

А.Ф.Попков<sup>1</sup>, С.В.Балахонов<sup>1</sup>, Д.Б.Вержущий<sup>1</sup>, В.М.Корзун<sup>1</sup>, Е.В.Чипанин<sup>1</sup>, Т.И.Иннокентьева<sup>1</sup>, М.В.Афанасьев<sup>1</sup>, Л.П.Базанова<sup>1</sup>, С.А.Белькова<sup>1</sup>, Ю.А.Вержущая<sup>1</sup>, Е.А.Вершинин<sup>1</sup>, Г.А.Воронова<sup>1</sup>, С.А.Косилко<sup>1</sup>, А.И.Логачев<sup>1</sup>, Л.С.Немченко<sup>1</sup>, А.Я.Никитин<sup>1</sup>, Л.П.Окунев<sup>1</sup>, Е.Г.Токмакова<sup>1</sup>, М.Ю.Шестопалов<sup>1</sup>, А.В.Холин<sup>1</sup>, Е.П.Михайлов<sup>2</sup>, Э.А.Глушков<sup>3</sup>, В.А.Агапов<sup>4</sup>

## ИССЛЕДОВАНИЕ СТРУКТУРНО-ФУНКЦИОНАЛЬНЫХ АСПЕКТОВ ЭПИЗООТИЧЕСКОГО ПРОЦЕССА В СИБИРСКИХ ПРИРОДНЫХ ОЧАГАХ ЧУМЫ

<sup>1</sup>ФКУЗ Иркутский научно-исследовательский противочумный институт Сибири и Дальнего Востока, Иркутск, Российская Федерация; <sup>2</sup>ФКУЗ «Алтайская противочумная станция», Горно-Алтайск, Российская Федерация; <sup>3</sup>ФКУЗ «Тувинская противочумная станция», Кызыл, Российская Федерация; <sup>4</sup>ФКУЗ «Читинская противочумная станция», Чита, Российская Федерация

Проводилось комплексное изучение структурных компонентов экосистем сибирских природных очагов чумы, уровней интеграции составляющих эпизоотического процесса, путей их функционального взаимодействия. На основе применения интегрального подхода к исследованию структурно-функциональных элементов паразитарной системы и изучению динамики эпизоотического процесса установлены особенности протекания эпизоотий, трансформации структуры популяций и сообществ носителей и переносчиков во времени и пространстве. Выявлено генетическое разнообразие чумного микроба, циркулирующего в пределах отдельных очагов и участков очаговости. Установлен длительный противозооотический эффект (более 20 лет) полевой дезинсекции в пределах Саглинского мезоочага Тувинского природного очага чумы.

*Ключевые слова:* сибирские природные очаги чумы, структурно-функциональные элементы, эпизоотический процесс.

A.F.Popkov<sup>1</sup>, S.V.Balakhonov<sup>1</sup>, D.B.Verzhutsky<sup>1</sup>, V.M.Korzun<sup>1</sup>, E.V.Chipanin<sup>1</sup>, T.I.Innokent'eva<sup>1</sup>, M.V.Afanas'ev<sup>1</sup>, L.P.Bazanova<sup>1</sup>, S.A.Bel'kova<sup>1</sup>, Yu.A.Verzhutskaya<sup>1</sup>, E.A.Vershinin<sup>1</sup>, G.A.Voronova<sup>1</sup>, S.A.Kosilko<sup>1</sup>, A.I.Logachev<sup>1</sup>, L.S.Nemchenko<sup>1</sup>, A.Ya.Nikitin<sup>1</sup>, L.P.Okunev<sup>1</sup>, E.G.Tokmakova<sup>1</sup>, M.Yu.Shestopalov<sup>1</sup>, A.V.Kholin<sup>1</sup>, E.P.Mikhaylov<sup>2</sup>, E.A.Glushkov<sup>3</sup>, V.A.Agapov<sup>4</sup>

## Investigations of Structural-Functional Aspects of Epizootic Process in Natural Plague Foci in Siberia

<sup>1</sup>Irkutsk Research Anti-Plague Institute of Siberia and Far East, Irkutsk, Russian Federation; <sup>2</sup>Altay Plague Control Station, Gorno-Altai, Russian Federation; <sup>3</sup>Tuva Plague Control Station, Kyzyl, Russian Federation; <sup>4</sup>Chita Plague Control Station, Chita, Russian Federation

Comprehensively studied have been structural elements of ecosystems of Siberian natural plague foci, as well as levels of integration among epizootic process components, and ways of their functional interaction. Application of the complex approach to the surveillance over structural-functional elements of the parasitic system along with investigations of epizootic process dynamics has provided for identification of peculiarities as regards epizootics development, transformation and evolution of population and carrier/vector coenosis structure in time and space. Revealed is the genetic diversity of plague microbe circulating within the bounds of separate foci and zones of focality. Determined is a long-lasting anti-epidemic effect (more than 20 years) of the field desinsection in the Saglinsk meso-focus of the Tuva natural plague focus.

*Key words:* Siberian natural plague foci, structural-functional elements, epizootic process.

Функционирование природных очагов инфекций как сложных многоуровневых паразитарных систем определяется взаимодействием популяций носителей, переносчиков, возбудителя в конкретных экологических условиях.

В настоящее время ключевым направлением исследования энзоотии чумы в Сибири и разработки методов ее профилактики является изучение природной очаговости этой инфекции на основе развития популяционно-экологических представлений о движущих факторах эпизоотического процесса [5, 9].

Основная концепция заключается в том, что существование природных очагов чумы определяется взаимодействием членов эпизоотической триады на основе процессов саморегуляции. Популяции носителей и переносчиков возбудителя инфекции выступают в роли компонентов этой системы, в них осуществляются процессы авторегуляции, обеспечи-

вающие их гомеостаз. Неравнозначность для жизнедеятельности чумного микроба отдельных внутрипопуляционных группировок основного носителя и связанных с ним сообществ переносчиков обуславливает тот или иной характер эпизоотической активности очага, его пространственную организацию и эпидемическую значимость [3, 16].

В сибирских природных очагах чумы изучение механизмов эпизоотического процесса и выявление причин, влияющих на его динамику, проводилось на основании ранее разработанного популяционно-методологического подхода, заключающегося в анализе особенностей эпизоотических проявлений с учетом пространственной структурированности и гетерогенности сочленов эпизоотической триады. Магистральным направлением исследований явилось комплексное изучение структурных компонентов экосистем природных очагов чумы, уровней ин-

теграции составляющих эпизоотического процесса и путей их функционального взаимодействия с целью совершенствования мероприятий по профилактике этой инфекции.

В настоящем сообщении приводятся основные результаты исследований, проведенных в сибирских природных очагах чумы в 2006–2010 гг.

В Горно-Алтайском природном очаге чумы в последнее пятилетие наблюдалась высокая эпизоотическая активность. Относительное количество эпизоотических участков за это время изменялось от 50,0 до 68,8 % и значительно превышало средний многолетний уровень, который на 2005 г. составлял для очага 30,0 %. За указанный период изолирован 361 штамм возбудителя, получено 116 положительных серологических реакций на чуму.

К настоящему времени в границах очага по характеру проявления эпизоотического процесса, специфике видового спектра носителей и переносчиков, их популяционной структуре выделены три относительно независимых участка очаговости (Уландрыкский, Тархатинский и Курайский), которые территориально и функционально связаны с популяциями монгольской пищухи [3].

В этом очаге прослежена многолетняя динамика эпизоотической активности и численности населения монгольской пищухи – основного носителя возбудителя. На фоне долговременного роста численности населения монгольской пищухи наблюдаются ее циклические колебания с периодом около восьми лет. Установлено, что закономерные изменения эпизоотической активности очага связаны с циклами численности. В фазе ее роста происходит возрастание эпизоотической активности. Пик последней, оцениваемой по комплексу прямых и косвенных параметров, в том числе и по количеству изолируемых культур, совпадает или приходится на следующий год после пика численности зверька, то есть на начало фазы спада. При депрессии и на начальном этапе

роста численности пищухи активность очага минимальная [10].

Исследование популяционной структуры основного носителя в Горно-Алтайском очаге показало, что каждая из трех выделяемых группировок монгольской пищухи характеризуется своими индивидуальными особенностями изменения численности (по средним значениям, по амплитуде колебаний, по долговременной центральной тенденции), проявляющимися при многолетней динамике. Полученные данные подтверждают популяционную самостоятельность выделенных в пределах очага трех субвидовых группировок этого зверька.

За последние годы в очаге обнаружены новые эпизоотические участки. Одной из самых вероятных причин расширения энзоотичной территории является относительно стабильная высокая численность монгольской пищухи в 1999–2010 гг., и, как следствие, расширение ее ареала в Юго-Восточном Алтае [3, 7, 8]. Именно на вновь выявленных участках обитания монгольской пищухи с 2003 по 2010 год были обнаружены до этого не регистрируемые эпизоотические проявления: вблизи с. Бельтир (долины рек Талдура, Кускуннур, Чаган), с. Ортолык (район бугров Бигдон и южный склон Курайского хребта от русла р. Чичке-Терек до р. Ян-Терек), в верхней части долины р. Большие Шибеты и ее левого притока р. Аксай (рис. 1).

При анализе долговременного изменения структуры сообществ блох в Горно-Алтайском очаге на обширных территориях, занимаемых двумя популяциями монгольской пищухи, выявлено постепенное расселение ее специфичной и массовой блохи *Stenophyllus hirticrus*. Распространение возбудителя чумы на эти участки произошло вскоре после подъема численности здесь данных эктопаразитов. Предполагается, что одним из факторов, определивших распространение эпизоотий в пределах очага и образование новых участков стойкого сохранения

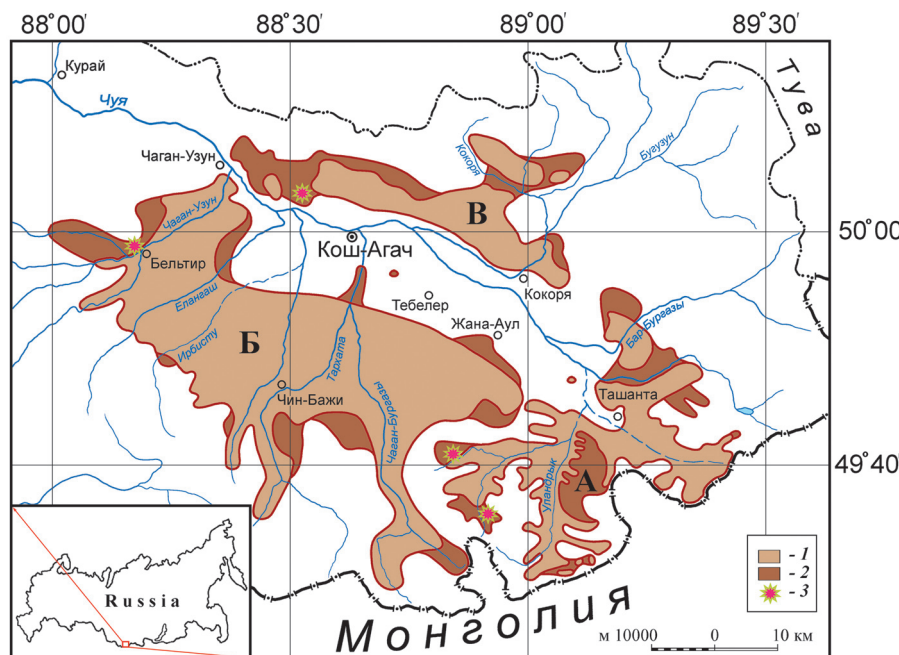


Рис. 1. Поселения монгольской пищухи в Горно-Алтайском высокогорном очаге чумы:

1 – в 2003 г.; 2 – в 2010 г.; 3 – новые места обнаружения возбудителя чумы в 2003–2011 гг. Популяции монгольской пищухи: А – Уландрыкская, Б – Тархатинская, В – Курайская

возбудителя чумы, является заселение этих районов *C. hirticrus* [11].

В Тувинском природном очаге эпизоотическая активность носила преимущественно микроочаговый вялотекущий характер. Всего за пятилетие изолировано 153 культуры чумного микроба и получено 90 положительных серологических реакций на чуму. Эпизоотии разлитого типа, как это наблюдалось ранее в долинах рек Барлык и Каргы, на территории очага не регистрировались. В 2006–2008 гг. отмечалось изменение пространственной приуроченности обнаруживаемых эпизоотических проявлений. В пределах известной очаговой территории Барлыкского мезоочага возбудитель чумы в 2006 г. после 17-летнего перерыва был вновь обнаружен в долине р. Оначи, а в 2008 г. – на новом участке в среднем течении долины р. Барлыкский Эльды-Хем. В 2006 и 2008 гг. эпизоотические проявления были выявлены на новых участках в долине р. Толайлыг (Толайлыгский мезоочаг). В пределах наиболее активного в эпизоотологическом плане Монгун-Тайгинского мезоочага также происходило изменение пространственной локализации эпизоотий. В 2007 г., впервые после 40-летнего перерыва, возбудитель чумы был выявлен от блох длиннохвостого суслика в зоне сухих степей на нижней высотной границе очага в непосредственной близости от районного центра – пос. Мугур-Аксы. На следующий год эпизоотические проявления были обнаружены в субальпийском поясе (урочища Верхний Узун-Хем и Верхний Оюн-Хем), где до этого возбудитель чумы никогда не регистрировался. Проникновение чумного микроба в плотные поселения длиннохвостого суслика в субальпийской зоне было вызвано, по всей видимости, климатическими изменениями, создавшими условия для увеличения здесь численности населения основного переносчика чумы – блохи *Citellophilus tesquorum*. Кроме известной энзоотичной по чуме территории, группы положительных серологических реакций на чуму были выявлены в 2006 г. в долине р. Моген-Бурен в нескольких десятках километров западнее существующих границ очага, а в 2008 г. – в урочище Чозы, расположенном на несколько десятков километров восточнее известных ранее эпизоотических участков. В 2010 г., несмотря на интенсивное обследование очага, культур возбудителя чумы выделить не удалось. Получено только 20 положительных серологических реакций на чуму. При общей оценке эпизоотической ситуации в очаге следует обратить внимание на выявление в 2010 г. резкого повышения численности всех групп эктопаразитов в Саглинском мезоочаге, где до сих пор сказывалось воздействие сплошных дезинсекционных мероприятий, проведенных в 1981–1985 гг.

Проведенные исследования показали, что parcelлярные группировки популяций длиннохвостого суслика в Южной и Юго-Западной Туве характеризуются определенными различиями по численности и половозрастной структуре. Распределение таких поселений по территории неравномерно, что может сказываться и на возможности циркуляции чумного

микроба. Наиболее оптимальные условия для этого складываются в поселениях суслика, где в мае-июне формируются агрегации самок и накапливаются высокие плотности блох. Эти данные позволяют в значительной степени оптимизировать тактику эпизоотологического обследования в Тувинском природном очаге чумы [9].

Установлено, что каждая из популяций суслика характеризуется четко выраженной высокоспецифичной структурой таксоценоза блох (рис. 2). Это позволяет использовать особенности населения блох для определения границ отдельных популяций зверька и установления степени связи между ними, дает важную информацию для выявления пространственной организации Тувинского очага чумы, его генезиса и возможностей трансформации границ эпизоотических проявлений в будущем.

Данные эпизоотологического мониторинга в Забайкальском природном очаге чумы показали, что воздействие ряда неблагоприятных факторов внешней среды и хозяйственной деятельности человека (дефицит и неравномерность выпадения осадков, сухостей, систематические пожары, изменение характера выпаса скота), приводящее к трансформации местных биоценозов, вызвало глубокую депрессию численности основного и второстепенных носителей, сводя к минимуму возможность циркуляции чумного микроба. Сложившаяся ситуация вызвала необходимость разработки новых подходов к обследованию данной территории.

На основании анализа ретроспективных литературных и архивных данных, касающихся эпидемических и эпизоотических проявлений чумы, а также оценки современного состояния биоценозов Юго-Восточного Забайкалья и социально-экономической обстановки, проведены эпизоотологическая дифференциация и эпидемиологическое районирование территории Забайкальского природного очага чумы. С учетом новых данных разработаны методические и тактические приемы эпизоотологического обследования очага.

Интересные факты были выявлены при исследовании особенностей трансмиссии чумного микроба в паразитоценозе. Экспериментально показана неоднородность разных половозрастных групп блох в передаче и сохранении чумного микроба [2]. Установлено, что изогенный мутантный вариант чумного микроба И-3480, утративший две плазмиды (pCad, pPst), в условиях опыта не отличался по способности блокировать преджелудок у блох от полноценного штамма И-2638, имеющего четыре плазмиды (pCad, pPst, pFra, pTP33). При этом передачу возбудителя чумы, утратившего плазмиды pCad, pPst, несмотря на высокий процент блокирования им блох, не наблюдали. Следовательно, наличие блока преджелудка не всегда является показателем эффективности передачи возбудителя чумы блохами [8]. Выявлена возможность формирования тесных функциональных связей (возбудитель – переносчик) между чумным микробом и блохами из географически разобщенных популяций.

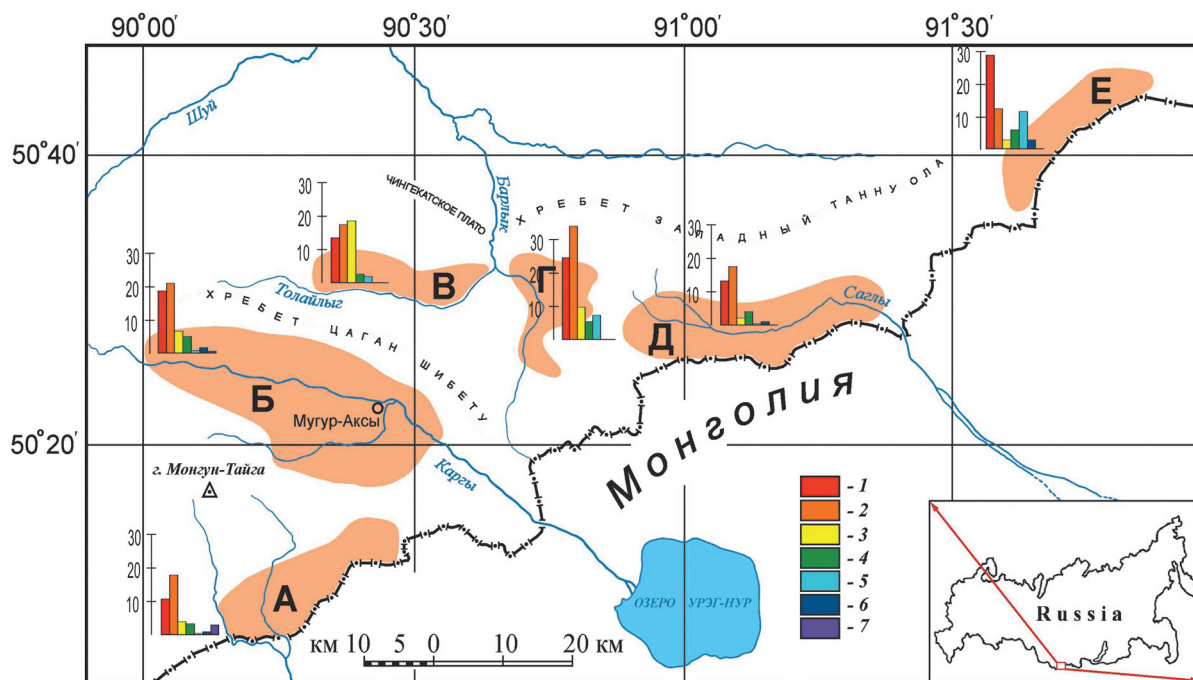


Рис. 2. Общий запас массовых видов блох в микробиотопе длиннохвостого суслика на территории отдельных популяций зверька (А – Кара-Бельдырской, Б – Монгун-Тайгинской, В – Толайлыгской, Г – Барлыкской, Д – Саглинской, Е – Боро-Шайской) в Тувинском природном очаге чумы (сумма индексов обилия по объектам сбора – в шерсти зверьков, во входах их нор и в гнездах):

1 – *Citellophilus tesquorum*, 2 – *Rhadinopsylla li*, 3 – *Neopsylla mana*, 4 – *Oropsylla alaskensis*, 5 – *Frontopsylla elatoides*, 6 – *Frontopsylla hetera*, 7 – *Amphipsylla primaris*

Так, штамм чумного микроба, изолированный на территории Хэнтейского природного очага Монголии, формировал «блоки» преджелудка у *C. tesquorum* из Забайкалья и Тувы, а зараженные насекомые осуществляли передачу возбудителя животным с генерализацией у них инфекционного процесса, что показывает возможность его дальнейшей трансмиссии [1].

В системе микробиологического мониторинга при изучении фено- и генотипических свойств свежeweделенных штаммов чумного микроба в Горном Алтае и Туве установлено, что большинство из них являются типичными для соответствующего очага, в пределах которого они изолированы. Штаммы чумного микроба основного подвида выделены в Тувинском очаге от длиннохвостых сусликов и их эктопаразитов, штаммы алтайского подвида – в основном от монгольских пищух и их блох.

Проведены исследования пространственной структурированности *Yersinia pestis* subsp. *altaica*, циркулирующего в Горно-Алтайском очаге. Установлено, что на каждом из трех участков очаговости за последние 20 лет сформировалась специфическая структура возбудителя чумы по питательным потребностям в триптофане. Результаты VNTR-генотипирования изолятов чумного микроба по повторяющейся последовательности (5'-СААА-3')<sub>n</sub> показали, что штаммы с каждого из трех участков очаговости формируют отдельные аллельные варианты, отличающиеся по этому показателю. Такие данные свидетельствуют о пространственной неоднородности *Y. pestis* subsp. *altaica* в очаге. На каждом участке очаговости распространен возбудитель, обладающий отличиями в частоте встречаемости ауксотрофов по триптофану и генотипическими особенностями по

количеству повторов тетра nukлеотида СААА [4].

Все изученные штаммы чумного микроба вне зависимости от питательной среды высокочувствительны к антибактериальным препаратам как I, так и II ряда, устойчивых штаммов не выявлено.

Выполненное MLVA-генотипирование штаммов *Y. pestis* из Тувинского и Горно-Алтайского природных очагов указывает на то, что применение мультилокусного VNTR-анализа (MLVA) значительно превосходит однолокусный вариант, обладая наибольшим дискриминационным потенциалом для выявления внутривидового полиморфизма. Данный методический подход может использоваться как перспективное направление в генотипировании чумного микроба, позволяющее повысить точность и увеличить гносеологическую ценность результатов молекулярно-эпидемиологического мониторинга природных очагов чумы. Изучение дискриминационных возможностей метода мультилокусного VNTR-анализа (MLVA) по 20 VNTR-локусам показало, что все протестированные локусы штаммов чумного микроба из сибирских природных очагов могут быть разделены на несколько категорий по степени пригодности для выявления различных уровней внутривидового полиморфизма. Первая (большая часть локусов) – непригодна для выявления внутривидового полиморфизма; вторая – ограниченно пригодна, поскольку выявляет лишь незначительные отличия, трудно поддающиеся учету; третья – пригодна для обнаружения внутривидового полиморфизма для штаммов алтайского и основного подвида; четвертая – пригодна для обнаружения внутривидового полиморфизма как у тувинских, так и горно-алтайских изолятов [5, 6].

На основании результатов мониторинга отдельных участков Тувинского природного очага чумы, где в 1981–1988 гг. реализованы широкомасштабные дезинсекционные, либо направленные дератизационные работы, сделано заключение, что проведение профилактических мероприятий с учетом особенностей популяционной структуры носителей и переносчиков могут давать длительный противоэпизоотический эффект с улучшением эпидемиологических прогнозов [12, 13, 14].

Исследована инсектицидная активность 42 соединений различных химических классов, синтезированных Иркутским институтом химии им. А.Е.Фаворского СО РАН. Выявлен ряд препаратов, перспективных для продолжения испытаний их инсектицидных свойств и дальнейшего поиска высокоэффективных веществ [15].

На основании комплексного изучения экосистем природных очагов чумы с применением интегрального подхода к исследованию структурно-функциональных элементов паразитарной системы и динамики эпизоотического процесса были получены новые результаты, способствующие углублению знаний об особенностях энзоотии чумы в Сибири.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Базанова Л.П., Воронова Г.А., Косилко С.А. Взаимоотношения чумного микроба и блох из географически разобщенных популяций. *Пробл. особо опасных инф.* 2010; 4(106):66–9.
2. Базанова Л.П., Токмакова Е.Г., Вержущий Д.Б., Воронова Г.А. Половые различия в трансмиссии возбудителя чумы блохами (Siphonaptera). *Мед. паразитол.* 2010; 4:49–53.
3. Балахонов С.В., Вержущий Д.Б., Корзун В.М., Вершинин Е.А., Немченко Л.С., Чипанин Е.В. Современное состояние природных очагов чумы Сибири. *Журн. инф. патол.* 2009; 16(3):16–20.
4. Балахонов С.В., Шестопалов М.Ю., Романова И.Ф. Результаты VNTR-анализа по локусу (5'-CAAA-3')<sup>n</sup> штаммов *Yersinia pestis* из активных природных очагов чумы Сибири. *Мол. генет., микробиол. и вирусол.* 2009; 3:14–7.
5. Вержущий Д.Б. Межпопуляционные связи у длиннохвостого суслика в Юго-Западной Туве. *Бюл. МОИП (Отд. биол.)*. 2006; 5(111):52–9.
6. Воронова Г.А., Токмакова Е.Г., Балахонов С.В., Базанова Л.П. Взаимоотношения штаммов чумного микроба с различным плазмидным составом и блох *Xenopsylla cheopis* (Roths. 1903). *Мед. паразитол.* 2011; 2:15–8.
7. Денисов А.В., Чипанин Е.В. Динамика проявлений эпизоотии чумы в Горно-Алтайском природном очаге. *Журн. инф. патол.* 2009; 3(16):101–2.
8. Ешелкин И.И. Территориальные группировки монгольской пищухи в Юго-Восточном Алтае. *Журн. инф. патол.* 2009; 3(16):108–9.
9. Зонов Г.Б., Вержущий Д.Б., Попов В.В., Ткаченко В.А. Разнокачественность популяции носителя как фактор энзоотии чумы (на примере Тувинского природного очага). *Байкальский зоол. журн.* 2010; 1(4):94–7.
10. Корзун В.М., Чипанин Е.В., Иннокентьева Т.И., Михайлов Е.П., Денисов А.В. Динамика эпизоотической активности и численности населения монгольской пищухи в Горно-Алтайском природном очаге чумы. *Пробл. особо опасных инф.* 2010; 4(106):13–8.
11. Корзун В.М., Чипанин Е.В., Иннокентьева Т.И., Михайлов Е.П., Фомина Л.А., Сотникова Т.В., Денисов А.В. Расселение блохи *Ctenophyllus hirticrus* и распространение эпизоотии чумы в Горном Алтае. *Паразитология*. 2007; 41(3):206–17.
12. Немченко Л.С. Воздействие профилактических мероприятий на ядра популяции длиннохвостого суслика в Тувинском природном очаге чумы. *Журн. инф. патол.* 2009; 3(16):156–7.
13. Никитин А.Я. Вклад Иркутского противочумного института в развитие стратегии, тактики, методов подавления численности членистоногих. *Журн. инф. патол.* 2009; 3(16):158–9.
14. Никитин А.Я., Кардаш А.И. Возможность использования некоторых пиретроидов для профилактики чумы в природных очагах Сибири сусликового типа. *Мед. паразитол.* 2009; 4:42–4.

15. Никитин А.Я., Козлова Ю.А., Шашина Н.И., Германт О.М., Левковская Г.Г., Кондрашов Е.В., Рудякова Е.В. Оценка инсектицидной и акарицидной активности сульфо-наמידополхлорэтилированных гетаренов. *Дез. дело*. 2010; 3:26–32.
16. Попков А.Ф., Вержущий Д.Б., Корзун В.М., Иннокентьева Т.И., Чипанин Е.В., Вершинин Е.А., Немченко Л.С., Никитин А.Я., Окунев Л.П., Базанова Л.П., Токмакова Е.Г., Воронова Г.А., Логачев В.И., Михайлов Е.П., Федоров С.В., Агапов В.А. Итоги популяционно-экологических исследований природной очаговости чумы в Сибири. *Пробл. особо опасных инф.* 2007; 2(94):33–6.

#### References

1. Bazanova L.P., Voronova G. A., Kosilko S.A. [Interrelations of plague microbe and fleas from geographically separated populations]. *Probl. Osobo Opasn. Infek.* 2010; 4(106):66–9.
2. Bazanova L.P., Tokmakova E.G., Verzhutsky D.B., Voronova G.A. [Gender difference in plague agent transmission by fleas (Siphonaptera)]. *Med. Parazitol.* 2010; 4:49–53.
3. Balakhonov S.V., Verzhutsky D.B., Korzun V.M., Verшинin E.A., Nemchenko L.S., Chipanin E.V. [Current state of Siberian natural plague foci]. *Zh. Infekts. Patol.* 2009; 16(3):16–20.
4. Balakhonov S.V., Shestopalov M.Yu., Romanova I.F. [VNTR-assay data on (5'-CAAA-3')<sup>n</sup> locus in *Yersinia pestis* strains isolated from active natural plague foci in Siberia]. *Mol. Genet. Mikrobiol. Virusol.* 2009; 3:14–7.
5. Verzhutsky D.B. [Interpopulation relations of the long-tailed souslik inhabitant in the South-West Tuva]. *Byul MOIP. Otd. biol.* 2006; 5(111):52–9.
6. Voronova G.A., Tokmakova E.G., Balakhonov S.V., Bazanova L.P. [Relations between plague microbe strains with different plasmid composition and fleas *Xenopsylla cheopis* (Roths. 1903)]. *Med. Parazitol.* 2011; 2:15–8.
7. Denisov A.V., Chipanin E.V. [Dynamics of plague epizootics manifestations in Gorno-Altai natural focus]. *Zh. Infekts. Patol.* 2009; 3(16):101–2.
8. Eshelkin I.I. [Territorial groupings of the Mongolian mouse-hare in South-East Altay]. *Zh. Infekts. Patol.* 2009; 3(16):108–9.
9. Zonov G.B., Verzhutsky D.B., Popov V.V., Tkachenko V.A. [Heterogeneity of carrier population as plague enzootics factor (on the model of Tuva natural focus)]. *Baikal. Zool. Zh.* 2010; 1(4):94–7.
10. Korzun V.M., Chipanin E.V., Innokent'eva T.I., Mikhailov E.P., Denisov A.V. [Dynamics of epizootic activity and abundance of Mongolian pika in the Altai mountain natural plague focus]. *Probl. Osobo Opasn. Infek.* 2010; 4(106):13–8.
11. Korzun V.M., Chipanin E.V., Innokent'eva T.I., Mikhailov E.P., Fomina L.A., Sotnikova T.V., Denisov A.V. [Dissemination of the flea *Ctenophyllus hirticrus* and distribution of plague epizooties in Gorny Altay]. *Parazitologiya*. 2007; 41(3):206–17.
12. Nemchenko L.S. [Impact of preventive measures on the long-tailed souslik population nuclei in the Tuva natural plague focus]. *Zh. Infekts. Patol.* 2009; 3(16):156–7.
13. Nikitin A.Ya. [Irkutsk Anti-Plague Institute contribution into the development of strategy, tactics and methodology of arthropods abundance suppression]. *Zh. Infekts. Patol.* 2009; 3(16):158–9.
14. Nikitin A.Ya., Kardash A.I. [Possibility of pyrethroid application for plague prophylaxis in the Siberian natural foci of the souslik type]. *Med. Parazitol.* 2009; 4:42–4.
15. Nikitin A.Ya., Kozlova Yu.A., Shashina N.I., Germant O.M., Levkovskaya G.G., Kondrashov E.V., Rudyakova E.V. [Evaluation of insecticide and acaricide activity of sulfo-namidopolychloretylated hetarenes]. *Dez. Delo*. 2010; 3:26–32.
16. Popkov A.F., Verzhutsky D.B., Korzun V.M., Innokent'eva T.I., Chipanin E.V., Verшинin E.A., Nemchenko L.S., Nikitin A.Ya., Okunev L.P., Bazanova L.P., Tokmakova E.G., Voronova G.A., Logachev V.I., Mikhailov E.P., Feodorov S.V., Agapov V.A. [Summing-up the results of the populational and ecological investigations into plague natural focality in Siberia carried out in 2001–2005]. *Probl. Osobo Opasn. Infek.* 2007; 2(94):33–6.

#### Authors:

Popkov A.F., Balakhonov S.V., Verzhutsky D.B., Korzun V.M., Chipanin E.V., Innokent'eva T.I., Afanas'ev M.V., Bazanova L.P., Bel'kova S.A., Verzhutskaya Yu.A., Verшинin E.A., Voronova G.A., Kosilko S.A., Logachev A.I., Nemchenko L.S., Nikitin A.Ya., Okunev L.P., Tokmakova E.G., Shestopalov M.Yu., Kholin A.V. Irkutsk Research Anti-Plague Institute of Siberia and Far East, 78, Trilissera St., Irkutsk, 664047, Russian Federation. E-mail: adm@chumin.irkutsk.ru  
Mikhailov E.P. Altai Plague Control Station, 2, 1-vaya Zavodskaya St., Gorno-Altai, 649002, Russian Federation. E-mail: chuma@mail.gorny.ru  
Glushkov E.A. Tuva Plague Control Station, 13, Moskovskaya St. Kyzyl, 667010, Russian Federation. E-mail: pchs17@mail.ru  
Agapov V.A. Chita Plague Control Station, 1, Biologicheskaya St., Chita, 672041, Russian Federation. E-mail: pchs.chita@mail.ru

#### Об авторах:

Попков А.Ф., Балахонов С.В., Вержущий Д.Б., Корзун В.М., Чипанин Е.В., Иннокентьева Т.И., Афанасьев М.В., Базанова Л.П., Белькова С.А., Вержущая Ю.А., Вершинин Е.А., Воронова Г.А., Косилко С.А., Логачев А.И., Немченко Л.С., Никитин А.Я., Окунев Л.П., Токмакова Е.Г., Шестопалов М.Ю., Холин А.В. Иркутский научно-исследовательский противочумный институт Сибири и Дальнего Востока. Российская Федерация, 664047, Иркутск, ул. Трилиссера, 78. E-mail: adm@chumin.irkutsk.ru  
Михайлов Е.П. Алтайская противочумная станция. Российская Федерация, 649002, Горно-Алтайск, ул. 1-я Заводская, 5. E-mail: chuma@mail.gorny.ru  
Глушков Е.А. Тувинская противочумная станция. Российская Федерация, 667010, Кызыл, ул. Московская, 13. E-mail: pchs17@mail.ru  
Агапов В.А. Читинская противочумная станция. Российская Федерация, 672041, Чита, ул. Биологическая, 1. E-mail: pchs.chita@mail.ru

Поступила 14.05.13.