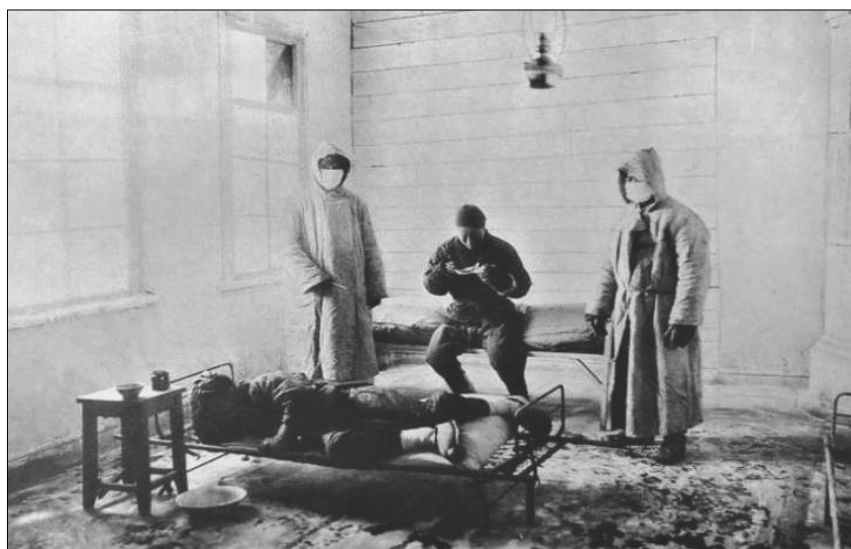


В изоляционном пункте врач П.Б. Хавкин и сестра милосердия А. Снежкова



Обсервация, устроенная в вагонах-теплушках для китайских рабочих

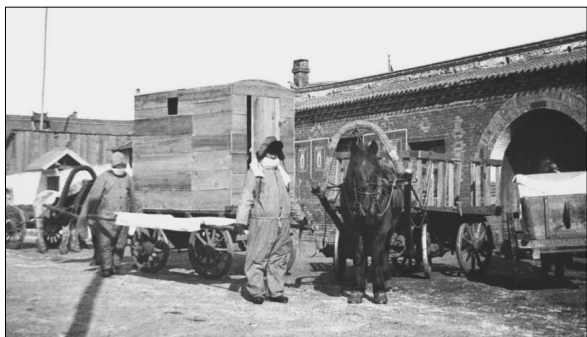
Под чумную больницу, в день появления первого больного, наскоро оборудовали два здания, принадлежащих КВЖД.



В чумном госпитале

Сначала их обставили нарами. Впоследствии нары заменили кроватями-носилками, предложенными фельдшером Озеровым, которому было поручено заведование баракom, и в распоряжении у него находились шесть русских санитаров и один китаец-повар. Фельдшера и санитары при больнице находились постоянно. Все они наравне с больными получали продовольствие продуктами через особого санитаря обсервационного и изоляционного пункта, который по несколько раз в сутки, одетый в серый брезентовый халат, подносил на себе в мешке разные продукты, корреспонденцию, дезинфекционные средства и вообще все то, что требовалось для чумного барака, к забору; выкрикивал кого-либо из больницы и, когда оттуда выходил санитар, бросал мешок на землю и убегал обратно. Таким же образом пересылалась корреспонденция из чумной больницы: писалась она анилиновым карандашом, опускалась здесь в сулему, высушивалась и подбрасывалась к тому же месту, куда приносил им санитар продукты и письма. Чумная больница была соединена с городом телефоном. Умершие люди предварительно обливались сулемой, обертывались в смоченную сулемовым раствором простыню и в деревянном гробу, который внутри посыпался хлорной известью, хоронились на чумном кладбище в могилах глубиною не менее пяти аршин.

Всего через чумную больницу до первого марта 1911 года прошло 755 китайцев и 26 европейцев, из них умерло 736 китайцев и 25 европейцев. Переведено в изоляцию, как ошибочно попавших в чумный барак, 19 китайцев и один европеец. Шестерым из них в изоляции введена лечебная сыворотка, и никто из них не заболел, остальные же 14 человек через два-пять дней заболели чумой и погибли.



Транспорт для перевозки людей, подозреваемых в заболевании чумой



Карета для перевозки больных чумой



Выезд к больному дежурного врача и кареты летучего отряда



Посадка больного чумой в карету



В. М. Богуцкий

Инициаторами вакцинации в Харбине были профессор Д.К. Заболотный, доктора В.М. Богуцкий и П.Б. Хавкин. У каждого из них был свой опыт работы с заразными заболеваниями и лечебными сыворотками. Так, Заболотный в 1898 году заболел чумой, но выздоровел после применения противочумной сыворотки.

Викентий Мечиславович Богуцкий (1876-1929) - санитарный врач и общественный деятель; его большой труд по эпидемии чумы в Харбине и сейчас является ценным материалом в этой области. (До 1917 года он работал санитарным врачом в Саратове, Одессе, Архангельске. В годы Первой мировой войны заведовал фронтовыми санитарными организациями. После Февральской революции занимал пост товарища министра внутренних дел, отвечал за состояние здравоохранения России. Был городским головой в Одессе с 1917 по 1918 год; в 1920 году уехал в Польшу, где занимал посты министра здравоохранения и вице-мэра Варшавы. Умер от гриппозного воспаления легких).

Павел Борисович Хавкин (1881-1923) - племянник знаменитого бактериолога В.А. Хавкина. В Харбине он занял одну из самых опасных должностей - врача чумного барака. После окончания эпидемии летом 1911 года просил администрацию КВЖД принять его на работу, но получил

отказ. (В 1917 году он возглавил медико-санитарный отдел для оказания неотложной медицинской помощи при Военно-революционном комитете Петроградского совета рабочих и солдатских депутатов; впоследствии был назначен первым главным врачом Ленинградской станции скорой помощи).

Для вакцинирования в Харбине использовалась, в том числе, и противочумная вакцина



В. А. Хавкин

Владимира Ароновича Хавкина (1860-1930). Её созданию и совершенствованию он посвятил практически всю жизнь. Окончил Новороссийский университет (1884), работал в Пастеровском институте в Париже (1889). Занимался вопросами защиты человеческого организма от инфекционных заболеваний с помощью сывороток и вакцин. В.А. Хавкин создал первые эффективные вакцины против холеры и чумы, которыми он лечил (буквально насильно) жителей Индии от этих страшных заболеваний. Имя Хавкина носит Центральный научно-исследовательский и учебный институт в Мумбаи. Россия, Испания, Франция отказались от вакцины Хавкина против холеры. В августе 1899 года доктор А.П. Чехов в одном из писем А.С. Суворину писал: «Чума не очень страшна..., мы имеем уже прививки, оказавшиеся действительными и которыми мы, кстати сказать, обязаны русскому доктору Хавкину... В России это самый неизвестный человек. В Англии же его давно прозвали великим филантропом».

Племянник Владимира Ароновича - Павел Борисович - был абсолютно уверен в эффективности противочумной вакцины своего дяди. Видя неоднозначное отношение к ней, как со стороны медицинского персонала (русского и китайского), так и среди населения, он не раз отстаивал правомерность и необходимость её использования в борьбе с

чумой. Вакцинопрофилактика, как и другие меры предупреждения заболевания (обсервация, термометрия, дезинфекция), нередко становилась предметом обсуждения и на совещаниях врачей Харбина.

В Харбине для наблюдения-обсервации за внешне здоровыми людьми, находившимися в возможном контакте с больными чумой, 21 ноября оборудовали 84 вагона-теплушки, в которых были поставлены нары в два яруса, железные печи и фонари. Вагоны были крайне неудобны для тех, кого в них помещали. Исходя из имевшегося объема воздуха, в вагоне могли жить не более шести

человек. В действительности количество обсервируемых превышало нормативную величину в четыре раза. В разгар эпидемии в распоряжении обсервации было 149 вагонов, которые могли вместить в общей сложности до 3500 человек. В каждом вагоне помещалось от 10 до 25 человек.

С развитием эпидемии выяснилось, что китайские власти не предпринимают никаких противочумных мер. В связи с этим в Главной санитарно-исполнительной комиссии был поднят вопрос об оцеплении Харбина для предупреждения распространения эпидемии, как в городе, так и по линии КВЖД. В течение двух дней комиссия ознакомилась с окрестностями города, распланировала оцепление и пропускные пункты.

Линия оцепления вокруг Харбина растянулась приблизительно на 16 верст. В оцеплении на каждом дежурстве находились 72 нижних чина, один от другого на расстоянии 800 шагов. Нижние чины несли дежурство два раза в сутки по шесть часов. С учреждением Противочумного бюро, ведению которого была подчинена и линия оцепления, было обращено особое внимание на медицинский осмотр направляющихся в город китайцев. Пропускным пунктам был придан исключительно медицинско-наблюдательный характер.

Изоляции подвергали всех температурающих больных, у которых диагноз чумы еще не был подтвержден бактериоскопически, а также тех лиц, которые находились с больным чумой в тесном контакте (например, жили с ним в одной комнате).

Первое время, в изоляцию отправляли больных, помимо врачей, лица, не принадлежащие к медицинскому персоналу, например, сотрудники полиции. Вследствие иного понимания жандармами значения слов: «подозрительный» и «изоляция» (да еще при существовании их категорий), получилось то, что в изоляционных комнатах находились одновременно и явно чумные, которые умирали иногда спустя 3-4 часа, и оспенные, и больные водянкой, и даже лица с проломленными головами и в алкогольном делирии.

В конце декабря в эту палату, за недостатком помещений, было свезено 40 человек заведомо чумных, преимущественно с завода Врублевского, которые умерли в течение 3 дней. Остался живым каким-то чудом один китаец. Вот почему так скоро изоляционная палата превратилась в филиальное отделение чумного барака, которое низший медицинский персонал окрестил своим именем «морильня».

Фельдшеры и санитары при больнице находились постоянно, здесь же и питались. Санитары поддерживали чистоту, проводили дезинфекцию, ухаживали за больными, выносили трупы, но чумная больница была адом: кроватей не хватало, больные сидели на полу, тут же и умирали, а если освобождалась кровать, на неё претендовало сразу несколько новых смертников. Спасения от чумы не было.



Вскрытие трупов чумных членами русской научной экспедиции

В декабре и январе умирали больные, в феврале, когда эпидемия уже пошла на спад, умерло несколько человек из медицинского персонала. 6 февраля заболел, а 7 - умер фельдшер Огнев. Во время болезни за ним ухаживал исполняющий обязанности фельдшера Раввин. Он заразился и тоже умер. 13 февраля скончалась сестра милосердия Снежкова. Последним из персонала больницы заболел чумой пятикурсник Военно-медицинской академии И.В. Мамонтов. «Он

так горячо и с такой беззаветной самоотверженностью относился к исполнению своего врачебного долга, что его ближайшие товарищи, опасаясь за его здоровье, стали убеждать Илью Васильевича оставить больницу и перейти на другую работу, но эти убеждения оказались тщетными. Он ухаживал за медсестрой Снежковой. Заразился 13 февраля и через два дня умер.



Сотрудники чумного госпиталя (слева направо): фельдшер Михайлов, доктор Крестовский, сестра Снежкова, студент Мамонтов, доктор Хавкин

Самое трагическое в том, что здесь никого нельзя было обмануть, и никто сам не обманывался. Врачи хорошо знали, чем кончается встреча с чумой. Заразившись, они сами заполняли бланки истории болезни на свое имя, а в последней графе выводили по-латыни роковые слова: Exitus letalis (смертельный исход)! Почерк обреченных был разборчивый, у женщин даже красивый. Когда до смерти оставалось совсем немного, умирающему - по традиции - подносили шампанское, он пил его и прощался с коллегами. Потом все выходили и оставляли его одного...». Это цитата из миниатюры Валентина Пикуля «Письмо студента Мамонтова». В ней рассказ о верности долгу и самоотверженности, о любви и о чуме в Харбине...



Студент И. Мамонтов за 5 часов до кончины

Перед смертью И. Мамонтов писал маме:

«Дорогая мама, заболел какой-то ерундой, но так как на чуме ничем, кроме чумы, не

заболевают, то это, стало быть, чума...

Мне казалось, что нет ничего лучше жизни. Но из желания сохранить ее я не мог бежать от опасности, которой подвержены все, и, стало быть, смерть моя будет лишь обетом исполнения служебного долга... Жизнь отдельного человека - ничто перед жизнью общественной, а для будущего счастья человечества нужны жертвы...

Я глубоко верю, что это счастье наступит, а если бы не заболел чумой, уверен, что мог бы жизнь свою прожить честно и сделать все, на что хватило бы сил, для общественной пользы. Мне жалко, может быть, что я так мало поработал. Но я надеюсь и уверен, что теперь будет много работников, которые отдадут все, что имеют, для общего счастья и, если потребуется, не пожалеют личной жизни...

Жизнь теперь - это борьба за будущее... Надо верить, что все это не даром и люди добьются, хотя бы и путем многих страданий, настоящего человеческого существования на земле, такого прекрасного, что за одно представление о нем можно отдать все, что есть личного, и самую жизнь...

Ну, мама, прощай... Позаботься о моем Петьке!

Целую всех....»

Общие потери от эпидемии легочной чумы 1910 - 1911 годов в Маньчжурии.

Первый случай легочной чумы на станции Маньчжурия был зарегистрирован в начале октября 1910 года и к концу октября в Харбине отмечен первый случай чумы. Сохранившиеся материалы свидетельствуют о потерях около 30 000 больных. Имеются официальные сведения о появлении эпидемии чумы в Хунчуне и Янцизифу, лежащих вблизи границ Уссурийского края. Нет данных о Цицикаре, где с начала эпидемии по 24 января (4 февраля) от чумы умерло около 1000 человек, в последние дни умирало от 40 до 50 человек в сутки, а в китайском городе Куанченцзы смертность возросла до 100 случаев в сутки. Кроме того, не приведены данные о заболеваемости в войсках, где отдельные китайские гарнизоны вымерли полностью.

Газета «Русские ведомости» (1911) сообщила о сокрытии чумы в городе Сахальяне (ныне - Хэйхе), расположенном недалеко от Благовещенска. Когда в Маньчжурии свирепствовала эпидемия, он считался свободным от чумы. Однако весной того же года в овраге в районе этого города было найдено 800 трупов.

За время эпидемии, исполняя свой профессиональный долг, погибли в Харбине:

- из числа работавших в изоляционном бараке - фельдшер Огнев, 7 февраля; фельдшер Раввин, 10 февраля; фельдшер Иван Брожунас, 14 февраля; сестра милосердия Анна Снежкова, 13 февраля; санитар Петр Раус, 30 декабря; санитар Яков Нетупский, 21 января; санитар Яков Овсиенко, 23 января;

- из персонала противочумной организации, со П-го участка - врач Мария Александровна Лебедева, 14 января; студент Лев Михайлович Беляев, 13 января; студент И.В. Мамонтов, 15 февраля;

- из персонала летучего отряда - фельдшер Иосиф Василенко, 11 января; фельдшер Макарий Галай, 19 января; санитар Фрол Воронин, 17 января.



Врачи, погибшие во время чумы в Харбине (слева направо): Л.М. Беляев, М.А. Лебедева, В.М. Михель, Ж. Менье, И. Мамонтов



Могила русских врачей, погибших во время чумы в Харбине

Эпидемия чумы, бушевавшая в Маньчжурии, была остановлена к апрелю 1911 года. Профессор Д.К. Заболотный, после прекращения эпидемии в Харбине, сказал: «В борьбе с эпидемиями у нас есть, что написать на знамени, но победа далась страшной ценой».

9 февраля 1913 года в благовещенской газете «Эхо» была опубликована заметка о заведении студента И.В. Мамонтова: «В позапрошлом году, во время чумной эпидемии, погиб в Харбине студент военно-медицинской академии И.В. Мамонтов. Покойный, как известно, по личной инициативе, исключительно из научных соображений, поехал добровольцем на эту эпидемию».

Согласно положению, правительство уплачивает семьям лиц медицинского персонала в таких случаях 10 000 рублей. Согласно воле покойного, деньги эти распределены следующим образом: 7000 тысяч рублей школе, устроенной помещиками и крестьянами Перечецкой волости Лужского уезда, Петербургской губернии и 3000 рублей на нужды народных школ Шлиссельбургского уезда».

Какой в этот тяжелый для Китая период была эпидемиологическая ситуация в Благовещенске.

Известно, что чума в город периодически приходила из-за границы.

Такие случаи регистрировались в 1867, 1870 годах. В Благовещенске были сооружены капитальные строения - «чумной городок», где подозрительные лица проходили карантин, больные - получали посильное лечение.

Как только появились первые сообщения о чуме в октябре 1910 года, российские власти создали противочумную комиссию, она объявила все приграничные дальневосточные территории опасными, а Приморскую, Амурскую и Иркутскую губернии особо опасными. Приамурским генерал-губернатором А.М. Валуевым было принято решение установить оцепление берега Амура на 50 верст от города Благовещенска вверх и вниз, с учреждением в городе врачебно-пропускного пункта.

Известия из Маньчжурии поступали тревожные: чума в Цицикаре (около 400 км), в деревнях Ерлиштай, Ипалцы, Магузчанза... Всюду новые и новые жертвы. В январе 1911 года, когда в Харбине эпидемия достигла пиковых показателей, в Благовещенске тоже активизировали противочумные мероприятия: определили штат участковых врачей, назначили санитарных попечителей; из запасов лечебно-благотворительного общества взяли дезинфекционные средства для сельских лечебниц, врачебных и фельдшерских пунктов, в первых числах января 1911 года начали строить обсервационный барак в Благовещенске. Врачам, командированным из Европейской России специально для участия в противочумных мероприятиях, Н.С. Славову и Г.Г. Келлеру, поручили заведовать: первому - дезинфекционным летучим отрядом, второму - врачебно-пропускным пунктом. Ещё одного из командированных врачей направили в Харбин «для ознакомления с постановкой дела по борьбе на месте».

После долгих колебаний в марте 1911 года границу с Китаем все же закрыли.

Сразу после закрытия границы большинство работавших в Благовещенске китайцев были выдворены из города. Они перебрались в Сахалин и оказались там в отчаянном положении - без работы, без денег, без возможности уехать на родину. Жители Благовещенска и русские подданные, проживавшие в Сахалине, организовали сбор средств в пользу безработных китайцев. Деньги присылали и из Джалинды, Зеи, Суражевки. Благовещенская городская дума тоже выделила «на довольствие китайцев, выселенных из Благовещенска», некоторую сумму, списав её на расходы по борьбе с чумой. Деньги были розданы нуждающимся, и об этом было оповещено население Сахалина. Айгунский даотай прислал амурскому пограничному комиссару благодарственное письмо за помощь безработным.

В Благовещенске тоже принимались противочумные меры. Иногда анекдотические. В ноябре, когда в Харбине уже подбирали чумные трупы, благовещенская городская управа решила в целях борьбы с эпидемией... покупать дохлых, предполагалось, убитых, крыс - они считались главными разносчиками заразы. 20 ноября 1910 года городская газета напечатала такое объявление: «5 копеек

платит городская управа за каждую убитую и представленную крысу. Вместо целой крысы можно представлять только хвост».

Конечно, газетчики начали отслеживать ситуацию. Уже на следующий день появилась заметка под названием «Первая крыса»: «20 ноября в управу торжественно доставлена первая крыса. Она принята и оплачена пятаком».

Еще через несколько дней - новое сообщение. «Неудавшийся заработок. Постановление противочумной комиссии, принятое городским самоуправлением, платить за каждую пойманную крысу по 5 копеек навело некоторых на мысль устроить охоту там, где сложены солома, сено, хлеб в кладях, вооружившись ловушками. Но все приготовления крысоловов оказались напрасными, так как благодаря мнению общества врачей, плата теперь отменена».

Действительно, Благовещенское общество врачей - имеющая реальный вес организация - выступило категорически против оплаты. Главный аргумент: с китайской стороны привезут сколько угодно крыс (никто не сомневался в предприимчивости соседей из-за Амура), в том числе и чумных.

Жители области, в отдалении от Амура, к чумной угрозе относились индифферентно. Например, уездный начальник Райчихинского сельского общества в марте 1911 года предложил крестьянам избрать санитаров, отвести место для кладбища, нанять помещение под больницу на случай чумы. Общество на сельском сходе, ссылаясь на то, что чумы нет, отказалось выполнить требование. На следующем сходе - после настойчивого требования уездного начальника, постановили исполнить предписание, но только когда чума действительно начнется (упрямство не осталось без последствий: администрацией области этот приговор сельского схода был признан незаконным, а все участвовавшие в нём привлечены к ответственности, но это было уже в ноябре).

В марте 1911 года Амур готовился к новой навигации. Это обстоятельство увеличивало возможность заноса чумы во много раз: по Амуру, Сунгари и Уссури плыли чумные трупы! Чтобы их вылавливать, а потом сжигать, было налажено «крейсирование особых сторожевых судов», а на устье Сунгари, как в самом опасном месте, устроили специальное заграждение. На Амуре было оборудовано семь врачебно-наблюдательных пунктов.

Судоходная инспекция Управления водных путей потребовала, согласно противочумным мероприятиям, чтобы на каждом пароходе имелся медицинский персонал и специальные каюты для больных. Пароходоладельцы высказались «против», потому что нововведение «требует больших затрат, создаёт хлопоты и значительные неудобства». Расход на найм фельдшеров, санитаров и покупку аптек особенно тяжел для мелких судов, «где дорожат каждым местом». Владельцы пароходов сначала хотели требовать отменить вышеуказанное распоряжение, а вместо этого сделать больше санитарных постов на берегу, но после обсуждения решили ходатайствовать о пересмотре постановления с учетом их мнения.

Благовещенский купец А.Х. Тетюков застраховал своих служащих на случай чумы: командиров пароходов на 5000 рублей, их помощников на 3000 рублей. О других подобных случаях информации не встречалось.

В первых числах мая навигация в Амурском бассейне уже открылась. Врачебный отдел Управления водных путей разработал специальную инструкцию для фельдшеров, сопровождающих пароходы, «на случай причаливания на правом берегу Амура» (пароходы вынуждены были останавливаться, чтобы загрузить дрова: паровые машины пароходов топили дровами). Инструкция предписывала останавливаться на правом берегу только для погрузки дров; не общаться ни с кем, кроме караульного (ему передавали плату за дрова); в случае нарушения запрета виновных изолировать, дезинфицировать, сдавать на ближайший врачебный пункт; командиры и фельдшеры «за допущение нарушения запрета правил другими лицами подлежат ответственности» вплоть до лишения всех прав и ссылки на поселение в Сибирь.

1 мая 1911 года из канцелярии генерал-губернатора Приамурья Н.В. Гондатти на имя военного губернатора Амурской области А.М. Валуева была получена телеграмма: «Статс-секретарь Столыпин телеграфирует, что Противочумной комиссией Маньчжурия объявлена благополучной по чуме; отменены распоряжения о признании всей полосы отчуждения КВЖД, Забайкальской, Приморской и Амурской областей и Иркутской губернии угрожаемыми по названной болезни».

Однако для Благовещенска риски завоза и распространения чумы и других опасных болезней сохранялись.... И не случайно в конце 1911 года специальным постановлением городской санитарной комиссии были предложены к исполнению необходимые дополнительные меры.

Постановление городской санитарной комиссии «О мероприятиях по борьбе с заразными заболеваниями» от 3 декабря 1911 года:

1. Возбуждено ходатайство о приспособлении чумных барачков под заразную больницу на 20 кроватей.

2. Осмотр барачков всей комиссией с городским архитектором и докторами Ефимовой, Хоммером и Старокотлицким.

3. Возбудить ходатайство о создании института думских врачей (три врача), заведующих каждый амбулаторией и оказывающих бесплатную помощь бедному населению бесплатно в его участке.

4. Выписать камеру «Гелиос».

5. Построить паровую камеру.

6. Оборудовать бактериологическую лабораторию при заразной больнице.

НАГРАДЫ ЗА ЛИКВИДАЦИЮ ЧУМЫ



Знак для должностных лиц за борьбу с чумой (1897)



Китайская медаль медикам за ликвидацию чумы
в Маньчжурии (1910-1911)

Литература

1. Открывая неизвестные страницы... Из истории санитарного дела в Амурской области (конец XIX – начало XX вв.)» / Авторы и составители: к.м.н. О.П. Курганова, О.М. Юргина, В.П. Кобзарь, Н.Р. Саблук, О.Ф. Сорокоумова, Е.В. Двининидзе, Н.Н. Глебова, Ю.А. Володина [Ответственный редактор Т.Н. Телюк; редкол: О.П. Курганова и др.]. – Благовещенск-на-Амуре: Амурская ярмарка, 2022. – 200 с.

2. Абеленцев В.Н., Гаршин А.А. Благовещенцы. 1856-1920-е гг. Именной и биографический справочник-указатель.

3. Абеленцев В.Н., Гаршин А.А. Георгиевские кавалеры Приамурья. 1854-1917. Историко-краеведческие очерки. Списки и материалы к биографиям Георгиевских кавалеров (Издание 2-ое, дополненное и исправленное).

4. Шиндялов Н.А., Ермацанс И.А. Основатели Благовещенска. Очерки, документы, материалы. 2012.

5. Шиндялов Н.А и др. История Благовещенска. 1856-1907. Очерки, документы, материалы. 2010.

ИНСТРУКЦИЯ ДЛЯ АВТОРОВ

При оформлении статей для публикации в «Дальневосточном журнале инфекционной патологии», редакционная коллегия просит соблюдать следующие правила

Технические требования к оформлению статьи: шрифт – Times New Roman, кегль 12, подписи к рисункам и названия таблиц – кегль 10, цвет шрифта – черный; междустрочный интервал множитель 1,2. Поля: верхнее, нижнее и правое – по 2 см, левое – 2,5 см; абзацный отступ – 1,25 см; нумерация страниц – внизу по центру; набор текста без переносов. Все страницы должны быть пронумерованы.

Необходимое количество страниц текста статьи (не считая текста аннотации, таблиц, подписей к рисункам и списка литературы) должно составлять:

- для оригинальной статьи – не более 15 страниц (50 000 знаков с пробелами или 700 строк);
- для обзорной статьи – не более 22 страниц (74000 знаков с пробелами или 1000 строк).

Титульная страница статьи размещается **на русском и английском языках**, должна содержать:

- Заголовок статьи (прописными буквами, жирным шрифтом, выравнивание – слева по краю);
- Фамилию и инициалы авторов (прописными и строчными буквами, жирным шрифтом, выравнивание – слева по краю);

- Место работы авторов (прописными и строчными буквами, обычным шрифтом, выравнивание – слева по краю, если авторы представляют разные учреждения, то необходимо указать принадлежность каждого автора к конкретному учреждению с помощью надстрочного индекса);

- Фамилию, имя и отчество автора, ответственного за взаимодействие с редакцией, с указанием адреса электронной почты и контактного телефона (**прописными и строчными буквами, обычным шрифтом, выравнивание – слева по краю**);

- Аннотацию (Summary, выравнивание – по ширине, абзацный отступ – 1,25). Аннотация должна быть максимально информативной, точно отражающей содержание статьи, поскольку аннотация индексируется в электронных базах данных. Для оригинальных исследований аннотация должна быть структурированной, то есть повторяющей логику исследования, должна иметь подзаголовки по структуре статьи: введение (Introduction), включающее цель исследования (Objectives), материалы и методы (Methods), результаты (Results), обсуждение (Discussion), заключение или выводы (Conclusions). Объем аннотации составляет 200-250 слов. Аннотация не должна содержать сокращения, ссылки на источники литературы и иллюстративный материал.

После аннотации указываются ключевые слова (Key words), состоящие из 5-7 слов по теме статьи. Ключевые слова способствуют индексированию статьи в поисковых системах и должны быть также переведены на английский язык;

- Информацию о вкладе авторов (Author contribution) с отнесением авторов к следующим категориям: внесшие существенный вклад в разработку концепции или планирование научной работы; участвующие в анализе и/или в интерпретации данных работы; составлявшие черновик рукописи; осуществлявшие критический пересмотр рукописи с внесением ценного интеллектуального содержания; утвердившие окончательную версию рукописи;

- Информацию об отсутствии (или наличии) конфликта интересов.

Структура оригинальной статьи: введение (Introduction), включая цель исследования (Objectives); материалы и методы (Methods); результаты (Results); обсуждение (Discussion); возможно объединение результатов и обсуждения в один раздел; заключение или выводы (Conclusion). Обзорная статья может быть оформлена без указанного структурирования.

Во «Введении» даётся краткий обзор состояния изучаемой проблемы со ссылкой на работы, относящиеся к данной проблеме, обосновывается её актуальность и описывается цель работы.

В разделе «Материалы и методы» описываются все аспекты дизайна исследования, методы, которые были использованы для получения результатов, включая методы статистического анализа. В оригинальных статьях необходимо указать место и время проведения исследования, одобрение исследования этическим комитетом, указав номер документа и дату его подписания. Необходимо указать факт подписания испытуемыми информированного согласия или факт соблюдения правил биоэтики (прав лабораторных животных).

В разделе «Результаты» размещается вся информация, полученная во время исследования. Результаты должны быть представлены четко, кратко в логической последовательности в виде текста, таблиц и рисунков.

«Обсуждение» должно содержать интерпретацию основных полученных результатов исследования, предположения о полученных фактах, разъяснение возможных механизмов их появления, сравнение полученных собственных результатов с результатами других авторов, возможные объяснения сходства и противоречий с другими исследованиями. В данном разделе можно указать на ограничения исследования при обобщении его результатов, предложить практическое применение результатов и направление для будущих исследований. Следует избегать повторения сведений из раздела «Введение» и подробного перечисления данных из раздела «Результаты».

«Заключение» («Выводы») необходимо сопоставить с целями исследования, избегая заявлений, недостаточно подтвержденных фактами. Данный раздел необходимо тщательно отредактировать, чтобы не повторять формулировок, приведенных в предыдущих разделах.

Оформление таблиц: таблицы должны иметь заголовки, быть пригодными для редактирования, хорошего качества и информативными. Заголовок таблицы включает порядковый номер таблицы и ее название. Все таблицы нумеруются арабскими цифрами по порядку следования в тексте. Если таблица в тексте одна, то она не нумеруется. Отсылки на таблицы в тексте статьи оформляются в круглых скобках, например, (табл.1). Пояснения к содержанию таблицы (например, нестандартные аббревиатуры) должны быть указаны в примечании под таблицей.

Оформление рисунков: рисунки должны быть хорошего качества, пригодные для печати, выполнены в приложении Microsoft Office (Word, PowerPoint, Excel) и представлены в редактируемом формате. Все рисунки должны иметь подрисуночные подписи. Рисунки нумеруются арабскими цифрами по порядку следования в тексте. Если рисунок в тексте один, то он не нумеруется. Отсылки на рисунки оформляются в круглых скобках, например, (рис. 1). Подрисуночная подпись включает порядковый номер рисунка и его название. Точка после подрисуночной подписи не ставится.

Список цитируемой литературы дается в конце статьи на отдельной странице(ах). Используется Ванкуверский формат цитирования, который подразумевает отсылку в тексте статьи на источник в квадратных скобках и последующее упоминание источников **в списке литературы в порядке упоминания** в тексте статьи.

Рекомендуемое количество цитируемых работ: в статьях по оригинальным исследованиям – от 10 до 30 источников, в обзорах – от 40 до 50 источников, при объективной необходимости это число может быть увеличено.

В список литературы включаются только рецензируемые источники за последние 10 лет (статьи из научных журналов и монографии), упомянутые в тексте статьи. Нежелательно включать в список литературы авторефераты, диссертации, учебники, учебные пособия, ГОСТы, информацию с сайтов, статистические отчеты, статьи в общественно-политических газетах, на сайтах и в блогах. Если необходимо сослаться на такую информацию, следует поместить информацию об источнике в сноску. Недопустимо сокращать (или иным способом изменять) названия статей и названия журналов. Исключение: названия англоязычных журналов можно приводить в официальном сокращении.

В описании каждого источника должны быть представлены все авторы, если их количество меньше или равно шести. В противном случае указываются только первые три автора с добавлением «и др.».

В ссылках на статьи из журналов должны быть обязательно указаны фамилия, инициалы авторов, название журнала, год выхода публикации, том и номер журнала, номера страниц. При описании источника в конце следует указывать его DOI.

Примеры ссылок на журнальные статьи российских авторов:

1. Василенко Н.Ф., Прислегина Д.А., Манин Е.А. и др. Актуальные природно-очаговые инфекции в регионе Кавказских Минеральных Вод Ставропольского края. Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. 2023; 13(1): 18–24. DOI: 10.18565/epidem.2023.13.1.18–24.

2. Драгомерецкая А. Г., Москвина Ю. И., Котова В. О., Подорожнюк Е. В., Троценко О. Е., Гаер С. И. Определение видовой принадлежности возбудителя дифиллоботриоза *Dibothriocephalus nihonkaiensis*, обнаруживаемого в кете *O. keta* летней расы в период нерестовой миграции в реке Амур. Российский паразитологический журнал. 2025; 19(4): 480–489. DOI:10.31016/1998-8435-2025-19-4-480-489.

Пример ссылки на журнальную статью зарубежных авторов:

Mahmud S., Al Kanaani Z., Abu-Raddad L.J. Characterization of the hepatitis C virus epidemic in Pakistan. BMC Infect. Dis. 2019; 19(1): 1–11. DOI: 10.1186/s12879-019-4403-7.

Примеры ссылок на монографию (книгу):

1. Покровский В.В. Лекции по ВИЧ-инфекции. М.: ГЭОТАР-Медиа, 2018. 848 с.

2. Акимкин В.Г., Творогова М.Г., ред. Лабораторная диагностика инфекционных болезней. М., 2020. 480 с.

Примеры ссылок на материалы научных конференций:

1. Николаев М.К., Платонов А.Е., Королева И.С., Яковенко М.Л. Эпидемиологический мониторинг Hib-менингита в четырех городах Дальнего Востока и Сибири. Материалы II Российской конференции «Актуальные проблемы менингококковой инфекции и гнойных бактериальных менингитов». М., 2008: 38.

2. Karan L.S., Platonov A.E., Sannikova I.V. Eremenko E.I., Vasilenko N.F., Solodovnikov B.V. Viral load at Crimean-Congo hemorrhagic fever and its clinical significance. Abstracts Book of International Conference on Emerging Infectious Diseases. Atlanta, 2004: 125.

Примеры ссылок на электронные ресурсы:

1. ВОЗ. Глобальный план действий по профилактике неинфекционных заболеваний и борьбе с ними. План действий на 2013–2020 гг. <http://www.who.int/nmh/publications/ncd-action-plan/ru/>

2. Guidelines for the Clinical Management and Treatment of HIV-infected Adults in Europe (Version 8.0; October, 2015). European AIDS Clinical Society. <http://www.europeanaidsclinicalsociety.org>.

Рукопись статьи должна быть направлена в редакцию в электронном варианте посредством загрузки через электронную редакцию на сайте журнала (адрес сайта <https://infectpataog.elpub.ru/jour>) или по электронной почте adm@hniiem.ru. Загружаемый в систему файл со статьей должен быть представлен в формате Microsoft Word (иметь расширение *.doc, *.docx, *.rtf).

В пакете документов, передаваемых в редакцию, должно быть официальное сопроводительное письмо (направление, ходатайство) на официальном бланке учреждения с подписью руководителя организации на имя главного редактора «Дальневосточного журнала инфекционной патологии» (в сканированной копии).

Рукописи, оформленные с нарушением настоящих Правил, редакцией не рассматриваются.

Подписано в печать 15.06.2026

Сдано в набор 17.06.2026

Дата выхода 30.06.2026 г.

Бумага писчая. Печать офсетная. Формат 60x84

Тираж 500 экз. Бесплатно

Типография ООО «ОМЕГА-ПРЕСС»

Адрес типографии: 680000, г. Хабаровск, ул. Промышленная, 8-Б