

Пробл. особо опасных инф. 2018; 1:79–84. DOI: 10.21055/0370-1069-2018-1-79-84

УДК 616.98:579.842.23(517.3)

**В.М.Корзун¹, С.В.Балахонов¹, А.В.Денисов², М.Б.Ярыгина¹, Е.Н.Рождественский²,
Д.Э.Абибулаев², В.В.Шефер², С.А.Косилко¹, Д.Отгонбаяр³, М.Байгалмаа³, Л.Оргилбаяр³,
Ч.Уржих⁴, Н.Тоголдор⁴, А.Махбал⁴, Х.Дауренбек⁴, Н.Цогбадрах⁴, Д.Цэрэнноров⁴, Х.Ганболд⁴**

МОНГОЛЬСКАЯ ЧАСТЬ ТРАНСГРАНИЧНОГО САЙЛЮГЕМСКОГО ПРИРОДНОГО ОЧАГА ЧУМЫ В 2017 г. СООБЩЕНИЕ 1. ЭПИЗООТИЧЕСКАЯ СИТУАЦИЯ

¹ФКУЗ «Иркутский научно-исследовательский противочумный институт Сибири и Дальнего Востока», Иркутск, Российская Федерация; ²ФКУЗ «Алтайская противочумная станция», Горно-Алтайск, Российская Федерация; ³Национальный центр по изучению зоонозных инфекций, Улан-Батор, Монголия; ⁴Центр по изучению зоонозных инфекций Баян-Улэгэйского аймака, Улгий, Монголия

Цель работы – оценка современного эпизоотологического состояния монгольской части трансграничного Сайлюгемского природного очага чумы. **Материалы и методы.** Эпизоотологическое обследование проведено на площади 2335 км², исследовано на чуму 277 млекопитающих, 516 эктопаразитов. **Результаты и выводы.** Выделено восемь штаммов возбудителя чумы основного подвида, из них 7 – от серых сурков (6 – от остатков стола хищных птиц, 1 – от трупа) и 1 – от длиннохвостого суслика (труп). ДНК чумного микроба обнаружена в 52 объектах. Получено 40 положительных результатов серологического исследования. Эпизоотические проявления, подтвержденные выделением культур возбудителя чумы, обнаружением ДНК чумного микроба, положительными результатами серологических исследований установлены на площади 1611 км², что составляет 69 % обследованной территории. Результаты эпизоотологического обследования свидетельствуют о высокой инфицированности массовых видов млекопитающих, особенно серых сурков, возбудителем чумы. Показано, что на изученной территории в поселениях носителей протекает разлитая эпизоотия чумы, вызванная возбудителем основного подвида. Впервые установлено, что в монгольской части трансграничного Сайлюгемского очага наблюдается циркуляция чумного микроба основного подвида.

Ключевые слова: Северо-Западная Монголия, Сайлюгемский природный очаг чумы, эпизоотическая активность, *Yersinia pestis*.

Корреспондирующий автор: Корзун Владимир Михайлович, e-mail: adm@chumin.irkutsk.ru.

**V.M.Korzun¹, S.V.Balakhonov¹, A.V.Denisov², M.B.Yarygina¹, E.N.Rozhdestvensky², D.E.Abibulaev²,
V.V.Shefer², S.A.Kosilko¹, D.Otgonbayar³, M.Baigalmaa³, L.Orgilbayar³, Ch.Urzhikh⁴, N.Togoldor⁴, A.Makhbal⁴,
H.Daurenbek⁴, N.Tsogbadrakh⁴, D.Tserennorov⁴, Kh.Ganbold⁴**

Mongolian Part of the Transboundary Sailugem Natural Plague Focus in 2017. Communication 1. Epizootic condition

¹Irkutsk Research Anti-Plague Institute of Siberia and Far East, Irkutsk, Russian Federation; ²Altai Plague Control Station, Gorno-Altai, Russian Federation; ³National Centre for Studies of Zoonotic Infections, Ulaanbaatar, Mongolia; ⁴Center for Studies of Zoonotic Infections of Bayan-Ulegei Aimag, Ulgii, Mongolia

Objective – estimation of current epizootic condition of Mongolian part of transboundary Sailugem natural plague focus. **Materials and methods.** Epizootiological survey was performed for the area of 2335 km², 277 mammals and 516 ectoparasites were investigated for plague. **Results and conclusions.** Eight *Yersinia pestis* subsp. *pestis* strains were isolated, including 7 strains – from grey marmots (6 – from the remains of meals of predatory birds, 1 from a corpse) and 1 – from long-tailed souslik (corpse). *Y. pestis* DNA was detected in 52 objects. Serological samples showed 40 positive results. Epizootic manifestations, confirmed by isolation of *Y. pestis* cultures, detection of plague microbe DNA, and positive serological results, were observed across the area of 1611 km² covering 69 % of the inspected territory. Epizootic results indicated high infection rate of mass mammal species and first of all grey marmots. The data demonstrated that the extended plague epizooty caused by *Y. pestis* of the main subspecies occurred in the inspected territory in the carrier settlements. For the first time the circulation of *Y. pestis* subsp. *pestis* was registered in the Mongolian part of the transboundary Sailugem focus.

Key words: Northwest Mongolia, Sailugem natural plague focus, epizootic activity, *Yersinia pestis*.

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

Corresponding author: Vladimir M. Korzun, e-mail: adm@chumin.irkutsk.ru.

Citation: Korzun V.M., Balakhonov S.V., Denisov A.V., Yarygina M.B., Rozhdestvensky E.N., Abibulaev D.E., Shefer V.V., Kosilko S.A., Otgonbayar D., Baigalmaa M., Orgilbayar L., Urzhikh Ch., Togoldor N., Makhbal A., Daurenbek H., Tsogbadrakh N., Tserennorov D., Ganbold Kh. Mongolian Part of the Transboundary Sailugem Natural Plague Focus in 2017. Communication 1. Epizootic condition. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2018; 1:79–84. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2018-1-79-84

Трансграничный Сайлюгемский природный очаг чумы расположен на территории Монголии и России. Его южная часть находится в Северо-Западной Монголии (Цагаануур, Ногооннуур, Улаанхус, Бугат сомоны Баян-Улэгэйского аймака), северная –

в Юго-Восточной области Горного Алтая (Кош-Агачский район Республики Алтай). Эпизоотические проявления на монгольской территории обнаружены в 1953 г., на российской – в 1961 г. Российская часть очага (Горно-Алтайский высокогорный природный

очаг) изучена достаточно хорошо [2]. Эпизоотии различной интенсивности, начиная со времени обнаружения, выявляют ежегодно. Продолжительное время на российской территории регистрировали циркуляцию возбудителя чумы только алтайского подвида, основным носителем которого является монгольская пищуха [2]. В 2012 г. впервые изолирован чумной микроб основного подвида [1], в последующие годы этот вариант возбудителя обнаружен в других районах [3].

Развитие эпизоотий в поселениях серого сурка в Юго-Восточном Алтае привело к существенному увеличению эпидемического потенциала очага. Это проявилось тремя спорадическими случаями заболевания людей бубонной чумой в Кош-Агачском районе Республики Алтай (2014–2016 гг.). Во всех случаях заражение произошло при разделке добытых сурков через поврежденные кожные покровы с формированием сходной клинической картины [5].

Мониторинг монгольской части трансграничного Сайлюгемского природного очага осуществлялся в 1953–1990 гг. Большинство штаммов *Yersinia pestis*, изолированных за этот период, относилось к алтайскому и, в редких случаях, к улэгэйскому подвидам. Оба таксона обладают избирательной вирулентностью и считаются эпидемически неопасными. После 1990 г. по ряду объективных причин, эпизоотологическое обследование приграничных районов с монгольской стороны ведется не регулярно и в недостаточных объемах, что не позволяет объективно оценить современную эпизоотическую ситуацию.

Все это вызывает необходимость создания эффективной системы мониторинга эпизоотической и эпидемической ситуации в трансграничном Сайлюгемском природном очаге чумы путем реализации международных программ сотрудничества. В рамках этого направления российской и монгольской сторонами разработана программа «Изучение современного состояния трансграничного Сайлюгемского природного очага чумы и снижение возможных эпизоотологических рисков на его территории». Исследования, проведенные в 2017 г., являются первым этапом ее выполнения.

Цель работы – оценка современного эпизоотологического состояния монгольской части трансграничного Сайлюгемского природного очага чумы для обоснования управленческих решений по минимизации риска завоза и распространения чумы на сопредельных территориях двух стран.

Материалы и методы

Эпизоотологическое обследование осуществлялось в рамках реализации распоряжения Правительства Российской Федерации от 05.09.2016 г. № 1864-р и Приказа руководителя Роспотребнадзора от 29.12.2016 г. № 1289, а проведено в соответствии с МУ 3.1.3.2355-08 с 3 июля по 2 августа 2017 г. на площади 2335 км². Обследовано 30 секторов и

52 точки на 18 участках: Шинэ-Дава, Заг, Хагнур, Жаргалант, Дурбет-Даба, Маслозавод, Холбо-Нуур, Харалдай, Хундий, Зуслан-Булаг, Харамангай, Худаг, Бурат, Уртен-Булаг, Бага-Булаг, Хунтен-Сай, Кок-Сай, Борхаг. Работы выполнялись на протяжении 80 км вдоль государственной границы и 60 км вглубь территории Монголии (рис. 1).

Получен и исследован на чуму следующий полевой материал: млекопитающие – 277 экз., из них серый сурок – 149 экз. (добытые – 43, остатки стола хищных птиц – 93, в том числе свежие – 14, сухие – 79, трупы – 13, в том числе свежие – 7, сухие – 6), длиннохвостый суслик – 53 (добытые – 50, трупы – 3), монгольская пищуха – 69 (добытые – 65, остатки стола хищных птиц – 2, трупы – 2), даурская пищуха – 5 (добытые – 4, трупы – 1), заяц-толай – 1; эктопаразиты – 516 экз., из них 204 блохи, 243 клеща *Dermacentor nuttalli*, 69 вшей; костные останки сурка – 34 пробы; погадки хищных птиц – 68 шт.

Выполнено 42 пеших маршрута по учету численности носителей возбудителя чумы общей протяженностью 67 км на площади 201 га. Проведено 43 визуальных учета уровня численности серого сурка на площади 346 га. На обследованной территории изучены области распространения серого сурка, монгольской пищухи, длиннохвостого суслика и даурской пищухи. Область распространения монгольской пищухи была предварительно нанесена на электронные карты с использованием метода дистанционного зондирования земли (ДЗЗ), а затем уточнялась на местности при проведении полевых работ.

Лабораторные исследования на чуму выполняли на базе Центра по изучению зоонозных инфекций Баян-Улэгэйского аймака в г. Улгий. Проводили экспресс-диагностику с использованием иммунохроматографического метода для выявления капсульного антигена (FI) чумного микроба («ИХ тест-система *Yersinia pestis*», ФБУН ГНЦ ПМБ, п. Оболенск) на свежих остатках стола хищных птиц, трупах, добытых грызунах и зайцеобразных. Весь полевой материал исследовали молекулярно-генетическим (ПЦР) и серологическим методами. Положительные пробы, полученные с помощью ПЦР и ИХТ, исследовали бактериологическим методом.

Для визуализации и пространственной оценки полученной информации использованы ГИС-технологии. Все результаты с точной координатной привязкой наносились на электронные карты в программе QGIS 2.12.3.

Результаты и обсуждение

Состояние численности и область распространения носителей. Серый сурок населяет практически всю обследованную местность (рис. 2). Площадь, занимаемая этим животным, составила 2555 км² (включены поселения, обнаруженные при выполнении автомобильных маршрутов). Поселения в местах обитания грызуна преимущественно

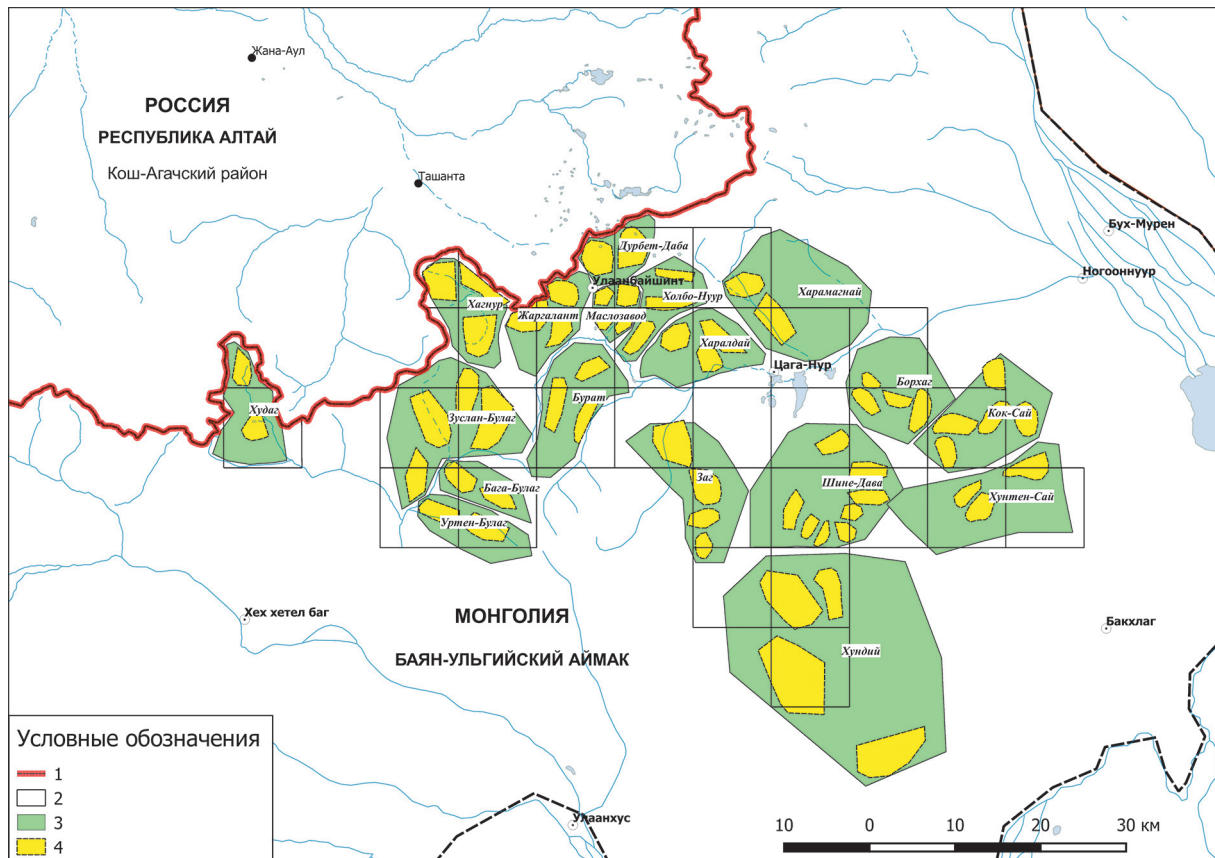


Рис. 1. Территория эпизоотологического обследования монгольской части Сайлюгемского природного очага чумы в 2017 г.: 1 – государственная граница, 2 – секторы, 3 – участки, 4 – точки

сплошные и непрерывные. По визуальным учетам средняя численность составила 184 особи на 1 км² с вариацией от 30 до 970 (n=43). При маршрутных учетах среднее значение численности равно 1,8 жилых бутанов на 1 га (n=42), показатель изменялся от 0,2 до 4,2. Средняя заселенность бутанов – 81 %. Уровень численности серого сурка на изученной территории Северо-Западной Монголии высокий и значительно превышает таковой в смежных районах Юго-Восточного Алтая. Так, среднемноголетний показатель численности данного вида на российской части Сайлюгемского природного очага чумы за 1980–2016 гг. равен 0,7 жилых бутанов на 1 га при крайних значениях в отдельные годы 0,3 и 1,3. Большая зависимость плотности населения серого сурка наблюдается от высоты над уровнем моря. На высоте 2100–2200 м над ур. м. обнаруживаются только единичные особи, на 2250–2350 м – уровень численности средний (65 особей на 1 км²), на 2400–2450 м – уровень численности высокий (150 особей на 1 км²), на 2500–2700 м – показатель очень высокий (350 особей на 1 км²).

На рис. 2 представлена область распространения монгольской пищухи на территории приграничных районов Северо-Западной Монголии с учетом данных, полученных с использованием метода ДЗЗ. На обследованной местности зарегистрированная площадь поселений зверька составила 867 км². В местах обитания этого вида поселения сплошные, наиболее плотные поселения преимущественно рас-

положены по днищам средних и нижних частей логов и пологим участкам межгорных долин. Уровень численности зверька по отдельным учетам колебался от 0,0 до 13,7 жилых нор на 1 га, среднее значение составило 3,7, средняя заселенность колоний 72 % (n=42). В целом на обследованных участках численность населения монгольской пищухи невысокая, это, вероятно, связано с ее периодическими колебаниями, что наблюдается как в Юго-Восточном [2], так и Монгольском Алтае [6].

На обследованной территории поселения длиннохвостого суслика ленточного и островного типа приурочены к увлажненным понижениям, долинам ручьев и рек, альпийским лугам (рис. 2). Площадь, занимаемая этим грызуном, небольшая (214 км²). В оптимальных биотопах средний показатель численности равен 6,2 особей на 1 га (n=16). Площадь, на которой обитает даурская пищуха, незначительная (22,5 км²), она распространена в увлажненных местах по долинам ручьев и рек (рис. 2). Средняя численность в оптимальных биотопах низкая и равна 1,2 жилых нор на 1 га (n=10).

Как показали результаты картирования областей распространения носителей, их поселения на территории Монголии и России, связаны между собой. Особенно это характерно для серого сурка – его поселения в Северо-Западной Монголии и Юго-Восточном Алтае неразрывны, что предполагает возможность беспрепятственной миграции грызунов этого вида.

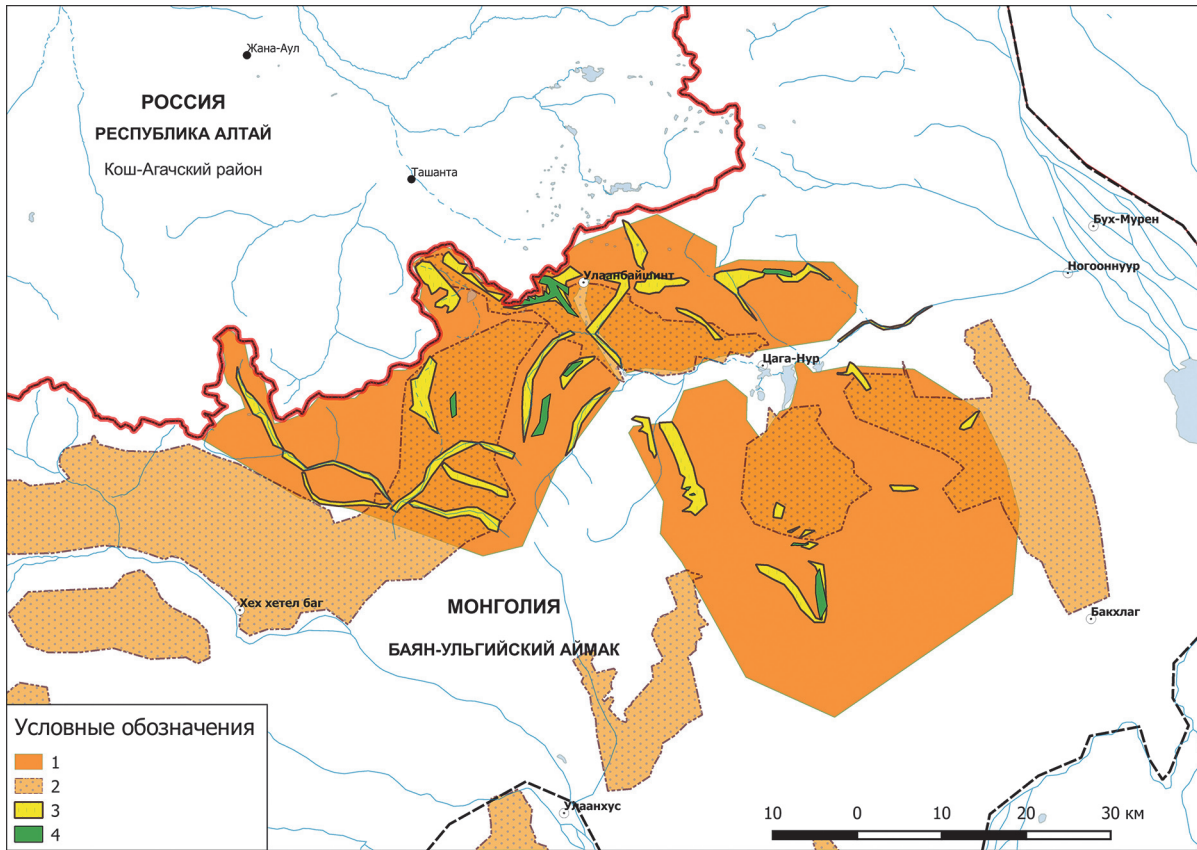


Рис. 2. Области распространения носителей на обследованной территории Северо-Западной Монголии: 1 – серый сурок, 2 – монгольская пищуха, 3 – длиннохвостый суслик, 4 – даурская пищуха

Видовой состав и численность блох. При проведении эпизоотологического обследования обнаружено 11 видов блох на четырех упомянутых выше видах млекопитающих и во входах их нор. Все они типичны для Сайлюгемского природного очага чумы. На сером сурке доминировала специфичная блоха сурков *Oropsylla silantiewi*, индекс доминирования (ИД) равен 93,8 %. На монгольской пищухе основное количество блох в сборах представлено *Amphalius runatus* и *Stenophyllus hirticrus*, ИД в обоих случаях 39,6 %. На длиннохвостом суслике преимущественно встречалась блоха *Citellophilus tesquorum*, ИД – 61,4 %. Во входах нор доминировала *Paradoxopsyllus scorodumovi*, ИД – 68,1 %.

Показатели численности блох на всех видах носителей и во входах их нор низкие, индекс обилия на сером сурке составил 0,32 (n=50), монгольской пищухе – 0,72 (n=67), длиннохвостом суслике – 1,32 (n=53), даурской пищухе – 0,20 (n=5), во входах нор – 0,025 (n=2735). Это объясняется сезонным спадом численности блох, связанным со сменой генераций [2].

Эпизоотическая активность. Эпизоотические проявления, подтвержденные выделением культур возбудителя чумы, обнаружением ДНК чумного микроба, положительными результатами серологических исследований на наличие капсультного антигена и специфических антител к чумному микробу, установлены на площади 1611 км², что составляет 69 % от обследованной территории. Они выявлены

на 14 участках (78 % от обследованных), в 21 секторе (70 %) и на 34 точках (65 %) (рис. 3).

За время проведения обследовательских работ выделено восемь штаммов возбудителя чумы основного подвида, из них 7 – от серых сурков (6 от остатков стола хищных птиц, 1 от трупа) и 1 – от длиннохвостого суслика (труп). Они получены на пяти участках (Шинэ-Дава – 2 штамма, Заг – 1, Жаргалант – 2, Хундий – 1, Зуслан-Булаг – 2) (рис. 3). Площадь зарегистрированных эпизоотий составила 587 км².

Получено 52 положительных результата методом ПЦР, в том числе от всех объектов, из которых изолирован чумной микроб. ДНК чумного микроба обнаружена у 23 сурков (остатки стола хищных птиц – 18, трупы – 3, добытые – 2), 4 длиннохвостых сусликов (трупы – 1, добытые – 3), 5 монгольских пищух (трупы – 1, добытые – 4), в 11 пробах костных останков сурка, у 9 эктопаразитов (блохи из входов нор носителей: *Amphalius runatus* – 1, *Paradoxopsyllus scorodumovi* – 2; блохи с длиннохвостого суслика: *Citellophilus tesquorum* – 2, *Rhadinopsylla altaica* – 1; блохи *Oropsylla silantiewi* с серого сурка – 1; вши и иксодовые клещи *Dermacentor nuttalli* с длиннохвостого суслика – по 1). В 18 исследованных объектах выявлена ДНК чумного микроба основного подвида, 16 таких находок получены от серых сурков: 6 – от остатков стола хищных птиц и 1 – от трупа, из которых выделены культуры, 4 – от остатков стола хищных птиц, 5 – из костных останков сурков, 1 – от

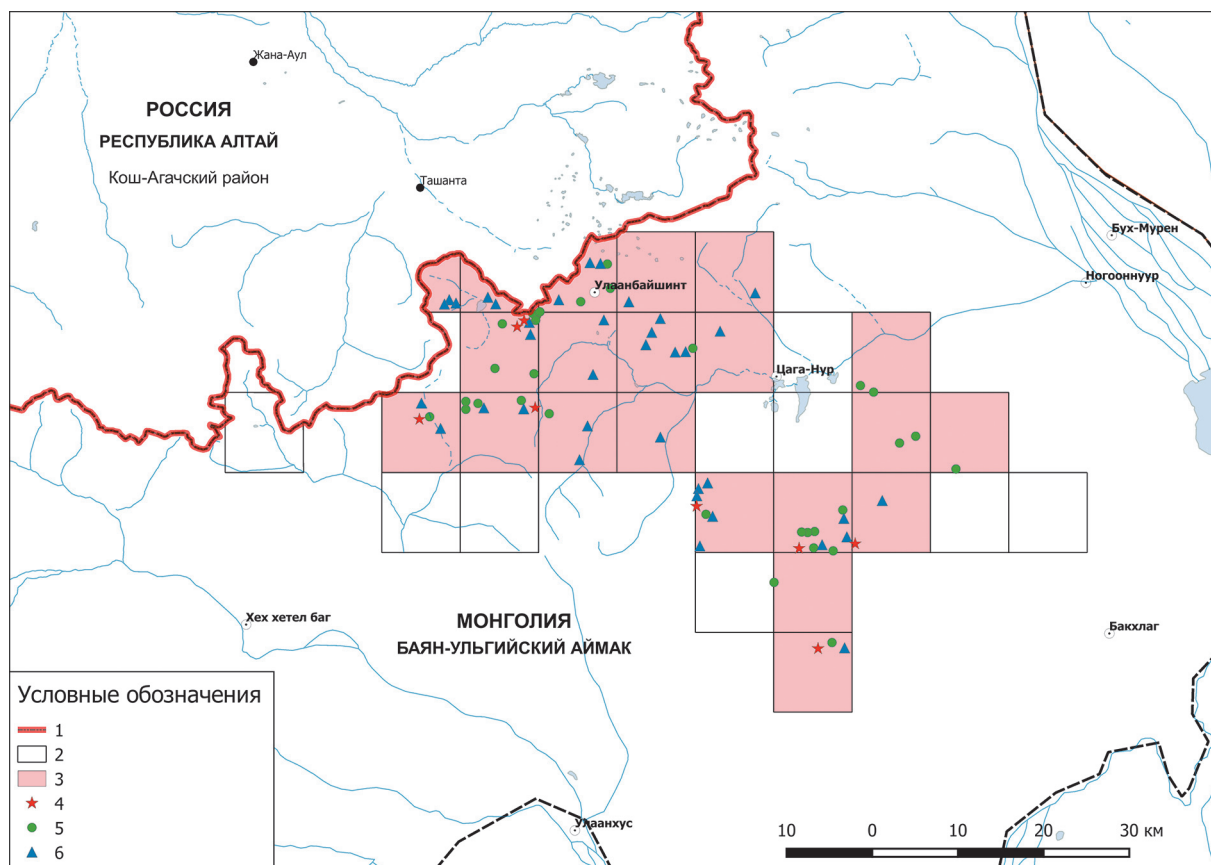


Рис. 3. Обнаруженные эпизоотические проявления на обследованной территории монгольской части Сайлюгемского природного очага чумы в 2017 г.:

1 – государственная граница, 2 – обследованные сектора, 3 – сектора с эпизоотическими проявлениями, 4 – места выделения чумного микроба основного подвида, 5 – места обнаружения ДНК *Y. pestis*, 6 – места положительных серологических находок

длиннохвостого суслика (труп), от которого выделена культура и 1 – от блох *Citellophilus tesquorum*, снятых с этого зверька. В 34 случаях подвид возбудителя не определен. ДНК чумного микроба обнаружена на 13 обследованных участках (рис. 3).

Получено 40 положительных результатов серологического исследования. Специфические антитела к чумному микробу выявлены у 24 добытых млекопитающих, из них у 11 серых сурков, 9 длиннохвостых сусликов, 4 монгольских пищух. Капсульный антиген (FI) чумного микроба обнаружен в 16 объектах, из них в 8 серых сурках (остатки стола хищных птиц), в 2 трупах серых сурков, в 1 трупе длиннохвостого суслика, в 5 пробах костных останков серых сурков. Положительные результаты серологического исследования зарегистрированы на 13 участках обследования (рис. 3).

Зараженность чумным микробом основного подвида серых сурков (без учета сухих остатков стола хищных птиц и трупов) составила 10,9%, а свежих трупов и остатков стола пернатых хищников – 33,3, длиннохвостых сусликов – 1,9. Частота обнаружения ДНК *Yersinia pestis* в серых сурках равна 15,4%, в костных останках этих грызунов – 32,4, в длиннохвостых сусликах – 7,5, в монгольских пищухах 7,2. Специфические антитела к чумному микробу обнаружены у 25,6% серых сурков, 18,0% длиннохвостых сусликов, 6,2% монгольских пищух.

Показательным признаком протекания эпизоотий среди сурков является скопление крупных пернатых хищников в местах падежа грызунов. За время обследования обнаружено 18 скоплений черных грифов и орлов (преимущественно степных), количество птиц при этом в отдельных случаях варьировало от 2 до 11, чаще их было 4–8. У них были отобраны 14 поеденных в разной степени тушек сурков. Именно от этих объектов изолирована большая часть (6) культур возбудителя чумы основного подвида.

Следует отметить, что при проведении полевых работ выявлено большое количество мумифицированных сурков – остатков стола пернатых хищников с хорошо сохранившейся шкурой, костями, черепом, фрагментами тканей и цельных трупов. Всего собрано 79 экз. остатков стола и 6 трупов. Такого феномена на российской части очага не наблюдали, подобные находки очень редки. Это свидетельствует о большом недавнем падеже сурков на обследованной территории, при этом количество пищи хищных птиц было избыточным и они не съедали менее привлекательные части погибших и добытых ими сурков – кости и шкуру, а в ряде случаев даже не расклевывали павших животных. Обычно от съеденных пернатыми хищниками сурков остаются только клочки шерсти и фрагменты черепа. Основной причиной интенсивного падежа сурков является эпизоотия чумы, что подтверждается обнаружением ДНК чумного микроба у

12 (14,1 %) погибших особей.

Результаты обследования монгольской части трансграничного Сайлюгемского природного очага чумы свидетельствуют о высокой инфицированности массовых видов млекопитающих, в первую очередь серых сурков, возбудителем чумы. Показано, что на изученной территории в поселениях носителей протекает разлитая эпизоотия чумы, вызванная возбудителем основного подвида. Наиболее интенсивные эпизоотические проявления зарегистрированы на южном макросклоне хр. Сайлюгем (участки Зуслан-Булаг, Хагнур, Жаргалант) и в местности, прилегающей к хр. Каралахту (участки Шинэ-Дава, Заг, Хундий). Таким образом, впервые установлено, что в монгольской части трансграничного Сайлюгемского очага наблюдается циркуляция чумного микроба основного подвида.

Полученные данные показывают, что эпизоотии чумы, вызванные возбудителем основного подвида, в поселениях носителей в Горно-Алтайском высокогорном природном очаге, которые регистрируют с 2012 г., неразрывно связаны с эпизоотиями на смежной территории Северо-Западной Монголии.

Необходимо подчеркнуть, что за время эпизоотологического обследования возбудитель чумы алтайского подвида не выделен, также циркуляция *Y. pestis* ssp. *altaica* не нашла подтверждения обнаружением ДНК. Все находки ДНК, идентифицированные до подвида, относились к *Y. pestis* ssp. *pestis*. Вместе с этим в 34 случаях подвид не определен. Наиболее вероятная причина такой ситуации заключается в том, что, во-первых, в июле (период обследования очага) происходит сезонный спад эпизоотической активности при циркуляции *Y. pestis* ssp. *altaica*; во-вторых, численность монгольской пищухи, основного носителя этого варианта возбудителя, на обследованной территории была низкая, а эпизоотическая активность зависит от ее уровня [2]. Следует отметить, что в связи с депрессией численности зверька на российской территории очага (Горно-Алтайский природный очаг) в последние два года изолируют только единичные штаммы *Y. pestis* ssp. *altaica* [4].

Конфликт интересов. Авторы подтверждают отсутствие конфликта финансовых/нефинансовых интересов, связанных с написанием статьи.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Балахонов С.В., Афанасьев М.В., Шестопалов М.Ю., Остак А.С., Витязева С.А., Корзун В.М., Вержуцкий Д.Б., Михайлов Е.П., Мищенко А.И., Денисов А.В., Ивченко Н.И., Рождественский Е.Н., Висков Е.Н., Фомина Л.А. Первый случай выделения *Yersinia pestis* subsp. *pestis* в Алтайском горном природном очаге чумы. Сообщение I. Микробиологическая характеристика, молекулярно-генетическая и масс-спектрометрическая идентификация изолята. *Пробл. особо опасных инф.* 2013; 1(115):60–5.
2. Балахонов С.В., Корзун В.М., редакторы. Горно-Алтайский природный очаг чумы: Ретроспективный анализ, эпизоотологический мониторинг, современное состояние. Новосибирск: Наука-Центр; 2014. 272 с.
3. Корзун В.М., Балахонов С.В., Денисов А.В., Чипанин Е.В., Косилко С.А., Рождественский Е.Н., Михайлов Е.П., Мищенко А.И., Базарова Г.Х., Ярыгина М.Б. Интродукция возбудителя чумы основного подвида в поселения серого сурка в Юго-Восточном Алтае. *Мед. паразитол. и паразитарн. бол.* 2017; 4:20–9.

4. Корзун В.М., Балахонов С.В., Косилко С.А., Михайлов Е.П., Мищенко А.И., Денисов А.В., Рождественский Е.Н., Чипанин Е.В., Базарова Г.Х., Ярыгина М.Б., Абибулаев Д.Э., Шефер В.В. Особенности эпизоотической и эпидемической активности Горно-Алтайского природного очага чумы в 2012–2016 годах. *Эпидемиол. и вакцинопрофилактик.* 2017; 1(92):36–8.

5. Попова А.Ю., Кутырев В.В., Балахонов С.В., Ежлова Е.Б., Демина Ю.В., Пакскина Н.Д., Щучинов Л.В., Попов Н.В., Косилко С.А., Дубровина В.И., Корзун В.М., Михайлов Е.П., Мищенко А.И., Денисов А.В., Рождественский Е.Н., Бугоркова С.А., Ерошенко Г.А., Краснов Я.М., Топорков В.П., Слудский А.А., Раздорский А.С., Матросов А.Н., Поршаков А.М., Лопатин А.А., Щербаклова С.А. Координация мероприятий противочумных учреждений Роспотребнадзора по оздоровлению Горно-Алтайского высокогорного природного очага чумы в 2016 г. *Пробл. особо опасных инф.* 2016; 4:5–10. DOI: 10.21055/0370-1069-2016-4-5-10.

6. Tuguldur N., Bolormaa G., Zolzaya E. Plague epizootological significance of Pallas Pika's density in Mongol-Altai mountain. *Zoonotic infectious diseases and tourism: Rep. Int. Conf. Ulaanbaatar; 2009. P. 175–6.*

References

1. Balakhonov S.V., Afanas'ev M.V., Shestopalov M.Yu., Ostyak A.S., Vityazeva S.A., Korzun V.M., Verzhutsky D.B., Mikhailov E.P., Mishchenko A.I., Denisov A.V., Ivchenko N.I., Rozhdvestvsky E.N., Viskov E.N., Fomina L.A. [The first case of *Yersinia pestis* subsp. *pestis* isolation in the territory of Altai mountain natural plague focus. Communication 1. Microbiological characteristics, molecular-genetic and mass spectrometric identification of the isolate]. *Probl. Osobo Opasn. Infek.* 2013; 1(115): 60–5.
2. Balakhonov S.V., Korzun V.M., editors. [Gorno-Altai Natural Plague Focus: Retrospective Analysis, Epizootiological Monitoring, Current Condition]. Novosibirsk: "Nauka-Tsentr"; 2014. 272 p.
3. Korzun V.M., Balakhonov S.V., Denisov A.V., Chipanin E.V., Kosilko S.A., Rozhdvestvsky E.N., Mikhailov E.P., Mishchenko A.I., Bazarova G.Kh., Yarygina M.B. [Introduction of plague agent of main sub-species into gray marmot settlements in South-Eastern Altai]. *Med. Parazitol. Parazitarn. Bol.* 2017; 4:20–9.
4. Korzun V.M., Balakhonov S.V., Kosilko S.A., Mikhailov E.P., Denisov A.V., Rozhdvestvsky E.N., Chipanin E.V., Bazarova G.Kh., Yarygina M.B., Abibulaev D.E., Shefer V.V. [Peculiarities of epizootic and epidemic activity of Gorno-Altai natural plague focus in 2012–2016]. *Epidemiol. Vaktsinoprof.* 2017; 1(92):36–8.
5. Popova A.Yu., Kuttyrev V.V., Balakhonov S.V., Ezhlova E.B., Demina Yu.V., Paksina N.D., Shchuchinov L.V., Popov N.V., Kosilko S.A., Dubrovina V.I., Korzun V.M., Mikhailov E.P., Mishchenko A.I., Denisov A.V., Rozhdvestvsky E.N., Bugorkova S.A., Eroshenko G.A., Krasnov Ya.M., Toporkov V.P., Sludsky A.A., Razdorsky A.S., Matrosov A.N., Porshakov A.M., Lopatin A.A., Shcherbakova S.A. [Coordination of measures of plague control institutions, aimed at rehabilitation and sanitation of Gorno-Altai high-mountain natural plague focus in 2016]. *Probl. Osobo Opasn. Infek.* 2016; 4:5–10. DOI: 10.21055/0370-1069-2016-4-5-10.
6. Tuguldur N., Bolormaa G., Zolzaya E. Plague epizootological significance of Pallas Pika's density in Mongol-Altai mountain. *Zoonotic infectious diseases and tourism: Rep. Int. Conf. Ulaanbaatar; 2009. P. 175–6.*

Authors:

Korzun V.M., Balakhonov S.V., Yarygina M.B., Kosilko S.A. Irkutsk Research Anti-Plague Institute of Siberia and Far East, 78, Trilissera St., Irkutsk, 664047, Russian Federation. E-mail: adm@chumin.irkutsk.ru.

Denisov A.V., Rozhdvestvsky E.N., Abibulaev D.E., Shefer V.V. Altai Plague Control Station, 2, Zavodskaya St., Gorno-Altai, 649002, Russian Federation. E-mail: chuma@mail.gornu.ru.

Ogonbayar D., Baigalmaa M., Orgilbayar L. National Centre for Studies of Zoonotic Infections, Ulaanbaatar, 18131, Mongolia. E-mail: orgio2009@yahoo.com.

Urzhikh Ch., Togoldor N., Makhbal A., Daurenbek H., Tsogbadrakh N., Tserenmorov D., Ganbold Kh. Center for Studies of Zoonotic Infections of Bayan-Ulegei Aimag, Ulgy, Mongolia. E-mail: urjeech@yahoo.com.

Об авторах:

Корзун В.М., Балахонов С.В., Ярыгина М.Б., Косилко С.А. Иркутский научно-исследовательский противочумный институт Сибири и Дальнего Востока. Российская Федерация, 664047, Иркутск, ул. Трилисера, 78. E-mail: adm@chumin.irkutsk.ru.

Денисов А.В., Рождественский Е.Н., Абибулаев Д.Э., Шефер В.В. Алтайская противочумная станция. Российская Федерация, 649002, Горно-Алтайск, ул. Заводская, 2. E-mail: chuma@mail.gornu.ru.

Отгонбаяр Д., Байгалмаа М., Оргилбаяр Л. Национальный центр по изучению зоонозных инфекций. Монголия, 18131, Улан-Батор, Сонгинохайрхан микрорайон, 20 хоро. E-mail: orgio2009@yahoo.com.

Уржих Ч., Тоголдор Н., Махбал А., Дауренбек Х., Цогбадрах Н., Цэрэнморов Д., Ганболд Х. Центр по изучению зоонозных инфекций Баян-Улгэеийского аймака. Монголия, Баян-Улгий аймак, Их булан, 4 баг. E-mail: urjeech@yahoo.com.

Поступила 14.11.17.

Отправлена на доработку 29.11.17.

Принята к публ. 28.02.18.