

Е.А.Москвитина<sup>1</sup>, О.Л.Адаменко<sup>1</sup>, И.В.Дворцова<sup>1</sup>, В.Д.Кругликов<sup>1</sup>, С.М.Иванова<sup>2</sup>, Д.А.Козина<sup>1</sup>

## ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКАЯ ОБСТАНОВКА ПО ХОЛЕРЕ В МИРЕ В 2013 г., ПРОГНОЗ НА 2014 г.

<sup>1</sup>ФКУЗ «Ростовский-на-Дону научно-исследовательский противочумный институт», Ростов-на-Дону, Российская Федерация; <sup>2</sup>ФКУЗ «Противочумный центр», Москва, Российская Федерация

Продолжалось динамическое и многоаспектное слежение за холерой на глобальном и других территориальных уровнях с целью оценки эпидемиологической обстановки и прогноза. В 2013 г. (неуточненные данные на 31.12.2013 г.) в мире зарегистрировано 91990 больных холерой в 40 странах мира, в 2012 – 251418 в 51 стране соответственно. В мире остается сложная эпидемиологическая обстановка в странах Карибского бассейна, в ряде стран Азиатского и Африканского континентов, обусловленная наличием социальных и природных условий и факторов риска, приведших к формированию эндемичных очагов, эпидемиям и вспышкам с высокими показателями летальности, распространению холеры, вызванной *V. cholerae* O1 El Tor, в том числе с измененными геномными вариантами штаммов. Прогноз по холере в мире остается неблагоприятным. Эпидемиологическая обстановка в России определялась изоляцией из поверхностных водоемов гемолизположительных *ctx<sup>-</sup>tcpA<sup>+</sup>* и *ctx<sup>-</sup>tcpA<sup>+</sup>* культур *V. cholerae* O1 El Tor сероваров *Ogawa* и *Inaba* в субъектах, различных по типам эпидемических проявлений холеры.

*Ключевые слова:* холера, эпидемии, эндемичные территории, факторы риска, природные и социальные условия, измененные в геноме варианты *V. cholerae* O1, прогноз.

E.A.Moskvitina<sup>1</sup>, O.L.Adamenko<sup>1</sup>, I.V.Dvortsova<sup>1</sup>, V.D.Kruglikov<sup>1</sup>, S.M.Ivanova<sup>2</sup>, D.A.Kozina<sup>1</sup>

## Epidemiological Situation on Cholera throughout the World in 2013, Forecasting for 2014

<sup>1</sup>Rostov-on-Don Research Anti-Plague Institute, Rostov-on-Don, Russian Federation; <sup>2</sup>Plague Control Center, Moscow, Russian Federation

Dynamic multi-factor surveillance over the cholera both around the globe and on the lower territorial scale has been continued in order to evaluate epidemiological situation on the disease and make a forecasting. In 2013 (unspecified data of 31.12.2013) registered were 91990 patients with cholera in 40 countries worldwide, and 251418 in 2012 in 51 countries respectively. Epidemiological situation of the Caribbean and in some countries around the Asian and African continents remained unfavorable too. It was predetermined by social and environmental conditions, as well as risk factors which led to endemic foci formation, epidemics and onsets of the disease with high indexes for mortality and dissemination of cholera, causative agent being *V. cholerae* O1 El Tor, including altered genovariants of the strains. Therewith forecasting on the disease world over remains unfavorable. As for epidemiological situation in the Russian Federation, it is determined by isolation of hemolysis-positive *ctx<sup>-</sup>tcpA<sup>+</sup> ctx<sup>-</sup>tcpA<sup>+</sup>* *V. cholerae* O1 El Tor cultures, serovars *Ogawa* and *Inaba*, from surface waters of the reservoirs, which are different in epidemic manifestations of the disease.

*Key words:* cholera, epidemics, endemic territories, risk factors, natural and social conditions, altered genovariants of *V. cholerae* O1, forecasting.

В настоящее время общепризнано, что теоретической и научно-практической основой профилактики и борьбы с инфекционными болезнями, в том числе холерой, является эпидемиологический надзор. С учетом этого продолжалось динамическое и многоаспектное слежение за эпидемическим процессом этой опасной инфекционной болезни на глобальном и других территориальных уровнях с целью оценки эпидемиологической обстановки и прогноза.

Использованы сведения проблемно ориентированных баз данных «Холера Эль-Тор. Эпидемиологический анализ заболеваемости в мире», «Холера Эль-Тор. Мир. Административные территории», «Холера Бенгал», «Холера Эль-Тор. Эпидемиологический анализ заболеваемости в СНГ, России», «Холерные вибрионы. Россия». Формирование их осуществляли с использованием сведений из Wkly Epidemiologic Record (World Health Organization, 2013), ProMED-mail post (2013 г.), сайта Министерства здравоохранения Гаити, научных публикаций из базы данных PubMed. Анализ выде-

ления холерных вибрионов O1 и O139 серогрупп из объектов окружающей среды в России проведен на основании соответствующей оперативной информации, поступающей в институт как в Референс-центр по мониторингу за холерой из противочумных институтов, станций, Управлений Роспотребнадзора и ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии» в субъектах Российской Федерации, а также на основании паспортных данных на штаммы после их окончательной идентификации.

**Мир.** В 2013 г. (не уточненные данные на 31.12.2013 г.) зарегистрировано 91990 больных холерой в 40 странах мира, в 2012 г. – 251418 в 51 стране соответственно. Эпидемии, вспышки и завозы инфекции имели место в Азии, Африке, Америке и Европе.

Наряду со странами, где эпидемические проявления имели место ежегодно (в Америке – Гаити, Доминиканская Республика, Куба; в Западной Африке – Гана, Гвинея, Мали, Нигер, Нигерия; в Восточной Африке – Замбия, Мозамбик, Сомали,

Уганда; в Южной Африке – Зимбабве; в Центральной Африке – Демократическая Республика Конго и Республика Конго; в Южной Азии – Индия, Пакистан; в Юго-Восточной Азии – Малайзия, Филиппины; в Центральной Азии – Китай, Афганистан), холера зарегистрирована в некоторых странах после отсутствия в течение трех, пяти и более лет (в Западной Африке – Гвинея-Бисау; в Южной Африке – ЮАР). При этом наряду с ежегодными осложнениями эпидемиологической ситуации на уровне одних и тех же административных территорий (штатов, провинций, округов и других), на чем мы остановимся ниже, отмечено поступательное распространение холеры на новые территории, обусловленное меж- и внутригосударственными завозами возбудителя инфекции, действием на активизацию эпидемического процесса других социальных, а также природных факторов. Это свидетельствует о распространении холеры на континентальных, региональных и территориальных уровнях, то есть о продолжении седьмой пандемии холеры.

Наибольший удельный вес больных холерой в 2013 г. приходится на страны Америки – 69,12 % (63590 больных холерой) и Африки – 28,22 % (25963), в Азии он составил 2,66 % (2429), и в Европе – 0,008 % (8). Необходимо отметить, что в структуре мировой заболеваемости холерой преобладание стран Американского континента сохраняется с 2010 г., после начала масштабной эпидемии в регионе Карибского бассейна, и эпидемиологическое неблагополучие в странах Африки [1, 2].

Показатель летальности в мире в 2013 г. – 2,12 %, в целом в странах Америки – 1,53 %, Африки – 3,66 %, Азии – 0,95 %.

**Америка.** Эпидемиологические осложнения по холере отмечены в странах Карибского бассейна (Гаити, Доминиканская Республика, Куба, Мартиника), Южной (Венесуэла и Чили) и Центральной Америки (Мексика).

**Карибский бассейн. Гаити.** По данным Министерства общественного здравоохранения и народонаселения Гаити, с 18.10.2010 по 31.12.2013 г.

зарегистрировано 696794 больных холерой с поражением всех департаментов страны, 8531 летальный исход [41]. В 2013 г. летальность в целом по стране составила 1,0 %, достигая в Южном и Юго-Восточном департаментах страны в отдельные периоды эпидемии 70,0–100,0 %. Это, по данным ООН, связано с сокращением числа центров лечения холеры на 16 % с 2012 по 2013 г., снижением поддержки извне на 30 % пока еще действующих медицинских учреждений, отсутствием достаточного финансирования [27].

В 2013 г. выявлена тенденция к снижению заболеваемости с темпом 30,686 (относительно 2010 г.). При анализе сезонности (2012–2013 гг.) установлены ежегодные подъемы в мае–июне и сентябре–ноябре (рис. 1), что, по мнению экспертов PAHO/WHO (Pan American Health Organization/World Health Organization), совпадает с периодами сильных дождей (сезон тропических штормов-ураганов) в мае–июле и примерно с сентября по октябрь [5]. Необходимо отметить, что имели место завозы инфекции с Гаити в Мартинику [13].

Нельзя не остановиться на представляющих научный интерес исследованиях по характеристике штаммов *Vibrio cholerae* El Tor O1 из Гаити. Это работа J. Dolores, K. J. F. Satchell [38], в которой показано, что среди появившихся недавно измененных штаммов *V. cholerae* El Tor O1, несущих классический ген *ctxB*, отмечена мутация в гене *rtxA* с аллелью 1 токсина MARTX, приводящая к инактивации и ингибции функции токсина. Установлено в эксперименте, что наиболее клинически значимым изменением в гене *rtxA* токсина является один SNP, который возник в штаммах *Vibrio cholerae* El Tor O1, циркулирующих в настоящее время и известных как измененные штаммы Эль Тор. Этот SNP инактивировал функцию токсина MARTX за счет введения преждевременного стоп-кодона, что привело к усечению белка на 12 аминокислот и к вероятному нарушению сигнала секреции на С-конце. Такой нуль-мутант представляет собой генетическую «среду», благоприятную

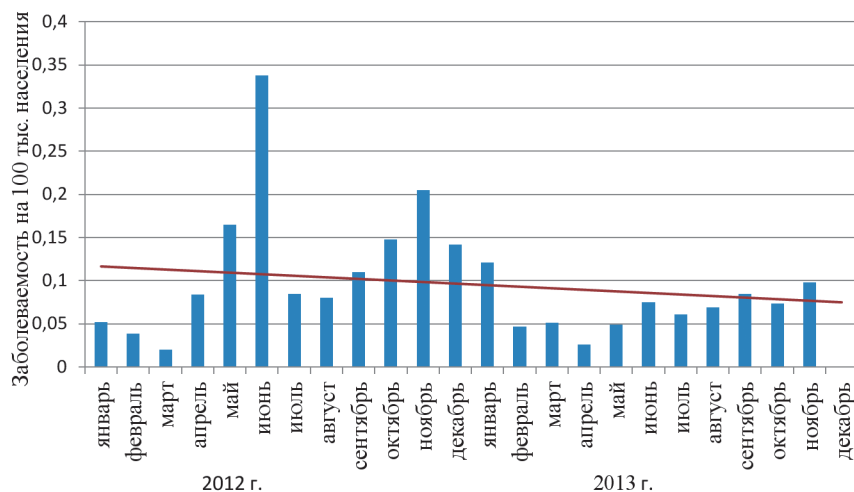


Рис. 1. Динамика заболеваемости холерой в Гаити

для последующего появления *ctxB7* с аллелем 4 гена *rtxA* в штаммах, получивших распространение в Индии, Непале, Камеруне, Гаити и Доминиканской Республике [3, 40, 41, 44, 46]. Подобно штаммам классического биовара, измененные пандемические штаммы Эль Тор утратили ген *rtxA* после приобретения *ctxB* классического типа. Этот факт подчеркивает, что эволюция холеры Эль Тор следует по пути повышенной зависимости от холерного токсина с устранением прочих секретлируемых факторов. Отмечено, что при изучении измененных штаммов Эль Тор необходимо определять *ctxB* и *rtxA* аллели, чтобы понять, продуцирует ли такой штамм активный токсин MARTX [38].

L.S.Katz *et al.* [43] при изучении эволюционной динамики *V. cholerae* O1, выделенных на Гаити в определенный отрезок времени (с октября 2010 по 2012 г.) после заноса из одного источника, с применением метода секвенирования полного генома штаммов, выявили почти однородный их геномный состав. Эти штаммы имели различные профили по результатам гель-электрофореза в пульсирующем поле (PFGE). Сравнение геномов этих штаммов со 108 геномами *V. cholerae* (с определением 566 однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) в коровых геномах) из других источников, в том числе из Таиланда, Бангладеш, Непала, Камеруна, Индии, Пакистана и Бенина, подтвердило идентичность штаммам из Непала и отличие от циркулирующих в других странах мира. Высказана точка зрения, что внутренние мутационные процессы могут нести ответственность за все наблюдаемые генетические полиморфизмы без заметного участия горизонтального переноса генов (HGT). В частности установлено, что клон из Гаити имел ограничения в способности приобретать новый генетический материал в результате отсутствия способности к естественной трансформации, являющейся важным механизмом горизонтального переноса генов. Происходит она у *V. cholerae* на хитиновых поверхностях и требует функционального кворум-сенсинга (QS). Эксперименты по трансформации на хитине продемонстрировали, что у штаммов из Гаити была нарушена способность к поглощению внеклеточной ДНК из клинического штамма или собственной ДНК. Но эти ограничения не были обусловлены отсутствием способности к QS и экспрессии *hapR* у изучаемых штаммов. Убедительно опровергнута версия о том, что местные штаммы *V. cholerae* в результате HGT повлияли на вызвавший вспышку штамм. При изучении вариаций в составе генов и структурной организации выявлено наличие независимых делеций и инверсий в SXT – мобильном генетическом элементе, содержащем гены, ответственные за антибиотикорезистентность.

По мнению Y.H.Grad, M.K.Waldor [39], упомянутая работа L.S.Katz *et al.* [43] пополняет все возрастающий массив работ, в которых методы геномики используются для изучения и происхождения вспышек.

В качестве прогноза по холере в Гаити можно привести мнение о вероятности того, что холера останется в стране на годы. Из 10 миллионов гаитянского населения только 2 % имеют доступ к питьевой воде, большинство людей живет в антисанитарных условиях и использует для своих нужд воду из близлежащих рек, число больных будет расти в периоды наводнений [10].

**Доминиканская Республика.** С ноября 2010 г. по декабрь 2013 г. в стране зарегистрировано 32271 больной холерой, летальность – 1,4 %. Больные выявлены в 31 из 32 провинций страны, при этом в восьми провинциях (La Altagracia, Azua, Boarucu, La Vega, San Cristobal, San Pedro de Macoris, Santiago и Santo Domingo) отмечено 80 % от всех случаев за 2013 г. По данным РАНО/WHO, распространение холеры в Доминиканской Республике, по-видимому, связано с водой рек, являющихся общими для Доминиканы и Гаити. Более развитая санитарная инфраструктура в стране дала возможность избежать ситуации, наблюдаемой в Гаити [21]. Вместе с тем имели место эпидемические осложнения в отдаленных от Гаити провинциях, связанные с социальными условиями: вспышка в San Cristobal была обусловлена реализацией водного пути передачи через контаминированную воду, продаваемую населению из танкеров (баков), в провинции San Juan фактором передачи явилась речная вода, куда сбрасывались стоки; выявление больных в Исправительном центре в Niguey (провинция La Altagracia) связывают с содержанием в камере 146 заключенных, рассчитанной на 20 человек [25]. В ряде провинций (Santiago, Santo Domingo и San Juan) холеру регистрируют ежегодно, что свидетельствует о формировании эндемичных территорий в стране.

**Куба.** За период с июня 2012 г. по декабрь 2013 г. (на 23 декабря) в стране зарегистрировано 678 подтвержденных случаев холеры в 11 провинциях страны (из 15) с распространением на новые территории и регистрацией повторно в ряде из них. Летальность – 0,4 %. Первая вспышка произошла в Гаване в январе 2013 г., когда был подтвержден 51 случай инфицирования *V. cholerae* серогруппы O1 серотипа Огава, биотипа Эль Тор с преобладанием больных среди прибывших из восточных провинций страны. Впоследствии о холере поступила информация из провинций Guantanamo, Granma, Holguin, La Habana, Matanzas, Mayabeque, Cienfuegos, Camaguey, Las Tunas, Santiago de Cuba. Причинами, способствовавшими широкому распространению вспышек, явились социальные условия: миграция внутри страны с последующим распространением (участие в похоронах в провинции Cienfuegos); реализация пищевого пути распространения возбудителя отмечена во время вспышки в Гаване, где на двух предприятиях питания были выявлены бессимптомные вибрионосители (из числа разносчиков блюд) [21, 22]. Основными факторами риска являлись потребление контаминированной необеззараженной воды, пищи, купленной у уличных торговцев, блюд из сырых или недостаточно



термически обработанных морепродуктов. О контаминации объектов окружающей среды свидетельствуют данные об инфицировании туриста из Италии (был на Кубе с 23 июня по 13 июля), который в последний день пребывания в Гаване употреблял в пищу сырые морепродукты, в том числе морского ежа и крабов, которых самостоятельно поймал у побережья Гаваны. Во время перелета в Италию у мужчины развилась водянистая диарея, появились сильная слабость, тахикардия, мышечные судороги, головокружение, боли в животе, тошнота и рвота. На следующий день после возвращения он поступил в больницу с водянистой диареей, обезвоживанием, сильной потерей веса (10 кг), низким кровяным давлением и тяжелой почечной недостаточностью. Фенотипические и генетические характеристики штамма *V. cholerae* O1, выделенного из клинических проб от больного, свидетельствовали о родстве этого штамма с эпидемическими штаммами из Гаити [23].

Куба – важный туристический центр. По оценкам РАНО/WHO, в 2010 г. Кубу посетило более 2,5 млн туристов, примерно 32 % от этого числа являлись гражданами стран Европы, в основном Италии, Испании и Германии [23]. Это указывает на существующий риск инфицирования холерой людей, совершающих поездки в эту страну. Подтверждением этому являются завозы холеры с Кубы в 2013 г. в страны Европы: в Италию (3 завоза), Германию (2), Испанию (2), Нидерланды (1) и страны Южной Америки: в Венесуэлу (2) и Чили (2) [19, 21, 22, 23]. В одном из последних сообщений РАНО/WHO акцентирует внимание на том, что, несмотря на то, что с Кубы не поступает официальных сообщений о новых больных, неправительственные источники продолжают сообщать о новых случаях холеры [36].

**Центральная Америка. Мексика.** В коммюнике Федерального Секретариата здравоохранения Мексики сообщено о 157 случаях холеры в стране, 145 из которых зарегистрированы в центральном штате Hidalgo, где фактором передачи возбудителя инфекции послужила вода реки, которую местное население использует для повседневных нужд: мытья овощей и фруктов, стирки белья, купания и прочего. После недели сильных ливней в начале октября число больных холерой выросло [29]. Помимо Hidalgo, больные зарегистрированы и в других местностях – в Федеральном округе (2 больных), в центральном штате San Luis Potosi (1), в штате Veracruz (2), расположенном на побережье Мексиканского залива, в штате Mexico (9) [30]. Всего, по данным РАНО/WHO, зарегистрировано 184 больных холерой, один умер. Как сообщает ВОЗ, генетический профиль циркулирующего штамма, выделенного от больных в Мексике, идентичен штамму (95 %), который убил более 8 тыс. жителей Гаити с октября 2010 г., и отличается от штамма, циркулировавшего в Мексике во время эпидемии 1991–2001 гг.

При анализе поступающей из ProMED-mail информации обращает на себя внимание то, что «при

умеренной тяжести заболевания для 70 % больных холерой не понадобилась госпитализация» [30], то есть противохолерные мероприятия проводятся не в полном объеме, способствуя распространению возбудителя инфекции с источниками в пространстве и во времени.

Следует отметить факт распространения штаммов *V. cholerae* El Tor O1 из Гаити с вышеуказанной характеристикой в странах Карибского бассейна, Центральной и Южной Америки.

**Азия.** В 2013 г. из различных источников поступила информация о холере из стран *Центральной Азии* (Афганистан – 1492 больных холерой, Китай – 12), *Юго-Восточной* (Малайзия – 20, Филиппины – 105), *Юго-Западной* (Иран – 214) и *Южной* (Индия – 246, Пакистан – 340). По данным ВОЗ [4], сотни тысяч случаев холеры в Азии не учитываются по причине серьезных ограничений в функционировании систем надзора на обширных территориях Азии. Более двух миллионов больных острой водянистой диареей регистрируется в Бангладеш ежегодно, неизвестно, какая часть этих случаев вызвана *V. cholerae*.

Осложнения эпидемиологической ситуации были обусловлены:

- межгосударственными завозами возбудителя инфекции нелегальными мигрантами из Афганистана и Пакистана в столицу Ирана Тегеран, в провинции Sistan-Balujistan и Kerman с последующим распространением холеры; в Китай, Hong Kong SAR; внутригосударственными в Индии – в штат Kerala из штата Karnataka [11, 28, 31];

- вспышкой холеры в лагере для сирийских беженцев Za'atari в провинции Mafraq Governore, на северо-востоке Иордании, причиной которой могло быть использование загрязненной воды и несоблюдение надлежащих санитарных условий в лагере, отсутствие медицинского контроля со стороны международных органов здравоохранения. По сообщению администрации Министерства Здравоохранения страны, сотни больных проходят лечение в местных поликлиниках и больницах, находящихся рядом с лагерем [15];

- активизацией эпидемического процесса на эндемичных территориях Индии (штаты Gujarat и Maharashtra) за счет контаминации источников питьевой воды после дождей [18];

- вспышками холеры, возникшими под влиянием социальных условий и наличием постоянных территориальных рисков за счет отсутствия или неудовлетворительного состояния системы водоснабжения и водоотведения и, как следствие, использование контаминированной воды (Филиппины, округ Maguindanao; Пакистан, провинция Balochistan; Непал, Banke District; Афганистан, провинция Badakhshan. Так, согласно данным Агентства международного развития США (US Agency for International Development), лишь 12 % населения сельских районов Афганистана имеет доступ к чистой питьевой воде [14, 15, 20, 24];

- сочетанием природных (муссонные дожди, наводнения) и социальных условий (Непал, Kathmandu, Central Region; Индия, Uttarakhand State) [16, 17].

К настоящему времени установлено, что на Азиатском континенте вспышки и эпидемии обусловлены атипичными штаммами Эль Тор с модификациями в генах профага СТХФ и в группировке генов, несущими ген *ctxB*, подобный классическому (известны также как СТХ-2) [44]. Среди таких атипичных штаммов Эль Тор есть штаммы, обозначаемые как измененные штаммы Эль Тор (известные также как СТХ-3), профаг СТХФ которых идентичен профагу штаммов Эль Тор по последовательности и локализации в геноме, за исключением того, что в *ctxB3* аллеле Эль Тор имелись две точечные мутации, которые изменили этот ген на *ctxB1* аллель, присутствующий в штаммах классического биотипа [47]. Измененные штаммы Эль Тор были впервые выделены в Бангладеш в 1990-х годах [44, 48], начиная с 2000 г. вытеснили типичные штаммы Эль Тор [45]. Затем эти штаммы накопили дополнительную мутацию в гене *ctxB*, аллель *ctxB7* [47] (известны также как СТХ-3b); эти штаммы были впоследствии идентифицированы среди выделенных в Индии, Бангладеш и Непале [3, 40, 41, 44, 46]. P.Zhang *et al.* [49] сообщили о новых вариантах гена *ctxB* в штаммах *V. cholerae* O1 из Китая.

Учитывая, что аллель 1 гена *rtxA* Эль Тор высококонсервативен и является преобладающим среди штаммов седьмой пандемии (Таиланд, Малайзия, Вьетнам), следует отметить об обнаружении в Индии, Бангладеш и Непале измененных по этому признаку *V. cholerae* O1 [38].

**Африка.** Число пораженных стран – 22. Холера выявлена во всех регионах континента (кроме Северного) с показателями заболеваемости (на 100 тыс. населения) в странах Восточной Африки от 0,04 (Замбия) до 11,37 (Бурунди); Западной – от 0,27 (Гана) до 58,89 (Гвинея-Бисау); Центральной от 12,59 (Конго) до 44,67 (Ангола) и Южной от 0,002 (ЮАР) до 0,16 (Намибия). При этом о холере сообщено из 47 административных территорий (штаты, регионы, провинции): из Западной Африки – 19, из Центральной – 12, из Восточной – 14 и из Южной – 2. Летальность в Африке – 3,7 %, в Восточном регионе – 9,2 %; в Западном – 3,7 %; в Центральном – 2,7 %.

Неблагополучная эпидемиологическая обстановка обусловлена наличием факторов риска и особенностями эпидемического процесса:

- отсутствие базовых санитарных условий и инфраструктуры, обеспечивающих в ряде стран континента нормальное качество воды и адекватный уровень санитарии (Замбия, Central Province; Демократическая Республика Конго, South Kivu Province; Нигерия; Мали, Gao Region; Руанда, Rusizi District) [7, 12, 24, 26];

- наличие эндемичных очагов с ежегодными эпидпроявлениями без завозов извне (в Замбии,

Central Province, в Зимбабве, Masvingo Province, Уганде, Western Region, в Нигере, Tillaberi region) [7, 11, 12, 24, 37];

- разлитой в пространстве с поражением большого числа населенных пунктов (Уганда, Nebbi District; Танзания, Rukwa Region; Мозамбик, Cabo Delgado, Niassa Province; Нигерия) [7, 8, 33] и хронический тип эпидемического процесса – продолжение в январе 2013 г. эпидемий, начавшихся в 2012 г. (Гвинея-Бисау, Tombali Province) [24];

- неудовлетворительное санитарное состояние в лагерях беженцев (Сьерра-Леоне, Western Rural District; Нигерия, Nasarawa State) [26, 32]; большое скопление мигрантов (15000) в лагере беженцев в Нигере (Tillaberi region), прибывших из Мали вследствие военного конфликта в стране [12];

- переполненные тюрьмы и недоброкачественная питьевая вода. В тюрьме Огаден в региональной столице Джигджига (Эфиопия, Somali Region), рассчитанной на 400 заключенных, находилось несколько тысяч человек. За одну неделю умерли 55 заключенных после употребления контаминированной воды, хранящейся в цистернах [35].

- межгосударственный завоз холеры из Анголы в Намибию [17];

- урбанизация и высокая плотность населения (Нигерия, Oyo State; Конго, Pointe-Noir; Того, Maritime Region) [9, 31];

- реализация пищевого пути передачи возбудителя инфекции через контаминированные продукты, покупаемые у уличных торговцев (Нигерия, Lagos State) [32];

- отсутствие медицинской помощи больным холерой в районах, расположенных вдали от крупных городов (Нигерия, Benue State) [34];

- сочетание природных условий (засуха, сезон дождей и их последствия) и факторов риска (качество воды, другие проблемы с санитарным благоустройством) (Конго, Pointe-Noir; Демократическая Республика Конго, Katanga Province; Ангола, Uije Province, Southern Provinces) [6, 8, 9, 34, 37].

Наряду с *V. cholerae* O1 биовара Эль Тор, в том числе генетически измененными, приведены данные о выделении от больных *V. cholerae* O139 серогруппы [33].

**Европа.** Кроме завозов холеры с Кубы в Германию, Испанию, Нидерланды и Италию, информации не поступало [21, 22, 23].

**Страны СНГ.** Из доступных источников сообщений о холере не было.

**Россия.** Эпидемиологическая обстановка определялась изоляцией из поверхностных водоемов 49 атоксигенных, гемолизоположительных культур *V. cholerae* O1 El Tor, сероваров *Ogawa* – 35 (71,43 %) и *Inaba* – 14 (28,57 %). Наряду со штаммами *V. cholerae* O1 *ctx<sup>-</sup> tcpA<sup>-</sup>*, идентифицированы три штамма *V. cholerae* O1 *ctx<sup>-</sup> tcpA<sup>+</sup>* из поверхностных водоемов, в местах сброса сточных вод (Республика Калмыкия, Хабаровский край). Холерные вибрионы

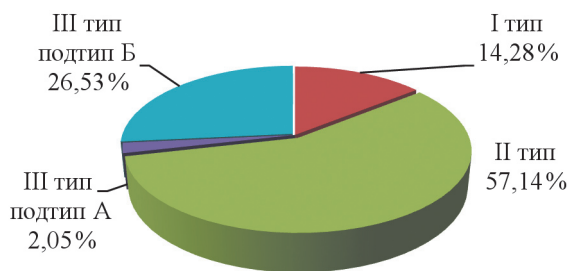


Рис. 2 Удельный вес выделенных штаммов холерных вибрионов O1 в субъектах Российской Федерации, различных по типам эпидемических проявлений холеры. 2013 г.

были выделены из объектов окружающей среды на административных территориях, различных по типам эпидемических проявлений холеры (рис. 2), в том числе:

- на территориях I типа – Ростовская область, Ростов-на-Дону (в местах неорганизованного рекреационного водопользования и сброса хозяйственно-бытовых сточных вод);

- на территориях II типа – Республика Калмыкия, Элиста (в местах неорганизованного рекреационного водопользования и сброса сточных вод в поверхностные водоемы); Краснодарский край, Новороссийск (в зоне организованного рекреационного водопользования);

- на территории III типа подтип А – Иркутская область, Усолье (в месте сброса хозяйственно-бытовых сточных вод);

- на территориях III типа подтип Б – Забайкальский край, Республики Бурятия и Коми (в зонах организованного и местах неорганизованного рекреационного водопользования); Хабаровский край, Хабаровск (в местах сброса хозяйственно-бытовых сточных вод).

Пик изоляции холерных вибрионов пришелся, как и в предшествующие годы, на июль и август – 28,60 и 51,02 % соответственно. В остальные месяцы показатели распределились следующим образом: в мае – 2,04 %, июне – 4,06 %, сентябре – 14,28 %. Следует отметить, что сезон выделения холерных вибрионов в 2013 г. начался в мае месяце (Ростов-на-Дону).

Несмотря на то, что в ряде субъектов Российской Федерации холерные вибрионы не были изолированы из объектов окружающей среды с 1990 г. и в более поздние сроки, периодическое их обнаружение, в том числе с большим интервалом времени в Республике Бурятия (1994, 1998, 2013 гг.), свидетельствует об эффективности мониторинга контаминации холерными вибрионами объектов окружающей среды, как составляющей эпидемиологического надзора за холерой в стране.

Прогноз по холере в мире остается неблагоприятным на основании сложной эпидемиологической обстановки в странах Карибского бассейна в Америке, в ряде стран Азиатского и Африканского континентов, обусловленной наличием социальных и природных факторов риска, приведших к формиро-

ванию эндемичных очагов, эпидемиям и вспышкам с высокими показателями летальности, распространению холеры, вызванной *V. cholerae* O1 El Tor, в том числе измененными в геноме вариантами штаммов, в мировом пространстве и во времени, исчисляемом годами и десятилетиями.

По мнению экспертов ВОЗ, холера по-прежнему является значимой нерешенной проблемой общественного здравоохранения Гаити и ряда стран Африки. Эффективное предупреждение холеры и борьба с ней требуют возобновленных усилий, направленных на интеграцию междисциплинарных подходов, сочетающих в себе применение новых и традиционных видов вмешательств и методов. В связи с этим ВОЗ инициировала меры по укреплению глобальной координации инициатив по борьбе с холерой и более эффективному обеспечению потребностей стран, подвергающихся высокому риску этой болезни [4].

Прогноз по холере в России на 2014 год – неблагоприятный в плане возможных завозов инфекции. Это диктует необходимость постоянной готовности органов и учреждений Федеральной Службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Министерства здравоохранения Российской Федерации и других ведомств для осуществления мероприятий на случай выявления больного с подозрением на холеру, а также организации и проведения эпидемиологического надзора за холерой как составной части противохолерных мероприятий для своевременного выявления завозных случаев холеры, выделения холерных вибрионов из объектов окружающей среды и предотвращения распространения возбудителя инфекции.

Приносим благодарность Т.В.Ковалёвой – сотруднику лаборатории эпидемиологии ООИ ФКУЗ Ростовский-на-Дону противочумный институт Роспотребнадзора за помощь при подготовке материалов для статьи.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Москвитина Э.А., Мазрухо А.Б., Адаменко О.Л., Кругликов В.Д. Холера в начале XXI в. Прогноз на глобальном уровне. *Пробл. особо опасных инф.* 2012; 1(111):11–6.
2. Москвитина Э.А., Мазрухо А.Б., Адаменко О.Л., Арешина О.А., Назаретян А.А., Кругликов В.Д., Иванова С.М., Козина Д.А. Характеристика эпидемиологической обстановки по холере в мире (2003–2012 гг.) и прогноз на 2013 г. *Пробл. особо опасных инф.* 2013; 1(117):11–7.
3. Chin C.S., Sorenson J., Harris J.B., Robins W.P., Charles R.C., Jean-Charles R.R., Bullard J., Webster D.R., Kasarskis A., Peluso P., Paxinos E.E., Yamaichi Y., Calderwood S.B., Mekalanos J.J., Schadt E.E., Waldor M.K. The origin of the Haitian cholera outbreak strain. *N. Engl. J. Med.* 2011; 364:33–42.
4. Cholera, 2012. *Wkly Epidem. Rec.* 2013; 88(31):321–36.
5. Cholera, diarrhea & dysentery update(04):Americas. [Internet]. 8 Jan 2013 [cited 8 Jan]. Archive number: 201320130109.1489407. Available from: <http://www.promedmail.org>.
6. Cholera, diarrhea & dysentery update (05): Africa. [Internet]. 10 Jan 2013 [cited 10 Jan 2013]. Archive number: 20130120.1507025. Available from: <http://www.promedmail.org>.
7. Cholera, diarrhea & dysentery update (08): Africa, Asia. [Internet]. 31 Jan 2013 [cited 31 Jan 2013]. Archive number: 20130131.1522070. Available from: <http://www.promedmail.org>.
8. Cholera, diarrhea & dysentery update (10): Africa, Americas. [Internet]. 6 Mar 2013 [cited 6 Mar 2013]. Archive number: 20130311.1581527. Available from: <http://www.promedmail.org>.



9. Cholera, diarrhea & dysentery update (11): Africa. [Internet]. 18 Mar 2013 [cited 18 Mar 2013]. Archive number: 20130318.1592213. Available from: <http://www.promedmail.org>.
10. Cholera, diarrhea & dysentery update (12): Haiti. [Internet]. 27 Mar 2013 [cited 27 Mar 2013]. Archive number: 20130327.1606529. Available from: <http://www.promedmail.org>.
11. Cholera, diarrhea & dysentery update (15): Africa, Asia. [Internet]. 6 May 2013 [cited 6 May 2013]. Archive Number: 20130506.1695234. Available from: <http://www.promedmail.org>.
12. Cholera, diarrhea & dysentery update (18): Africa. [Internet]. 29 May 2013 [cited 29 May 2013]. Archive number: 20130529.1744109. Available from: <http://www.promedmail.org>.
13. Cholera, diarrhea & dysentery update 2013 (19): Martinique ex HAITI, Haiti. [Internet]. 1 Jun 2013 [cited 1 Jun 2013]. Archive number: 20130603.1753128. Available from: <http://www.promedmail.org>.
14. Cholera, diarrhea & dysentery update (20): Africa, Asia [Internet]. 13 Jun 2013 [cited 13 Jun 2013]. Archive Number: 20130613.1767053 Available from: <http://www.promedmail.org>.
15. Cholera, diarrhea & dysentery update (21): Africa, Asia. [Internet]. 16 Jun 2013 [cited 16 Jun 2013]. Archive number: 20130616.1775297. Available from: <http://www.promedmail.org>.
16. Cholera, diarrhea & dysentery update (23): Africa, Asia. [Internet]. 3 Jun 2013 [cited 3 Jun 2013]. Archive number: 20130703.1801775. Available from: <http://www.promedmail.org>.
17. Cholera, diarrhea & dysentery update 2013 (27): Africa, Asia. [Internet]. 17 Jul 2013 [cited 17 Jul 2013]. Archive number: 20130717.1830513. Available from: <http://www.promedmail.org>.
18. Cholera, diarrhea & dysentery update (30): Africa, Asia [Internet]. 6 Aug 2013 [cited 6 Aug 2013]. Archive number: 20130806.1864805. Available from: <http://www.promedmail.org>.
19. Cholera, diarrhea & dysentery update 2013 (32): Chile, Venezuela (ex Cuba). [Internet]. 13 Aug 2013 [cited 13 Aug 2013]. Archive number: 20130813.1877405. Available from: <http://www.promedmail.org>.
20. Cholera, diarrhea & dysentery update (33): Afghanistan (Badakhshan). [Internet]. 14 Aug 2013 [cited 14 Aug 2013]. Archive number: 20130814.1879494. Available from: <http://www.promedmail.org>.
21. Cholera, diarrhea & dysentery update 2013 (34): Americas, Italy ex Cuba [Internet]. 8 Jan [cited 14 Aug]. Archive number: 20130818.1886948. Available from: <http://www.promedmail.org>.
22. Cholera, diarrhea & dysentery update 2013 (36): Americas, EU ex Cuba. [Internet]. 23 Aug 2013 [cited 23 Aug 2013]. Archive number: 20130823.1898160. Available from: <http://www.promedmail.org>.
23. Cholera, diarrhea & dysentery update 2013 (40): Italy ex Cuba, Dominican Rep. [Internet]. 31 Aug 2013 [cited 31 Aug 2013]. Archive number: 20130831.1911344. Available from: <http://www.promedmail.org>.
24. Cholera, diarrhea & dysentery update (41): Africa, Asia. [Internet]. 28 Aug 2013 [cited 28 Aug 2013]. Archive number: 20130903.1913649. Available from: <http://www.promedmail.org>.
25. Cholera, diarrhea & dysentery update (44): Dominican Republic (CR, JU). [Internet]. 7 Sep 2013 [cited 7 Sep 2013]. Archive number: 20130907.1929827. Available from: <http://www.promedmail.org>.
26. Cholera, diarrhea & dysentery update (46): Africa. [Internet]. 9 Sep 2013 [cited 9 Sep 2013]. Archive number: 20130911.1937972. Available from: <http://www.promedmail.org>.
27. Cholera, diarrhea & dysentery update (47): Haiti. [Internet]. 14 Sep 2013 [cited 14 Sep 2013]. Archive number: 20130914.1944369. Available from: <http://www.promedmail.org>.
28. Cholera, diarrhea & dysentery update 2013 (50): Iran. [Internet]. 28 Sep 2013 [cited 28 Sep 2013]. Archive number: 20130928.1967013. Available from: <http://www.promedmail.org>.
29. Cholera, diarrhea & dysentery update (51): Mexico (DF, HI) cholera suspected. [Internet]. 1 Sep 2013 [cited 1 Sep 2013]. Archive number: 20131001.1977174. Available from: <http://www.promedmail.org>.
30. Cholera, diarrhea & dysentery update (55): Mexico. [Internet]. 14 Oct 2013 [cited 14 Oct 2013]. Archive number: 20131014.1999447. Available from: <http://www.promedmail.org>.
31. Cholera, diarrhea & dysentery update (56): Africa, Asia. [Internet]. 14 Oct 2013 [cited 14 Oct 2013]. Archive number: 20131014.1999439. Available from: <http://www.promedmail.org>.
32. Cholera, diarrhea & dysentery update (59): Africa, Asia. [Internet]. 31 Oct 2013 [cited 31 Oct 2013]. Archive number: 20131031.2022745. Available from: <http://www.promedmail.org>.
33. Cholera, diarrhea & dysentery update (60): Africa. [Internet]. 4 Nov 2013 [cited 4 Nov 2013]. Archive number: 20131104.2036594. Available from: <http://www.promedmail.org>.
34. Cholera, diarrhea & dysentery update (62): Africa. [Internet]. 17 Nov 2013 [cited 17 Nov 2013]. Archive number: 20131117.2060236. Available from: <http://www.promedmail.org>.
35. Cholera, diarrhea & dysentery update (65): Africa. [Internet]. 30 Nov 2013 [cited 30 Nov 2013]. Archive number: 20131130.2083507. Available from: <http://www.promedmail.org>.
36. Cholera, diarrhea & dysentery update (66): [Internet]. 25 Dec 2013 [cited 25 Dec 2013]. Americas Archive number: 20131207.2097352. Available from: <http://www.promedmail.org>.
37. Cholera, diarrhea & dysentery update (67): Africa. [Internet]. 8 Dec 2013 [cited 8 Dec 2013]. Archive number: 20131208.2098501. Available from: <http://www.promedmail.org>.
38. Dolores J., Satchell K.J. Analysis of *Vibrio cholerae* genome sequences reveals unique rtxA variants in environmental strains and an rtxA-null mutation in recent altered El Tor isolates. *mBio*. 2013; 4(2):e00624–12.
39. Grad Y.H., Waldor M.K. Deciphering the origins and tracking the evolution of cholera epidemics with whole-genome-based molecular epidemiology. *mBio*. 2013; 4(5):e00670–13.
40. Hasan N.A., Choi S.Y., Eppinger M., Clark P.W., Chen A., Alam M., Haley B.J., Taviani E., Hine E., Su Q., Tallon L.J., Prosper J.B., Furth K., Hoq M.M., Li H., Fraser-Liggett C.M., Cravioto A., Huq A., Ravel J., Cebula T.A., Colwell R.R. Genomic diversity of 2010 Haitian cholera outbreak strains. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2012; 109:E2010–7.
41. Hendriksen R.S., Price L.B., Schupp J.M., Gillece J.D., Kaas R.S., Engelthaler D.M., Bortolaia V., Pearson T., Waters A.E., Upadhyay B.P., Shrestha S.D., Adhikari S., Shakya G., Keim P.S., Aarestrup F.M. Population genetics of *Vibrio cholerae* from Nepal in 2010: evidence on the origin of the Haitian outbreak. *mBio*. 2011; 2(4):e00157–11.
42. <http://mspp.gouv.ht/site/index.php>. Ministere de la Sante Publique et de la Population (MSP). RAPPORT DE CAS. Republique D Haiti. Rapport journalier MSP du 31 Decembre 2013.
43. Katz L.S., Petkau A., Beaulaurier J., Tyler S., Antonova E.S., Turnsek M.A., Guo Y., Wang S., Paxinos E.E., Orata F., Gladney L.M., Stroika S., Folster J.P., Rowe L., Freeman M.M., Knox N., Frace M., Bony J., Graham M., Hammer B.K., Boucher Y., Bashir A., Hanage W.P., Van Domselaar G., Tarr C.L. Evolutionary dynamics of *Vibrio cholerae* O1 following a single-source introduction to Haiti. *mBio*. 2013; 4(4):e00398–13.
44. Mutreja A., Kim D.W., Thomson N.R., Connor T.R., Lee J.H., Kariuki S., Croucher N.J., Choi S.Y., Harris S.R., Lebens M., Niyogi S.K., Kim E.J., Ramamurthy T., Chun J., Wood J.L., Clemens J.D., Czerkinsky C., Nair G.B., Holmgren J., Parkhill J., Dougan G. Evidence for several waves of global transmission in the seventh cholera pandemic. *Nature*. 2011; 477:462–5.
45. Nair G.B., Qadri F., Holmgren J., Svennerholm A.M., Safa A., Bhuiyan N.A., Ahmad Q.S., Faruque S.M., Faruque A.S., Takeda Y., Sack D.A. Cholera due to altered El Tor strains of *Vibrio cholerae* O1 in Bangladesh. *J. Clin. Microbiol.* 2006; 44:4211–3.
46. Reimer A.R., Van Domselaar G., Stroika S., Walker M., Kent H., Tarr C., Talkington D., Rowe L., Olsen-Rasmussen M., Frace M., Sammons S., Dahourou G.A., Bony J., Smith A.M., Mabon P., Petkau A., Graham M., Gilmour M.W., Gerner-Smidt P. Comparative genomics of *Vibrio cholerae* from Haiti, Asia, and Africa. *Emerg. Infect. Dis.* 2011; 17(11):2113–21.
47. Safa A., Nair G.B., Kong R.Y. Evolution of new variants of *Vibrio cholerae* O1. *Trends Microbiol.* 2010; 18:46–54.
48. Siddique A.K., Nair G.B., Alam M., Sack D.A., Huq A., Nizam A., Longini I.M. Jr., Qadri F., Faruque S.M., Colwell R.R., Ahmed S., Iqbal A., Bhuiyan N.A., Sack R.B. El Tor cholera with severe disease: a new threat to Asia and beyond. *Epidemiol. Infect.* 2010; 138:347–52.
49. Zhang P., Zhou H., Kan B., Wang D. Novel ctxB variants of *Vibrio cholerae* O1 isolates, China. *Infect. Genet. Evol.* 2013; 20:48–53.

## References

- Moskvitina E.A., Mazrukho A.B., Adamenko O.L., Kruglikov V.D. [Cholera in the early XXI century: Global prognosis]. *Probl. Osobo Opasn. Infek.* 2012; 1(11):11–6.
- Moskvitina E.A., Mazrukho A.B., Adamenko O.L., Areshina O.A., Nazaretyan A.A., Kruglikov V.D., Ivanova S.M., Kozina D.A. [Characteristics of the epidemiological situation on cholera the world over (2003–2012) and prognosis for 2013]. *Probl. Osobo Opasn. Infek.* 2013; 1(11):11–7.
- Chin C.S., Sorenson J., Harris J.B., Robins W.P., Charles R.C., Jean-Charles R.R., Bullard J., Webster D.R., Kasarskis A., Peluso P., Paxinos E.E., Yamaichi Y., Calderwood S.B., Mekalanos J.J., Schadt E.E., Waldor M.K. The origin of the Haitian cholera outbreak strain. *N. Engl. J. Med.* 2011; 364:33–42.
- Cholera, 2012. *Wkly Epidem. Rec.* 2013; 88(31):321–36.
- Cholera, diarrhea & dysentery update (04): Americas. [Internet]. 8 Jan 2013 [cited 8 Jan]. Archive number: 201320130109.1489407. Available from: <http://www.promedmail.org>.
- Cholera, diarrhea & dysentery update (05): Africa. [Internet]. 10 Jan 2013 [cited 10 Jan 2013]. Archive number: 20130120.1507025. Available from: <http://www.promedmail.org>.
- Cholera, diarrhea & dysentery update (08): Africa, Asia. [Internet]. 31 Jan 2013 [cited 31 Jan 2013]. Archive number: 20130131.1522070. Available from: <http://www.promedmail.org>.
- Cholera, diarrhea & dysentery update (10): Africa, Americas. [Internet]. 6 Mar 2013 [cited 6 Mar 2013]. Archive number: 20130311.1581527. Available from: <http://www.promedmail.org>.
- Cholera, diarrhea & dysentery update (11): Africa. [Internet]. 18 Mar

- 2013 [cited 18 Mar 2013]. Archive number: 20130318.1592213. Available from: <http://www.promedmail.org>.
10. Cholera, diarrhea & dysentery update (12): Haiti. [Internet]. 27 Mar 2013 [cited 27 Mar 2013]. Archive number: 20130327.1606529. Available from: <http://www.promedmail.org>.
11. Cholera, diarrhea & dysentery update (15): Africa, Asia. [Internet]. 6 May 2013 [cited 6 May 2013]. Archive Number: 20130506.1695234. Available from: <http://www.promedmail.org>.
12. Cholera, diarrhea & dysentery update (18): Africa. [Internet]. 29 May 2013 [cited 29 May 2013]. Archive number: 20130529.1744109. Available from: <http://www.promedmail.org>.
13. Cholera, diarrhea & dysentery update 2013 (19): Martinique ex HAITI, Haiti. [Internet]. 1 Jun 2013 [cited 1 Jun 2013]. Archive number: 20130603.1753128. Available from: <http://www.promedmail.org>.
14. Cholera, diarrhea & dysentery update (20): Africa, Asia [Internet]. 13 Jun 2013 [cited 13 Jun 2013]. Archive Number: 20130613.1767053 Available from: <http://www.promedmail.org>.
15. Cholera, diarrhea & dysentery update (21): Africa, Asia. [Internet]. 16 Jun 2013 [cited 16 Jun 2013]. Archive number: 20130616.1775297. Available from: <http://www.promedmail.org>.
16. Cholera, diarrhea & dysentery update (23): Africa, Asia. [Internet]. 3 Jun 2013 [cited 3 Jun 2013]. Archive number: 20130703.1801775. Available from: <http://www.promedmail.org>.
17. Cholera, diarrhea & dysentery update 2013 (27): Africa, Asia. [Internet]. 17 Jul 2013 [cited 17 Jul 2013]. Archive number: 20130717.1830513. Available from: <http://www.promedmail.org>.
18. Cholera, diarrhea & dysentery update (30): Africa, Asia [Internet]. 6 Aug 2013 [cited 6 Aug 2013]. Archive number: 20130806.1864805. Available from: <http://www.promedmail.org>.
19. Cholera, diarrhea & dysentery update 2013 (32): Chile, Venezuela (ex Cuba). [Internet]. 13 Aug 2013 [cited 13 Aug 2013]. Archive number: 20130813.1877405. Available from: <http://www.promedmail.org>.
20. Cholera, diarrhea & dysentery update (33): Afghanistan (Badakhshan). [Internet]. 14 Aug 2013 [cited 14 Aug 2013]. Archive number: 20130814.1879494. Available from: <http://www.promedmail.org>.
21. Cholera, diarrhea & dysentery update 2013 (34): Americas, Italy ex Cuba [Internet]. 8 Jan [cited 14 Aug]. Archive number: 20130818.1886948. Available from: <http://www.promedmail.org>.
22. Cholera, diarrhea & dysentery update 2013 (36): Americas, EU ex Cuba. [Internet]. 23 Aug 2013 [cited 23 Aug 2013]. Archive number: 20130823.1898160. Available from: <http://www.promedmail.org>.
23. Cholera, diarrhea & dysentery update 2013 (40): Italy ex Cuba, Dominican Rep. [Internet]. 31 Aug 2013 [cited 31 Aug 2013]. Archive number: 20130831.1911344. Available from: <http://www.promedmail.org>.
24. Cholera, diarrhea & dysentery update (41): Africa, Asia. [Internet]. 28 Aug 2013 [cited 28 Aug 2013]. Archive number: 20130903.1913649. Available from: <http://www.promedmail.org>.
25. Cholera, diarrhea & dysentery update (44): Dominican Republic (CR, JU). [Internet]. 7 Sep 2013 [cited 7 Sep 2013]. Archive number: 20130907.1929827. Available from: <http://www.promedmail.org>.
26. Cholera, diarrhea & dysentery update (46): Africa. [Internet]. 9 Sep 2013 [cited 9 Sep 2013]. Archive number: 20130911.1937972. Available from: <http://www.promedmail.org>.
27. Cholera, diarrhea & dysentery update (47): Haiti. [Internet]. 14 Sep 2013 [cited 14 Sep 2013]. Archive number: 20130914.1944369. Available from: <http://www.promedmail.org>.
28. Cholera, diarrhea & dysentery update 2013 (50): Iran. [Internet]. 28 Sep 2013 [cited 28 Sep 2013]. Archive number: 20130928.1967013. Available from: <http://www.promedmail.org>.
29. Cholera, diarrhea & dysentery update (51): Mexico (DF, HI) cholera suspected. [Internet]. 1 Sep 2013 [cited 1 Sep 2013]. Archive number: 20131001.1977174. Available from: <http://www.promedmail.org>.
30. Cholera, diarrhea & dysentery update (55): Mexico. [Internet]. 14 Oct 2013 [cited 14 Oct 2013]. Archive number: 20131014.1999447. Available from: <http://www.promedmail.org>.
31. Cholera, diarrhea & dysentery update (56): Africa, Asia. [Internet]. 14 Oct 2013 [cited 14 Oct 2013]. Archive number: 20131014.1999439. Available from: <http://www.promedmail.org>.
32. Cholera, diarrhea & dysentery update (59): Africa, Asia. [Internet]. 31 Oct 2013 [cited 31 Oct 2013]. Archive number: 20131031.2022745. Available from: <http://www.promedmail.org>.
33. Cholera, diarrhea & dysentery update (60): Africa. [Internet]. 4 Nov 2013 [cited 4 Nov 2013]. Archive number: 20131104.2036594. Available from: <http://www.promedmail.org>.
34. Cholera, diarrhea & dysentery update (62): Africa. [Internet]. 17 Nov 2013 [cited 17 Nov 2013]. Archive number: 20131117.2060236. Available from: <http://www.promedmail.org>.
35. Cholera, diarrhea & dysentery update (65): Africa. [Internet]. 30 Nov 2013 [cited 30 Nov 2013]. Archive number: 20131130.2083507. Available from: <http://www.promedmail.org>.
36. Cholera, diarrhea & dysentery update (66): [Internet]. 25 Dec 2013 [cited 25 Dec 2013]. Americas Archive number: 20131207.2097352. Available from: <http://www.promedmail.org>.
37. Cholera, diarrhea & dysentery update (67): Africa. [Internet]. 8 Dec 2013 [cited 8 Dec 2013]. Archive number: 20131208.2098501. Available from: <http://www.promedmail.org>.
38. Dolores J., Satchell K.J. Analysis of *Vibrio cholerae* genome sequences reveals unique rtxA variants in environmental strains and an rtxA-null mutation in recent altered El Tor isolates. *mBio*. 2013; 4(2):e00624–12.
39. Grad Y.H., Waldor M.K. Deciphering the origins and tracking the evolution of cholera epidemics with whole-genome-based molecular epidemiology. *mBio*. 2013; 4(5):e00670–13.
40. Hasan N.A., Choi S.Y., Eppinger M., Clark P.W., Chen A., Alam M., Haley B.J., Taviani E., Hine E., Su Q., Tallon L.J., Prosper J.B., Furth K., Hoq M.M., Li H., Fraser-Liggitt C.M., Cravioto A., Huq A., Ravel J., Cebula T.A., Colwell R.R. Genomic diversity of 2010 Haitian cholera outbreak strains. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2012; 109:E2010–7.
41. Hendriksen R.S., Price L.B., Schupp J.M., Gillette J.D., Kaas R.S., Engelthaler D.M., Bortolaia V., Pearson T., Waters A.E., Upadhyay B.P., Shrestha S.D., Adhikari S., Shakya G., Keim P.S., Aarestrup F.M. Population genetics of *Vibrio cholerae* from Nepal in 2010: evidence on the origin of the Haitian outbreak. *mBio*. 2011; 2(4):e00157–11.
42. <http://mssp.gouv.ht/site/index.php>. Ministere de la Sante Publique et de la Population (MSPP). RAPPORT DE CAS. Republique D Haiti. Rapport journalier MSSP du 31 Decembre 2013.
43. Katz L.S., Petkau A., Beaulaurier J., Tyler S., Antonova E.S., Turnsek M.A., Guo Y., Wang S., Paxinos E.E., Orata F., Gladney L.M., Stroika S., Folster J.P., Rowe L., Freeman M.M., Knox N., Frace M., Boney J., Graham M., Hammer B.K., Boucher Y., Bashir A., Hanage W.P., Van Domselaar G., Tarr C.H.L. Evolutionary dynamics of *Vibrio cholerae* O1 following a single-source introduction to Haiti. *mBio*. 2013; 4(4):e00398–13.
44. Mutreja A., Kim D.W., Thomson N.R., Connor T.R., Lee J.H., Kariuki S., Croucher N.J., Choi S.Y., Harris S.R., Lebens M., Niyogi S.K., Kim E.J., Ramamurthy T., Chun J., Wood J.L., Clemens J.D., Czerkinsky C., Nair G.B., Holmgren J., Parkhill J., Dougan G. Evidence for several waves of global transmission in the seventh cholera pandemic. *Nature*. 2011; 477:462–5.
45. Nair G.B., Qadri F., Holmgren J., Svennerholm A.M., Safa A., Bhuiyan N.A., Ahmad Q.S., Faruque S.M., Faruque A.S., Takeda Y., Sack D.A. Cholera due to altered El Tor strains of *Vibrio cholerae* O1 in Bangladesh. *J. Clin. Microbiol.* 2006; 44:4211–3.
46. Reimer A.R., Van Domselaar G., Stroika S., Walker M., Kent H., Tarr C., Talkington D., Rowe L., Olsen-Rasmussen M., Frace M., Sammons S., Dahourou G.A., Boney J., Smith A.M., Mabon P., Petkau A., Graham M., Gilmour M.W., Gerner-Smidt P. Comparative genomics of *Vibrio cholerae* from Haiti, Asia, and Africa. *Emerg. Infect. Dis.* 2011; 17(11):2113–21.
47. Safa A., Nair G.B., Kong R.Y. Evolution of new variants of *Vibrio cholerae* O1. *Trends Microbiol.* 2010; 18:46–54.
48. Siddique A.K., Nair G.B., Alam M., Sack D.A., Huq A., Nizam A., Longini I.M. Jr., Qadri F., Faruque S.M., Colwell R.R., Ahmed S., Iqbal A., Bhuiyan N.A., Sack R.B. El Tor cholera with severe disease: a new threat to Asia and beyond. *Epidemiol. Infect.* 2010; 138:347–52.
49. Zhang P., Zhou H., Kan B., Wang D. Novel ctxB variants of *Vibrio cholerae* O1 isolates, China. *Infect. Genet. Evol.* 2013; 20:48–53.

**Authors:**

Moskvitina E.A., Adamenko O.L., Dvortsova I.V., Kruglikov V.D., Kozina D.A. Rostov-on-Don Research Anti-Plague Institute. 117/40, M.Gor'kogo St., Rostov-on-Don, 344002, Russian Federation. E-mail: [plague@aaanet.ru](mailto:plague@aaanet.ru)  
 Ivanova S.M. Plague Control Center. 4, Musorgskogo St., Moscow, 127490, Russian Federation. E-mail: [protivochym@nln.ru](mailto:protivochym@nln.ru)

**Об авторах:**

Москвитина Э.А., Адаменко О.Л., Дворцова И.В., Кругликов В.Д., Козина Д.А. Ростовский-на-Дону научно-исследовательский противочумный институт. Российская Федерация, 344002, Ростов-на-Дону, ул. М.Горького, 117/40. E-mail: [plague@aaanet.ru](mailto:plague@aaanet.ru)  
 Иванова С.М. Противочумный центр. Российская Федерация, 127490, Москва, ул. Мусоргского, 4. E-mail: [protivochym@nln.ru](mailto:protivochym@nln.ru)

Поступила 16.01.14.