

XXI ВЕК ИНФЕКЦИОННЫЕ БОЛЕЗНИ

(эпидемиология, эволюция,
меры противодействия)

Под редакцией
академика РАН Г.Г. Онищенко
академика РАН А.Н. Куличенко

УДК
ББК
И

Авторы:

А.Н. Куличенко (все разделы), Т.В. Таран (главы 1,2,3), Д.А. Прислегина (главы 5, 9, 10), В.В. Махова (глава 7), Н.Ф. Василенко (глава 5), А.С. Волынкина, Н.С. Сердюк (глава 4), Е.А. Манин, Е.А. Котенёва (глава 6), Н.С. Саркисян (глава 5), А.А. Хачатурова (глава 8) – ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора;
Г.Г. Онищенко (все разделы) – Российская академия наук.

Рецензенты:

В.Г. Акимкин, академик РАН, доктор медицинских наук, профессор;
И.А. Дятлов, академик РАН, доктор медицинских наук, профессор.

И **XXI ВЕК. ИНФЕКЦИОННЫЕ БОЛЕЗНИ.**
(эпидемиология, эволюция, меры противодействия).
– Ставрополь : ИП Дорофеев В.Ю., 2026. – 346 с., илл.

ISBN 978-5-6052492-8-3

Коллективная монография представляет собой обобщение и анализ ситуации по инфекционным болезням, сложившейся в мире в начале XXI века. Рассмотрены проблемные вопросы эпидемиологии, микробиологии, эволюции инфекций, основные направления борьбы с ними.

В работе приводятся современные данные о влиянии глобализации, связанных с ней процессов на возникновение вспышек и распространение инфекций. Особое внимание уделяется «новым и возвращающимся» болезням. Дана обоснованная оценка современной ситуации по сочетанным инфекциям и заболеваниям, вызванным условно-патогенными микроорганизмами, вопросам распространения антибиотикорезистентных вариантов, отмечены задачи, требующие своего решения. Обобщена новая информация, касающаяся влияния изменений климата и экологии на иммунную систему макроорганизма и его восприимчивость к микробным патогенам.

Проведен подробный анализ существующих в Российской Федерации и за рубежом систем организации и реализации мер противодействия инфекционным болезням. На примере пандемии COVID-19 рассмотрена их эффективность. Обозначена необходимость комплексного подхода и взаимодействия на всех уровнях при решении задач борьбы с инфекциями.

Монография рассчитана на широкий круг читателей и специалистов медицинского профиля, а также научных работников, занимающихся изучением проблем, связанных с инфекционными заболеваниями.



9 785605 249283 >

ISBN 978-5-6052492-8-3

© Г.Г. Онищенко, А.Н. Куличенко, 2026

СОДЕРЖАНИЕ

Глава 1. ВВЕДЕНИЕ. ИНФЕКЦИОННЫЕ БОЛЕЗНИ НА СОВРЕМЕННОМ ЭТАПЕ	5
Глава 2. НОВЫЕ ИНФЕКЦИИ. ОТ ЖИВОТНЫХ К ЧЕЛОВЕКУ	
2.1. Новые инфекции как составляющая часть эмерджентных	9
2.2. Эволюция и адаптация микробных патогенов	17
2.3. Зоонозы как источник новых инфекций для человека	19
2.4. Возникновение новых эпидемических зоонозов	24
Заключение	33
Глава 3. ИНФЕКЦИИ ВОЗВРАЩАЮТСЯ	
3.1. Возвращающиеся инфекции или новая «старая угроза»	51
3.2. Возвращающиеся инфекции как неординарные события	54
Заключение	74
Глава 4. НОВЫЕ ВЫЗОВЫ СТАРЫХ ИНФЕКЦИЙ	
4.1. Инфекции, вызываемые условно-патогенными микроорганизмами	92
4.2. Проблема антибиотикорезистентности	104
4.3. Сочетанные инфекции	121
4.3.1. Основные вопросы сочетанности инфекций	121
4.3.2. Особенности отдельных групп сочетанных инфекций	124
Заключение	136
Глава 5. ОТ ПРИЧИНЫ К БОЛЕЗНИ.	
СОВРЕМЕННЫЕ ФАКТОРЫ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО РИСКА	
5.1. Влияние изменений климата на инфекционные болезни	144
5.1.1. Современные изменения климата Земли и Российской Федерации	144
5.1.2. Влияние климатических факторов на эпидемиологическую ситуацию по клещевым природно-очаговым инфекциям	147
5.1.3. Связь заболеваемости населения природно-очаговыми инфекциями, возбудителей которых переносят кровососущие комары, с климатическими факторами	152
5.1.4. Влияние гидрометеорологических условий на эпидемиологическую ситуацию по зоонозным природно-очаговым инфекциям (на примере геморрагической лихорадки с почечным синдромом)	154
5.1.5. Роль климата в изменении границ ареалов возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней на территории Российской Федерации	156
Заключение	159
5.2. Современные факторы, влияющие на иммунитет и восприимчивость к инфекциям ...	167
5.2.1. Окружающая среда и состояние иммунитета	167

5.2.2. Влияние физических факторов на иммунную систему	169
5.2.3. Химические факторы, воздействующие на иммунитет	172
5.2.4. Социальные факторы, влияющие на иммунитет	173
Заключение	176
5.3. Глобализация и миграция населения	182
5.3.1 Глобализация как определяющий фактор распространения инфекций	182
5.3.2. Миграция населения как фактор эпидемиологического риска	187
5.3.3 Миграционные процессы и актуальные инфекции	191
Заклучение	197
5.4 Чрезвычайные ситуации биологического характера	207
5.4.1. Особенности развития чрезвычайных ситуаций биологического характера	207
5.4.2. Пандемия – чрезвычайная ситуация биологического характера	209
5.4.3. Развитие системы противодействия ЧС биологического характера в Российской Федерации	217
5.4.4. Роль специализированных противоэпидемических бригад Роспотребнадзора (СПЭБ) в ликвидации последствий ЧС	220
Заклучение	223
 Глава 6. БИОТЕРРОРИЗМ И БИОЛОГИЧЕСКАЯ БЕЗОПАСНОСТЬ	
6.1. Биологический терроризм – угрозы и риски	229
6.2. Международные системы противодействия биотерроризму	236
6.3. Противодействие угрозе биотерроризма в Российской Федерации	241
Заклучение	245
 Глава 7. COVID-19 КАК ЗЕРКАЛО МИРОВОЙ СИСТЕМЫ РЕАГИРОВАНИЯ НА ИНФЕКЦИИ	
7.1. Пандемия COVID-19	250
7.2. Стратегии реагирования на появление COVID-19 за рубежом и в Российской Федерации ..	251
7.3. Принципы организации лабораторной диагностики COVID-19 за рубежом и в Российской Федерации	256
7.4. Организация молекулярно-генетического мониторинга геновариантов коронавируса SARS-CoV-2 в Российской Федерации	258
Заклучение	260
 Глава 8. НОВЫЕ ПОДХОДЫ К РЕАГИРОВАНИЮ НА БИОЛОГИЧЕСКИЕ УГРОЗЫ. ПРИМЕНЕНИЕ МЕТОДОВ МОЛЕКУЛЯРНОГО АНАЛИЗА В ЭПИДЕМИОЛОГИИ	
Заклучение	266
 Глава 9. СИСТЕМЫ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО НАДЗОРА ЗА РУБЕЖОМ. СОВРЕМЕННОЕ СОСТОЯНИЕ ПРОБЛЕМЫ	
9.1. История становления системы эпидемиологического надзора за рубежом	283
9.2. Современная структура эпидемиологического надзора за рубежом	293
9.3. Системы и алгоритмы реализации эпидемиологического надзора за рубежом	298
Заклучение	312
 Глава 10. ОПЫТ РЕАГИРОВАНИЯ НА ВСПЫШКИ ИНФЕКЦИОННЫХ БОЛЕЗНЕЙ ЗА РУБЕЖОМ	
Заклучение	317
ЗАКЛУЧЕНИЕ	332
	335

Глава 1. ВВЕДЕНИЕ. ИНФЕКЦИОННЫЕ БОЛЕЗНИ НА СОВРЕМЕННОМ ЭТАПЕ

Развитие материи и формирование жизни на Земле – архисложное феноменальное явление. Приблизительно 3,5 миллиарда лет назад на нашей планете появились первые живые организмы. На протяжении этого времени возникли различные формы жизни: от простейших одноклеточных организмов до сложных многоклеточных и появления человека. Сосуществование макромира и микромира – постоянный процесс для всех форм жизни. Мир микробов: бактерии, вирусы, грибы, простейшие – является неотъемлемой частью экосистемы Земли и играет важную роль в различных биохимических циклах.

Взаимодействие между микроорганизмами и человеком – многофакторное событие, представляющее в одних случаях симбиоз, в других – отношения паразита и хозяина. Многие микроорганизмы являются частью микробиома людей, играя ключевую роль в пищеварении и поддержании иммунной системы. С другой стороны, микробные патогены являются причиной инфекционных и целого ряда неинфекционных болезней, потенциально представляя собой угрозу всему человечеству.

В данной монографии рассмотрены современные аспекты противодействия человечества и патогенных микроорганизмов. Понимание взаимодействия мира микробов и людей сегодня имеет критическое значение для здоровья населения. В большинстве случаев возбудитель инфекции использует макроорганизм только как нишу для размножения и распространения и не заинтересован в его гибели, но последствия болезни могут быть самыми негативными, в том числе в долгосрочной перспективе.

Достигнутые медицинской наукой успехи к середине XX века вселили надежду, что инфекционные заболевания отступают и со временем будут полностью побеждены. Однако всё оказалось гораздо сложнее.

Сегодня в зависимости от уровня социально-экономического развития удельный вес смертности от инфекций варьирует от 5% в Европе до 62% в Африке (Всемирная организация здравоохранения, ВОЗ, 2023). В целом в структуре причин смерти на инфекционные болезни приходится около 18,8%.

Во второй половине XX века начался рост заболеваемости и смертности от целого ряда патогенов, сопровождающийся активным трансграничным распространением инфекций и заражением людей во многих странах. В 2020 г., в случае с COVID-19, на новом уровне повторилась мировая история пандемий, что в результате привело к крайне серьезным глобальным последствиям.

Причиной этого стали интенсивные изменения инфекционной патологии в связи с эволюцией всего комплекса: возбудитель – окружающая среда – макроорганизм. Сегодня доказана связь хронических соматических болезней с вирусами, микоплазмами, хламидиями, установлена роль локальных инфекций в увеличении риска сердечно-сосудистых заболеваний (инфаркт миокарда, инсульт). Так, вероятность инфаркта миокарда при гриппе возрастает в 6 раз в течение 1 недели после перенесенного заболевания, после других ОРВИ – в 3-4 раза.

Помимо непосредственной угрозы жизни и здоровью значительного числа людей, каждая вспышка инфекции также влечёт за собой отрицательные экономические и социальные последствия. По оценкам Международного валютного фонда совокупные экономические потери от пандемии в 2020-2024 г.г. составили 13,8 трлн долларов США. Политические последствия пандемии проявились массовыми закрытиями государственных границ, снижением интенсивности внешнеторговых отношений между странами, политической разобщенностью ряда стран.

Начало XXI века характеризуется беспрецедентным ускорением развития всех сфер жизни общества, связанных прежде всего с революцией в области информационных и коммуникативных технологий на фоне всеобщей глобализации. Повсеместное внедрение искусственного интеллекта, машинного обучения, интернета изменили процессы как научного поиска, так и принятия управленческих решений, а также их реализации.

Процессы глобализации, сопровождающиеся увеличением миграции рабочей силы, демографические изменения (старение населения), возрастающие геополитические риски – военные конфликты, изменения в международной политике, оказывающие влияние на экономическую стабильность оказывают комплексное опосредованное влияние на здоровье человека. С другой стороны, развитие медицинской науки, биотехнологии, генной инженерии, внедрение алгоритмов искусственного интеллекта и нейросетей, цифровизация всех направлений деятельности её вносят сегодня определяющий вклад в развитие глобальной системы противодействия инфекционным болезням.

С 1970-х годов было обнаружено более 40 «новых и возвращающихся» (эмерджентных) инфекционных заболеваний. В период с 2020 года по 2024 год мир охватила пандемия новой коронавирусной инфекции (COVID-19), оказавшая выраженное воздействие на здравоохранение, социальные и экономические аспекты деятельности государств в мировом масштабе. В пандемию было вовлечено более 190 стран и к концу 2025 года в мире было зарегистрировано

свыше 778 млн подтвержденных случаев COVID-19 и более 7 млн связанных с ними смертельных исходов.

Таким образом, очевидна острая необходимость в изучении механизмов межвидовой передачи инфекции, в разработке комплексных подходов к борьбе с инфекционной заболеваемостью среди животных и людей, программ готовности и реагирования, а также создания систем раннего предупреждения новых инфекций. Главная роль в этом отводится технологиям молекулярно-генетического анализа, которые сегодня стали неотъемлемой частью эпидемиологической работы, позволяя выявлять источник инфекции, пути ее распространения, а также механизмы эволюции и адаптации патогенов.

В настоящее время наблюдается повышенный интерес к инфекциям, спровоцированным условно-патогенными микроорганизмами. Это объясняется тем, что при определённых условиях они способны проявлять вирулентные свойства и вызывать тяжёлые, зачастую трудно диагностируемые и рецидивирующие инфекции, особенно у пациентов с ослабленным иммунитетом, лиц с тяжёлыми сопутствующими заболеваниями, особенно в условиях стационаров и интенсивной терапии.

Другая проблема – антибиотикорезистентность возбудителей инфекций – представляет собой один из самых острых вызовов для здравоохранения во всем мире. Старые, казалось бы, хорошо изученные болезни, такие, как туберкулёз, сальмонеллёз, гонорея, стафилококковые и стрептококковые инфекции, вновь становятся угрозой из-за стремительного роста устойчивости патогенов к традиционным антибиотикам.

Говоря о всеобщих угрозах, связанных с инфекционными болезнями, нельзя не затронуть чрезвычайные ситуации, вызванные военными конфликтами, которые в подавляющем большинстве случаев приводят к гуманитарным катастрофам, массовым миграциям населения и, как следствие, вспышкам инфекционных заболеваний: холеры (Гонконг 1991, Руанда 1994, Заир 1997, Сомали 1997, 2000), желтой лихорадки (Либерия 2004), сыпного тифа (Бурунди 1997).

Сложная геополитическая обстановка в мире определяет задачу по противодействию биологическим угрозам, возникающим в связи с преднамеренным созданием и применением средств поражения на основе существующих или модифицированных микробных патогенов.

XXI век характеризуется высоким уровнем воздействия различных негативных факторов окружающей среды на здоровье человека. Комплекс физических, химических и социальных факторов оказывает значительное влияние на иммунную систему человека, приводя к снижению её защитных функций и повышению риска развития заболеваний. Доказано, что ухудшение экологических условий – одна из причин глобальной проблемы ослабления иммунной системы у людей. В настоящее время отмечается снижение коллективной резистентности населения планеты к инфекциям в результате неблагоприятного

воздействия на организм человека экологических факторов (загрязнение атмосферы и окружающей среды).

В условиях происходящих изменений климата воздействие климатических факторов оказывает как прямое, так и опосредованное влияние на здоровье населения. По оценкам Всемирной организации здравоохранения, за последние 20 лет количество связанных с жарой случаев смерти среди людей старше 65 лет увеличилось на 70%. Ожидается, что к началу 2030-х годов в результате изменения климата только от малярии из-за наводнений в прибрежных районах ежегодно будет регистрироваться до 250000 дополнительных случаев смерти.

В формировании базовых научных и даже мировоззренческих принципов борьбы с инфекциями ведущая роль по праву отводится эпидемиологии. Создание научной базы эпидемиологии, её собственного метода исследования – эпидемиологического анализа и системы эпидемиологического надзора происходило в начале XX в. При этом превалирующее большинство основополагающих теоретических обобщений в этой области было сделано нашими отечественными учеными. Становление фундаментальной научной базы для дальнейших многочисленных научных исследований неразрывно связано с именами Л.В. Громашевского, Е.Н. Павловского, В.Д. Белякова, В.И. Покровского, Г.Г. Онищенко, Б.Л. Черкасского и других выдающихся российских ученых и организаторов здравоохранения. Существующие концепции противодействия инфекционным болезням, разработанные ими, являются важной предпосылкой в понимании процессов эволюции инфекций и при разработке мер борьбы с ними на новом качественном уровне.

Вместе с тем информация об истории становления, современной структуре и алгоритмах реализации эпидемиологического надзора за рубежом в отечественной литературе на сегодняшний день представлена разрозненными обобщениями. Это послужило целью написания отдельного раздела о системах эпидемиологического надзора в других странах, позволяющего глубже понять функционирование глобальной системы противодействия инфекционным болезням в мире.

Главная цель настоящей монографии – добиться понимания, что комплексная проблема требует всеобъемлющего комплексного подхода к её решению, который на основе опережающих действий позволит приблизить нас к решению проблемы ликвидации или управления инфекционными заболеваниями.

Глава 2. НОВЫЕ ИНФЕКЦИИ. ОТ ЖИВОТНЫХ К ЧЕЛОВЕКУ

2.1. Новые инфекции как составляющая часть эмерджентных

Вспышки и эпидемии инфекционных заболеваний оказывали значительное влияние на формирование обществ и культур на протяжении всей истории человечества. Историческая информация, а также современные результаты секвенирования микроорганизмов и филогенетических построений ясно показывают, что инфекционные заболевания возникали и многократно возрождались на протяжении тысячелетий, а особенности их проявления обусловлены многочисленными факторами. Это продемонстрировано непрерывающимся появлением вспышек различных инфекционных заболеваний, включая чуму, поразившую Европу в средние века, желтую лихорадку, уничтожившую силы Наполеона на Гаити в начале девятнадцатого века, и грипп, унесший жизни 50 миллионов человек в 1918-1919 гг. [3, 15, 132, 134, 198, 283]. На протяжении последних нескольких столетий в мире происходят глубокие эпидемиологические изменения, в том числе связанные с вариацией климата на планете, социальными процессами и глобализацией, хотя на отдельных территориях эпидемические проявления обусловлены различными причинами, начинаются в разное время и идут с неодинаковой скоростью [1, 4, 19, 24, 33, 47, 85].

В 1960-х и 1970-х годах XX века благодаря расширению знаний в области здравоохранения угроза инфекционных заболеваний была значительно снижена, особенно в развитых странах. Открытие пенициллина в 1928 г., а также разработка различных вакцин и сывороток положили начало эре лечения и профилактики в здравоохранении, значительно способствуя искоренению некоторых инфекционных заболеваний [3, 4, 11, 12, 77, 81]. Кроме того, дальнейшая индустриализация и урбанизация привели к улучшениям в санитарии человеческого жилья и успехам в борьбе с переносчиками инфекции (например, акарицидные обработки для уничтожения клещей, установка сеток на окна для защиты от комаров). Эти меры в совокупности снизили показатели передачи патогенов за счет сокращения контактов с определенными инфекционными агентами [187]. Одним из наиболее заметных мероприятий была

кампания вакцинации против натуральной оспы, которая привела к полному искоренению оспы на планете к 1980 году [5, 16, 28, 123]. Достигнутые к середине XX века успехи позволили поверить, что инфекционные заболевания отступают и со временем будут полностью побеждены [53, 54, 101].

Последующие эпидемии и пандемии, особенно вызванные вирусом ВИЧ-1, разрушили это убеждение и напомнили об угрозах, которые инфекционные заболевания продолжают представлять для здоровья человека. Во второй половине XX века начался значительный рост заболеваемости и смертности, трансграничное распространение инфекций и заражение людей во многих странах [3, 10, 11, 15, 16, 140, 148]. А в 2020 г., в случае с SARS-CoV-2, история повторилась на новом уровне, что в результате привело к крайне серьезным глобальным последствиям пандемии COVID-19 [233].

В настоящее время выделяется значительное число нозологических форм, относящихся к так называемым эмерджентным инфекциям – новым и возвращающимся инфекционным заболеваниям, которые являются причиной значительной доли вспышек ранее не встречавшихся инфекционных заболеваний и тех, которые на протяжении веков преследовали человечество. К группе эмерджентных инфекций относятся главным образом различные зоонозы и трансмиссивные болезни, новое распространение которых связывают с различными аспектами человеческой деятельности – миграциями, туризмом, вырубкой тропических лесов, прекращением вакцинации, использованием лечебных препаратов и инсектицидов, к которым у возбудителей и переносчиков вырабатывается устойчивость и т.д. Большинство таких зоонозов передаются от диких животных, в то время как другие возникают у домашних и сельскохозяйственных животных [134, 215, 237, 274]. Их возбудители передаются от животных к человеку при прямом контакте, воздушно-капельным путём, через воду, пищу, кровь, переносчиков или предметы обихода [206]. Независимо от происхождения инфекционного агента, для того, чтобы патоген закрепился в сообществе, он должен попасть в уязвимую группу населения, иметь способность передаваться от человека к человеку и вызывать заболевание [171]. Кроме того, в наши дни патогены с ранее характерным географическим распределением могут с большей лёгкостью проникать в новые регионы [191]. В значительной мере это относится к трансмиссивным патогенам, таким, например, как вирусы денге и Западного Нила, которые распространяются в более высоких широтах из-за изменения климата и распространения переносчиков [58].

Новые эмерджентные инфекционные заболевания (EIDs) получили официальное признание в последние три десятилетия, хотя исторический взгляд показывает, что это явление, вероятно, было стойким, хотя и в значительной степени незамеченным на протяжении всей истории инфекционных болезней. С 1970-х годов было обнаружено более 40 новых эмерджентных инфекционных заболеваний [24, 45]. В 2007 г. Всемирная организация здравоохранения

(ВОЗ), направляющая и координирующая международную работу в области здравоохранения, в своем докладе предупредила, что новые инфекционные заболевания в настоящее время возникают с невиданной ранее скоростью [97]. Первой официально признанной новой инфекцией стал синдром приобретённого иммунодефицита (СПИД) в 1981 году (США), а в настоящее время СПИД носит на планете характер пандемии. Болезнь, вызванная вирусом Хендра впервые появилась в 1994 г. (Австралия), инфекция вируса Нипах с высоким уровнем смертности (40-75%) – в 1998 г. в Малайзии. Вспышка тяжелого острого респираторного синдрома, вызванного коронавирусом SARS-CoV-1, имела место в 2002-2003 гг. (первоначально в Азии), пандемия свиного гриппа – в 2009 г., вспышка коронавируса ближневосточного респираторного синдрома вызванная MERS-CoV, – в 2012 г. в Джидде (Саудовская Аравия). Вместе с этим – в настоящее время неоднократно регистрируется возрождение «старых» болезней: эпидемия болезни, вызванной вирусом Эбола в Западной Африке, – в 2013–2016 годах, эпидемия болезни, вызванной вирусом Зика. – в 2013-2014 гг. в Океании, а в 2015 г. – в Америке (1,5 млн человек были инфицированы только в Бразилии), лихорадка Западного Нила – впервые на юге России зарегистрирована в 1999 г., болезнь, вызванная вирусом Марбург (MVD), – вспышки в Руанде в 2024 г. и Танзании в 2025 г. [55, 263-265, 268].

Построение классификации для такого обширного перечня представляет сложную задачу в силу многообразия возбудителей, различий в экологии носителей и переносчиков, механизмах передачи, патогенезе, тяжести течения болезней, различиях исходов. Анализ литературных данных показал, что при проведении классификации используются разнообразные подходы, например, по степени новизны возбудителя или болезни [25, 177, 178], по путям выявления инфекции [26, 27] и т.д. Но большинство исследователей делят эмерджентные болезни на две большие группы.

Новые (возникающие, ВИЗ, *emerging infectious diseases* или EIDs) инфекционные заболевания определяется как заболевания, вызванные возбудителем, который ранее не наблюдался среди населения или географического региона. Это инфекционные заболевания, заболеваемость которыми возрастает после первого появления (например, после преодоления межвидового барьера) в **новой популяции носителей – людей**.

Возвращающиеся (вновь возникающие, возрождающиеся, рецидивирующие) инфекции (*re-emerging infectious diseases*, REIDs) – болезни, заболеваемость которыми возрастает в уже **существующей популяции носителей** в результате долгосрочных изменений эпидемиологических условий и может увеличиться в ближайшем будущем. То есть REIDs – инфекции, существовавшие среди людей ранее, но в последнее время обнаруживающие тенденцию к расширению нозоареала или увеличению заболеваемости населения в силу разных причин [239]. Так, например, возрождение туберкулеза во многом связано с пандемией СПИДа, или, например, рост заболеваемости инфекциями,

передающимися половым путём (ИППП), может быть связан с изменением образа жизни, притоком мигрантов из неблагополучных по этим инфекциям территорий [7, 21].

Следует отметить, что динамичный и сложный характер многих новых и рецидивирующих инфекций часто ставит под сомнение различия между новыми и вновь возникающими инфекциями, что заставляет различных экспертов классифицировать их по-разному [71, 122, 176]. На национальных уровнях санитарные службы определяют свои перечни эмерджентных болезней. Выявление и количественная оценка взаимосвязей между причинами вспышек эмерджентных заболеваний и их тяжестью имеет решающее значение для разработки целевых стратегий по надзору за этими заболеваниями и предотвращению вспышек [237].

Продолжающееся появление вспышек и эпидемий новых и рецидивирующих инфекционных заболеваний создаёт и будет создавать серьёзные проблемы для здравоохранения и фундаментальной науки. Примечательно, что некоторые инфекционные патогены, такие как вирусы гриппа, постоянно возникают (новые генотипы) и вновь появляются (сезонный грипп) [3, 8, 10, 176, 176, 233]. Новые инфекции, впервые возникающие в человеческой популяции, способны вызывать чрезвычайные эпидемические и эпизоотические ситуации, борьба с которыми на этапе их возникновения трудна или невозможна; мы пока мало знаем об огромном потенциале патогенности этих возбудителей, особенно вирусной природы [1, 9, 12]. Экологический и климатический дисбаланс, мутации и другие факторы ведут к появлению новых патогенов, географическому расширению ареала уже известных болезней и расширению спектра их хозяев, среди которых вид *Homo sapiens* фигурирует все чаще. Их называют «дремлющим вулканом» [1, 2, 6, 10, 17, 22, 120].

Данные за последние 30-50 лет отражают различные степени появления и возрождения различных инфекционных заболеваний во всем мире (рисунок 1).

EIDs и REIDs существуют в большинстве регионов мира, многие с чёткими и идентифицируемыми схемами передачи, которые обусловлены различными, зачастую сложными предикторами или факторами риска. Эти факторы способствуют возникновению и распространению EID и REID, позволяя инфекционным агентам эволюционировать в подходящих экологических нишах, проникать в уязвимые организмы и приспосабливаться к ним, а также легче распространяться среди своих носителей.

Global Examples of Emerging and Re-Emerging Infectious Diseases

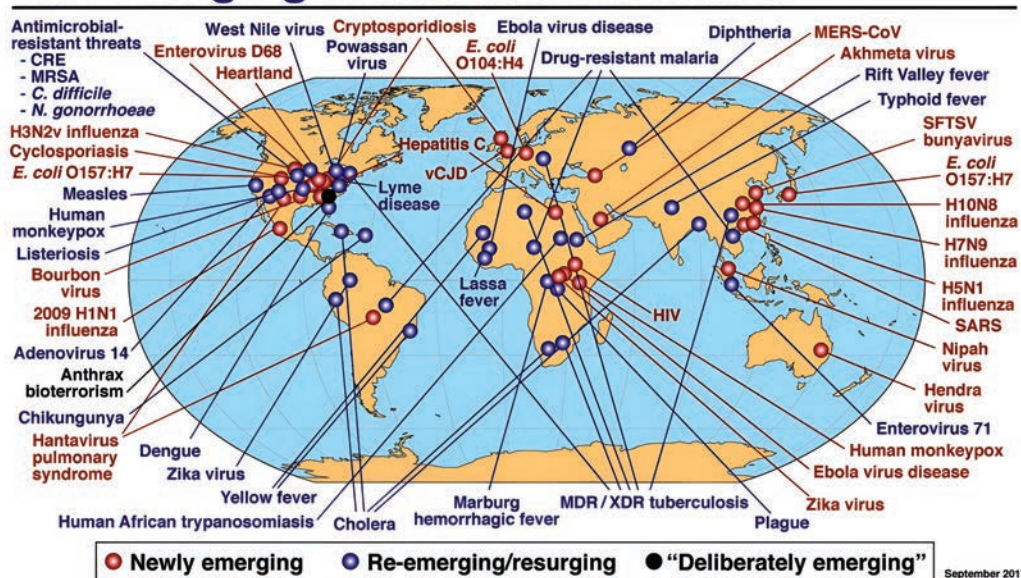


Рисунок 1 – Глобальные примеры возникающих и рецидивирующих инфекционных болезней, цит. из https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Global_Examples_of_Emerging_and_Re-Emerging_Infectious_Diseases.jpg. Карта Anthony Fauci (NIAID – Национальный институт инфекционных заболеваний США) по состоянию на 14.11.2017, обновлена 30.04.2020 (дата обращения: 10.09.2025)

В целом на основании литературных данных можно обозначить основные факторы, способствующие возникновению и распространению эмерджентных инфекций [10, 13, 19, 143, 144, 153, 170, 171, 177, 178, 228, 233] (рисунок 2):

- социальные процессы (глобализация, рост численности населения, старение населения, урбанизация, перенаселённость в городах, торговля, международные поездки, демография и поведение людей, технологии и промышленность, бедность и социальное неравенство, конфликты, миграция, война и голод, биотерроризм, изменения в обращении с пищевыми продуктами, торговля дикими животными и их потребление, промышленное животноводство, нерациональное использование противомикробных препаратов, а также нарушение инфраструктуры и реализации мер общественного здравоохранения, таких как санитарные меры и программы вакцинации, отсутствие политических мер и др.);

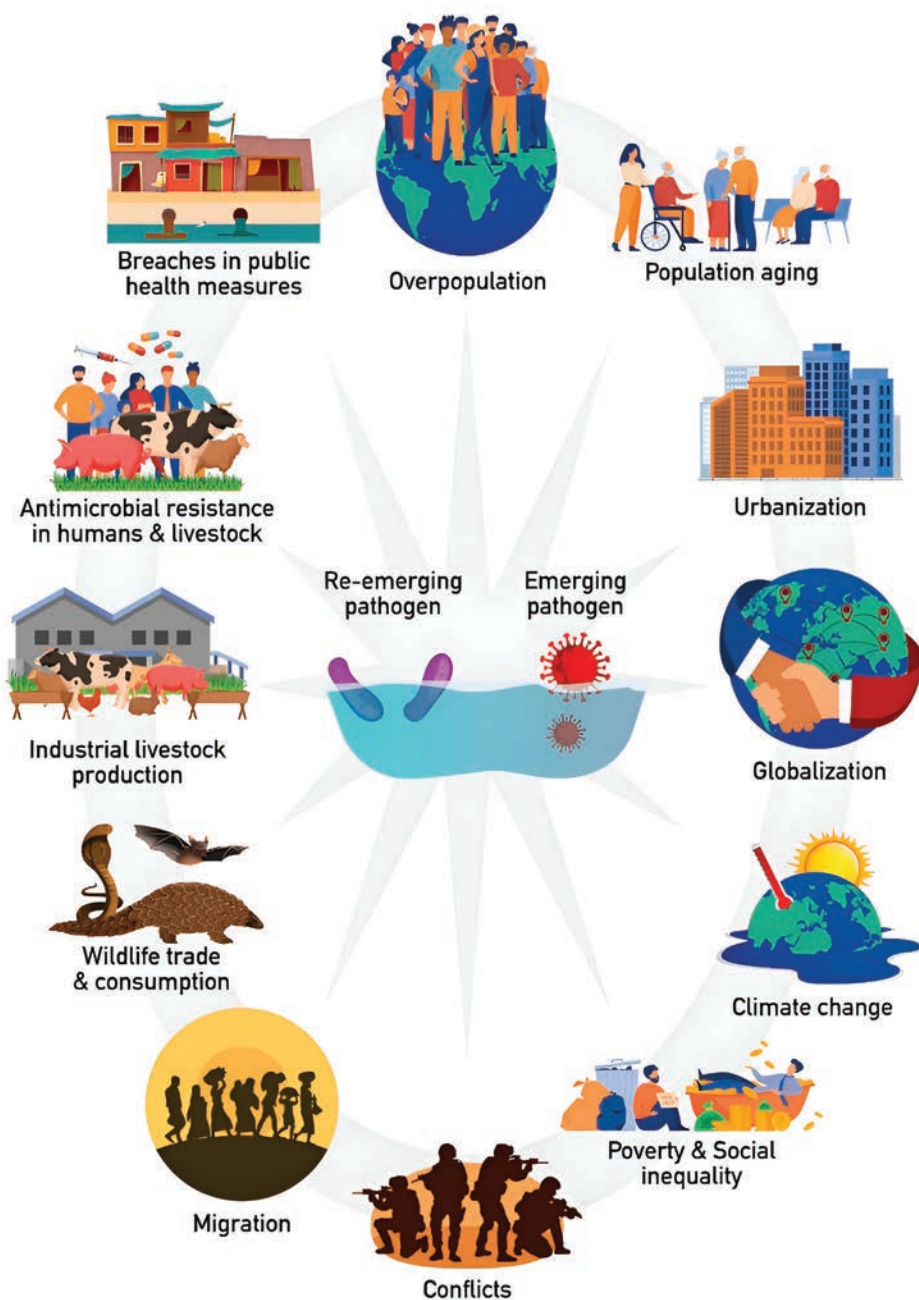


Рисунок 2 – Факторы, способствующие возникновению и распространению EIDs и REIDs.
(N. Spervovasilis et al., 2022 [233]).

- климат и погода (например, болезни, передаваемые переносчиками, такими как комары (например, лихорадка Западного Нила), по мере потепления климата все дальше удаляются на север [29];

- экология – меняющиеся экосистемы, более активные контакты людей с носителями (дикие животные) и переносчиками (насекомые) микробов в природе;

- микробная адаптация – эволюция и изменение патогенности, вирулентности, инвазивности или резистентности микроорганизмов.

Этот перечень факторов определяет проблемы, на которые в первую очередь следует направить усилия и вмешательства. Помимо перечисленных, несомненно, имеют значение и другие факторы, способствующие возникновению новых или возрождению известных инфекций. Особую озабоченность вызывают сложные проблемы, связанные с торговлей и потреблением мяса диких животных. Рынки, торгующие дикими и домашними животными, были вовлечены в передачу вирусов от животных человеку, включая герпесвирусы, вирусы гриппа, коронавирусы (SARS-CoV-1, MERS-CoV, SARS-CoV-2) и многие другие [66, 102, 227]. Так, в 2003 г. глобальная торговля домашними животными способствовала вспышке оспы обезьян (Мрор) в Соединенных Штатах, которой первоначально заразились люди, имевшие тесный контакт с луговыми собачками, приобретенными в качестве домашних животных через общего поставщика. Эпидемиологическое расследование показало происхождение этой вспышки от экзотического африканского вида грызунов, который передал вирус луговым собачкам во время транспортировки в США [209]. Не менее актуальной проблемой сегодня является «обратная» ситуация – риск заражения инфекциями животных от человека с последующим укоренением возбудителя в популяциях животных.

Таким образом, возникновение EIDs тесно связано с масштабами, темпами, интенсивностью и характером деятельности человека, а также с изменением климата на планете, оказывающее, в свою очередь, глобальное влияние на экологию в целом [14, 22, 140, 177, 178, 234]. Взаимодействия «патоген – хозяин», которые способствуют возникновению инфекционных заболеваний, связаны с чрезвычайно сложными изменениями. Многие факторы, влияющие на возникновение эмерджентных заболеваний, в широком смысле можно разделить на человеческие (рост населения, урбанизация, вторжение человека в места обитания диких животных, нелегальная торговля мясом диких животных, экономические, политические и социальные факторы), экологические (долгосрочное изменение климата, вырубка лесов, освоение новых земель) и вирусные (геномные изменения посредством рекомбинаций и мутаций) факторы [71, 72, 140, 185, 233, 247].

Конкретные причины, приводящие к появлению или возвращению заболевания, могут быть идентифицированы практически во всех изученных случаях [178]. Важно отметить, что многие из них часто взаимосвязаны друг с другом, то есть имеет место комбинация различных факторов. Например, отсутствие политических действий часто приводит к срыву мер общественного здравоохранения. Экономическое развитие и землепользование могут быть

связаны с технологией и промышленностью, а также с изменением экосистем и формированием условий бедности. Следовательно, эффективные мероприятия должны быть многоаспектными для достижения устойчивых изменений. Понимание переменных в динамическом балансе между окружающей средой, патогенами и хозяевами является важным при рассмотрении мер по борьбе со вспышками [114].

Сегодня в мире официально признано, что здоровье человека тесно связано с болезнями животных и состоянием окружающей среды [127, 218, 219]. Люди глубоко изменяют окружающую среду, оказывая огромную нагрузку на все компоненты природы. В дополнение к стрессу популяций диких животных, которые часто страдают от нескольких угроз одновременно (утрата среды обитания, чрезмерная эксплуатация, загрязнение окружающей среды, биологические инвазии, изменение климата и т. д.), усиление взаимодействия с людьми (прямо или косвенно через домашних и диких животных) усугубляют вероятность передачи патогенов от животных к человеку, поэтому в последние десятилетия неуклонно появляется поток новых вирусных патогенов [173, 275, 276]. Кроме того, мы приближаемся к природе, разрушая целые ландшафты, эксплуатируя луга для животноводства, леса для древесины, горнодобывающую промышленность (например, в Африке), пальмовые плантации (например, в Юго-Восточной Азии) или интенсивное животноводство (например, в Южной Америке), а реки для получения энергии и воды. Люди делали это на протяжении многих столетий, но по мере того, как человеческая популяция росла и все больше вторгалась в среду обитания диких животных, передача патогенов человеку-хозяину ускорилась. Только в бассейнах Амазонки и Конго ежегодная добыча миллионов тонн мяса диких животных приводит к опустошению лесов и подвергает людей контакту с дикой природой [186].

Растущая частота, с которой люди и домашние животные сталкиваются с дикой природой из-за таких видов деятельности, как изменение системы землепользования, животноводство, а также рынки и торговля живыми дикими животными, создала растущие возможности для распространения патогенов. Однако риск распространения патогенов от диких животных на популяции домашних животных и людей можно снизить, остановив вырубку и деградацию тропических и субтропических лесов, способствующих перемещению диких животных на новые места обитания и увеличивающих частоту контактов людей и домашних животных с дикой природой [52, 78, 86, 88, 137, 254]. Знание внечеловеческих резервуаров этих патогенов остается важным для понимания эпидемиологии и потенциальных мер борьбы с этими зоонозными заболеваниями. В широком смысле патогены являются движущей силой эволюции многоклеточных животных, а некоторые из них, например малярия, оставили неизгладимый след в геноме человека [201].

2.2. Эволюция и адаптация микробных патогенов

Причины более интенсивных изменений инфекционной патологии в сравнении с другими болезнями связаны с эволюцией всего комплекса возбудитель – окружающая среда – макроорганизм. Одним из важнейших событий, связанных с появлением новых вирусных заболеваний, являются генетические изменения возбудителя, которые позволяют ему закрепиться в новом виде-хозяине, способном заражать людей и представлять угрозу для здоровья. Известно, что микробы эволюционируют в ответ на не прямое и прямое селекционное давление в окружающей их среде так же, как и вся живая природа, но только более быстрыми темпами. Они претерпевают фенотипическую и генетическую трансформацию, влияющую на изменение патогенности, эффективности защитных механизмов человека и резистентности к обычно применяемым лекарственным препаратам. Свидетельством этой изменчивости является, например, смена антигенной структуры микроорганизмов, оказывающая влияние на характер и особенности течения инфекционного процесса. Примером может служить распространение в мире новых биотипов и серовариантов холерного вибриона, менингококка, стрептококка, общеизвестен постоянный «дрейф» антигенной структуры вируса гриппа, арбовирусов. Появление микроорганизмов с измененными свойствами, как правило, приводит к распространению или возвращению инфекции [19, 20, 85].

Большинство важных вновь появляющихся возбудителей инфекционных заболеваний человека эволюционно появились очень давно, но выжили и сохраняются благодаря адаптации к меняющимся человеческим популяциям и окружающей среде, измененной людьми. Это позволяет создавать новые генетические варианты с измененной трансмиссивностью, вирулентностью и способностью к переключению хозяина [143, 183].

Возможно, наиболее показательной новой/возвращающейся вирусной инфекцией человека является грипп, который с древних времен вызывает вспышки острых респираторных инфекций во всем мире. Возбудитель обладает уникальными свойствами как респираторный патоген благодаря своей антигенной вариабельности. Появление у *Vibrio cholerae* O1 нового геноварианта El Tor, близкородственного штаммам из Бангладеш – GIRS-101 (2002) и M4 (2008) – с наличием в профаге CTXφ гена *ctxB* холерного токсина классического биовара [18, 73], рассматривается как довольно быстрая эволюция генома возбудителя холеры El Tor связанная с началом седьмой пандемии [136, 194]. Примером эволюции патогена с последующей сменой основного переносчика, который в связи с глобальным потеплением и распространился на новые территории, является возбудитель лихорадки чикунгунья (CHIKVD). В 2024 году в странах Америки (15), Азии (6), Африки (1) и Европы (1) было выявлено 620 000 случаев заболевания CHIKVD и 213 случаев смерти [72]. Таким образом, природа самого болезнетворного микроба может измениться, в результате он

становится более трансмиссивным или патогенным. Например, скарлатина, еще одно заболевание, которое считалось почти искорененным к 1940-м годам, вновь распространилось по всему миру. Причиной этого являются генные модификации возбудителя за счет горизонтального переноса генов, позволившие бактериям образовывать высоковирулентные клоны [253].

Возможности эволюции/адаптации и, соответственно, изменения патогена рассматриваются как потенциальные факторы, влияющие на дальнейшую межвидовую передачу патогена. В то время как большинство мутаций будут нейтральными или умеренно вредными для микроорганизма, некоторые дают преимущество в приспособлении к определенным условиям [105]. Для зоонозного вируса успешная репликация и передача у нового вида хозяина, вероятно, сопровождается отбором вирусных генотипов, которые влияют на вирулентность, включая связывание с рецептором, проникновение в клетку, взаимодействия с белками хозяина, выхода из клетки и модуляцию иммунных реакций.

Способность патогена быстро адаптироваться и создавать генетически разнообразную популяцию считается критической как для выживания патогена, сталкивающегося с целым рядом селективных воздействий, так и для его способности к постоянной передаче [50]. Так, в настоящее время учёные сходятся во мнении, что штаммы вируса иммунодефицита человека первой группы (ВИЧ-1) пандемической подгруппы М и эпидемической подгруппы О филогенетически тесно связаны с вирусами иммунодефицита обезьян (SIV, BIV), эндемичными для диких популяций шимпанзе (SIVcpz), либо горилл (SIVgor), обитающих в лесах Западной и Центральной Африки. После соответствующих мутаций эти штаммы (способные заражать человека и индуцировать синтез иммуноглобулинов, но не способные передаваться между людьми) получили возможность уверенно распространяться от человека к человеку, результатом этого и стала настоящая пандемия ВИЧ [84, 172, 217].

Новые генетические варианты могут демонстрировать лучшую выживаемость в окружающей среде, требуют меньшей дозы вируса для инициации продуктивной инфекции у вновь инфицированного индивидуума, демонстрируют повышенное сродство к рецепторам клеток человека или лучше избегают факторы врожденного или приобретенного иммунитета через антагонистические механизмы или через выбранные вариации поверхностных эпитопов. Такие изменения обычно наблюдались во время вспышек зоонозов у людей, в том числе во время вспышки EBOV в Западной Африке в 2013-2016 годах, и с появлением новых, более трансмиссивных «вызывающих беспокойство вариантов» во время пандемии COVID-19, включая варианты и субварианты «дельта», «омикрон» и другие [39, 118, 138, 188].

Вирусы, которые эволюционировали, чтобы быть высоко адаптированными к людям, такие как вирус кори – *Morbillivirus hominis* (MeV) или *measles virus* (MV) семейства *Paramyxoviridae* – более стабильны на геномном уровне. MeV

хорошо оптимизирован для использования человека в качестве естественного и окончательного хозяина. Однако это не означает, что вирусную эволюцию нельзя наблюдать внутри самого хозяина [100]. Действительно, когда MeV В достигает ЦНС и провоцирует либо коревой энцефалит с включением тельца (MIBE) у пациентов с иммунодефицитом, либо подострый склерозирующий панэнцефалит (SSPE) – редкие, но летальные осложнения кори, – данные секвенирования свидетельствуют о мутациях в вирусном матриксе, связывающих рецепторы. Нарушение регуляции комплекса вирусного слияния, включающего F и белок, связывающий рецептор, H, позволяет вирусу распространяться в ткани головного мозга. Изучение мутации белка MeV F L454W помогло лучше понять эволюцию MeV, действительно, было показано, что эта мутация является отличительным признаком адаптации вируса кори к ткани мозга человека [37, 166, 167, 169].

Что касается факторов хозяина, то у последнего существуют физиологические, иммунологические и генетические факторы, которые могут значительно влиять на вероятность возникновения и характер распространения инфекции. Достижения в геномике за последние десятилетия подтвердили, что генетические факторы хозяина могут определять проявления инфекции [100]. Так, избыточная или недостаточная экспрессия клеточных рецепторов может серьезно повлиять на способность заражения патогенов, зависящих от этих рецепторов. Это относится, например, к гену β -хемокинового корецептора CCR5, используемому ВИЧ-1 для слияния с клеткой. Особи, у которых наблюдается гомозиготная делеция в этом гене длиной 32 п.н. (мутация дельта 32), препятствуют проникновению вируса в CD4+ Т-лимфоциты, тем самым придавая устойчивость к большинству (98 %) штаммов ВИЧ-1 (вирусам R5, использующим для слияния с клеткой CCR5-корецептор) [165].

Воздействие эволюции на инфекционную патологию многогранно. Все основные составляющие эпидемического процесса, такие как возбудитель, человеческая популяция, окружающая среда, в равной степени претерпевают эволюционные изменения [15]. По-видимому, следует согласиться с высказыванием великого русско-американского биолога-эволюциониста, работавшего с 1924 г. по 1927 г. на кафедре генетики Ленинградского университета, основателя эволюционной генетики Феодосия Григорьевича Добржанского: «Ничто в биологии не имеет смысла, кроме как в свете эволюции» [91].

2.3. Зоонозы как источник новых инфекций для человека

Зоонозы можно разделить на три отдельные категории: (а) эндемические зоонозы, которые широко распространены и поражают как людей, так и животных, например, бруцеллёз и бешенство [127], (б) эпидемические зоонозы, которые имеют спорадическое временное и пространственное распространение, например, пандемия гриппа H1N1 в 2009 году, и (в) новые и вновь

возникающие зоонозы, которые уже существовали, но сейчас быстро распространяются, например, оспа обезьян [31, 32]. Фактически подавляющее большинство (примерно 75 %) EIDs представляют собой зоонозы, вызванные патогеном животного, которое преодолело видовой барьер и поразило человека [100]. Например, доказано, что ВИЧ был занесен в человеческую популяцию от нечеловеческих приматов ещё в 1920-х годах или даже раньше в результате преодоления межвидового барьера [217].

Передача патогенов между различными видами – это экологическое явление, известное как «скачок хозяина», «межвидовая передача», «зоонозный перенос», «вторичный перенос патогена» или «зоонозный перелив» [157, 203]. Это межвидовая передача паразита в популяцию хозяина, ранее не инфицированную [203, 260]. В противоположной ситуации передача возбудителя от человека дикой природе называется «обратным потоком» [193]. Как и в случаях с возникающими зоонозными инфекциями человека, биологические инвазии животных и растений, опосредованные людьми, экспоненциально растут во всем мире [49, 103, 189, 220]. Наконец, понятие «горизонтальный перенос вируса» относится к передаче возбудителей между разными видами, включая организмы разных биологических царств [92].

Зоонозы существовали всегда, но их частота и географическое распространение увеличиваются. Исследование К.Е. Jones (2008) показало, что число зоонозов росло по всей планете в последние десятилетия, увеличивая вероятность эпидемий и пандемий среди человеческой популяции [134]. Зоонозная передача инфекций – сложное явление. Этому способствует множество факторов, включая внутренние характеристики и отношения между хозяином и патогеном, их общей средой обитания, филогенетическое расстояние между видами, а также потенциальные межвидовые взаимодействия и факторы окружающей среды, такие как изменения в экологии среды обитания животных-резервуаров или переносчиков возбудителя [112, 193, 204]. Новые инфекционные заболевания возникают, прежде всего, в результате новых взаимодействий между популяциями хозяев и патогенами [97, 160, 233].

Общим для всех вспышек возникающих заболеваний является то, что они иницируются единичной передачей и множественными побочными событиями, за которыми следует локальная передача от человека к человеку, которая иногда может привести к более широкому распространению инфекции. Критический шаг в появлении нового эпидемического или пандемического вирусного патогена происходит после того, как он заражает первоначального вторичного хозяина, а затем успешно передается дальше, вызывая вспышечную цепочку передачи внутри этой новой популяции хозяина. Хотя многие вирусы заражают новых или альтернативных хозяев, лишь немногим удается осуществить этот переход, причины которого во многих случаях неясны и требуют изучения.

В любом случае зоонозного распространения будет существовать хозяин-источник (который выделяет патоген), хозяин-реципиент (который заражается патогеном) и в некоторых случаях, промежуточный хозяин, который обеспечивает передачу патогена между видами.

Большинство зоонозных вирусов не передаются легко от человека к человеку, в этом контексте людей можно назвать тупиковыми хозяевами [61]. На биологическом уровне зоонозный потенциал вируса или любого инфекционного патогена, не относящегося к человеку, определяется способностью возбудителя преодолевать ряд барьеров на пути передачи и заражения, известных как видовые барьеры. Эти барьеры можно разделить на межвидовые, внутричеловеческие и межчеловеческие. Межвидовой барьер определяет уровень и характер воздействия зоонозных возбудителей, внутренний внутричеловеческий барьер касается способности патогена пережить иммунный ответ хозяина и впоследствии продуктивно заразить человека-хозяина, и, наконец, барьер между людьми отражает способность патогена эффективно передаваться между людьми и, следовательно, создавать цепи передачи, которые могут привести к вспышкам, эпидемиям или даже пандемиям [100, 112, 124, 203, 171, 204]. Глобальные изменения в мире способствуют повышению рисков такой передачи [43]. Например, вирус иммунодефицита обезьян (SIV) регулярно заражал отдельных людей в Центральной и Восточной Африке на протяжении сотен лет, но так и не утвердился в качестве трансмиссивного заболевания человека, которое мы теперь знаем, как синдром приобретенного иммунодефицита (СПИД). Устойчивая передача лентивируса от человека к человеку произошла только во второй половине двадцатого века, такой выход из зоонозного резервуара произошел по крайней мере два раза, что привело к появлению такого же количества различных линий ВИЧ сегодня [192, 217].

Большинство зоонозов происходят от диких животных, тогда как другие происходят от домашних животных [134, 238, 274]. Они передаются от животных к человеку при прямом контакте, воздушно-капельным путем, водой, пищей, фомитами (любыми предметами или субстанциями, которые содержат на себе патогенные микроорганизмы, при соприкосновении с которыми возникает риск заражения) или переносчиками [206]. Дикие животные являются носителями обширного резервуара патогенов [160]. Например, считается, что млекопитающие в совокупности содержат по меньшей мере 320 000 неоткрытых вирусов. Аналогичным образом, от 88 до 98 % видов грибов до сих пор неизвестны науке. Инвазивные патогенные микроорганизмы составляют лишь небольшую часть из всех тысяч чужеродных видов, которые в настоящее время существуют где-то на земном шаре, многие из которых в случае их распространения на новые территории смогут оказывать разрушительное воздействие на биоразнообразие, функционирование экосистем, а также на здоровье человека и экономику [220]. По-прежнему трудно выявить истинные резервуары в природных системах, и, кроме того, наши знания о вирусах, за-

поражающих различные виды и популяции животных, в последние годы быстро меняются, но у нас пока мало информации о вероятности заражения человека для большинства вирусов. Однако у нас есть чёткие примеры новых вирусов, которые вызывают мало заболеваний в своих резервуарах животных, но являются патогенными при передаче новым хозяевам, вызывая заболевания у людей (птичий грипп А (IAV) H5N1 [249], SARS, MERS, Нипах, Хендра) [65, 74, 110, 162, 203, 210, 230]. Другие примеры новых зоонозов включают СПИД (AIDS) [43, 109] и в последнее время родственный вирус SARS-CoV-2, вызвавший пандемию COVID-19 [128, 157, 199, 282].

Патогены, способные поражать многие виды животных, эволюционно адаптированы к использованию различных клеточных механизмов для своего размножения и, таким образом, могут с большей вероятностью расширять/менять ареал своих хозяев [16, 28, 93, 196, 274].

Эффективный контроль возникающих зоонозных инфекций особенно сложен, поскольку распознавание нового зоонозного заболевания часто не происходит до тех пор, пока не начнётся крупная вспышка [272]. Практически невозможно воздействовать на эволюционные процессы, идущие в природных экосистемах. Нельзя предотвратить там развитие эпизоотий и вспышек. Но можно и нужно снижать последствия чрезвычайных ситуаций путём грамотного составления прогнозов и заблаговременной подготовки. А это возможно лишь при проведении комплексных фундаментальных исследований и практических организационных мероприятий [10].

Таким образом, зоонозные вирусы следуют различным стратегиям заражения человека либо напрямую, либо путем адаптации у животных-резервуаров. По данным литературы, с 1980 г. было обнаружено, что только 87 из 1399 человеческих патогенов непосредственно заражают человека, тогда как большинство из них первоначально заражают других восприимчивых животных, которые в дальнейшем передают инфекцию людям, в особенности это свойственно вирусам летучих мышей [223, 275, 276].

Летучие мыши как источник новых патогенов

Млекопитающие отряда рукокрылых (Chiroptera) являются источниками высокого вирусного разнообразия, известных зоонозных вирусов по всему миру и важными резервуарными хозяевами для новых и возвращающихся вирусов с высоким риском межвидового распространения [44, 57, 90, 169, 160, 238]. В 2020 году несколько групп исследователей сообщили об обнаружении штаммов вирусов, родственных SARS-CoV-2, у подковоносых летучих мышей. В Камбодже коронавирус был обнаружен у двух особей подковоноса Шамела (*Rhinolophus shameli*), пойманных на севере страны в 2010 году и впоследствии замороженных. Другая группа обнаружила вирус Rc-о319, идентичный SARS-CoV-2 на 81%, у эндемичного японского подковоноса (*Rhinolophus cornutus*), пойманного в 2013 году [229]. Эти данные указывают на то, насколько обши-

рен может быть естественный резервуар (летучие мыши) потенциально патогенных для человека коронавирусов.

Причины, лежащие в основе высокого вирусного разнообразия у летучих мышей, являются предметом научных дискуссий. Ученые предполагают, что полёт, присущий всем летучим мышам, является важным фактором отбора для сосуществования с вирусами за счет повышения метаболизма и температуру тела, аналогично лихорадочной реакции у других млекопитающих [51].

Около 1400 различных видов летучих мышей составляют пятую часть всего видового многообразия млекопитающих [57]. В природе летучие мыши являются естественными резервуарами для более чем 200 разных вирусов [98]. Многие из этих вирусов обладают чрезвычайно высоким пандемическим потенциалом для других животных, включая человека. Примерами могут служить известные человеческие патогены, такие как вирус бешенства, MERS, SARS-CoV-1, SARS-CoV-2, вирус Марбург, вирус чикунгунья, вирус японского энцефалита, вирусы Нипах и Хендра, вирусы лихорадки долины Рифт и Hantaan семейства *Bunyaviridae*, вирусы семейства *Herpesviridae* (включая цитомегаловирус, CMV), и это лишь некоторые из них, однако истинное разнообразие коронавирусов и других вирусов летучих мышей, вероятно, намного больше [44, 57, 75, 76, 106, 121, 150, 162, 163, 213, 246].

В подавляющем большинстве случаев вирусные инфекции у рукокрылых протекают бессимптомно, не причиняя им видимого вреда. У летучих мышей есть системы противовирусной защиты, которые препятствуют развитию заболевания [51, 190]. Кроме этого, миллионы лет совместной эволюции вирусов и их летучих хозяев наделили последних исключительной иммунотолерантностью. Совместная эволюция рукокрылых с вирусами привела к адаптации их иммунной системы, которая, как оказалось, настроена не на тотальное уничтожение вируса, а на эффективное сдерживание его развития в организме [51].

Однако как правило, способность вирусов, полученных (переданных) от летучих мышей, распространяться от человека к человеку остается довольно низкой: R_0 составляет менее 1 по сравнению с некоторыми другими зоонозными вирусами, такими как вирусы гриппа или SARS-CoV-2, которые регулярно показывают R_0 выше 5. Вероятно, низкая способность ряда вирусов (например, птичий грипп H5N1, *Hendra*) распространяться в человеческой популяции связана с относительно недавней адаптацией к человеку [87]. Для сравнения, вирус кори (МэВ) является эталоном среди вирусов с точки зрения высокой межчеловеческой передачи с R_0 , близким в среднем к 18, что подтверждает его эффективную и давнюю адаптацию к человеку [115].

Некоторые важные характеристики летучих мышей связаны с их ролью в сохранении и передаче вирусов. Многие виды летучих мышей живут колониями с очень высокой плотностью, что связано с их способностью эффективно передавать вирусы между особями, находящимися в непосредственной близости [51, 57, 213]. Летучие мыши очень многочисленны (более 50 родов и более

400 видов), разнообразны и географически широко рассредоточены [245]. Это делает их исключительно подходящими хозяевами вирусов и других возбудителей инфекционных болезней [57]. Летучие мыши эволюционировали очень рано, но изменились относительно мало по сравнению с млекопитающими других таксонов [125]. Анализ 17 ядерных генов датировал происхождение рукокрылых эоценовым периодом (52–50 миллионов лет назад), совпавшим со значительным повышением глобальной температуры на Земле [244]. Соответственно, древнее происхождение некоторых зоонозных вирусов, сохранившихся у летучих мышей, таких как генипавирусы [113], лиссавирусы [41, 222], предполагает длительную историю совместного видообразования – коэволюция многих вирусов и летучих мышей (10-40 лет), стайное поведение – могут способствовать сохранению вирусов и значительно увеличить потенциал для внутри- и межвидовой передачи [57, 238].

Нет никаких сомнений, что вспышки заболеваний человека, вызванные распространением вирусов летучих мышей, будут продолжать случаться и в будущем.

2.4. Возникновение новых эпидемических зоонозов

ВИЧ (HIV). В июне 1981 года Центры по контролю и профилактике заболеваний США сообщили о редкой форме пневмонии у 5 молодых мужчин-геев в Калифорнии, которые проходили лечение от подтверждённой биопсией пневмонии, вызванной *Pneumocystis carinii*. Их болезни и смерти ознаменовали мрачный рассвет признания СПИДа. Пандемия ВИЧ/СПИДа продолжается уже более четырех десятилетий, и около 41 миллиона человек погибли [46, 48]. Так, только в 2025 году (на 06.09.2025 года) от ВИЧ/СПИДа в мире уже погибли 1 143 600 человек, а количество людей на планете, инфицированных ВИЧ, составило 46 685 000 [277].

Вирусы иммунодефицита человека (ВИЧ) – это две группы лентивирусов (ВИЧ-1 и ВИЧ-2), которые поражают людей. Они вызывают синдром приобретённого иммунодефицита (СПИД), при котором прогрессирующий отказ иммунной системы позволяет развиваться опасным для жизни оппортунистическим инфекциям и онкологическим заболеваниям. Существует ряд родственных штаммов ВИЧ-1: штамм подгруппы М распространился по всему миру и вызвал пандемию, а штамм подгруппы О широко распространился в Центральной Африке, в то время как другие подгруппы ВИЧ-1 (N и P), скорее всего, представляют собой побочные инфекции с ограниченным распространением [217, 256]. Причины появления и механизмы реализации возможности передачи вируса между людьми и возникновения этой пандемии продолжают активно анализироваться во всём мире.

Межвидовая передача и генетическая рекомбинация. Предковыми вирусами, которые в конечном итоге привели к возникновению ВИЧ, были рас-

пространенные и хорошо изученные вирусы иммунодефицита обезьян (SIV) у обезьян Старого Света, которые заражали этих животных в течение миллионов лет и в настоящее время в основном связаны с незначительным заболеванием или его отсутствием [108, 172]. Было идентифицировано по меньшей мере четыре штамма ВИЧ-1, каждый из которых представляет собой единичный перенос либо от шимпанзе (штаммы М и N из SIVcpz), либо от горилл (штаммы О и Р из SIVgor) [84]. Штамм М (основной) является пандемическим штаммом и ответственен за более чем 98% инфекций человека [217].

По-видимому, у обезьян Старого Света существует множество штаммов SIV. Штамм ВИЧ-1 М вызвал глобальную пандемию, а штамм О стал причиной заражения сотен тысяч людей в Центральной Африке. Источники распространения лентивирусов от других обезьян (ВИЧ-2) при ограниченных вспышках заражают меньше людей. Этот сложный генетический фон ВИЧ показывает, что появление широко устойчивых эпидемических или пандемических лентивирусов приматов у людей представляет собой трудный процесс, который удалось осуществить только штаммам М и О.

Адаптация внутри промежуточных хозяев. Генетические изменения и комбинации последовательностей, которые позволили успешную репликацию и распространение у людей, были приобретены в результате сложных рекомбинаций, перестроек и приобретения генов, а также точечных мутаций. Предполагается, что генетическая изменчивость обусловлена склонностью к ошибкам и рекомбинации вирусной обратной транскриптазы и РНК-полимеразы, которая продуцирует вирусную РНК из интегрированной кДНК [217, 256].

Взаимодействие с клеточными факторами хозяина. Таким образом, появление ВИЧ у людей из исходных резервуаров у обезьян потребовало двух или трех переносов от хозяина. Каждый из этих шагов включал в себя множество барьеров хозяина на клеточном уровне, которые вирусу необходимо было преодолеть, прежде чем стала возможной эффективная репликация и распространение среди людей [261]. Каждый появившийся штамм, по-видимому, преодолел барьер между обезьянами и людьми, получив адаптивные изменения в промежуточных хозяевах, что позволило вирусу сделать возможным успешное распространение среди людей. Однако вполне вероятно, что изменения в демографии и поведении населения привели к распространению вируса штамма М из мест появления в Центральной Африке в остальной мир в конце 1970-х и начале 1980-х годов [256]. Оба типа ВИЧ являются результатом множественной межвидовой передачи вирусов иммунодефицита обезьян (SIV), которые естественным образом заражают африканских приматов. В результате большинства этих передач появились вирусы, которые распространялись среди людей лишь в ограниченной степени. Однако один случай передачи, связанный с SIVcpz от шимпанзе на юго-востоке Камеруна, привел к возникновению ВИЧ-1 группы М. Отслеживание генетических изменений, произошедших при скрещивании SIV от обезьяны к человекообразным обезьянам

и от обезьяны к человеку, обеспечивает новую основу для изучения возможностей успешной смены хозяина и оценки будущего зоонозного риска [192, 217, 224].

Вирус группа – Influenza A virus (IAV). Среди вирусов, вызывающих внешнетатные эпидемические ситуации, наиболее опасными могут быть новые пандемические вирусы рода *Alphainfluenzavirus* вида *Influenza A virus* [8, 64, 82, 129, 176, 195, 212, 243]. IAV – это патоген со штаммами, которые инфицируют птиц и некоторых млекопитающих, вызывают сезонный грипп у людей и вызывают все пандемии гриппа [129]. Млекопитающие, у которых циркулируют различные штаммы IAV с устойчивой передачей, – это летучие мыши, свиньи, лошади и собаки, некоторые другие млекопитающие могут иногда заражаться [212, 214]. Считается, что все вирусы гриппа А, вызывающие вспышки или пандемии среди людей с 1900-х годов, произошли от штаммов, циркулирующих среди диких водоплавающих птиц, в результате рекомбинации с другими штаммами гриппа [242]. Возможно, что свиньи могут выступать в качестве промежуточного хозяина для реассортации [95].

Пандемии гриппа А обусловлены измененными штаммами, и их появление трудно предугадать [6, 8, 175, 177, 257-259]. Так, за последние 110 лет потомки вируса А пандемии гриппа H1N1 1918-1990 гг. («испанки») непрерывно эволюционировали путем антигенного дрейфа, внутривидовой реассортации и антигенного шифта. Последний привел к пандемиям азиатского гриппа H2N2 в 1957 г. и гонконгского гриппа в 1968 г. В 21-м веке штамм гриппа H1N1 (с тех пор получивший название «H1N1pdm09») сильно отличался по антигенным свойствам от предыдущих штаммов H1N1, что привело к пандемии в 2009 году. Из-за его близкого сходства с некоторыми штаммами, циркулирующими среди свиней, он стал известен как «свиной грипп» [36, 62, 69, 163, 176]. Таким образом, предковый вирус, ставший причиной пандемий «испанки» в 1918 г., азиатского гриппа 1957 г. и гонконгского гриппа H3N2 1968 г., продолжает поддерживаться в природном резервуаре и будет поддерживаться еще неограниченно долго.

При рекомбинации между штаммами или мутациях птичий штамм, который пока практически не поражает людей, может приобрести характеристики, которые позволят ему заражать людей и передаваться от человека к человеку – это так называемое зоонозное событие [59, 63]. Например, мутация G186V в гемагглютинине (HA) считается адаптацией птичьего гриппа H7 к подтипу, который может распознавать рецепторы человека [94, 277]. Было показано, что мутация R292K в нейраминидазе (NA) способствует развитию резистентности к осельтамивиру, обычно используемому для лечения гриппа [200]. Другие исследования показали, что замена E627K в белке полимеразы PB2 ответственна за увеличение диапазона хозяев птичьего IAV, способствуя репликации вируса в респираторных эпителиальных клетках человека, в том числе клетках нижних дыхательных путей [40].

В 1997 и 2003 годах в Азии появился новый вирус гриппа А подтипа H5N1, который передаётся непосредственно от птиц человеку с большим количеством летальных исходов (более половины случаев) и, по мнению специалистов, обладает высоким пандемическим потенциалом [152, 212, 270]. Последний (на август 2025 г.) случай заражения человека вирусом гриппа А подтипа H5N1 – подтвержденный 2 апреля 2025 года летальный случай заражения вирусом гриппа А(H5N1) ребёнка в Мексике [266]. В период с января 2022 года по февраль 2025 года в различных регионах Мексики было зарегистрировано 75 вспышек А(H5N1) среди домашней птицы, в том числе один случай в зоопарке штата, где проживал заболевший [266].

Хотя вирусы H5N1 редко адаптируются к людям, однако если они эволюционируют и начнут распознавать сialiрированные гликановые рецепторы у людей (рецепторы человеческого типа), то могут приобрести способность часто заражать людей и, возможно, передаваться от человека к человеку [152, 212]. С начала 2022 года в США у диких водоплавающих птиц и домашней птицы по всей стране были зарегистрированы случаи заражения высокопатогенным вирусом птичьего гриппа (HPAI) H5N1 с распространением на несколько видов млекопитающих [202, 212]. В марте 2024 года клада 2.3.4.4b HPAIV H5N1 была впервые обнаружена у молочных коров в Техасе, США, и продолжает циркулировать на молочных фермах в нескольких штатах, 68 человек заразились от коров [273]. В настоящее время не зарегистрировано ни одного случая передачи H5N1 от человека к человеку: случаи птичьего гриппа у людей были связаны с тесным контактом с заражённой средой, а также с заражёнными птицами (в том числе домашней птицей), молочными коровами и другими животными [212]. По состоянию на конец 2024 года в популяциях диких птиц преобладают два особенно опасных штамма IAV – H5N1 и H7N9 оба они передались людям и вызывают инфекции с высоким уровнем смертности.

Поскольку почти все известные подтипы гриппа А (кроме гриппа летучих мышей) существуют в водоёмах для водоплавающих птиц, грипп не является искореняемой болезнью, профилактика и контроль – единственные реалистичные цели [257-259]. Результаты недавних исследований показывают, насколько легко этот вирус может эволюционировать, чтобы распознавать рецепторы человеческого типа [152, 212]. Риск возникновения пандемии H5N1 среди людей растёт [30, 109, 274]. Эксперты считают, что для контроля над вирусом, выявления или предотвращения его мутации и прямого заражения людей, а также для предотвращения глобальной вспышки необходимо тщательно отслеживать случаи заражения животных [212]. Отслеживание изменений в специфичности рецепторов имеет решающее значение, поскольку связывание с рецепторами является ключевым шагом на пути к передаче вируса [152].

Учитывая периодичность пандемий гриппа А, системы здравоохранения должны постоянно готовиться к возможным глобальным вспышкам в ближайшем будущем [1, 8, 11, 12, 15, 16, 19, 20, 23, 24, 259].

Генипавирусы. Вирус Нипах (NiV) – переносимый летучими мышами зоонозный вирус, с 1998 года вызывающий вирусную инфекцию Нипах у людей и других животных, заболевание с очень высоким уровнем смертности (41–75%). Вызывает почти ежегодные вспышки смертельного энцефалита у людей в Южной и Восточной Азии – одном из самых густонаселенных регионов на Земле [34, 76, 223]. Из-за отсутствия вакцин и эффективных противовирусных препаратов энцефалит Нипах представляет большую угрозу для здоровья населения. NiV следует довольно распространённой в природе стратегии заражения человека путём промежуточной адаптации у животных-резервуаров [223]. Фруктовые летучие лисицы рода *Pteropus* являются естественным хозяином и резервуаром вируса Нипах. Во время вспышки в Малайзии инфекция передавалась от летучих мышей свиньям (хозяин-посредник), а затем от свиней к человеку [223]. Хотя энцефалит и поражение ЦНС в первую очередь ответственны за смертельное клиническое заболевание у людей, у свиней наблюдаются в основном респираторные симптомы [75, 76, 100, 110].

В Бангладеш передача инфекции происходит от летучих лисиц непосредственно людям, при этом регистрируется ещё более высокий уровень смертности [158]. Два смертельных случая тяжёлой вирусной инфекции Нипах зарегистрированы в Бангладеш в январе и феврале 2024 года. В анамнезе у пациентов было регулярное употребление сырого сока финиковой пальмы, который был контаминирован NiV через мочу и экскременты летучих лисиц [271]. С 17 мая по 12 июня 2025 года в Индии зарегистрировано четыре подтверждённых случая заражения NiV, в том числе два смертельных [266]. В отсутствие лицензированной вакцины и лечения усилия органов здравоохранения должны быть сосредоточены на повышении осведомленности о факторах риска и обеспечении профилактических мер для снижения воздействия вируса, а также на раннем выявлении случаев заболевания [266].

Антигенная, серологическая и молекулярная характеристика этого вируса показала перекрестную реакцию с антителами к вирусу Хендра (HeV), другому представителю рода *Henipavirus* [155, 223]. Важной характеристикой NiV является его широкий клеточный тропизм, в том числе к клеткам человека. Эфрины B2 и B3 были идентифицированы как основные рецепторы вируса Нипах [34, 56, 83, 180, 280]. Подтипы эфринов имеют сложное распределение экспрессии по всему телу, при этом B3 особенно активно экспрессируется в некоторых областях переднего мозга. В случаях заражения NiV у людей тяжесть респираторных симптомов может различаться, но указывается на важную роль респираторных секретов в передаче NiV от человека к человеку [158]. Вырубка лесов была признана ключевым фактором вспышки NiV в Малайзии в 1998–1999 годах, поскольку она увеличила количество контактов людей с летучими мышами, заражёнными вирусом [75, 208]. Серьезные климатические изменения также сыграли роль в возникновении вспышек вируса Нипах в Бангладеш и

Индии, когда наблюдались экстремальные температуры и участились случаи засухи, связанные с явлением Эль-Ниньо [208].

Генипавирусы. Вирус Хендра (*Hendra henipavirus, HeV*) – зоонозный вирус, встречающийся исключительно в Австралии с 1994 года. Это еще один вирус, переносимый летучими мышами, который передается домашним животным, в данном случае лошадям, а затем и людям с высоким уровнем смертности 50-75% [163]. Резервуаром вируса Хендра являются четыре вида летучих мышей из рода *Pteropus*, обитающих в Австралии. [96, 163]. Эфрин В2 был идентифицирован как основной рецептор для генипавирусов [149]. *HeV* тесно связан с зооночным генипавирусом Нипах, который также является вирусом летучих мышей. *HeV* мутирует – в 2021 году у двух видов летучих лисиц в Австралии был выявлен новый вариант вируса Хендра под названием «вирус Хендра генотип 2» (*HeV-g2*), он имеет 84% гомологии последовательности с другими опубликованными геномами вируса Хендра. Этот вариант был выявлен как минимум у двух лошадей, у которых были признаки заражения вирусом Хендра [38].

Вызывает озабоченность доказанная способность генипавирусов вызывать эпидемические вспышки с высоким уровнем смертности, что делает необходимым разработку новых подходов для выявления территорий, подверженных риску возникновения новых инфекционных заболеваний. Одно из таких направлений заключается в моделировании экологической ниши возбудителя и его резервуарного хозяина с использованием климатических данных для прогнозирования их географического распространения [99].

Коронавирусы SARS-CoV, MERS-CoV и SARS-CoV-2 (вызывающие заболевания SARS, MERS и COVID-19 соответственно) представляют собой примеры того, как вирусы могут переходить от животных к человеку, приобретать способность распространяться от человека к человеку, а затем с огромной скоростью распространяться по всему земному шару в результате авиаперелетов. Эти три вируса, которые вызывают тяжелые респираторные заболевания и могут быть смертельными, возникли у летучих мышей и передались человечеству в результате тесного контакта с промежуточным животным [151]. SARS (ТОРС) возник в Китае в 2002 году, MERS – на Аравийском полуострове в 2015 г., а COVID-19 – в Ухане, Китай, в конце 2019 г.

Тяжелый острый респираторный синдром (SARS) – вирусное респираторное заболевание зоонозного происхождения, вызываемое вирусом SARS-CoV-1, первым идентифицированным штаммом коронавируса, родственным атипичной пневмонии [35]. Первые известные случаи произошли в китайской провинции Гуандун в ноябре 2002 г., и синдром стал причиной вспышки атипичной пневмонии в 2002-2004 гг. В 2010-х годах китайские ученые проследили путь заражения вирусом через азиатских пальмовых циветт до летучих мышей (пещерных подковоносов), переносящих вирус [256]. Вирус был сезонным у летучих мышей [205]. SARS был относительно редким заболеванием, на

конец эпидемии в июне 2003 г. заболеваемость составила 8 469 случаев с летальностью 11% [68]. С 2004 года в мире не было зарегистрировано ни одного случая заболевания SARS-CoV-1 [216]. А в 2019 г. вирус, похожий на SARS-CoV-1, вызвал кластер инфекций в Ухане, что в конечном итоге привело к пандемии COVID-19.

Появление коронавируса ближневосточного респираторного синдрома (MERS-CoV) произошло довольно обычно. Пациенту с тяжелым респираторным заболеванием в Джидде, Саудовская Аравия, долго не могли поставить диагноз. Образец мокроты не показал положительных результатов ни в одном из анализов на известные вирусы. Позже в лаборатории Роттердама, Нидерланды, вирус был идентифицирован как новый коронавирус, который никогда раньше не наблюдался [79]. Этот новый коронавирус, который теперь называется коронавирусом ближневосточного респираторного синдрома (MERS-CoV), был выявлен в нескольких странах Ближнего Востока и Европы, при этом первичные инфекции были обнаружены в Саудовской Аравии, Катаре, Иордании и Объединенных Арабских Эмиратах (ОАЭ). Инфекции в Великобританию, Тунис, Францию, Италию и Германию были завезены с Ближнего Востока. MERS-CoV был секвенирован, и последовательность его генома относит его к тому же подсемейству (Группа 2), что и коронавирус SARS (SARS-CoV-1), но к новой линии (называемой Группой 2с) [255]. С момента первого сообщения о MERS-CoV в Саудовской Аравии в 2012 году до 2025 года в ВОЗ поступили сообщения о 2627 лабораторно подтвержденных случаях заражения MERS-CoV из 27 стран всех шести регионов ВОЗ, с 946 летальными исходами (летальность составила 36%). Большинство случаев (2209; 84%) были зарегистрированы в Саудовской Аравии. С 2019 года до 2025 года случаев заражения человека MERS-CoV за пределами Ближнего Востока не было. Однако в период с 1 марта по 21 апреля 2025 года в Саудовской Аравии зарегистрировано девять случаев заражения MERS-CoV, два из которых закончились летальным исходом. Среди заболевших было 6 медработников, заразившихся при уходе за одним инфицированным пациентом [266]. Эти случаи свидетельствуют о том, что вирус продолжает представлять угрозу в странах, где он циркулирует среди одногорбых верблюдов и может распространяться среди населения.

Ближайшими филогенетическими соседями MERS-CoV являются предполагаемые коронавирусы летучих мышей в Китае (BtCoV-HKU4 и BtCoV-HKU5) [279], Нидерландах (BtCoV/VM314/2008) [252] и изолят из Южной Африки [130]. Естественный резервуар MERS-CoV не идентифицирован, хотя его сходство с этими четырьмя другими вирусами предполагает, что он также как SARS-CoV-1 имеет происхождение от летучих мышей [151]. Структура генома MERS-CoV аналогична структуре генома других коронавирусов [252]. Еще одним сходством между MERS-CoV и SARS-CoV-1 является их способность ингибировать устойчивый ответ интерферона I типа (IFN) в инфицированных клетках. Эксперименты по заражению культуры клеток показали, что MERS-CoV не ис-

пользует для проникновения рецептор SARS-CoV, ангиотензинпревращающий фермент 2 (ACE2), и что MERS-CoV имеет гораздо более широкий круг хозяев, чем эпидемический изолят SARS-CoV [67, 107, 126, 135, 139, 182, 207, 221, 269, 282]. В период с 2012 г. по 17 декабря 2022 г., в ВОЗ поступило сообщение о 2600 лабораторно подтвержденных случаях заражения коронавирусом ближневосточного респираторного синдрома (MERS-CoV). Случаи MERS зарегистрированы в 27 странах Ближнего Востока, Северной Африки, Европы, Соединенных Штатов Америки и Азии. БВРС в значительной степени удалось сдержать, но только после этого он распространился на 27 стран и стал причиной 2500 случаев заражения и почти 900 смертей.

Еще в 2013 году ученые из Университета Мэриленда в Балтиморе, США, Coleman и др. [79] представили научный прогноз о коронавирусах: «Учитывая распространение MERS-CoV на Ближнем Востоке, на данный момент можно с уверенностью сказать одно: появление нового коронавируса SARS в 2003 году из зоонозного источника в Китае и его распространение по всему миру не является изолированным случаем распространения коронавирусов. В будущем будут продолжаться события передачи коронавирусной инфекции от животных к человеку. Чем раньше мы оценим эти нынешние угрозы, тем больше людей удастся спасти от инфекции и возможной смерти. Если мы сможем идентифицировать эти вирусы в окружающей среде до того, как они заразят нас, мы сможем лучше защитить себя от будущих инфекций».

Этот прогноз в отношении новых коронавирусов, к сожалению, блестяще подтвердился в 2019 г. пандемией COVID-19. Однако последствия SARS-CoV-2 оказались гораздо более разрушительными. Благодаря запоздалым и несоординированным глобальным мерам реагирования, недостаточным мерам сдерживания и тому факту, что инфицированные люди могут передавать вирус даже при отсутствии симптомов, вирус вышел за рамки возможности контролировать его распространение и привел к всемирной пандемии, которая длится до настоящего времени и стала причиной нескольких миллионов смертей во всем мире. Появление SARS-CoV-2 связано со сложным взаимодействием факторов, включая тесное взаимодействие людей и животных, международные поездки и глобальную торговлю [119]. Предполагается, что вирус возник у летучих мышей и мог передаться человеку через промежуточного носителя, возможно, панголина или летучую мышь. Затем он быстро распространился среди людей путём передачи от человека к человеку. После стольких лет борьбы с зоонозами, эпидемиями и пандемиями можно было ожидать, что SARS-CoV-2 удастся сдержать с самого начала. Очевидно, что этого не произошло. Если удастся выяснить почему, то мы сможем лучше подготовиться к будущим пандемиям.

В последнее время много внимания уделяют «**Патогену (болезни) X**» – теоретически неизвестном гипотетическом новом патогене, который вызовет новую эпидемию или пандемию. Это наименование было принято в 2018 году

ВОЗ в рамках оптимизации планирования и его гибкости, чтобы иметь возможность в экстренном порядке адаптироваться к новому и неизвестному патогену, быстро начав противоэпидемические мероприятия, разработку вакцины или методики лечения [267]. Концепция «болезни X» описывает вполне реальную и растущую угрозу здоровью человека, и мир должен лучше подготовиться к реагированию на нее. Никто не может предсказать, где или когда возникнет следующая болезнь X. Однако несомненно то, что будущая болезнь X существует и в какой-то момент перекинется с животных на людей и начнет распространяться в виде вспышки, эпидемии или пандемии. Последней появившейся болезнью X был вирус SARS-CoV-2, вызывающий COVID-19 [131, 240]. В августе 2022 года в Женеве состоялось совещание ВОЗ, посвящённое обсуждению вероятных кандидатов на роль следующего «патогена X» и стратегий, которые помогли смягчить последствия COVID-19, а также, возможно, позволят обеспечить готовность к следующей пандемии [226]. В первую очередь эксперты рассматривали вирусы животных, теоретически способные заражать человека. С 1901 года уже 188 зоонозных патогенов перешли в человеческую популяцию, и сейчас биологи выделяют еще около 120 таких потенциально опасных для человека «прототипов» из 27 вирусных семейств. Самый свежий пример – оспа обезьян. Раньше фиксировали лишь единичные заражения при контактах с животными, а теперь инфекция вдруг стала активно передаваться от человека к человеку. Кроме того, каждый год возникают новые штаммы птичьего гриппа, некоторые – с очень высокой летальностью. «Патогеном X» может стать и какой-нибудь мутационный гибрид уже известного вируса (например, как это произошло с вирусом чикунгунья).

Недавний пример заражения неизвестным на сегодняшний день патогеном (предположительно вирусом) произошёл в феврале 2025 года в одной из деревень Демократической Республики Конго [266]. По состоянию на 25 февраля 2025 года было зарегистрировано в общей сложности 53 необъяснимых случая смерти неизвестного происхождения. Большинство смертей (50) произошло в одной и той же деревне. Прогрессирование заболевания, по видимому, было быстрым, со средним временем от появления симптомов до смерти один день. Сообщалось о таких симптомах, как лихорадка, озноб, головная боль, мышечные боли, боли в животе, диарея, потливость, головокружение, одышка, возбуждение и другие. Окончательная причина заболевания в настоящее время остается неустановленной, первоначальные образцы дали отрицательный результат на вирусы Эбола и Марбург. Продолжаются дальнейшие лабораторные и полевые исследования для более точной характеристики случаев заболевания и смертей [266].

Заключение

Новые эмерджентные инфекционные болезни (EIDs), впервые возникающие в человеческой популяции, получили официальное признание в последние десятилетия, хотя исторический взгляд, результаты секвенирования микроорганизмов и филогенетических построений показывают, что новые инфекции многократно возникали на протяжении тысячелетий, а особенности их проявления сегодня обусловлены многочисленными факторами и аспектами человеческой деятельности – миграциями, туризмом, беспрецедентным ростом населения планеты, урбанизацией, вырубкой тропических лесов и вторжением человека на новые территории, торговлей и потреблением мяса диких животных, утратой биоразнообразия, изменением климата, изменением системы землепользования, генетическими трансформациями возбудителя, нарушением экологии и др. [10, 13, 19, 143, 144, 153, 170, 171, 177, 178, 228, 233]. К группе EIDs принадлежат главным образом различные зоонозы и трансмиссивные болезни, к ним в частности относятся: СПИД, болезни, вызванные вирусами Нипах, Хендра, SARS, MERS, COVID-19, грипп птиц H5N1 группы А и др.

Для того чтобы зоонозный патоген закрепился в новой популяции носителей (человеческой), он должен попасть в уязвимую группу населения, адаптироваться (эволюционировать с изменением патогенности, инвазивности, возможности рецепторных взаимодействий с клетками нового хозяина для преодоления межвидового барьера), приобрести способность эффективно реплицироваться, передаваться от человека к человеку и вызывать вспышки заболевания [171]. Понимание в каждом конкретном случае EIDs основных факторов, способствующих передаче патогена от диких животных и определяющих способность патогена продуктивно заражать людей и способствовать его дальнейшему распространению, имеет решающее значение для разработки мер, направленных на минимизацию риска вспышек новых эмерджентных болезней.

Уроки нашего времени заключаются в том, что возникновение EIDs – это событие неожиданное и непредсказуемое. Еще один урок, который был извлечен из пандемии COVID-19, состоит в том, что любая вспышка заболевания где-либо сегодня может стать проблемой для всего мира завтра. Эти новые заболевания будут продолжать появляться и бросать вызов способности национальных органов здравоохранения реагировать своевременно. Аналогичным образом способность региональных и глобальных сообществ сотрудничать в борьбе с болезнями, выходящими за пределы национальных границ, станет настоящим испытанием для глобальной безопасности здравоохранения [88, 89, 89, 117, 211, 234, 236]. Для предотвращения будущих пандемий с пока еще неизвестным возбудителем необходимы планирование, комплексный подход, включающий улучшенное наблюдение, возможность быстрого реагирования и более эффективную коммуникацию, координацию между органами здравоохранения на глобальном уровне. Проще говоря, необходимы единство и командная работа.

В соответствии с Указом Президента Российской Федерации от 11 марта 2019 г. N 97 «Об Основах государственной политики Российской Федерации в области обеспечения химической и биологической безопасности на период до 2025 года и дальнейшую перспективу» [23] определены Основы государственной политики Российской Федерации в области обеспечения химической и биологической безопасности на период до 2025 года и дальнейшую перспективу. Согласно Указу, основными задачами государственной политики в области биологической безопасности в числе прочих являются:

- взаимодействие и координация деятельности федеральных органов государственной власти, органов государственной власти субъектов Российской Федерации и органов местного самоуправления при обеспечении химической и биологической безопасности;

- своевременное реагирование органов государственной власти, органов местного самоуправления и организаций на химические и биологические угрозы, а также осуществление ими мер, направленных на предотвращение этих угроз;

- доступность информации и повышение осведомленности населения в области обеспечения химической и биологической безопасности;

- приоритетное обеспечение защищенности потенциально опасных химических и биологических объектов;

- комплексный анализ ситуации, выявление новых угроз;

- разработка современных методов индикации ПБА;

- развитие молекулярной эпидемиологии и создание геоинформационных систем для оперативного реагирования на биологические угрозы;

- обеспечение оперативного реагирования и функционирования референс-центров;

- категорирование и классификация территорий на основании сведений о свойствах выявленных биологических агентов.

Крайне важно решительно действовать в этом направлении, особенно после кризиса COVID-19, чтобы радикально изменить к лучшему то, как мы коллективно управляем планетой в целом. Для эффективного управления EIDs и REIDs требуются развитые системы эпидемиологического надзора, мониторинга вспышек инфекционных заболеваний и хранения данных о инфекционных заболеваниях на национальном уровне, которые предоставляют своевременную, исчерпывающую и актуальную информацию – национальные системы электронного наблюдения (NCDSS – *National communicable diseases surveillance systems*). Одним из перспективных подходов является разработка научно обоснованной методики эпидемиологического мониторинга с применением ГИС-технологий, учитывающей комплексную оценку региональных природных, социально-экономических особенностей и эпидемиологическую обстановку каждого региона страны.

Список литературы

1. Блохин А. Новые и возвращающиеся трансграничные инфекции в жизни человека. Пути к миру и безопасности. 2020;2(59):9-26 DOI: 10.20542/2307-1494-2020-2-9-26.
2. Брико Н.И., Покровский В.И. Глобализация и эпидемический процесс. Эпидемиология и инфекционные болезни. 2010;4:4-10.
3. Брико Н.И., Покровский В.И., Малышев Н.А. Глобализация и распространение инфекционных заболеваний. Прикладная микробиология. 2015;2,1(4):20-28.
4. Брико Н.И., Попович Л.Д., Миндлина А.Я. и др. Сравнительная оценка предотвращаемого социально-экономического ущерба при различных подходах к профилактике вакциноуправляемых инфекций в рамках Национального календаря профилактических прививок. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2020;19(1):4–13. [https://doi: 10.31631/2073-3046-2020-19-1-4-13](https://doi.org/10.31631/2073-3046-2020-19-1-4-13).
5. Брико Н.И., Фельдблюм И.В. Современная концепция развития вакцинопрофилактики в России. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2019;19(5):4 – 13.
6. Грипп: эпидемиология, профилактика и лечение, Сборник статей и тезисов, научно–практическая конференция, Санкт-Петербург. Издательство, «НП–ПРИНТ». 2011;72 с. https://old.influenza.spb.ru/publication/sborniki_and_tezisy_dokladov/rblconf11. (дата обращения 07.08.2025).
7. Кубанова А.А., Кубанов А.А., Мелехина Л.Е. Заболеваемость сифилисом в Российской Федерации за период 2006–2016 гг. Вестник дерматологии и венерологии. 2017;(5):16-25. DOI: 10.25208/0042-4609-2017-93-5-16-25
8. Львов Д.К., Грипп и другие новые и возвращающиеся инфекции Северной Евразии: глобальные последствия. Федер. справочник здравоохранения России. 2010;11:209–220.
9. Львов Д.К. Значение вновь возникающих инфекций и биобезопасности. Вopr. вирусологии. 2002;5:4-7.
10. Львов Д.К. Новые и возвращающиеся инфекции – дремлющий вулкан. 2008;(2(96)):5-8. [https://doi.org/10.21055/0370-1069-2008-2\(96\)-5-8](https://doi.org/10.21055/0370-1069-2008-2(96)-5-8).
11. Львов Д.К. Рождение и развитие вирусологии – история изучения новых и возвращающихся вирусных инфекций. Вопросы вирусологии. 2012; Прил. 1:5-20 <https://cyberleninka.ru/article/n/rozhdenie-i-razvitie-virusologii-istoriya-izucheniya-novyh-i-vozvrashchayuschihsya-virusnyh-infektsiy/viewe>. (дата обращения 07.08.2025).
12. Львов Д.К., Борисевич С.В., Альховский С.В., Бурцева Е.И. Актуальные подходы к анализу вирусных геномов в интересах биобезопасности. Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение. 2019;8(2):96-101. doi: 10.24411/2305-3496-2019-12012
13. Макаров В.В., Смирнов А.М., Сочнев В.В., Алиев А.А. Эмерджентность, чрезвычайные ситуации и зоонозы. Ветеринарная патология. 2004;3:36–45.
14. Малеев В.В. Изменения климата и инфекционная патология. В кн.: Современные проблемы оценки, прогноза и управления экологическими рисками здоровью населения и окружающей среды, пути их рационального решения. Материалы III Международного форума Научного совета Российской Федерации по экологии человека и гигиене окружающей среды. 2018;221-223.
15. Малеев В.В. Некоторые аспекты эволюции инфекционной патологии на современном этапе. Кубанский научный медицинский вестник. 2020;27(4):18-26. <https://doi.org/10.25207/1608-6228-2020-27-4-18-26>.
16. Онищенко Г.Г., Кириллов И.А., Махлай А.А., Борисевич С.В. Ортопоксвирусы: прошлое, настоящее и будущее. Вестник РАМН. 2020;75(4):300-305.

17. Онищенко Г.Г., Кузькин Б.П., Кутырев В.В. и др. Актуальные направления совершенствования лабораторной диагностики особо опасных инфекционных болезней. Пробл. особо опасных инф. 2009;99:5-10.
18. Онищенко Г.Г., Москвитина Э.А., Кругликов В.Д. и др. Эпидемиологический надзор за холерой в России в период седьмой пандемии. Вестник РАМН. 2015;70 (2): 249–256. Doi: 10.15690/vramn.v70i2.1320).
19. Покровский В.И., Брико Н.И. Инфекционные болезни в эпоху глобализации. Вестник Российской АМН. 2010;6-11.
20. Покровский В.И., Малеев В.В. Актуальные вопросы терапии и профилактики в условиях эволюции инфекционных заболеваний. Инфекционные болезни, 2003;1(1):6–8.
21. Рахматулина М.Р., Брико Н.И., Новоселова Е.Ю., Лопухов П.Д. Рост заболеваемости сифилисом в Российской Федерации: иностранные граждане-мигранты как группа риска распространения заболевания. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2023;100(6). DOI: <https://doi.org/10.36233/0372-9311-382>.
22. Ревич Б.А., Платонов А.Е., Малеев В.В., Беэр С.А. Новая угроза. Потепление климата – угроза роста инфекционных и паразитарных заболеваний в России. Москва, 2003.
23. Указ Президента РФ от 11 марта 2019 г. N 97 «Об Основах государственной политики Российской Федерации в области обеспечения химической и биологической безопасности на период до 2025 года и дальнейшую перспективу», <https://base.garant.ru/72192478/> (дата обращения 25.07.2025)
24. Холиков И. Распространение эпидемий, пандемий и массовых заболеваний как глобальный вызов современности. Институт законодательства и сравнительного правоведения при Правительстве Российской Федерации. 2020;2(59) DOI: 10.20542/2307-1494-2020-2-27-40.
25. Хомяков Ю.Н., Хомякова Т.И., Северин С.Е. Угроза развития новых инфекционных болезней. Биобезопасность и молекулярные механизмы патогенеза. Вестн. НИИ молекулярной медицины. 2004;4:6–24.
26. Шкарин В.В., Ковалишена О.В. Новая эра в эволюции инфекционной патологии. Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. 2018;4. DOI: <https://dx.doi.org/10.18565/epidem.2018.4.6-16>.
27. Шкарин В.В., Ковалишена О.В. Современная классификация новых инфекций: новый взгляд на «старую» проблему. Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. 2012;4:53–57.
28. Щелкунов С.Н., Щелкунова Г.А. Нужно быть готовыми к возврату оспы. Вopr. вирусологии. 2019;64 (5) DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-2019-64-5-206-214>.
29. Эпидемиологическая обстановка по природно-очаговым инфекционным болезням на юге европейской части России в 2023 г.: аналитический обзор. Ставрополь: Принт, 2024. 120 с. – ISBN 978-5-9631-1127-7.
30. «The next pandemic: H5N1 and H7N9 influenza?». Gavi, the Vaccine Alliance. 26 March 2021; <https://www.gavi.org/vaccineswork/next-pandemic/h5n1-and-h7n9-influenza> (дата обращения 28.02.2025)
31. «WHO Director-General declares mpox outbreak a public health emergency of international concern (Press release). 14 August 2024 <https://www.who.int/europe/news/item/16-08-2024-who-director-general-declares-mpox-outbreak-a-public-health-emergency-of-international-concern> (дата обращения 28.02.2025).
32. «WHO Fact sheet – Mpox (Monkeypox)». 18 April 2023. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/mpox> (дата обращения 28.02.2025).
33. Adetifa I., Muyembe J-J., Bausch D.G. Mpox neglect and the smallpox niche: a problem for Africa, a problem for the world. The Lancet. 2023;401(10390):1822–1824. doi:10.1016/S0140-6736(23)00588-3. PMID 37146622. S2CID 258441920. (дата обращения 28.02.2025).

34. Aditi M. Shariff. «Nipah virus infection: A review». *Epidemiology and Infection*. 2019;147:E95. doi:10.1017/S0950268819000086.
35. Al-Juhaishi RAM, Aziz N.D. Safety and Efficacy of antiviral drugs against Covid-19 infection: an updated systemic review. *Medical and Pharmaceutical Journal*. 12 September 2022;1(2):45–55. doi:10.55940/medphar20226. ISSN 2957-6067. S2CID 252960321.
36. Anderson B.D, Gray G.C. Emerging and Reemerging Infectious Diseases. *Encyclopedia of Microbiology*. 2014; 112–122.
37. Angius F., Smuts H., Rybkina K. et al. Analysis of a Subacute Sclerosing Panencephalitis Genotype B3 Virus from the 2009-2010 South African Measles Epidemic Shows That Hyperfusogenic F Proteins Contribute to Measles Virus Infection in the Brain. *J Virol*. 2019 Feb 5;93(4):e01700-18. doi: 10.1128/JVI.01700-18. PMID: 30487282; PMCID: PMC6364028.
38. Annand E.J., Horsburgh B.A. Novel Hendra Virus Variant Detected by Sentinel Surveillance of Horses in Australia. *Emerging Infectious Diseases*. 2022;28(3):693–704. doi:10.3201/eid2803.211245.
39. Araf Y., Akter F., Tang Y-D. et al. Omicron Variant of SARS-CoV-2: Genomics, Transmissibility, and Responses to Current COVID-19 Vaccines. *J. Med. Virol*. 2022; 4:1825–1832.
40. Arai Y., Kawashita N., Daidoji T. et al. Novel Polymerase Gene Mutations for Human Adaptation in Clinical Isolates of Avian H5N1 Influenza Viruses. *PLoS Pathog*. 2016;12:e1005583. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1005583> (дата обращения 01.08.2025).
41. Badrane H., Tordo N. Host switching in lyssavirus history from the Chiroptera to the Carnivora orders. *J. Virol*. 2001;75:8096-8104. <https://doi.org/10.1128/jvi.75.17.8096-8104.2001>.
42. Baize S., Pannetier D., Oestereich A. et al. Emergence of Zaire Ebola Virus Disease in Guinea. *N. Engl. J. Med*. 2014;371:1418–1425.
43. Baker R.E., Mahmud A.S., Miller I.F. et al. Infectious disease in an era of global change. *Nat Rev Microbiol*. 2022;20:193–205. <https://doi.org/10.1038/s41579-021-00639-z>.
44. Bats: A Natural History. Hill J.E., Smith J.D. University of Texas Press; 1984; ISBN-10. 0565008773; ISBN-13. 978-0565008772; Hardcover, 243 p. https://books.google.ru/books/about/Bats.html?id=JXXAAAMAIAJ&redir_esc=y (дата обращения 25.07.2025)
45. Baylor College of Medicine; Molecular Virology and Microbiology Emerging Infectious Diseases, 2023; <https://www.bcm.edu/departments/molecular-virology-and-microbiology/emerging-infections-and-biodefense/emerging-infectious-diseases>. (дата обращения 25.07.2025).
46. Bekker L.G. The HIV epidemic 40 years on. *Nat Rev Microbiol*. 2023 Dec;21(12):767-768. doi: 10.1038/s41579-023-00979-y.
47. Beyer R.M., Manica A., Mora C. Shifts in global bat diversity suggest a possible role of climate change in the emergence of SARS-CoV-1 and SARS-CoV-2. *Sci Total Environ*. 2021 May 1;767:145413. doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.145413. Epub 2021 Jan 26. PMID: 33558040; PMCID: PMC7837611.
48. Beyrer C.A. pandemic anniversary: 40 years of HIV/AIDS. *The Lancet*. 2023;397(10290):2142 – 2143.
49. Blehert D., Hicks A.C., Behr M. et al Bat white-nose syndrome: an emerging fungal pathogen? *Science*, 2009;323 (5911):227. DOI: 10.1126/science.1163874.
50. Bordería A.V., Stapleford K.A., Vignuzzi M. RNA Virus Population Diversity: Implications for Inter-Species Transmission. *Curr. Opin. Virol*. 2011;1:643–648.
51. Brook C.E., Boots M., Chandran K. et al. Accelerated viral dynamics in bat cell lines, with implications for zoonotic emergence. *Elife*. 2020 Feb 3;9:e48401. doi: 10.7554/eLife.48401. PMID: 32011232; PMCID: PMC7064339.
52. Brown L., Medlock J., Murray V. Impact of drought on vector-borne diseases – how does one manage the risk?. *Public Health*. 2014; 128(1): 29–37. doi: 10.1016/j.puhe.2013.09.006.
53. Burnet F.M. Natural history of infectious disease. White, David O. (3rd ed.). Cambridge [England]: University Press (1962) ISBN 0-521-04392-1.

54. Burnet F.M. Natural history of infectious disease. White, David O. (4rd ed.). Cambridge [England]: University Press (1972) ISBN 0-521-04392-1.
55. Butera Y., Mutesa, Parker E. et al. Genomic and transmission dynamics of the 2024 Marburg virus outbreak in Rwanda. *Nat Med.* 2025 Feb;31(2):422-426. doi: 10.1038/s41591-024-03459-9. PMID: 39681304; PMCID: PMC11835718.
56. Byrne P.O., Fisher B.E., Ambrozak D.R. et al. Structural basis for antibody recognition of vulnerable epitopes on Nipah virus F protein. *Nat Commun.* 2023 Mar 17;14(1):1494. doi: 10.1038/s41467-023-36995-y. PMID: 36932063
57. Calisher C.H., Childs J.E., Field H.E. et al. Bats: important reservoir hosts of emerging viruses. *Clin Microbiol Rev.* 2006 Jul;19(3):531-45. doi: 10.1128/CMR.00017-06.
58. Caminade C., McIntyre K.M., Jones A.E. Impact of recent and future climate change on vector-borne diseases. *Ann N Y Acad Sci.* 2019 Jan;1436(1):157-173. doi: 10.1111/nyas.13950.
59. Carrat F., Flahault A. Influenza Vaccine: The Challenge of Antigenic Drift. *Vaccine* 2007;25:6852–6862.
60. Cattarino L. Rodriguez-Barraquer I., Imai N. Cummings DAT, Ferguson N.M. Mapping global variation in dengue transmission intensity. *Sci Transl Med.* 2020 Jan 29;12(528):eaax4144. doi: 10.1126/scitranslmed.aax4144. PMID: 31996463.
61. Causey D., Edwards S.V. Ecology of avian influenza virus in birds. *J. Infect. Dis.* 2008;197:S29–S33. doi: 10.1086/524991. https://academic.oup.com/jid/article/197/Supplement_1/S29/842172
62. CDC «2009 H1N1 Pandemic (H1N1pdm09 virus)». Archive: Centers for Disease Control and Prevention. 11 June 2019. Retrieved 21 June 2024. https://archive.cdc.gov/www_cdc_gov/flu/pandemic-resources/2009-h1n1-pandemic.html (дата обращения 01.08.2025).
63. CDC. «Transmission of Bird Flu Viruses Between Animals and People». 15 May 2024. Centers for Disease Control and Prevention. https://www.cdc.gov/bird-flu/virus-transmission/?CDC_AAref_Val=https://www.cdc.gov/flu/avianflu/virus-transmission.htm (дата обращения 01.08.2025).
64. CDC. Influenza A Subtypes and the Species Affected | Seasonal Influenza (Flu) |. Centers for Disease Control and Prevention. 13 May 2024. Retrieved 17 June 2024. <https://www.cdc.gov/flu/about/viruses-types.html> (дата обращения 02.08.2025).
65. CDC. Outbreak of Nipah Virus – Malaysia and Singapore, 1999. *Morb. Mortal Weekly Rep.* 1999;48:335–337. <https://www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/00057012.htm>. (дата обращения 02.08.2025).
66. Chan J.F., To K.K., Tse H. et al. Interspecies transmission and emergence of novel viruses: lessons from bats and birds. *Trends in Microbiology.* 2013;21(10):544-55. doi:10.1016/j.tim.2013.05.005.
67. Chan R.W.Y., Chan M.C.W., Agnihothram S. et al. Tropism and innate immune responses of the novel human betacoronavirus lineage C virus in human ex vivo respiratory organ cultures. *J Virol.* 2013;87:6604–6614.
68. Chan-Yeung M., Xu R.H. «SARS: epidemiology». *Respirology.* November 2003;8(s1): 9-14. doi:10.1046/j.1440-1843.2003.00518.x.
69. Chen J., Deng Y.M. Influenza virus antigenic variation, host antibody production and new approach to control epidemics. *Virol. J.* 2009;6: 30.
70. Chen K.T. Emerging Infectious Diseases and One Health: Implication for Public Health. *Int J Environ Res Public Health.* 2022 Jul 26;19(15):9081. doi: 10.3390/ijerph19159081.
71. Chen L.H., Hamer D.H. Ideas and Opinions. Zika Virus: Rapid Spread in the Western Hemisphere. *Annals of Internal Medicine.* 2016;164:613-615. <https://doi.org/10.7326/M16-0150>.
72. Chikungunya virus disease worldwide overview. ECDC Situation update, June 2025 <https://www.ecdc.europa.eu/en/chikungunya-monthly> (дата обращения 28.04.2025).
73. Chin C.S., Sorenson J., Harris J.B. et al. The origin of the Haitian cholera outbreak strain. *N. Engl. J. Med.* 2011;364: 33–42.

74. Chowell G., Abdirizak F.; Lee S. et al. Transmission Characteristics of MERS and SARS in the Healthcare Setting: A Comparative Study. *BMC Med.* 2015;13:210.
75. Chua K.B. Nipah virus outbreak in Malaysia. *Journal of Clinical Virology.* 2003;26:265–275. doi: 10.1016/S1386-6532(02)00268-8.
76. Chua K.B., Chua B.H., Wang C.W. Anthropogenic deforestation, El Niño and the emergence of Nipah virus in Malaysia. *Malaysian Journal of Pathology.* 2002;24(1):15-21.
77. Clardy J., Fischbach M.A., Currie C.R. The natural history of antibiotics. *Curr Biol.* 2009 Jun 9;19(11):R437-41. doi: 10.1016/j.cub.2009.04.001. PMID: 19515346; PMCID: PMC2731226.
78. Clifford A.C., Lee K.M., Aguiar R. et al. Policies to prevent zoonotic spillover: protocol for a systematic scoping review of evaluative evidence. *BMJ Open.* 2022;12:e058437. doi: 10.1136/bmjopen-2021-058437.
79. Coleman C.M., Frieman M.B. Emergence of the Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus. *PLoS Pathog.* 2013;9(9): e1003595. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1003595>.
80. Committee on Emerging Microbial Threats to Health. *Emerging Infections. Microbial Threats to Health in the United States* (eds Lederberg, J., Shope, R. E. & Oaks, S. C.) (National Academy Press, Washington DC, 1992). DOI: 10.17226/2008. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25121245/>
81. Cunha B.A. Historical aspects of infectious diseases, part I. *Infect. Clin. N. Am.* 2004;18:11–15. doi: 10.1016/S0891-5520(03)00098-9.
82. Current ICTV Taxonomy Release. Taxonomy Browser. Virus Taxonomy. February 2025 <https://ictv.global/taxonomy> (дата обращения 25.07.2025).
83. Dang H.V., Cross R.W., Borisevich V. et al. Broadly neutralizing antibody cocktails targeting Nipah virus and Hendra virus fusion glycoproteins. *Nat Struct Mol Biol.* 2021 May;28(5):426-434. doi: 10.1038/s41594-021-00584-8. Epub 2021 Apr 29. PMID: 33927387.
84. D'arc M., Ayoub A., Esteban A. et al. Origin of the HIV-1 group O epidemic in western lowland gorillas. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2015 Mar 17;112(11):E1343-52. doi: 10.1073/pnas.1502022112. Epub 2015 Mar 2. PMID: 25733890; PMCID: PMC4371950.
85. Davies M.R., Keller N., Brouwer S et al. Detection of *Streptococcus pyogenes* M1UK in Australia and characterization of the mutation driving enhanced expression of superantigen SpeA. *Nat Commun.* 2023;14:1051. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-36717-4>.
86. Destoumiex-Garzón D., Mavingui P., Boetsch G. et al. The one health concept: 10 years old and a long road ahead. *Front. Vet. Sci.* 2018;5:4. doi: 10.3389/fvets.2018.00014.
87. Devnath P., Masud H.M. Nipah virus: a potential pandemic agent in the context of the current severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 pandemic. *New Microbes New Infect.* 2021 May;41:100873. doi: 10.1016/j.nmni.2021.100873. Epub 2021 Mar 19. PMID: 33758670; PMCID: PMC7972828.
88. Di Marco M., Baker M.L., Daszak P. et al. Opinion: sustainable development must account for pandemic risk. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2020;117:3888–3892 <https://doi.org/10.1073/pnas.2001655117>.
89. Di Marco M., Watson J.E., Currie D. J. et al. The extent and predictability of the biodiversity-carbon correlation. *Ecol. Lett.* 2018;21:365–375. <https://doi.org/10.1111/ele.12903>.
90. Dobson A.P. Virology. What links bats to emerging infectious diseases? *Science.* 2005 Oct 28;310(5748):628-9. doi: 10.1126/science.1120872. PMID: 16254175.
91. Dobzhansky Th. (July–August 1937). «Genetic Nature of Species Differences». *The American Naturalist.* 71 (735): 404-420. doi:10.1086/280726. JSTOR 2457293. S2CID 85048832.
92. Dolja V.V., Koonin E.V. Metagenomics reshapes the concepts of RNA virus evolution by revealing extensive horizontal virus transfer. *Virus Res.* 2018 Jan 15;244: 36-52. doi: 10.1016/j.virusres.2017.10.020. Epub 2017 Nov 8.
93. Domingo E. Mechanisms of viral emergence. *Vet Res.* 2010 Nov-Dec;41(6):38. doi: 10.1051/vetres/2010010. Epub 2010 Feb 5. PMID: 20167200; PMCID: PMC2831534.

94. Dortmans J., Dekkers J., Wickramasinghe I. et al. Adaptation of novel H7N9 influenza A virus to human receptors. *Sci Rep.* 2013;3: 3058. <https://doi.org/10.1038/srep03058>.
95. ECDC. Factsheet on swine influenza in humans and pigs. 15 June 2017. Retrieved 14 Mar 2023. <https://www.ecdc.europa.eu/en/swine-influenza/factsheet> (дата обращения 28.06.2025).
96. Edson D., Field H., McMichael L et al. Routes of Hendra Virus Excretion in Naturally-Infected Flying-Foxes: Implications for Viral Transmission and Spillover Risk. *PLoS ONE.* 2015;10:e0140670. doi: 10.1371/journal.pone.0140670.
97. Emerging infectious disease. Disease surveillance, en.wikipedia.org/wiki/Emerging_infectious_disease, https://en.wikipedia.org/wiki/Disease_surveillance . This page was last edited on 5 July 2025. (дата обращения: 30.07.2025).
98. Enchéry F., Horvat B. Understanding the interaction between henipaviruses and their natural host, fruit bats: Paving the way toward control of highly lethal infection in humans. *International Reviews of Immunology.* 2017;36:108-121.
99. Escobar L.E., Craft M.E. Advances and limitations of disease biogeography using ecological niche modeling. *Front Microbiol.* 2016;7:1–21. doi: 10.3389/fmicb.2016.01174.6.
100. Escudero-Pérez B., Lalande A., Mathieu C., Lawrence P. Host-Pathogen Interactions Influencing Zoonotic Spillover Potential and Transmission in Humans. *Viruses.* 2023 Feb 22;15(3):599. doi: 10.3390/v15030599.
101. Fauci A.S. Infectious diseases: Considerations for the 21st century. *Clin. Infect. Dis.* 2001;32:675–685. doi: 10.1086/319235.
102. Fine Maron D. National Geographic; 2019. 1 in 4 mammal and bird species are part of global trade. Here's what may be next. <https://www.nationalgeographic.com/animals/2019/10/wildlife-trade-species/> (дата обращения 28.02.2025).
103. Fisher M.C., Henk D.A., Briggs C.J. et al. Emerging fungal threats to animal, plant and ecosystem health. *Nature.* 2012;484:186–194 <https://doi.org/10.1038/nature10947>.
104. Flick R., Bouloy M. Rift Valley fever virus. *Curr Mol Med.* 2005 Dec;5(8):827-34. doi: 10.2174/156652405774962263. PMID: 16375716.
105. Frost S.D.W, Magalis B.R., Kosakovsky P.S.L. Neutral Theory and Rapidly Evolving Viral Pathogens. *Mol Biol Evol.* 2018 Jun; 1;35(6):1348-1354. doi: 10.1093/molbev/msy088. PMID: 29688481; PMCID: PMC6279309.
106. Ge X.Y., Li J.L., Yang X.L., Chmura A.A. et al. Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. *Nature.* 2013;503:535–8.
107. Gierer S., Bertram S., Kaup F. et al. The spike-protein of the emerging betacoronavirus EMC uses a novel coronavirus receptor for entry, can be activated by TMPRSS2 and is targeted by neutralizing antibodies. *J Virol.* 2013;87:5502–5511.
108. Gilbert M.T.P., Rambaut A., Wlasiuk G. et al. The Emergence of HIV/AIDS in the Americas and Beyond. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2007;104:18566–18570.
109. Global Avian Influenza Viruses with Zoonotic Potential situation update. Food and Agriculture Organization (FAO) of the United Nations. 26 June 2025. Animal health. <https://www.fao.org/animal-health/situation-updates/global-aiv-with-zoonotic-potential/en> (дата обращения 28.07.2025).
110. Goh K-T., Cutter J., Heng B-H. et al. Epidemiology and Control of SARS in Singapore. *Ann. Acad. Med. Singap.* 2006;35:301–316.
111. Gómez R.R., Wang L-F., Lee B. et al. Nipah@20: Lessons Learned from Another Virus with Pandemic Potential. *mSphere.* 5:10.1128/msphere.00602-20. <https://doi.org/10.1128/msphere.00602-20>. (дата обращения 01.08.2025).
112. Gortazar C., Reperant L.A., Kuiken T. et al. Crossing the Interspecies Barrier: Opening the Door to Zoonotic Pathogens *PLoS Pathog.* 2014 Jun 19;10(6):e1004129. doi: 10.1371/journal.ppat.1004129. PMID: 24945247; PMCID: PMC4063970.

113. Gould A.R. Comparison of the deduced matrix and fusion protein sequences of equine morbillivirus with cognate genes of the Paramyxoviridae. *Virus Res.* 1996 Jul;43(1):17-31. doi: 10.1016/0168-1702(96)01308-1. PMID: 8822631.
114. Greer A., Ng V., Fisman D. Climate change and infectious diseases in North America: the road ahead. *CMAJ.* 2008;178:715–722. doi 10.1503/cmaj.081325.
115. Guerra F.M., Bolotin S., Lim G. et al. The Basic Reproduction Number (R0) of Measles: A Systematic Review. *Lancet Infect Dis.* 2017;17:e420–e428.
116. Hamblion E.L., Raftery P., Wendland A. et al. The challenges of detecting and responding to a Lassa fever outbreak in an Ebola-affected setting. *International Journal of Infectious Diseases.* January 2018;66:65-73 DOI: 10.1016/j.ijid.2017.11.007.
117. Hanspach J., Abson David J., Collier N.F. et al. From trade-offs to synergies in food security and biodiversity conservation. *Front. Ecol. Environ.* 2017;15:489–494. <https://doi.org/10.1002/fee.1632>.
118. Harvey W.T., Carabelli A.M., Jackson B. et al. SARS-CoV-2 variants, spike mutations and immune escape. *Nat Rev Microbiol.* 2021;19, 409–424. <https://doi.org/10.1038/s41579-021-00573-0>.
119. Hassani A., Khan G. Human-Animal Interaction and the Emergence of SARS-CoV-2. *JMIR Public Health Surveill.* 2020 Oct 7;6(4):e22117. doi: 10.2196/22117. PMID: 33001837; PMCID: PMC7546868.
120. Hawman D.W., Feldmann H. Crimean–Congo haemorrhagic fever virus. *Nat Rev Microbiol.* 2023;21:463–477. <https://doi.org/10.1038/s41579-023-00871-9>.
121. He J-F., Min J., Yu D. et al. Molecular evolution of the SARS coronavirus during the course of the SARS epidemic in China. *Science.* 2004;303:1666–1669. doi: 10.1126/science.1092002.
122. Health Encyclopedia, ©2023 University of Rochester Medical Center Rochester, NY2023 URM / Encyclopedia / Emerging Infectious Diseases, /<https://www.urmc.rochester.edu/encyclopedia/content.aspx?contenttypeid=85&contentid=P01431> (дата обращения 28.06.2025).
123. Henderson D.A. Smallpox. The Death of a Disease. The Inside Story of Eradicating a Worldwide Killer. *J Community Health.* 2010;35:104–105 (2010). <https://doi.org/10.1007/s10900-009-9187-z>.
124. Herfst S., Böhringer M., Karo B. et al. Drivers of airborne human-to-human pathogen transmission. *Curr Opin Virol.* 2017 Feb;22:22-29. doi: 10.1016/j.coviro.2016.11.006. PMID: 27918958; PMCID: PMC7102691.
125. Hill J.E., Smith J.D. Bats: a natural history. University of Texas Press. 1984; 243 p. <https://archive.org/details/batsnaturalhisto0000unse>.
126. Hill-Cawthorne G.A., Sorrell T.C. Future directions for public health research in emerging infectious diseases. *Public Health Res Pract.* 2016 Dec 14;26(5):2651655. doi: 10.17061/phrp2651655. PMID: 27997934.
127. Horefti E. The Importance of the One Health Concept in Combating Zoonoses. *Pathogens.* 2023;12(8):977. <https://doi.org/10.3390/pathogens12080977>.
128. Hozhabri H., Picci Sparascio F., Sohrabi H. et al. The Global Emergency of Novel Coronavirus (SARS-CoV-2): An Update of the Current Status and Forecasting. *Int J Environ Res Public Health.* 2020 Aug 5;17(16):5648. doi: 10.3390/ijerph17165648. PMID: 32764417; PMCID: PMC7459861.
129. Influenza A. virus subtype H5N1. 2025. https://en.wikipedia.org/wiki/Influenza_A_virus_subtype_H5N1 (дата обращения 28.06.2025).
130. Ithete N.L., Stoffberg S., Corman V.M. et al. Close relative of human Middle East respiratory syndrome coronavirus in bat, South Africa. *Emerg Infect Dis.* 2013 Oct;19(10):1697-9. doi: 10.3201/eid1910.130946. PMID: 24050621.
131. Jiang S., Shi Z.L. The First Disease X is Caused by a Highly Transmissible Acute Respiratory Syndrome Coronavirus. *Virol Sin.* 2020 Jun;35(3):263-265. doi: 10.1007/s12250-020-00206-5.

132. Johnson N.P., Mueller J. Updating the accounts: global mortality of the 1918-1920 «Spanish» influenza pandemic. *Bull Hist Med.* 2002 Spring;76(1):105-15. doi: 10.1353/bhm.2002.0022. PMID: 11875246.
133. Johnson S., Henschke N., Maayan N. et al. Ribavirin for treating Crimean Congo haemorrhagic fever. *Cochrane Database Syst Rev.* 2018 Jun 5;6(6):CD012713. doi: 10.1002/14651858.
134. Jones K.E., Patel N.G., Levy M.A. et al. Global trends in emerging infectious diseases. *Nature.* 2008 Feb 21;451(7181):990-3. doi: 10.1038/nature06536.
135. Josset L., Menachery V.D., Gralinski L.E. et al. Cell host response to infection with novel human coronavirus EMC predicts potential antivirals and important differences with SARS coronavirus. *mBio.* 2013 Apr 30;4(3):e00165-13. doi: 10.1128/mBio.00165-13. PMID: 23631916; PMCID: PMC3663187.
136. Katz L.S., Petkau A., Beaulaurier J. et al. Evolutionary dynamics of *Vibrio cholerae* O1 following a single-source introduction to Haiti. *mBio.* 2013 Jul 2;4(4):e00398-13. doi: 10.1128/mBio.00398-13. PMID: 23820394; PMCID: PMC3705451.
137. Keesing F., Ostfeld R.S. Impacts of biodiversity and biodiversity loss on zoonotic diseases, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 2021;118 (17) e2023540118, <https://doi.org/10.1073/pnas.2023540118>.
138. Kemp S.A., Collier D.A., Datir R.P. et al. SARS-CoV-2 Evolution during Treatment of Chronic Infection. *Nature.* 2021 Feb 5;592(7853):277–282. doi: 10.1038/s41586-021-03291-y.
139. Kindler E., Jónsdóttir H.R., Muth D. et al. Efficient replication of the novel human betacoronavirus EMC on primary human epithelium highlights its zoonotic potential. *mBio.* 2013 Feb 19;4(1):e00611-12. doi: 10.1128/mBio.00611-12. PMID: 23422412; PMCID: PMC3573664.
140. King K.C., Hall M.D., Wolinska J. Infectious disease ecology and evolution in a changing world. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 2023 Mar 27;378(1873):20220002. doi: 10.1098/rstb.2022.0002. PMID: 36744560; PMCID: PMC9900701. <https://doi.org/10.1098/rstb.2022.0002>.
141. Knobler S.L., Mack A., Mahmoud A., Lemon S.M., editors. Institute of Medicine (US) Forum on Microbial Threats. The Threat of Pandemic Influenza: Are We Ready? Workshop Summary. Washington (DC): National Academies Press (US); 2005. PMID: 20669448. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20669448/>.
142. Kuhn J.H., Alkhovsky S.V., Avšič-Županc T. et al. ICTV Virus Taxonomy Profile: Nairoviridae 2024. *J Gen Virol.* 2024 Apr;105(4):001974. doi: 10.1099/jgv.0.001974. PMID: 38687001; PMCID: PMC11094370.
143. Kumar N., Kaushik R., Tennakoon C. et al. Evolutionary signatures governing the codon usage bias in coronaviruses and their implications for viruses infecting various bat species. *Viruses.* 2021;13:1847. doi: 10.3390/v13091847.
144. Kumar N., Uversky V.N., Tomar S. et al. Editorial: Emerging and re-emerging viral zoonoses. *Front. Microbiol., Sec. Virology.* 18 August 2022;13:2022 | <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.978259>
145. Languon S., Quaye O. Filovirus Disease Outbreaks: A Chronological Overview. *Virology (Auckl).* 2019 Jun 21;10:1178122X19849927. doi: 10.1177/1178122X19849927. PMID: 31258326; PMCID: PMC6589952.
146. Lawrence P., Escudero-Pérez B. Henipavirus Immune Evasion and Pathogenesis Mechanisms: Lessons Learnt from Natural Infection and Animal Models. *Viruses.* 2022 Apr 29;14(5):936. doi: 10.3390/v14050936. PMID: 35632678; PMCID: PMC9146692.
147. Laxminarayan R., Duse A., Wattal C. et al. Antibiotic resistance-the need for global solutions. *Lancet Infect Dis.* 2013 Dec;13(12):1057-98. doi: 10.1016/S1473-3099(13)70318-9.
148. Le Duc J.W., Sorvillo T.E. A Quarter Century of Emerging Infectious Diseases – Where Have We Been and Where Are We Going? *Acta Med Acad.* 2018 May;47(1):117-130. doi: 10.5644/ama2006-124.222. PMID: 29957979.;

149. Lee B., Ataman Z.A. Modes of paramyxovirus fusion: a Henipavirus perspective. *Trends in Microbiology*. 2021;19 (8):389–399. doi:10.1016/j.tim.2011.03.005
150. Leroy E.M., Kumulungui B., Pourrut X. et al. Fruit bats as reservoirs of Ebola virus. *Nature*. 2005 Dec 1;438(7068):575–6. doi: 10.1038/438575a. PMID: 16319873.
151. Li W., Shi Z., Yu M. et al. Bats are natural reservoirs of SARS-like coronaviruses. *Science*. 2005 Oct 28;310(5748):676–9. doi: 10.1126/science.1118391. Epub 2005 Sep 29. PMID: 16195424.
152. Lin T.H., Zhu X., Wang S. et al. A single mutation in bovine influenza H5N1 hemagglutinin switches specificity to human receptors. *Science*. 2024;386(6726):1128–1134. doi: 10.1126/science.adt0180. PMID: 39636969.
153. Lindahl J.F., Grace D. The consequences of human actions on risks for infectious diseases: A review. *Infect. Ecol. Epidemiol*. 2015;5:30048. doi: 10.3402/iee.v5.30048.
154. Lobigs M., Diamond M.S. Feasibility of cross-protective vaccination against flaviviruses of the Japanese encephalitis serocomplex. *Expert Rev Vaccines*. 2012;11(2):177–87. doi:10.1586/erv.11.180.
155. Looi L.M., Chua K.B. Lessons from the Nipah virus outbreak in Malaysia. *Malays J Pathol*. 2007 Dec;29(2):63–7. PMID: 19108397..
156. Lorenzo Juanes H.M., Carbonell C. et al. Crimean-Congo Hemorrhagic Fever, Spain, 2013–2021. *Emerg Infect Dis*. 2023 Feb;29(2):252–259. doi: 10.3201/eid2902.220677. PMID: 36692301; PMCID: PMC9881766.
157. Lu H., Stratton C.W., Tang Y.W. Outbreak of pneumonia of unknown etiology in Wuhan, China: The mystery and the miracle. *J Med Virol*. 2020 Apr;92(4):401–402. doi: 10.1002/jmv.25678. Epub 2020 Feb 12. PMID: 31950516; PMCID: PMC7166628.
158. Luby S.P., Gurley E.S., Hossain M.J. Transmission of human infection with Nipah Virus. *Clinical Infectious Diseases*. 2009;49:1743–1748. doi: 10.1086/647951
159. Luis A.D., Hayman D.T.S., O’Shea T.J. et al. A comparison of bats and rodents as reservoirs of zoonotic viruses: are bats special? *Proc Biol Sci*. 2013 Feb 1;280(1756):20122753. doi: 10.1098/rspb.2012.2753. PMID: 23378666; PMCID: PMC3574368.
160. Mackenzie J.S., Jeggo M. Reservoirs and vectors of emerging viruses. *Curr Opin Virol*. 2013 Apr;3(2):170–9. doi: 10.1016/j.coviro.2013.02.002. Epub 2013 Mar 13. PMID: 23491947
161. Mahan M.J., Kubicek-Sutherland J.Z., Heithoff D.M. Rise of the microbes. *Virulence*. 2013 Apr 1;4(3):213–22. doi: 10.4161/viru.23380 Epub 2013 Jan 18.
162. Martin G., Yanez-Arenas C., Chen C. et al. Climate Change Could Increase the Geographic Extent of Hendra Virus Spillover Risk. *Ecohealth*. 2018 Sep;15(3):509–525. doi: 10.1007/s10393-018-1322-9. Epub 2018 Mar 19. PMID: 29556762; PMCID: PMC6245089
163. Martin G.A., Yanez-Arenas C., Roberts B.J. et al. Climatic suitability influences species specific abundance patterns of Australian flying foxes and risk of Hendra virus spillover. *One Heal*. 2016;2:115–121. doi: 10.1016/j.onehlt.2016.07.004.
164. Martini G.A., Knauff H.G., Schmidt H.A. et al. A hitherto unknown infectious disease contracted from monkeys. «Marburg-virus» disease. *Ger Med Mon*. 1968 Oct;13(10):457–70. PMID: 4974179.
165. Martinson J.J., Chapman N.H., Rees D.C. et al. Global distribution of the CCR5 gene 32-basepair deletion. *Nat Genet*. 1997 May;16(1):100–3. doi: 10.1038/ng0597-100. PMID: 9140404.
166. Mathieu C., Bovier F.T., Ferren M. et al. Molecular Features of the Measles Virus Viral Fusion Complex That Favor Infection and Spread in the Brain. *mBio*. 2021 Jun 29;12(3):e0079921. doi: 10.1128/mBio.00799-21. Epub 2021 Jun 1. PMID: 34061592; PMCID: PMC8263006.
167. Mathieu C., Ferren M., Jurgens E. et al. Measles Virus Bearing Measles Inclusion Body Encephalitis-Derived Fusion Protein Is Pathogenic after Infection via the Respiratory Route. *J Virol*. 2019 Apr 3;93(8):e01862–18. doi: 10.1128/JVI.01862-18. PMID: 30728259; PMCID: PMC6450100.

168. Mathieu C., Horvat B. Henipavirus pathogenesis and antiviral approaches. *Expert Rev Anti Infect Ther.* 2015 Mar;13(3):343-54. doi: 10.1586/14787210.2015.1001838. Epub 2015 Jan 29. PMID: 25634624.
169. Mathieu C., Figueira T.N., Decker et al. Measles Fusion Complexes from Central Nervous System Clinical Isolates: Decreased Interaction between Hemagglutinin and Fusion Proteins. *bioRxiv.* 2021; <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2021.06.18.449082v1>.
170. Mazonakis N., Markaki I., Spernovasilis N. How human behavior will lead to the next pandemic. *Infect Control Hosp Epidemiol.* 2022 Dec;43(12):1999-2000. doi: 10.1017/ice.2021.455.
171. McArthur D.B. Emerging Infectious Diseases. *Nurs Clin North Am.* 2019 Jun;54(2):297-311. doi: 10.1016/j.cnur.2019.02.006.
172. McCarthy K.R., Kirmaier A., Autissier P., Johnson W.E. Evolutionary and functional analysis of old world primate TRIM5 reveals the ancient emergence of primate lentiviruses and convergent evolution targeting a conserved capsid interface. *PLoS Pathog.* 2015;11:e1005085 <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1005085>.
173. Meadows A.J., Stephenson N., Madhav N.K., Oppenheim B. Historical trends demonstrate a pattern of increasingly frequent and severe spillover events of high-consequence zoonotic viruses. *BMJ Glob Health.* 2023 Nov;8(11):e012026. doi: 10.1136/bmjgh-2023-012026. PMID: 37918874; PMCID: PMC10626885.
174. Morens D.M., Folkers G.K., Fauci A.S. The challenge of emerging and re-emerging infectious diseases. *Nature.* 2004 Jul 8;430(6996):242-9. doi: 10.1038/nature02759. Erratum in: *Nature.* 2010 Jan 7;463(7277):122. PMID: 15241422; PMCID: PMC7094993.
175. Morens D.M., Fauci A.S. Emerging infectious diseases: threats to human health and global stability. *PLoS Pathog.* 2013;9(7):e1003467. doi: 10.1371/journal.ppat.1003467. Epub 2013 Jul 4. PMID: 23853589; PMCID: PMC3701702.
176. Morens D.M., Taubenberger J.K., Fauci A.S. The persistent legacy of the 1918 influenza virus. *N Engl J Med.* 2009 Jul 16;361(3):225-9. doi: 10.1056/NEJMp0904819. Epub 2009 Jun 29. Erratum in: *N Engl J Med.* 2009 Sep 10;361(11):1123. PMID: 19564629; PMCID: PMC2749954.
177. Morse S.S. Factors and determinants of disease emergence. *Rev Sci Tech.* 2004 Aug;23(2):443-51. doi: 10.20506/rst.23.2.1494. PMID: 15702712.
178. Morse S.S. Factors in the emergence of infectious diseases. *Emerg Infect Dis.* 1995 Jan-Mar;1(1):7-15. doi: 10.3201/eid0101.950102. PMID: 8903148; PMCID: PMC2626828.
179. Mougari S., Gonzalez C., Reynard O., Horvat B. Fruit bats as natural reservoir of highly pathogenic henipaviruses: balance between antiviral defense and viral tolerance. Interactions between Henipaviruses and their natural host, fruit bats. *Curr Opin Virol.* 2022 Jun;54:101228. doi: 10.1016/j.coviro.2022.101228. Epub 2022 May 6. PMID: 35533525.
180. Moushimi A., Christopher C., Broder A. «Vaccines to emerging viruses: Nipah and Hendra». *Annual Review of Virology.* 2020;7(1):447–473. doi: 10.1146/annurev-virology-021920-113833.
181. Mpox (monkeypox) – Prognosis». *BMJ Best Practice.* Archived from the original on 31 May 2023. Retrieved 31 May 2023. <https://bestpractice.bmj.com/topics/en-us/1611/prognosis> (дата обращения 01.08.2025).
182. Muller M.A., Raj V.S., Muth D. et al. Human coronavirus EMC does not require the SARS-coronavirus receptor and maintains broad replicative capability in mammalian cell lines. *mBio.* 2012 Dec 11;3(6):e00515-12. doi: 10.1128/mBio.00515-12. PMID: 23232719; PMCID: PMC3520110.
183. Muñoz-Moreno R., Martínez-Romero C., Blanco-Melo D. et al. Viral Fitness Landscapes in Diverse Host Species Reveal Multiple Evolutionary Lines for the NS1 Gene of Influenza A Viruses. *Cell Rep.* 2019 Dec 17;29(12):3997-4009.e5. doi: 10.1016/j.celrep.2019.11.070. PMID: 31851929; PMCID: PMC7010214.
184. Muraille E. Promoting health in a globalized world requires adopting a One Health perspective. *Glob. Health Promot.* 2021;28:3–5. doi: 10.1177/17579759211035070.

185. Musso D., Gubler D.J. Zika Virus. *Clin Microbiol Rev.* 2016 Jul;29(3):487-524. doi: 10.1128/CMR.00072-15. PMID: 27029595; PMCID: PMC4861986.
186. Nasi R., Taber A., Van Vliet N. Empty forests, empty stomachs? Bushmeat and livelihoods in the Congo and Amazon Basins. *Int For Rev.* 2011;13:355–368 DOI: <https://doi.org/10.1505/146554811798293872>.
187. Neiderud C.J. How urbanization affects the epidemiology of emerging infectious diseases. *Infect Ecol Epidemiol.* 2015 Jun 24;5:27060. doi: 10.3402/iee.v5.27060. PMID: 26112265.
188. Nonaka C.K.V., Franco M.M., Gräf T. et al. Genomic Evidence of SARS-CoV-2 Reinfection Involving E484K Spike Mutation, Brazil. *Emerg Infect Dis.* 2021 May;27(5):1522-1524. doi: 10.3201/eid2705.210191. Epub 2021 Feb 19. PMID: 33605869; PMCID: PMC8084516.
189. O'Hanlon S.J., Rieux A., Farrer R.A. et al. Recent Asian origin of chytrid fungi causing global amphibian declines. *Science.* 2018;360:621–627. <https://doi.org/10.1126/science.aar1965>.
190. O'Shea T.J., Cryan P.M., Cunningham A.A. et. al. Bat flight and zoonotic viruses. *Emerg Infect Dis.* 2014 May;20(5):741-5. doi: 10.3201/eid2005.130539. PMID: 24750692; PMCID: PMC4012789.
191. Ogden N.H., Gachon P. Climate change and infectious diseases: What can we expect? *Can Commun Dis Rep.* 2019 Apr 4;45(4):76-80. doi: 10.14745/ccdr.v45i04a01.
192. Olabode A.S., Mumby M.J., Wild T.A. et al. Phylogenetic Reconstruction and Functional Characterization of the Ancestral Nef Protein of Primate Lentiviruses. *Mol Biol Evol.* 2023 Aug 3;40(8):msad164. doi: 10.1093/molbev/msad164. PMID: 37463439.
193. Olival K.J., Hosseini P.R., Zambrana-Torrel C. et al. Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals. *Nature.* 2017 Aug 31;548(7669):612. doi: 10.1038/nature23660. Epub 2017 Aug 23. Erratum for: *Nature.* 2017 Jun 29;546(7660):646-650. doi: 10.1038/nature22975. PMID: 29411779; PMCID: PMC7608393.
194. Olsvik O., Wahlberg J., Petterson B. et al. Use of automated sequencing of polymerase chain reaction-generated amplicons to identify three types of cholera toxin subunit B in *Vibrio cholerae* O1 strains. *J Clin Microbiol.* 1993 Jan;31(1):22-5. doi: 10.1128/jcm.31.1.22-25.1993. PMID: 7678018; PMCID: PMC262614.
195. Orthomyxoviridae. This page was last edited on 18 July 2025. <https://en.wikipedia.org/wiki/Orthomyxoviridae> (дата обращения 25.07.2025).
196. Parrish C.R., Holmes E.C., Morens D.M. et al. Cross-species virus transmission and the emergence of new epidemic diseases. *Microbiol Mol Biol Rev.* 2008 Sep;72(3):457-70. doi: 10.1128/MMBR.00004-08. PMID: 18772285; PMCID: PMC2546865.
197. Patterson K.D. Yellow fever epidemics and mortality in the United States, 1693–1905, *Social Science & Medicine.* 1992;34(8):855-865, [https://doi.org/10.1016/0277-9536\(92\)90255-O](https://doi.org/10.1016/0277-9536(92)90255-O).
198. Paz S. Climate change impacts on West Nile virus transmission in a global context. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 2015 Apr 5;370(1665):20130561. doi: 10.1098/rstb.2013.0561. PMID: 25688020.
199. Peng Zhou, Xing-Lou Yang, Xian-Guang Wang et. al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature.* 2020 Mar;579(7798):270-273. doi: 10.1038/s41586-020-2012-7. Epub 2020 Feb 3. Erratum in: *Nature.* 2020 Dec;588(7836):E6. doi: 10.1038/s41586-020-2951-z. PMID: 32015507; PMCID: PMC7095418.
200. Phanich Mutation in Influenza H7N9 Neuraminidase toward Oseltamivir Susceptibility: MD and MM/PB(GB)SA Study et al. Role of R292K mutation in influenza H7N9 neuraminidase toward oseltamivir susceptibility: MD and MM/PB(GB)SA study. *J Comput Aided Mol Des.* 2016 Oct;30(10):917-926. doi: 10.1007/s10822-016-9981-5. Epub 2016 Oct 6. PMID: 27714494.
201. Piel F.B., Patil A.P., Howes R.E. et al. Global distribution of the sickle cell gene and geographical confirmation of the malaria hypothesis. *Nat Commun.* 2010; 2(1):104. PMID: 21045822. <https://doi.org/10.1038/ncomms1104>.

202. Plaza P.I., Gamarra-Toledo V., Euguí J.R., Lambertucci S.A. Recent Changes in Patterns of Mammal Infection with Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus Worldwide. *Emerg Infect Dis.* 2024 Mar;30(3):444-452. doi: 10.3201/eid3003.231098. PMID: 38407173.
203. Plowright R.K., Parrish C.R., McCallum H. et al. Pathways to zoonotic spillover. *Nat Rev Microbiol.* 2017 Aug;15(8):502-510. doi: 10.1038/nrmicro.2017.45. Epub 2017 May 30. PMID: 28555073; PMCID: PMC5791534.
204. Plowright R.K., Hudson P.J. From Protein to Pandemic: The Transdisciplinary Approach Needed to Prevent Spillover and the Next Pandemic. *Viruses.* 2021 Jul 2;13(7):1298. doi: 10.3390/v13071298. PMID: 34372504; PMCID: PMC8310336.
205. Qiu J. How China's 'Bat Woman' Hunted Down Viruses from SARS to the New Coronavirus. *Scientific American Magazine.* June 2020;322(6):24. doi:10.1038/scientificamerican0620-24.
206. Rahman M.T., Sobur M.A., Islam M.S. et al. Zoonotic Diseases: Etiology, Impact, and Control. *Microorganisms.* 2020 Sep 12;8(9):1405. doi: 10.3390/microorganisms8091405.
207. Raj V.S., Mou H., Smits S.L. et al. Dipeptidyl peptidase 4 is a functional receptor for the emerging human coronavirus-EMC. *Nature.* 2013 Mar 14;495(7440):251-4. doi: 10.1038/nature12005. PMID: 23486063; PMCID: PMC7095326.
208. Rana S., Singh S. Nipah Virus. Effects of Urbanization and Climate Change. *Academia.* 2015;64-68. doi:10.15242/IICBE.C0915051.
209. Reed K.D., Melski J.W., Graham M.B. et al. The detection of monkeypox in humans in the Western Hemisphere. *N Engl J Med.* 2004 Jan 22;350(4):342-50. doi: 10.1056/NEJMoa032299. PMID: 14736926.
210. Rha B., Rudd J., Feikin D. et al. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Update on the Epidemiology of Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV) Infection, and Guidance for the Public, Clinicians, and Public Health Authorities—January 2015. *Morb. Mortal Weekly Rep.* 2015;64:61–62.
211. Rohr J.R., Barrett C.B., Civitello D.J. et al. Emerging human infectious diseases and the links to global food production. *Nat Sustain* 2, 445–456 (2019). <https://doi.org/10.1038/s41893-019-0293-3>.
212. Rosenke K., Griffin A., Kaiser F. et al. Pathogenesis of bovine H5N1 clade 2.3.4.4b infection in macaques. *Nature.* 2025;640:1017–1021. <https://doi.org/10.1038/s41586-025-08609-8>.
213. Ruiz-Aravena M., McKee C., Gamble A. et al. Ecology, evolution and spillover of coronaviruses from bats. // *Nat Rev Microbiol.* 2022 May;20(5):299-314. doi: 10.1038/s41579-021-00652-2. PMID: 34799704.
214. Runstadler J.A., Puryear W. A. Brief Introduction to Influenza A Virus in Marine Mammals. *Methods Mol Biol.* 2020;2123:429-450. doi: 10.1007/978-1-0716-0346-8_33. PMID: 32170708.
215. Ryu S., Kim B.I., Lim J.S. et al. One Health Perspectives on Emerging Public Health Threats. *J. Prev. Med. Public Health.* 2017; 50:411–414. doi: 10.3961/jpmph.17.097.
216. SARS (severe acute respiratory syndrome). *BMJ Best Practice.* Last updated: 10 Feb 2022. <https://bestpractice.bmj.com/topics/en-gb/904>. (дата обращения 30.07.2025).
217. Sauter D., Kirchhoff F. Key Viral Adaptations Preceding the AIDS Pandemic. *Cell Host Microbe.* 2019 Jan 9;25(1):27-38. doi: 10.1016/j.chom.2018.12.002. PMID: 30629915.
218. Schmeller D.S., Courchamp F., Killeen G. Biodiversity loss, emerging pathogens and human health risks. *Biodivers Conserv.* 2020;29:3095–3102. <https://doi.org/10.1007/s10531-020-02021-6>.
219. Schmeller D.S., Loyau A., Bao K. et al. People, pollution and pathogens – Global change impacts in mountain freshwater ecosystems. *Sci Total Environ.* 2018 May 1;622-623:756-763. doi: 10.1016/j.scitotenv.2017.12.006. Epub 2017 Dec 13. PMID: 29223902.
220. Seebens H., Blackburn T., Dyer E. et al. No saturation in the accumulation of alien species worldwide. *Nat Commun.* 2017;8:14435. <https://doi.org/10.1038/ncomms14435>.

221. Shang J., Ye G., Shi K. et al. Structural basis of receptor recognition by SARS-CoV-2. *Nature*. 2020; 581:221–224. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2179-y>.
222. Shankar V., Orciari L.A., Mattos C.D. et al. Genetic divergence of rabies viruses from bat species of Colorado, USA. *Vector-Borne Zoon. Dis.* 2005;5:330-341. <https://doi.org/10.1089/vbz.2005.5.330>
223. Sharma V., Kaushik S., Kumar R. et al. Emerging trends of Nipah virus: A review. *Rev Med Virol.* 2019 Jan;29(1):e2010. doi: 10.1002/rmv.2010. Epub 2018 Sep 24. PMID: 30251294; PMCID: PMC7169151.
224. Sharp P.M., Hahn B.H. Origins of HIV and the AIDS pandemic. *Cold Spring Harb Perspect Med.* 2011 Sep;1(1):a006841. doi: 10.1101/cshperspect.a006841. PMID: 22229120; PMCID: PMC3234451.
225. Simmons C.P, Farrar J.J, Nguyen V.V, Wills B., Dengue. N., *Engl J. Med.* 2012 Apr 12;366(15):1423-32. doi: 10.1056/NEJMra1110265. PMID: 22494122.
226. Skyle D. WHO Pathogen X conference. *Lancet Infect Dis.* 2022 Nov;22(11):1541. doi: 10.1016/S1473-3099(22)00670-3. PMID: 36309022.
227. Smith K.M., Anthony S.J., Switzer W.M. et al. «Zoonotic viruses associated with illegally imported wildlife products». *PLOS ONE.* 2012;7(1):e29505. doi:10.1371/journal.pone.0029505. PMC 3254615.
228. Smolinski M., Hamburg A., Lederberg J. (Editors). *Microbial Threats to Health: Emergence, Detection, and Response.* Institute of Medicine; Board on Global Health; Committee on Emerging Microbial Threats to Health in the 21st Century. Academies Press. 2003. ISBN 0-309-50730-8. OCLC 53981415. <https://nap.nationalacademies.org/initiative/committee-on-emerging-microbial-threats-to-health-in-the-21st-century> (дата обращения 30.07.2025).
229. Smriti Mallapaty. Coronaviruses closely related to the pandemic virus discovered in Japan and Cambodia. *Nature.* 2020 Dec;588(7836):15-16. doi: 10.1038/d41586-020-03217-0. PMID: 33230273.
230. Soman P.V., Krishna G., Valiya V.M. Nipah Virus: Past Outbreaks and Future Containment. *Viruses.* 2020 Apr 20;12(4):465. doi: 10.3390/v12040465. PMID: 32325930; PMCID: PMC7232522.
231. Spengler J.R., Prescott J., Feldmann H. et al. Human immune system mouse models of Ebola virus infection. *Curr Opin Virol.* 2017 Aug;25:90-96. doi: 10.1016/j.coviro.2017.07.028. Epub 2017 Aug 12. PMID: 28810165; PMCID: PMC5610641.
232. Spengler J.R., Ervin E.D., Towner J.S. et al. Perspectives on West Africa Ebola Virus Disease Outbreak, 2013-2016. *Emerg Infect Dis.* 2016 Jun;22(6):956-63. doi: 10.3201/eid2206.160021. Epub 2016 Jun 15. PMID: 27070842.
233. Spornovasilis N., Tsiodras S., Poulakou G. Emerging and Re-Emerging Infectious Diseases: Humankind's Companions and Competitors. *Microorganisms.* 2022 Jan 4;10(1):98. doi: 10.3390/microorganisms10010098.
234. Springmann M., Clark M., Mason-D'Croz D. et al. Options for keeping the food system within environmental limits. *Nature.* 2018;562:519–525. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0594-0>.
235. Srivastava S., Sharma D., Kumar S. et al. Emergence of Marburg virus: a global perspective on fatal outbreaks and clinical challenges. *Front. Microbiol.* 2023;14:1239079. doi: 10.3389/fmicb.2023.1239079.
236. Stafford-Smith M., Griggs D., Gaffney O. et al. Integration: the key to implementing the Sustainable Development Goals. *Sustain Sci.* 2017;12(6):911-919. doi: 10.1007/s11625-016-0383-3. PMID: 30147763.
237. Stephens P.R., Gottdenker N., Schatz A.M., Schmidt J.P., Drake J.M. Characteristics of the 100 largest modern zoonotic disease outbreaks. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 2021 Nov 8;376(1837):20200535. doi: 10.1098/rstb.2020.0535.

238. Swanepoel R., Barnard B.J., Meredith C.D. et al. Rabies in southern Africa. Onderstepoort J Vet Res. 1993Dec;60(4):325-46. PMID: 7777317.
239. Tabish S.A. (Editor). Recent trends in emerging infectious diseases. Int. J. Health Sci (Qassim). 2009 Jul;3(2):5–8. PMID: 21475529; PMCID: PMC3068824.
240. Tahir M.J., Sawal I., Essar M.Y. et al. Disease X: A hidden but inevitable creeping danger. Infect Control Hosp Epidemiol. 2022 Nov;43(11):1758-1759. doi: 10.1017/ice.2021.342.
241. Talisuna A.O., Bloland P., D'Alessandro U. History, dynamics, and public health importance of malaria parasite resistance. Clin Microbiol Rev. 2004 Jan;17(1):235-54. doi: 10.1128/CMR.17.1.235-254.2004. PMID: 14726463.
242. Taubenberger J.K., Morens D.M. Influenza: the once and future pandemic. Public Health Rep. 2010 Apr;125 Suppl 3(Suppl 3):16-26. PMID: 20568566; PMCID: PMC2862331.
243. Taxon Details (ICTV). Taxon name: Orthopoxvirus monkeypox. https://ictv.global/taxonomy/taxondetails?taxnode_id=202304771&taxon_name=Orthopoxvirus%20monkeypox (дата обращения 01.08.2025).
244. Teeling E.C., Springer M.S., Madsen O. et al. A molecular phylogeny for bats illuminates biogeography and the fossil record. Science. 2005 Jan 28;307(5709):580-4. doi: 10.1126/science.1105113. PMID: 15681385..
245. The Chiroptera: Biology of Bats. William A. Wimsatt, Ed. Vol. 1 /Academic Press, New York, 1970.406 p. DOI: 10.1126/science.173.3999.806.
246. Towner J.S., Amman B.R., Sealy T.K. et al. Isolation of genetically diverse Marburg viruses from Egyptian fruit bats. PLoS Pathog. 2009 Jul;5(7):e1000536. doi: 10.1371/journal.ppat.1000536. PMID.
247. Tran V.T., Inward R.P.D., Gutierrez B. et al. Cryptic transmission and re-emergence of Cosmopolitan genotype of Dengue Virus Serotype 2 within Ho Chi Minh City and Southern Vietnam. medRxiv; 2023. DOI: 10.1101/2023.04.17.23288515.
248. Tran V.T., Inward R.P.D., Gutierrez B. et al. Reemergence of Cosmopolitan Genotype Dengue Virus Serotype 2, Southern Vietnam. Emerg Infect Dis. 2023 Oct;29(10):2180-2182. doi: 10.3201/eid2910.230529.
249. Trifonov V., Khiabanian H., Rabadan R. Geographic Dependence, Surveillance, and Origins of the 2009 Influenza A (H1N1) Virus. N Engl J Med. 2009 Jul 9;361(2):115-9. doi: 10.1056/NEJMp0904572. PMID: 19474418.
250. Troup J.M., White H.A., Fom A.L., Carey D.E. An outbreak of Lassa fever on the Jos plateau, Nigeria, in January-February 1970. A preliminary report. Am J Trop Med Hyg. 1970 Jul;19(4):695-6. doi: 10.4269/ajtmh.1970.19.695. PMID: 4987549.
251. Van Boeckel T.P., Pires J., Silvester R. et al. Global trends in antimicrobial resistance in animals in low- and middle-income countries. Science. 2019 Sep 20;365(6459):eaaw1944. doi: 10.1126/science.aaw1944. PMID: 31604207.
252. Van Boheemen S., de Graaf M., Lauber C. et al. Genomic characterization of a newly discovered coronavirus associated with acute respiratory distress syndrome in humans. mBio. 2012 Nov 20;3(6):e00473-12. doi: 10.1128/mBio.00473-12. PMID: 23170002.
253. Venkatesan P. Re-emergence of infectious diseases associated with the past. Lancet Microbe. 2021 Apr;2(4):e140. doi: 10.1016/S2666-5247(21)00066-5. PMID: 35544188.
254. Vora N.M., Hannah L., Walzer C. et al. Interventions to Reduce Risk for Pathogen Spillover and Early Disease Spread to Prevent Outbreaks, Epidemics, and Pandemics. Emerging Infectious Diseases. 2023;29(3):1-9. doi:10.3201/eid2903.221079.
255. Wang N., Li S.Y., Yang X.L. et al. Serological Evidence of Bat SARS-Related Coronavirus Infection in Humans, China. Virol. Sin. 2018;33:104–107. <https://doi.org/10.1007/s12250-018-0012-7>.

256. Wasik B.R., de Wit E., Munster V. et al. Onward transmission of viruses: how do viruses emerge to cause epidemics after spillover? *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 2019 Sep 30;374(1782):20190017. doi: 10.1098/rstb.2019.0017. Epub 2019 Aug 12.

257. Webster R.G., Sharp G.B., Claas E.C. Interspecies transmission of influenza viruses. *Am J Respir Crit Care Med.* 1995 Oct;152(4 Pt 2):S25-30. doi: 10.1164/ajrccm/152.4_Pt_2.S25. PMID: 7551408.

258. Webster R.G. Influenza: an emerging disease. *Emerg Infect Dis.* 1998 Jul-Sep;4(3):436-41. doi: 10.3201/eid0403.980325. PMID: 9716966; PMCID: PMC2640312.

259. Webster R.G, Bean W.J., Gorman O.T. et al. Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiol Rev.* 1992 Mar;56(1):152-79. doi: 10.1128/mr.56.1.152-179.1992. PMID: 1579108; PMCID: PMC372859.

260. Wells K., Clark N.J. Host Specificity in Variable Environments. *Trends Parasitol.* 2019 Jun;35(6):452-465. doi: 10.1016/j.pt.2019.04.001. Epub 2019 Apr 29. PMID: 31047808.

261. Wetzel K.S., Elliott S.T.C., Collman R.G. SIV Coreceptor Specificity in Natural and Non-Natural Host Infection: Implications for Cell Targeting and Differential Outcomes from Infection. *Curr HIV Res.* 2018;16(1):41-51. doi: 10.2174/1570162X15666171124121805. PMID: 29173179.

262. White R.J., Razgour O. Emerging zoonotic diseases originating in mammals: a systematic review of effects of anthropogenic land-use change. *Mamm Rev.* 2020 Oct;50(4):336-352. doi: 10.1111/mam.12201. Epub 2020 Jun 2. PMID: 32836691

263. WHO (20 December 2024). Disease Outbreak News; Marburg virus disease in Rwanda. Available at: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON548> (дата обращения 29.10.2025).

264. WHO Director-General's opening remarks at the media briefing on outbreak of Marburg virus disease – 20 January 2025. <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-outbreak-of-marburg-virus-disease---20-january-2025> (дата обращения 20.07.2025).

265. WHO Disease Outbreak News Marburg virus disease – Rwanda/ 20 December 2024. <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON548> (дата обращения 20.07.2025).

266. WHO Disease Outbreak News (DONs). 2025. <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news> (дата обращения 01.08.2025).

267. WHO fears 'Disease X' could cause a global pandemic? <https://www.independent.co.uk/news/science/disease-x-what-is-infection-virus-world-health-organisation-warning-ebola-zika-sars-a8250766.html> (дата обращения 20.07.2025).

268. WHO Marburg virus disease. 20 January 2025. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/marburg-virus-disease> (дата обращения 20.07.2025).

269. WHO Middle East respiratory syndrome: global summary and assessment of risk – 16 November 2022 <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-MERS-RA-2022.1> (дата обращения 20.07.2025).

270. WHO Influenza (avian and other zoonotic). 3 October 2023. [https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-\(avian-and-other-zoonotic\)](https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(avian-and-other-zoonotic)) (дата обращения 20.07.2025).

271. WHO Nipah virus infection – Bangladesh, 27 February 2024 / <https://www.who.int/emergencies/emergency-events/item/2024-e000036> (дата обращения 20.07.2025).

272. WHO Zoonotic Disease: Emerging Public Health Threats in the Region 2021 / <http://www.emro.who.int/about-who/rc61/zoonotic-diseases.html>. (дата обращения 20.07.2025).

273. Will bird flu spark a human pandemic? Scientists say the risk is rising. *Nature News explAINER* 27 January 2025 doi: <https://www.nature.com/articles/d41586-025-00245-6> (дата обращения 20.07.2025).

274. Wolfe N.D., Dunavan C.P., Diamond J. Origins of major human infectious diseases. *Nature*. 2007;447:279–283. doi: 10.1038/nature05775. doi: 10.1038/nature05775.
275. Woolhouse M., Gaunt E. Ecological origins of novel human pathogens. *Crit Rev Microbiol*. 2007;33(4):231-42. doi: 10.1080/10408410701647560. PMID: 18033594.
276. Woolhouse M., Scott F., Hudson Z. et al. Human viruses: discovery and emergence. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*. 2012 Oct 19;367(1604):2864-71. doi: 10.1098/rstb.2011.0354
277. Worldometer, 2025. Health <https://www.worldometers.info/>.
278. Xiong X., Martin S.R., Haire L.F. et al. Receptor binding by an H7N9 influenza virus from humans. *Nature*. 2013 Jul 25;499(7459):496-9. doi: 10.1038/nature12372. PMID: 23787694.
279. Zaki A.M., van Boheemen S., Bestebroer T.M. et al. Isolation of a novel coronavirus from a man with pneumonia in Saudi Arabia. *N Engl J Med*. 2012 Nov 8;367(19):1814-20. doi: 10.1056/NEJMoa1211721. Epub 2012 Oct 17. Erratum in: *N Engl J Med*. 2013 Jul 25;369(4):394. PMID: 23075143.
280. Zamora J.L.R., Ortega V., Johnston G.P. et al. Third Helical Domain of the Nipah Virus Fusion Glycoprotein Modulates both Early and Late Steps in the Membrane Fusion Cascade. *J Virol*. 2020 Sep 15;94(19):e00644-20. doi: 10.1128/JVI.00644-20.
281. Zhu N., Zhang D., Wang W. et al. China Novel Coronavirus Investigating and Research Team. A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med*. 2020 Feb 20;382(8):727-733. doi: 10.1056/NEJMoa2001017. PMID: 31978945.
282. Ziebeck F., Weber M., Eickmann M. et al. Human cell tropism and innate immune system interactions of human respiratory coronavirus EMC compared to those of severe acute respiratory syndrome coronavirus. *J Virol*. 2013 May;87(9):5300-4. doi: 10.1128/JVI.03496-12. Epub 2013 Feb 28. PMID: 23449793.
283. Zietz B.P., Dunkelberg H. The history of the plague and the research on the causative agent *Yersinia pestis*. *Int J Hyg Environ Health*. 2004 Feb;207(2):165-78. doi: 10.1078/1438-4639-00259. PMID: 15031959.

Глава 3. ИНФЕКЦИИ ВОЗВРАЩАЮТСЯ

3.1. Возвращающиеся инфекции или новая «старая угроза»

Очевидные успехи в диагностике, лечении и специфической профилактике инфекционных болезней, достигнутые в первой половине XX столетия, породили иллюзию скорой их ликвидации. Однако уже в конце прошлого века и начале нынешнего сформировалась устойчивая тенденция к необычному проявлению целого ряда «старых» инфекционных болезней, то есть заболеваний с уже установленными ранее патогенами – некоторые давно известные болезни, считавшиеся почти побеждёнными, начали проявлять неожиданный рост заболеваемости и обнаруживать тенденцию к расширению нозоареалов [21, 27, 41, 43]. Сегодня список нозологий, которые можно отнести к этой группе, постоянно пополняется. Инверсия основных составляющих компонент эпидемического процесса, эволюция возбудителей, нарушение вакцинопрофилактики и многие другие факторы приводят к нетипичному течению многих «старых» инфекционных болезней и появлению новых особенностей и высокой вероятности их эпидемического распространения [6, 22, 23, 28, 37, 151, 162]. Формирование тенденции к расширению нозоареалов давно известных инфекций потребовало эволюции представлений о механизмах их рецидивирующего возникновения [42, 154, 204, 236]. Каждая из возвращающихся инфекций обладает уникальной этиологией, экологией, прямым или косвенным путём передачи. В разных странах санитарные службы определяют свои перечни возрождающихся эмерджентных болезней.

Данные за последние 30-50 лет отражают различные особенности возрождения на новом глобальном уровне «старых» бактериальных и вирусных инфекционных заболеваний во всем мире. К недавним проявлениям «возвращения» инфекций относятся: оспа обезьян, болезнь, вызванная вирусом Марбург, Крымская геморрагическая лихорадка, лихорадки чикунгунья и денге, жёлтая лихорадка, туберкулез, геморрагическая лихорадка Ласса, лихорадка Западного Нила, грипп А, метициллинрезистентный золотистый стафилококк, скарлатина, дифтерия и многие другие инфекции, которые ранее не регистрировались, а теперь в силу различных причин возникают вновь [22, 27, 28,

236]. Факторы, связанные с этим возрождением, включают: генетические изменения вируса, адаптацию к новым хозяевам, расширение географического распространения комаров-переносчиков и отсутствие эффективной борьбы с ними, изменение климата, антропогенные факторы (глобальный рост населения, урбанизация, международные поездки и др.) [95, 185, 244, 245].

Так, возрождение туберкулеза во многом связано с пандемией СПИДа, другими иммуносупрессивными состояниями (онкология, трансплантации, тяжелые хронические заболевания, наркозависимость), а также с формированием множественной лекарственной устойчивости у возбудителя. Или, например, рост заболеваемости инфекциями, передающимися половым путём, может быть связан с изменением образа жизни людей, притоком мигрантов из неблагополучных по этим инфекциям территорий. Нельзя не упомянуть связанный с ослаблением иммунопрофилактики рост заболеваемости дифтерией в России в конце 80-х – начале 90-х годов; вспышку полиомиелита в Чеченской Республике в 1995 г., также возникшую в связи с прекращением профилактической иммунизации; эпидемию холеры в Дагестане в 1994 г. в результате завоза возбудителя из Саудовской Аравии, охватившую 2435 человек (больных и носителей вибриона) [41].

На территории Российской Федерации встречаются разнообразные проявления возвращающихся инфекций, которые в последнее время не имеют тенденцию к снижению заболеваемости. Это подтверждает реальность угрозы со стороны REIDs для страны и необходимость проведения фундаментальных исследований в этом направлении на международном и национальном уровнях [22]. В этой связи актуальной задачей является повышение эффективности эпиднадзора, всесторонний анализ возвращающихся инфекций, выявление природных и социально-экономических факторов, влияющих на их распространение, построение прогнозов развития эпидемиологической ситуации. Дальнейшее улучшение диагностических возможностей, а также развитие фундаментальных знаний для анализа различных факторов и детерминантов, касающихся патогенеза, вирулентности и взаимодействий в системе «микроорганизм-хозяин», даёт ключ к определению рисков возвращения «старых» инфекций.

В связи с глобальными процессами, происходящими в мире (изменение климата, нарушение экологии, сбои в системах здравоохранения, эволюция возбудителей, социальные процессы и др.), возвращающиеся инфекции превратились в проблему международного масштаба, создающую угрозу не только здоровью, но и социально-экономической стабильности общества [6, 20, 22, 184, 236]. Как никогда сегодня актуальны и современны слова лауреата Нобелевской премии Шарля Николя (1886–1936), впервые установившим, что переносчиком сыпного тифа является платяная вошь: «В будущем народятся новые заразные болезни, медленно исчезнут некоторые старые, а те, что останутся, не будут иметь в точности те формы, под которыми мы их знаем теперь».

Очевидные трудности сегодня существуют в профилактике многих давно известных инфекций. В значительной степени это связано с недооценкой необходимости проведения комплекса профилактических и противоэпидемических мероприятий. Так, в 2018 г. зарегистрирована вспышка дифтерии в лагерях бездомных и беженцев (двух наиболее уязвимых групп населения) в Кокс-Базаре (Бангладеш), вызвавшая почти 8000 случаев дифтерии, чему способствовали проливные муссонные дожди, приведшие к сокращению доступа к медицинской помощи [229].

Существующие проблемы включают изменения эпидемиологических характеристик эмерджентных инфекций, путей передачи, плотности переносчиков, моделей миграции людей и других животных, пищевых ресурсов, доступности медицинских и финансовых источников [195, 236].

В ноябре 2022 года Всемирная организация здравоохранения (ВОЗ) запустила новую глобальную инициативу по приоритизации патогенов, которая предполагает обновлённый подход для повышения готовности к предстоящим вспышкам новых и возвращающихся инфекций – исследование вирусных и бактериальных семейств, а не отдельных патогенов, которые, как считается, представляют глобальные риски [242, 265]. По результатам реализации этой инициативы в мае 2024 года было организовано совещание по приоритизации патогенов, в отчёте ВОЗ «Приоритизация патогенов: научная основа для исследований готовности к эпидемиям и пандемиям» оцениваются данные, относящиеся к 28 семействам вирусов и одной основной группе бактерий, охватывающей 1652 патогена [260]. Этот процесс подчеркнул необходимость совместных усилий для достижения глобальной устойчивости к эпидемиям и пандемиям.

Своевременная диагностика возвращающихся инфекций является главной предпосылкой принятия своевременных противоэпидемических мер. Основной задачей является лучшее распознавание возвращающихся инфекций, особенно в районах с ограниченными ресурсами. Этого можно достичь, уделяя приоритетное внимание развитию лабораторной инфраструктуры, продолжая направлять усилия на «горячие точки», где наиболее вероятны вспышки REIDs. Сегодня первостепенное значение имеют диагностические технологии, позволяющие обнаруживать множество возбудителей в одном образце – метабеномный анализ. Такого рода методы позволяют более быстро идентифицировать патоген, что является важным компонентом планирования и осуществления адекватных противоэпидемических мероприятий. Роспотребнадзор совместно с профильными научно-исследовательскими институтами разработал и утвердил в 2024 году новые методические указания (МУ) по эпидемиологическому надзору за некоторыми рецидивирующими инфекционными заболеваниями (полиомиелит, лихорадка Западного Нила, корь, краснуха [34]. В этих МУ содержатся актуальные рекомендации по эпидемиологическому надзору и профилактике инфекций, учитывающие новые данные и изменения

в практике здравоохранения. В них включены обновления, касающиеся современных методов диагностики, профилактики и контроля инфекций.

3.2. Возвращающиеся инфекции как неординарные события

В качестве актуальных примеров REIDs в мире и в Российской Федерации можно привести ряд инфекционных нозологий с анализом возможных причин и механизмов возвращения этих заболеваний.

Оспа обезьян, *monkeypox (Mpx) disease* – повторно возникающее зоонозное вирусное заболевание людей и многих млекопитающих, вызываемое вирусом оспы обезьян. *Orthopoxvirus monkeypox (monkeypox virus, MPV, mpx, MPXV или hMPXV)* в соответствии с последним обновлением Международного комитета по систематике вирусов (ICTV) 2023 года [138] принадлежит к роду *Orthopoxvirus* семейства *Poxviridae* [243, 258]. Прежнее название возбудителя в 2023 г. изменено, поскольку обезьяны не являются основным хозяином или резервуаром вируса, подтипы вируса оспы обезьян также были переименованы в клады (Clade I и Clade II) [224, 253, 268]. Возбудитель был впервые выявлен в 1958 г. у подопытных обезьян, которые были доставлены из Сингапура, что и является причиной того, что болезнь получила название «оспа обезьян». Однако естественными хозяевами вируса *Мрор* являются грызуны и другие мелкие млекопитающие [23, 37, 61, 99, 152, 173, 203].

Проведённые в 1981-1986 гг. исследования позволили заключить, что оспа обезьян у людей – редкое спорадическое заболевание с низкой эффективностью передачи от человека к человеку, возникающее при передаче *Мрор* от животного к человеку в зоне тропических ливневых лесов Центральной и Западной Африки, что до недавнего прошлого предотвращало переход локальных вспышек данного заболевания в эпидемии [61]. Однако исследования последних лет указывали на увеличивающуюся трансмиссивность *мрор* в человеческой популяции [37, 61]. В 2003 г. вспышка *Мрор* среди людей была впервые зафиксирована вне Африканского континента – возбудитель был завезён в США с больными грызунами, предназначенными для продажи в качестве домашних животных, из Ганы [205]. Ежегодное число случаев в Африке стремительно увеличивалось с 2010-2014 гг. (через 30 и более лет после прекращения противооспенной вакцинации) и в совокупности превысило данные за предыдущие 40 лет для большинства стран этого континента [22, 23, 24, 61, 219, 113, 179, 194, 210]. Также расширился ареал распространения оспы обезьян среди людей в Африке. Это поставило вопрос о том, может ли *Мрор* приобретать возможность высокой скорости передачи от человека к человеку, характерной для вируса натуральной оспы, в условиях длительного отсутствия вакцинации и значительно более высокой заболеваемости людей инфекцией. Известно, что *Мрор*, в отличие от вируса натуральной оспы, имеет свой естественный резервуар, представленный многочисленными африканскими грызунами [22,

24, 37, 107, 219, 220]. Всё это указывает на новую ситуацию в экологии и эволюции зоонозных ортопоксвирусов. В 2022 г. мир столкнулся с беспрецедентным распространением оспы обезьян (вызванной кладом IIb) по непрерывным цепочкам передачи от человека к человеку, преимущественно половым путём [92, 128, 137, 194, 187, 258;]. Согласно данным ВОЗ на 23 августа 2023 г., оспа быстро распространилась по всему миру в 2022 г. в 114 странах [243,150], что побудило ВОЗ в июле 2022 года объявить вспышку оспы обезьян глобальной чрезвычайной ситуацией в области здравоохранения, имеющей международное значение [241, 243]. Это крупнейшая известная вспышка вируса *Мрор* в истории. В разных странах произошло несколько вспышек с участием различных штаммов *Мрор* с разными путями передачи и разным уровнем риска [243]. Летальность глобальной вспышки 2022–2023 гг. (вызванной кладом IIb) была очень низкой – по оценкам 0,16%, при этом большинство смертей произошло среди людей с уже ослабленным иммунитетом [257, 258]. Болезнь заразила 93 327 человек в 2022-2023 гг., что привело к 140 смертельным случаям, когда ВОЗ объявила завершённой глобальную чрезвычайную ситуацию в мае 2023 года, сославшись на сочетание устойчивого прогресса и вакцинации в качестве успешных мер контроля [115, 180, 240]. Случаи клада IIb продолжают выявляться во всем мире, хотя и на относительно низком уровне [135].

Эпидемия нового варианта клады I *Мрор*, называемая кладой 1b [93, 240], началась в Центральной Африке в сентябре 2023 года [68]. По состоянию на сентябрь 2024 года было зарегистрировано более 29 000 случаев заболевания, более 800 из которых имели смертельные исходы (летальность около 3% – гораздо выше, чем в предыдущей вспышке) [68, 96]. 14 августа 2024 года ВОЗ объявила новую эпидемию чрезвычайной ситуацией в области общественного здравоохранения, имеющей международное значение с потенциалом распространения на другие страны Африки и, возможно, за пределы континента. Появление новой клады вируса *Мрор*, её быстрое распространение на востоке Демократической Республики Конго и сообщения о случаях заболевания в нескольких соседних странах вызвали серьёзную тревогу [240]. По данным Европейского центра по контролю и профилактике заболеваний, масштабы этих вспышек могут быть гораздо больше, чем сообщалось, из-за недостаточного выявления и неполной отчетности [180, 255].

Глобальная вспышка оспы обезьян клада II в 2022 году и вспышка более смертоносной оспы обезьян клада I подчёркивают пандемический потенциал вируса оспы обезьян. Так, по состоянию на 6 февраля 2025 года агентство по охране здоровья Великобритании подтвердило 9 случаев *Мрор* клады Ib в Великобритании [126]. Считается, что ослабление иммунитета населения после прекращения плановой вакцинации против оспы играет ключевую роль в изменении эпидемиологических закономерностей оспы обезьян. Современные исследования должны быть направлены на решение сложных задач по борьбе с оспой, включая улучшенную диагностику и медицинские контрмеры. Необ-

ходимо расширить доступность вакцин не только для реагирования на вспышки, но и для более широкого применения в странах, эндемичных по оспе [180].

Немалую роль играют мутации, способные привести к изменению вирулентности и влияющие на точность некоторых диагностических тестов. Внезапное появление случаев *Мрох* во многих регионах вызвало опасения по поводу его естественной эволюции [147]. Свидетельства того, что вирус эволюционирует и становится более заразным среди людей, что он может поражать широкий спектр видов-хозяев, а также может происходить передача от человека животным, приводят к опасениям, что оспа может либо закрепиться в новых природных резервуарах за пределами Африки, либо вызвать будущие глобальные эпидемии [64, 93, 101, 147, 203, 215, 240].

Оспа обезьян сегодня – реальная и актуальная угроза глобальной безопасности в области здравоохранения, и для эффективного контроля в будущем потребуются сложное партнёрство между правительствами, экспертами в области общественного здравоохранения, вирусологами.

Крымская геморрагическая лихорадка (КГЛ, ККГЛ, Crimean-Congo hemorrhagic fever – CCHF). Возвращающиеся инфекции, к которым относятся несколько вирусных геморрагических лихорадок, включая КГЛ, за последние годы приобрели особую актуальность из-за увеличения заболеваемости и клинической тяжести инфекций [162, 167]. КГЛ – заболевание, известное достаточно давно, но в последние 20 лет обнаруживает тенденцию к расширению нозоареала (особенно в Турции и некоторых частях Восточной Европы) и увеличению заболеваемости [9, 18, 19, 30, 57, 58, 59, 118, 144, 145, 162, 171, 188, 218]. Вирус ККГЛ может продуктивно инфицировать множество видов животных, но только у людей развивается тяжелое заболевание [131]. Инфекция имеет значительный эпидемический потенциал и трудностями профилактики и лечения [188, 201, 218]. Для нее характерна спорадическая заболеваемость с возникновением через некоторые временные периоды внезапных вспышек на эндемичных территориях, сопровождающихся высокой смертностью: около 4%. Однако при некоторых вспышках был зарегистрирован и значительно более высокий уровень смертности: 30-73% [33, 57, 74, 140, 146].

Возбудитель КГЛ – вирус Крымской-Конго геморрагической лихорадки (лат. *Crimean-Congo hemorrhagic fever orthonairovirus (CCHFV)* (до 2017 г. – *Crimean-Congo hemorrhagic fever virus*), относится к роду *Orthonairovirus* семейства *Nairoviridae* порядка *Bunyavirales* из группы арбовирусов [138, 156]. *CCHFV* в основном поддерживается и передаётся клещами *Hyalomma* spp., однако вирус также может передаваться человеку через прямой контакт с жидкостями организма инфицированных животных и людей [171, 145, 181]. Вирус ККГЛ рассматривается как один из инфекционных патогенов с высоким риском эпидемий в ближайшем будущем из-за изменения климата [146, 162], он внесён в список ВОЗ в качестве приоритетного агента для исследований и разработок из-за его способности распространяться и вызывать серьезные вспышки [264].

В последние десятилетия КГЛ стала одной из актуальных инфекций южной Европы, юга европейской части России – ежегодно регистрируются случаи заболеваний, а при эпизоотологическом обследовании выявляются маркеры вируса ККГЛ в полевом материале [19, 32, 33, 62, 63, 141, 144, 145]. Мировой нозоареал КГЛ заходит на территорию России своей незначительной частью, но при этом наблюдается его неуклонное расширение и выявляются очаги на новых территориях. КГЛ приурочена к определенным ландшафтам: полупустынным и степным зонам, а также речным долинам, которые в основном используются для выпаса скота. В России очаги КГЛ существуют в Южном и Северо-Кавказском Федеральных округах.

С 1967 г. случаи среди населения не регистрировались, однако в 1999 г. в Российской Федерации после длительного перерыва (1944-1998 гг.) произошла активизация природного очага КГЛ на юге России, первые проявления которой были отмечены в Ростовской области и в Ставропольском крае [12, 38]. В 1999 г. было зарегистрировано 38 больных КГЛ в 3 субъектах юга Российской Федерации, летальность составила 23,7 % [36]. Заболеваемость КГЛ в Российской Федерации нарастала с 1999 г., наибольшее количество заболевших было выявлено в 2006, 2007 и 2008 гг. (200, 234 и 213 случаев в год соответственно). В период с 2013 г. по 2017 г. наибольшее количество больных КГЛ зарегистрировано в Ростовской области – 265 (из них 9 летальных). В 2022 г. эпидемические проявления КГЛ зарегистрированы в 6 субъектах ЮФО и СКФО, выявлено 59 случаев, из них 6 летальных, уровень летальности составил 10,2 %, а в 2023 г. было зарегистрировано 25 случаев, из них 2 летальных, а уровень летальности составил 8 %. Неоднократно регистрировались нозокомиальные случаи КГЛ, в основном – заражение медперсонала от инфицированного пациента [10, 11, 13, 14, 32, 47, 62, 63].

Предполагается, что несмотря на проведение акарицидных обработок, из-за меняющихся климатических условий численность основного переносчика – клеща *H. marginatum* – будет повышаться, что может привести к дальнейшему росту заболеваемости людей [14, 33]. По мнению исследователей, возвращение КГЛ после длительного периода благополучия обусловлено комплексом причин, к которым в числе прочих можно отнести изменение природно-климатических факторов [29, 30, 33, 57, 58, 59]. Помимо активизации КГЛ на рубеже веков, произошло расширение очаговой территории на север страны (Волгоградская область), на юг (республики Северного Кавказа) и на восток (Республика Калмыкия, где в последние годы сохраняется довольно высокая заболеваемость) [59].

Наиболее сложная эпидемиологическая обстановка по КГЛ в настоящее время складывается в Турции, где за период с 2002 по 2020 год зарегистрировано более 5 тыс. лабораторно подтвержденных случаев заболевания [16, 127]. Попытки контролировать инфекцию путем искоренения клещей-переносчиков оказались неэффективными, а домашние животные не имеют сим-

птомов даже при высокой виремии [181]. В последние годы вспышки зарегистрированы в Намибии, Грузии, Афганистане, Ираке и Сенегале (2023 г.), было сообщено о 358 случаях в этих странах, в 33 случаях с летальным исходом (212 в Ираке, 27 летальных). В 2024 г. выявлен смертельный случай в Португалии [279], пять случаев заражения различными вариантами ККГЛ в 2023-2024 гг. выявлены в Северной Македонии, где более 50 лет (с 1970 года) не было этой болезни [144, 145].

Таким образом, ККГЛ является актуальным на сегодняшний день заболеванием, вызывающим спорадические случаи или вспышки тяжелого заболевания на огромной географической территории: от Китая до Ближнего Востока и Юго-Восточной Европы и на большей части Африки. Вирус ККГЛ сохраняется в вертикальных и горизонтальных циклах передачи с участием иксодовых клещей и различных диких и домашних позвоночных животных, у которых нет признаков болезни. Одобренной вакцины или какого-либо специфического противовирусного лечения КГЛ не существует, поэтому эпиднадзор за природным очагом, эффективная лабораторная диагностика у людей, а также клиническая бдительность имеют решающее значение как для лечения больных, так и для контроля распространения инфекции [257, 119, 279].

Лихорадка Западного Нила (ЛЗН, *West Nile fever*) вызывается вирусом Западного Нила (ВЗН, *West Nile virus, WNV*) – одноцепочечным +РНК арбовирусом, передающимся человеку при укусе зараженного комара. ВЗН – член семейства *Flaviviridae* из рода *Flavivirus*, который также включает вирусы Зика, денге и жёлтой лихорадки, является одним из вирусов серокомплекса антигенов японского энцефалита и генетически связан с семейством вирусов японского энцефалита [169]. Известны случаи передачи вируса в лаборатории, при переливании крови и пересадке органов, от матери ребенку во время беременности, родов и кормления грудью, но они достаточно редки [88]. Выявлены специфические генетические факторы человека и мутации, влияющие на тяжесть заражения ВЗН и противовирусный ответ врожденного иммунитета [170].

Тяжелая форма лихорадки Западного Нила с возможным поражением центральной нервной системы (ЦНС) возникает примерно у одного из 100 инфицированных людей. Примерно 5-10 % случаев инфекции с поражением ЦНС заканчиваются летальным исходом. Нейроинвазивная форма заболевания приводит к менингиту, энцефалиту, менингоэнцефалиту или полиомиелитоподобному синдрому [81, 104].

Естественными хозяевами ВЗН являются птицы и комары различных видов, в основном принадлежащих к роду *Culex*. Таким образом, ВЗН сохраняется в природе в цикле между комарами и животными-хозяевами [182]. Люди являются «тупиковыми» хозяевами, то есть заражаясь, они не распространяют инфекцию [266, 267]. Поскольку в организме человека ВЗН плохо размножается, то и дальнейшее заражение комаров, укусивших зараженного человека, и

передача заболевания другим людям не происходит [79]. Было показано, что более 300 различных видов птиц заражены этим вирусом [2024, 84, 88]. У людей и лошадей проявляются симптомы заболевания, вызванные вирусом, а у других животных симптомы возникают редко.

ВЗН в настоящее время эндемичен в Африке, Южной Европе, на Ближнем Востоке, в Западной и Центральной Азии, Океании (subtype *Kunjin*), а в последнее время – в Северной Америке с распространением в Центральную и Южную Америку. В связи с изменениями климата, ВЗН теперь обнаруживается и в других странах Европы, поскольку климатические условия стали достаточно благоприятными для его выживания. Например, в Германии случаи данной инфекции регистрируются с 2019 г., причем не только у людей, возвращающихся из путешествий, но и у заразившихся от укусов комаров на территории Германии [238]. К зонам риска заражения ЛЗН сегодня относятся юг Франции, север Италии, Греция, значительная часть Балкан, Турции и Ближнего Востока, а также расположенные севернее части России, Чехии, Венгрии, Словакии, Австрии, южные регионы восточной Германии. Заболевание также встречается в Северной Америке, Африке и Австралии [238]. Поскольку засуха может уменьшить количество рыб и других популяций, которые едят яйца комаров, это может привести к большему количеству комаров. Более высокие температуры связаны с сокращением времени репликации и увеличением вирусной нагрузки у птиц и комаров [198].

В России риск заразиться ЛЗН существует летом и осенью, особенно в южных регионах, где люди заражаются каждый год [31, 48]. На юге России (Волгоградская область) давно существует эндемичный район, который остаётся пораженным ВЗН с максимальным числом зарегистрированных случаев в стране – природные особенности региона сформировали благоприятные условия для длительной циркуляции ВЗН. В 2023 г. на юге России в эпидемиологический процесс по ЛЗН были вовлечены 7 субъектов Российской Федерации, выявлено 157 случаев заболевания ЛЗН: Астраханская область (7 случаев), Ростовская область (33), Волгоградская область (18), Ставропольский край (3, 1 летальный), Краснодарский край (93), Чеченская Республика (1), Республика Ингушетия (2). Это в 14,3 раза превышает число случаев заболевания в 2022 году. Случаи ЛЗН в целом отмечались с июня по ноябрь с выраженным пиком в сентябре (86 случаев, 55,5 %). Все заболевшие в анамнезе отмечают укусы комаров [11, 63]. За последние 20 лет в Волгоградской области была обнаружена статистически значимая корреляция между случаями ВЗН у людей и суммой эффективных температур. [217]. Средний показатель по России за последние годы составляет около 100-120 случаев в год, а крупнейшие вспышки произошли в 1999 г. (475), 2010 г. (527), 2012 г. (447) и 2019 г. (352). В последние годы из-за потепления климата всё больше возрастает риск распространения ЛЗН на север страны [217].

Болезнь, вызванная вирусом Эбола (*Ebola virus disease, EVD*). Вирус Эбола (*Ebola virus, ebolavirus, EBOV*) по таксономической классификации 2024 года [138] относится к семейству *Filoviridae*, роду *Orthoebolavirus*, виду *Orthoebolavirus zairense* (раньше – Заир). Род *Orthoebolavirus* включает еще 5 видов [67, 138]. Самым вирулентным из 6 видов рода *Orthoebolavirus* является *ebolavirus* Заир [277]. Наиболее часто вирусы рода *Orthoebolavirus* поражают приматов (включая людей) [112, 252]. *EBOV* в настоящее время отнесен к патогенам I уровня биологической безопасности (по российской классификации), для которого отсутствуют или ограничены коммерчески доступные вакцины или методы лечения, а также входит в перечень патогенов ВОЗ, в отношении которых исследования и разработки контрмер должны быть приоритетными, учитывая их предполагаемый пандемический потенциал [114]. Поэтому растет обеспокоенность возможностью быстрой потенциальной передачи вируса в отдаленные регионы посредством авиаперелетов.

EBOV Заир имеет общий коэффициент летальности 60% во время вспышек с 2010 по 2020 год [67, 142], за ним следует суданский вирус, средний уровень летальности которого составляет около 50% [193].

Вспышки EVD обычно начинаются с одного случая (индексного) вероятной зоонозной передачи, за которым следует передача от человека к человеку [142]. По данным ВОЗ, несколько видов плодовых летучих мышей семейства *Pteropodidae* в центральной и западной Африке служат естественными резервуарами вируса Эбола [112, 252]. Рабочая теория зоонозного переносчика инфекции, вызванной вирусом Эбола, у людей заключается в прямом контакте с инфицированными приматами (дикими гориллами, шимпанзе, другими обезьянами), а также лесными антилопами, в том числе найденными мёртвыми в тропических лесах. Болезнь Эбола не передается воздушно-капельным путем и, как правило, не считается заразной до появления симптомов [142]. Распространение эпидемии обычно происходит в результате передачи инфекции членам семьи, затем членам общины, в том числе в процессе похоронных обрядов. Несколько вспышек были вызваны лабораторным и внутрибольничным заражением [192, 197]. Передача инфекции требует прямого контакта с органами, кровью, выделениями или другими жидкостями организма инфицированных людей / животных или их трупов [110]. Эффективный контроль вспышек EVD зависит от принятия многих видов мер: соблюдения биологической безопасности при уходе за пациентами, профилактики и контроля инфекций, надзора за заболеваниями и отслеживания контактов, качества лабораторных услуг, безопасных захоронений [252].

Большинство вспышек произошло в странах к югу от Сахары; крупнейшая вспышка имела место в трёх странах Западной Африки (Гвинея, Либерия и Сьерра-Леоне) в период с 2013 по 2016 год, где было зарегистрировано более 28 000 случаев заболевания и 11 000 смертей [90]. Очередная вспышка EVD была зарегистрирована 1 июня 2020 г. в Демократической Республике Конго.

Две вакцины против EVD, вызванной вирусом Заир, получили разрешение ЕС на продажу. Лицензированных вакцин против болезни Эбола, вызванной другими видами рода *Orthoebolavirus*, не существует [252].

EBOV является хорошим примером вируса, для которого адаптационные мутации, по-видимому, важны с точки зрения вирусной инфекции, эволюции и способности распространяться у людей после смены вида [114]. Как и многие РНК-вирусы, EBOV кодирует РНК-зависимую РНК-полимеразу, лишенную способности к корректуре, и склонен генерировать ошибки во время репликации, которые приводят к высокой частоте мутаций. Во время эпидемии EBOV 2013-2016 годов было идентифицировано несколько фиксированных мутаций, по крайней мере две из которых прошли положительный отбор и показали повышенную приспособленность вируса [108, 117, 177, 239]. Наиболее стабильным относительно возникновения мутаций оказался ген нуклеопротеина, что делает этот белок самой перспективной мишенью при создании антивирусных препаратов.

Взаимодействие вирус-рецептор имеет решающее значение в регуляции вирусного тропизма и патогенеза. Тот факт, что некоторые вирусы инфицируют и реплицируются в широком спектре клеток, повышает их патогенность. Это относится и к EBOV, который реплицируется в тканях и типах клеток, благодаря способности его гликопротеина GP взаимодействовать с различными клеточными поверхностями и наличию рецептора Нимана Пика С1 (NPC1), используемого EBOV для широкого спектра типов клеток и тканей [80].

Эпидемия EVD, возникшая в 2014 г. в Западной Африке, наглядно иллюстрирует, как вирус, который раньше поражал лишь животных и небольшие группы людей может быстро распространиться по территории, поразив десятки тысяч человек. Сочетание многих факторов (вирулентность возбудителя, высокая плотность населения, увеличение количества поездок, миграции населения, более тесный контакт с дикими животными, слабая система здравоохранения и медленное реагирование приводит к распространению болезни [251]. В недавнее время, 30 января 2025 г., в Уганде была объявлена вспышка (с коэффициентом летальности 11%), вызванная Sudan virus disease (SVD). Это шестая вспышка SVD в Уганде, предыдущая была в сентябре 2022 года: зарегистрировано 164 случая заболевания и 55 смертей [249]. Поэтому не вызывает сомнений актуальность дальнейшего изучения этих вирусов современными методами, разработки противоэпидемических мероприятий, а также средств лечения и профилактики.

Лихорадка Зика (ЛЗ, *Zika fever*) – вызывается вирусом Зика (BЗ, *Zika virus*, ZIKV). Это флавивирус с положительной РНК из семейства *Flaviviridae* [138], которое также включает вирусы денге (*DENV*), вирусы Западного Нила, желтой лихорадки и японского энцефалита [168]. Способность BЗ вызывать врожденные дефекты у плодов и младенцев, примером которой является эпидемия микроцефалии в Бразилии, является беспрецедентной особенностью этой вирусной инфекции, переносимой комарами [155, 271].

Впервые ВЗ был обнаружен в Африке ещё в 1947 г., в Азии – в 1966 г., однако только в 2007 году имела место первая задокументированная вспышка среди людей с более чем 19 000 случаев (по оценкам, 73% населения) на острове Яп, Микронезия [111]. До этой вспышки на острове Яп было зарегистрировано только четырнадцать случаев заболевания людей [116]. В феврале 2015 г. в северо-восточных регионах Бразилии произошла вспышка, симптоматически похожая на денге (сыпь, зуд, субфебрильная температура, боль в суставах и мышцах и боль в глазах), примерно от 400 000 до 1,3 миллиона случаев [230]. С помощью ПЦР среди заболевших был идентифицирован ВЗ, а к сентябрю 2015 г. Министерство здравоохранения Бразилии сообщило об увеличении числа младенцев с микроцефалией. После этой вспышки эпидемиологические и вирусологические расследования позволили получить гораздо более полную картину инфекции [125]. В феврале 2016 г., учитывая стремительное распространение вируса, ВОЗ объявила инфекцию, вызванную вирусом Зика, чрезвычайной ситуацией в области общественного здравоохранения, имеющей международное значение [270].

У взрослых симптомы, проходящие самостоятельно, длящиеся в среднем неделю, могут быть легкими и включать лихорадку, покраснение глаз, боль в суставах и сыпь. Иногда может возникнуть болезнь Гийена-Барре. Самым тяжелым последствием инфекции являются врожденные пороки развития детей, рожденных от женщин, подвергшихся воздействию ВЗ во время беременности. Недавний анализ результатов показал, что каждый седьмой ребенок от беременности, сопряженной с инфицированием ВЗ, имел врожденный дефект [208]. Группы повышенного риска заболеваний, переносимых комарами, – люди, живущие в густонаселенных городских районах с лужами или ёмкостями со стоячей водой и ограниченным доступом к противомоскитным сеткам и средствам от насекомых.

Причины изменений в поведении и патогенезе вируса Зика могут быть связаны с изменением вирулентности вируса и новой способностью заражать человека-хозяина. Кроме того, изменение среды обитания комаров, а также растущая урбанизация, бедность, стихийные бедствия, изменение климата и изменения среды обитания человека увеличили риск заражения вирусом Зика [87, 125, 185]. В настоящее время болезнь Зика регистрируется более чем в сорока странах и территориях [72]. Считается, что эпидемия 2015 г. в Бразилии началась в 2014 году во время международного спортивного мероприятия, на котором Бразилию посетили люди из стран, эндемичных по Зика [221]. Это подчеркивает важность планирования готовности к современным инфекционным заболеваниям во время будущих международных массовых мероприятий.

В период с 01.01 по 31.12.2024 в трех штатах Индии было зарегистрировано в общей сложности 151 случай болезни, вызванной вирусом Зика, однако по состоянию на 31 декабря 2024 года не было зарегистрировано случаев микроцефалии и/или синдрома Гийена-Барре, связанных с этой вспышкой [269].

В настоящее время не существует специального лечения инфекции и вакцины против ЛЗ. Первостепенное значение приобретает эффективная борьба с комарами в профилактике лихорадки Зика, ЛЗН, денге и других эмерджентных инфекций, возбудители которых передаются через укусы комаров. Недавно была продемонстрирована нетривиальная возможность решения проблемы борьбы с комарами, распространяющими возбудителя лихорадки денге и Зика [163, 228]. Одну из оригинальных стратегий борьбы с комарами *A. aegypti* в настоящее время продолжает тестировать некоммерческая группа Всемирной программы по борьбе с комарами (WMP) в Мельбурне, Австралия. В рамках кластерного рандомизированного контролируемого исследования WMP выпускает комаров, зараженных штаммами бактерии *Wolbachia pipientis*, которая конкурирует с такими вирусами, как денге и Зика, что снижает вероятность передачи возбудителей этих заболеваний насекомыми. Эта стратегия основана на том, что *Wolbachia* (эндосимбионт, поражающий большинство членистоногих) снижает восприимчивость *A. aegypti* к диссеминированной инфекции, вызванной +РНК-вирусами. Согласно данным, распространение модифицированных комаров в Колумбии уже снизило уровень заболеваемости денге на 94-97% в трёх крупных густонаселённых городах (в них проживает 3,3 млн человек), где насекомые хорошо прижились и стали широко распространены. С момента запуска проекта (2015 г.) в регионе не было крупных вспышек лихорадки денге. Интрогрессия *Wolbachia* в популяции *A. aegypti* также обеспечивает передачу этой бактерии комарами своему потомству [200]. Исследователи надеются, что модифицированные комары будут скрещиваться с дикой популяцией, где бы они ни были выпущены, и что количество комаров с *Wolbachia* в конечном итоге превысит количество комаров без нее.

Лихорадка чикунгунья является одним из примеров возвращения тропической болезни, которая недавно распространилась на новые территории в результате глобализации, изменения климата и внедрения более инвазивных видов. Болезнь вызывается РНК-содержащим арбовирусом чикунгунья (ВЧ, *chikungunya virus*, *CHIKV*), из рода альфавирусов семейства *Togaviridae* [138]. Вирус чикунгунья передается комарами, чаще всего *Aedes aegypti* и *Aedes albopictus*, которые также могут переносить вирусы денге и Зика. После вспышек в Индии и Индийском океане в 2005 и 2006 годах глобальное распространение ВЧ и места эпидемий резко изменились, к 2014 году вспышки лихорадки чикунгунья были зарегистрированы в странах Европы, Азии, Африки и Америки. В настоящее время инфекция продолжает оставаться серьезной угрозой общественному здравоохранению с потенциалом дальнейшего появления и распространения [56, 95]. Поскольку лихорадка чикунгунья имеет клинические проявления, схожие с симптомами лихорадок денге и Зика, это вполне может затруднить ее диагностирование [244, 245]. Хотя ВЧ обычно не вызывает смертельного заболевания, его появление служит предупреждением о том, что за ним могут последовать другие тропические болезни, передаваемые комарами.

Геморрагическая лихорадка Ласса (ГЛЛ, *Lassa fever, LF*), вызываемая вирусом Ласса (ВЛ, *Lassa marmarenavirus, LASV*) семейства *Arenaviridae* [138, 256], – природно-очаговое зоонозное инфекционное заболевание из группы вирусных геморрагических лихорадок. Характеризуется тяжелым течением, высоким процентом летальных исходов, поражением органов дыхания, почек, ЦНС, миокардитом, геморрагическим синдромом [71, 82, 83]. ГЛЛ эндемична в некоторых частях Западной Африки, первый задокументированный случай произошел в 1969 г. [82, 83, 136]. ВЛ является вновь появляющимся вирусом и относится к микроорганизмам I группы биобезопасности. ВЛ – один из вирусов, определенных ВОЗ в качестве вероятной причины будущей эпидемии. Поэтому он в 2016 г. был включён в список объектов срочных исследований и разработок для создания новых диагностических тестов, вакцин и лекарственных препаратов [142, 242, 263, 264].

Природный резервуар вируса – многососковая крыса (мышь) *Mastomys natalensis*, без видимых симптомов выделяющая вирус с мочой, слюной и фекалиями, контакт человека с которыми и приводит к инфицированию [83]. Вирус передается людям при контакте с пищевыми продуктами или предметами домашнего обихода, контаминированными мочой или фекалиями грызунов. ВЛ также может передаваться между людьми при непосредственном контакте с кровью, мочой, фекалиями или другими выделениями инфицированного человека. Передача вируса может осуществляться в медицинских учреждениях через зараженное медицинское оборудование. Сообщалось о передаче ВЛ половым путем [256].

Ежегодно в мире происходит от 300 000 до 500 000 случаев заражения ГЛЛ, при этом около 5000 человек умирают [136]. В последние годы зарегистрировано несколько вспышек с высоким уровнем смертности. В 2018 г. вспышка произошла в Нигерии и распространилась на 18 штатов страны (431 случай, 72 смертельных исхода) [178]. Общее число случаев заболевания в Нигерии в 2019 г. составило 810 с 167 смертельными исходами, что является самым высоким показателем летальности (23,3%) [82]. В период эпидемии ГЛЛ в 2020 г. общее число заболевших составило 855, а число летальных исходов – 144 (коэффициент летальности – 16,8%) [82]. В 2022 г. – с января по март зарегистрировано 132 случая смерти, (коэффициент летальности – 19,1 %) [189]. В 2024 г. в Нигерии лабораторно подтверждено 203 случая смерти (коэффициент летальности – 16,4%) [190].

Вероятность того, что ВЛ может быть использован в качестве биологического оружия, повышает значимость необходимости глубокого понимания ГЛЛ и более эффективных программ контроля и лечения [209]. Для точной характеристики возникновения и распространения вируса необходимы дальнейшие исследования его природного резервуара наряду с расширенным эпиднадзором. Методы филогеографии и молекулярной эпидемиологии позволили спрогнозировать расширение эндемичной зоны лихорадки Ласса в контексте

будущих глобальных изменений [65, 70]. Вырубка лесов, представляющая собой преднамеренное разрушение естественной лесной экосистемы, считается основной причиной распространения вируса, поскольку естественная среда обитания грызунов-хозяев была нарушена, и поэтому они ищут убежища в домах людей [65]. Вакцины для людей не существует [83].

Скарлатина относится к одним из актуальных классических инвазивных проявлений *Streptococcus pyogenes*, который вызывал смертельную пандемию скарлатины и послеродовой лихорадки между 1830 и 1900 годами [149], был одной из основных причин детской заболеваемости с уровнем смертности от инфекций 15-20% в XIX и начале XX века [4, 5, 235]. К 1940-м годам скарлатина в мире считалась почти искорененной, однако за последние десятилетия вновь распространилось по всему миру.

Повторное появление скарлатины в Соединенном Королевстве, Гонконге и материковом Китае, в других странах мира [274] – это новая угроза здравоохранению. Так, на Дальнем Востоке и в Великобритании заболеваемость скарлатиной растет с 2008 г. [54, 159]; в Южной Корее увеличилось число больных скарлатиной с 0,3 на 100 000 населения в 2008 г. до 13,7 на 100 000 населения в 2015 г. В последние десятилетия в ряде стран отмечены крупные вспышки скарлатины (Вьетнам, 2009 г. – более 23 000 случаев; Китай, 2011 г. – более 100 000 случаев); в Англии с 2013 г. наблюдался необъяснимый всплеск заболеваемости скарлатиной – зарегистрировано 17,5 тыс. лабораторно подтвержденных случаев; в 2016 г. количество случаев достигло 19 206, что является самым высоким показателем заболеваемости за более чем 50 лет. Зарегистрированы вспышки в Нидерландах, Северной Америке [166, 212].

Специалисты считают, что возможным объяснением возрождения скарлатины является генная модификация возбудителя *S. pyogenes* в результате горизонтального переноса генов, позволившая бактерии образовывать высоко-вирулентные инвазивные геноварианты (типов *emm* – *speA* и *speC*), которые циркулируют, конкурируя с другими штаммами и, возможно, стоят за современными вспышками скарлатины [4, 73, 102, 196, 229]. В Соединенном Королевстве сообщалось о новом варианте *S. pyogenes* серотипа M1 (обозначенный как «M1_{UK}'), связанном с сезонными вспышками скарлатины, заметным увеличением инвазивных инфекций и демонстрирующем повышенную экспрессию суперантигена *SpeA*. Анализ частоты генотипа *emm1* с 2005 г. выявил быстрое распространение M1_{UK} в Австралии, причем >60% клинических случаев *emm1 S. pyogenes* относятся к генотипу M1_{UK} 2019 года [102].

Филогенетическое сравнение 737 геномов *emm1 S. pyogenes* из Европы, Северной Америки, Азии и Австралии подтверждает предположение о единственном общем предке для популяции Великобритании – предшественника M1 независимо от географического источника, что указывает на распространение пандемии [103, 174, 276]. Хотя понимание механизмов генетической изменчивости штаммов БГСА и патогенеза заболеваний, вызванных новыми ин-

вазивными штаммами, в последние годы значительно улучшилось, ключевые вопросы еще предстоит решить [276].

Дифтерия – возвращающееся инфекционное заболевание с периодическими вспышками, что подчёркивает необходимость лучшего понимания естественной истории, ключевых эпидемиологических параметров болезни, роли бессимптомных лиц в передаче инфекции и эффективности мер борьбы с ней [3, 7, 8, 227, 247].

Когда-то дифтерия была одной из ведущих причин детской смертности, после введения вакцины заболеваемость дифтерией резко снизилась с более чем миллиона случаев в год в середине 1900-х годов до 7097 случаев, зарегистрированных в 2016 году [1, 7, 75, 85, 91, 123, 227]. Тем не менее в период после внедрения вакцины до сегодняшних дней неоднократно регистрировались крупные вспышки и эпидемии дифтерии, обусловленные различными факторами.

В 1994 г. ВОЗ дифтерия была предложена в качестве кандидата на элиминацию в Европейском регионе к 2000 г. Однако в 1990-е годы, когда эта цель в Европе казалась близкой к достижению, несколько факторов привели к возрождению дифтерии до масштабов эпидемии в новых независимых государствах бывшего Советского Союза. В числе прочих причин это объяснялось сокращением адекватного охвата вакцинацией детей в результате большого количества ненужных противопоказаний к вакцинации [233, 234]. Проблема усугублялась социально-экономической нестабильностью, крупномасштабным перемещением населения, ухудшающейся инфраструктурой здравоохранения, нехваткой вакцины, задержкой в осуществлении мер борьбы, недоверием к вакцинации среди медицинских работников и населения, использованием низкодозированной рецептурной вакцины для первичной вакцинации, ослаблением иммунитета у взрослого населения (вакцинировали только детей), отсутствием адекватных запасов антитоксина для профилактики и лечения в большинстве пострадавших стран [109, 120, 121, 233, 234]. На пике эпидемии в 1995 г. в Европейском регионе ВОЗ было зарегистрировано более 50000 случаев, отмечено большое число заболеваний у взрослых [120]. В 1995 г. были внедрены чрезвычайные стратегии борьбы, и с тех пор все пострадавшие страны регулярно сообщали о снижении заболеваемости дифтерией. Стратегии интенсивной вакцинации позволили взять болезнь под контроль в большинстве стран, но в некоторых случаях эндемическая передача все еще продолжается [234]. Наследие этой эпидемии включает пересмотр глобальной стратегии борьбы с дифтерией, новые лабораторные методы лабораторной диагностики и анализа дифтерии и разработку адекватной модели будущих чрезвычайных ситуаций в области здравоохранения в рамках успешного сотрудничества многочисленных международных партнеров [109].

С 2000 г. большинство зарегистрированных вспышек были небольшими, хотя более крупные вспышки, как правило, происходили после сокращения

охвата вакцинацией (часто связанной с нарушениями инфраструктуры и гражданскими беспорядками) [176, 202]. Ситуацию еще больше осложняет то, что мировые запасы жизненно важного дифтерийного антитоксина в последние годы сократились из-за истечения срока годности и прекращения производства, вызванного снижением спроса [157]. В 2018 году ВОЗ сообщила о росте случаев заболевания в Индии, Индонезии, Африке, Южной Америке [247].

Также следует учитывать, что возбудитель дифтерии непрерывно эволюционирует, появляются более вирулентные, более инвазивные и антибиотикорезистентные штаммы. Так, в Испании в период с 2014 по 2019 год в национальной справочной лаборатории был проанализирован 21 изолят *Corynebacterium diphtheriae* (6 токсигенных, 1 летальный). Анализ показал, что 10 изолятов, включая 3 токсигенных изолята, содержали различные гены устойчивости к антибиотикам в дополнение к высокой распространенности фенотипически продемонстрированной устойчивости к пенициллину [134]. Показано высокое генетическое разнообразие сублиний, которые могут быть связаны с Полинезией, Австралией или метрополией Франции. Устойчивая к тетрациклину сублиния, содержащая tetO, оказалась широко распространенной [225]. Более того, нетоксигенные штаммы *C. diphtheriae* становятся серьезной проблемой глобального здравоохранения, вызывая тяжелый фарингит и тонзиллит, эндокардит, септический артрит и остеомиелит [214]. Во Франции были изучены два токсигенных изолята *C. diphtheriae* с множественной лекарственной устойчивостью. Оба изолята были устойчивы к спирамицину, клиндамицину, тетрациклину, канамицину и триметоприм-сульфаметоксазолу. Гены ermX, cmx, aph(3')-Ib, aph(6)-Id, aph(3')-Ic, aadA1, dfrA15, sul1, cmlA, cmlR и tet(33) были сгруппированы в два геномных островка патогенности, один из которых состоял из двух транспозонов и одного интегрона, другой был окружен двумя последовательностями вставки IS6100. Один изолят дополнительно представлял мутации в gyrA и groV и был устойчив к ципрофлоксацину и рифампицину. Оба изолята принадлежали к сублинии 453 (SL453) вместе с 25 изолятами из 11 других стран [69].

Существование естественного резервуара дифтерийной инфекции, постоянная трансформация циркулирующих штаммов с повышением степени их патогенности [43, 232] проявляется клиническими случаями заболевания повсеместно и наличием эндемичных очагов высокой заболеваемости в Африке к югу от Сахары, в Индии и Индонезии. В 2013 г. дифтерия привела к гибели 3300 человек [43]. Заболевания, вызванные *Corynebacterium species*, включая *C. diphtheriae*, регистрируются среди животных, находящихся рядом с человеком (зоопарки, фермы, охотоведческие хозяйства) с подтвержденной передачей возбудителя от больного животного человеку [43, 77, 78, 133].

Очевидна необходимость возобновления усилий по лучшему пониманию дифтерии и повышению готовности к эпидемии. Так, в ноябре 2017 г. среди беженцев-рохинджа в лагере Кутупалонг, Бангладеш, произошла крупней-

шая за это столетие вспышка дифтерии. По состоянию на июнь 2019 г. было зарегистрировано 8640 случаев заболевания и 45 смертей [206]. Это последняя по времени из серии крупных вспышек, связанных с политическими беспорядками, включая вспышки в Венесуэле (1904 вероятных случая, 164 смертельных случая), Йемене (1907 предполагаемых случаев, 98 смертельных случаев) и Гаити (808 вероятных случаев, 107 смертельных случаев) [206, 227]. Вспышка болезни рохинджа послужила предупреждением об эпидемическом потенциале дифтерии среди населения, получающего недостаточные или прерываемые услуги по плановой иммунизации [229].

Таким образом, до настоящего времени дифтерийная инфекция остаётся недостаточно изученной. Точная характеристика дифтерии как забытой, но не исчезнувшей болезни (*«Diphtheria: forgotten, but not gone»*), данная N.R. Adler et al. (2013), лучше всего подчеркивает актуальность существующей проблемы [66].

В России до 1959 г. показатели заболеваемости дифтерией были очень высокие – до 93,0 на 100 тыс. населения, так как массовые прививки в стране стали осуществлять лишь с 1959 г. Уже в 1968 г. интенсивный показатель был характерен для спорадического уровня заболеваемости – всего был зарегистрирован 51 случай, то есть по сравнению с 1959 г. – начала массовой иммунизации – заболеваемость снизилась в 1456 раз (!), а смертность в 850 раз [26, 143]. Тем не менее с 1990 г. начался новый подъем заболеваемости дифтерией в России. Одной из основных причин этого явилась агрессивная кампания, развернувшаяся в 90-х годах в средствах массовой информации по дискредитации прививок, в результате всего за несколько лет до критического уровня снизился охват детей прививками. Как следствие этого в 1993–1996 гг. эпидемия дифтерии охватила большинство регионов России, заболеваемость исчислялась десятками тысяч случаев. В целом в 1990–1996 гг. дифтерией заболело 111 144 человека, умерло 3047 человек. Практически все умершие от дифтерии (95%) не были привиты против этой инфекции [3, 26, 143].

В период эпидемии дифтерии 90-х годов XX века 75% всех клинических случаев заболевания зарегистрированы в России. До сих пор остается открытым вопрос о наличии связи между массовым одномоментным выводом советских войск в 1990 г. из эндемичного по дифтерийной инфекции Афганистана и началом эпидемии дифтерии в 90-х годах в России и в республиках СССР. По оценкам Красного Креста, в СССР в 1991 г. было 2000 случаев заболевания дифтерией. К 1998 г. эти цифры выросли в 100 (!) раз, и число смертельных исходов превысило 6000 [1, 3, 25, 41, 43, 66, 109].

В 1993–1995 гг. была проведена массовая иммунизация всего населения. Прививками было охвачено 96% детей, привито 81,5 млн взрослых. Такие широкомасштабные мероприятия имели незамедлительный эффект. С 1996 г. началось ежегодное снижение заболеваемости – к 2002 г. она сократилась в 50 раз по сравнению с 1994 г. [26]. В настоящее время в условиях поддержания

высокого уровня привитости (95% и более) достигнута стабилизация заболеваемости [3, 26]. Однако актуальность проблемы дифтерийной инфекции в условиях единичных случаев заболевания по сей день сохраняется. Во-первых, утрачивается опыт клинического и бактериологического распознавания дифтерии. Во-вторых, существует риск завоза дифтерии с неблагополучных территорий.

Таким образом, в связи с ростом количества случаев дифтерии в эндемичных странах, усилением транспортных и миграционных процессов, а также продолжающейся циркуляцией на территории нашей страны (в том числе скрытым бактерионосительством возбудителя) необходим постоянный мониторинг возбудителя дифтерийной инфекции. Сегодня в отношении дифтерии особую актуальность в России приобретают полный охват плановой вакцинацией в соответствии с национальным календарём прививок и проведение эпидемиологического надзора, включающего тщательный контроль за основополагающими факторами, определяющими благополучную эпидситуацию, поскольку сохраняется резервуар возбудителя в форме носительства [7, 8, 26, 41, 46].

Полиомиелит – ранее одно из самых страшных заболеваний в мире, сопровождающее человека в течение многих тысячелетий. Полиомиелит вызвал широкую заболеваемость и смертность среди детей во время многочисленных эпидемий между 1900-ми и 1960-ми годами. Заболеваемость полиомиелитом начала резко снижаться после разработки инъекционной и оральной вакцин против полиомиелита.

После объявленной в 1988 г. ВОЗ глобальной программы по ликвидации полиомиелита, преследовавшей цель не только снижения заболеваемости до нулевого уровня, но и доказанного прекращения циркуляции дикого полиовируса, передача дикого полиовируса (ДПВ) типа 1 была прервана во всех странах, за исключением Афганистана, Нигерии и Пакистана. ДПВ типа 2 (ДПВ2) был объявлен ликвидированным в 2015 году; ДПВ типа 3 не обнаруживался с 2012 года [129]. Тем не менее в Европейском регионе ВОЗ на фоне общего снижения заболеваемости все еще оставались проблемные районы. За период с 1990 по 1998 год в Европейском регионе ВОЗ зарегистрировано 1038 случаев полиомиелита (Азербайджан – 251 случай, Грузия – 36, Таджикистан – 112, Болгария – 46, Румыния – 13, Нидерланды – 71, Югославия – 10, Украина – 27, Узбекистан – 120, Россия – 151, Албания – 138, Греция – 5, Косово – 25, Турция – 33 случая). Циркуляция диких полиовирусов в Европе прекратилась в 1998 г., а регистрация Европейского региона ВОЗ как территории, свободной от полиомиелита, состоялась в июне 2002 г. [16]. Примером способности полиовируса легко импортироваться в любую страну с последующим быстрым распространением является вспышка в Таджикистане в апреле 2010 г., в течение которой в общей сложности выявлено 706 заболевших, у 458 человек диагноз полиомиелита подтвержден лабораторно [2]. Произошло дальнейшее распространение

вируса в Россию (14 случаев), Туркменистан (3 случая) и Казахстан (1 случай). Республика Таджикистан статус свободной от полиомиелита страны получила лишь в 2012 г. [16].

В России после проведения массовой иммунизации оральной полио-вакциной заболеваемость резко снизилась – в 1986-2000 годах ежегодно регистрировалось от 5 до 59 случаев за счет единичных случаев на отдельных территориях. В то же время в первой половине 90-х годов значительно снизился охват прививками детей в возрасте до 3 лет, что обусловило значительное осложнение эпидемиологической ситуации в отношении полиомиелита [41]. В 1995 г. в Чеченской Республике ввиду полного прекращения прививок детям возникла вспышка полиомиелита – 143 случая, зарегистрированы случаи в Республике Ингушетия и ряде других районов (всего в 1995 в Российской Федерации – 154 случая).

Последний местный случай полиомиелита, вызванный диким полиовирусом, зарегистрирован в России в 1996 г. В свою очередь, последние случаи заболевания полиомиелитом, вызванные завезенным диким полиовирусом, были зарегистрированы в Российской Федерации в 2010 г. во время завоза дикого полиовируса типа 1 из Республики Таджикистан, где была вспышка этой инфекции [50].

В России реализуется система мероприятий по поддержанию статуса государства, свободного от полиомиелита. Система включает в себя эпиднадзор за синдромом острого вялого паралича, обследование на полиовирусы и иммунизацию детей, в том числе прибывающих из эндемичных, неблагополучных по полиомиелиту стран, в соответствии с национальным календарем профилактических прививок и календарем профилактических прививок по эпидемическим показаниям вакцинами, зарегистрированными на территории России [44, 46, 49].

В 2025 г. эндемичными по дикому полиовирусу типа 1 по-прежнему остаются 2 страны – Афганистан и Пакистан [261, 262]. Поэтому риск завоза дикого полиовируса из эндемичных и неблагополучных по полиомиелиту стран в Россию и другие страны сохраняется. Хотя почти полная ликвидация полиомиелита является огромным достижением для мирового общественного здравоохранения, остается много проблем. Полиовирусы вакцинного происхождения (VDPV) приобретают свойства нейровирулентности и трансмиссивности дикого типа, вызывая вспышки и недоверие к программам вакцинации. Недавние случаи полиомиелита вакцинного происхождения и обнаружение полиовируса в сточных водах в промышленно развитых странах подчеркивают, что до полной ликвидации полиомиелит остается глобальной проблемой [272, 273].

Лептоспироз является распространённой зоонозной инфекцией и в настоящее время рассматривается как возвращающаяся инфекция с растущей заболеваемостью как в развивающихся, так и развитых странах, что определяется меняющимися климатическими, социально-демографическими и эколо-

гическими факторами [15, 76, 160, 161, 231, 275]. Источником передачи возбудителя являются как дикие, так и домашние животные [97, 153].

Эпидемиология лептоспироза значительно изменилась в последние десятилетия. В последнее время имели место крупные вспышки инфекции в результате сочетания целого ряда факторов: изменение климата, рост численности населения, урбанизация (обычно связанная с нищетой и трущобами в развивающихся странах) и интенсификация сельского хозяйства для удовлетворения растущих потребностей в продовольствии [161]. Распространение лептоспир заслуживает внимания, поскольку инфекция может встречаться практически у всех видов животных, обитающих в определённом регионе. Для полного понимания современной эпидемиологии лептоспироза необходимы дальнейшие исследования [97].

Возрождение интереса к лептоспирозу было вызвано крупными вспышками, получившими широкую огласку [15, 89, 124, 164, 165]. Так, в Центральной и Южной Америке после циклонов, наводнений в результате избыточных осадков, связанных с Эль-Ниньо, были зарегистрированы массовые заболевания лептоспирозом [153]. В ходе систематического обзора и моделирования было подсчитано, что ежегодно во всем мире происходит более миллиона случаев заболевания людей, включая почти 60 000 смертей в год, преимущественно в более бедных тропических регионах [100, 105, 175, 226]. В последние годы случаи лептоспироза человека и животных были зарегистрированы во многих странах Ближнего Востока, также там зарегистрирована изменчивость серопревалентности *Leptospira* [139, 191, 213, 278].

Лептоспироз продолжает занимать одно из первых мест среди зоонозов по тяжести клинического течения и частоте летальных исходов. Тяжёлая форма лептоспироза является классической моделью сепсиса, для которого обязательным признаком является полиорганная недостаточность [94, 98, 130]. Трендом современного лептоспироза в Европе стала регистрация спорадических случаев с высокой летальностью до 55% [15, 106, 172]. Следует отметить, что в разные временные периоды в сыворотках крови больных преобладали антитела к лептоспирам разных серогрупп, в настоящее время отмечается доминирование вариантов серогруппы Sejroe [53]. В Российской Федерации с начала 2000 до 2017 г. при резком снижении заболеваемости постепенно начала нарастать летальность, которая составляла в среднем до 6% за 2000-2017 гг. Пиковых значений летальность достигла в 2013 и 2014 гг. (18,2% и 17,2% соответственно) [15].

В России крупные подъёмы заболеваемости лептоспирозом имели место в 1997 г. (2306 случаев) и в 2004 г. (2467 случаев). Высокий уровень эпидемического проявления лептоспироза, многократно превосходящий средние показатели заболеваемости по стране, в 1992-2002 гг. отмечается в зоне Северного Кавказа, особенно в Краснодарском и Ставропольском краях, Республике Адыгея, а также в Мордовии, Калининградской, Тульской, Ульяновской, Пермской

областях. В начале 90-х годов более половины всех случаев лептоспироза в России были выявлены в Краснодарском крае, что в 19 раз превысило общероссийский уровень [42]. В настоящее время (2022-2024 гг.) на юге России регистрируется от 10 до 42 случаев в год [62, 63].

Принимая во внимание сложность клинической и лабораторной диагностики лептоспироза, следует иметь в виду, что официальные данные отражают не столько реальную эпидемиологическую ситуацию по лептоспирозу, сколько уровень лабораторной диагностики. Эффективность методов эрадикации носительства у людей и животных все еще неудовлетворительна. Известные на протяжении многих десятилетий источники инфекций также по-прежнему опасны, и реальные масштабы этой опасности точно не оценены [237].

Сибирская язва. Неблагополучная обстановка по сибирской язве в настоящее время сохраняется в большинстве стран Европы, а наиболее сложная ситуация складывается на территориях стран Центральной Азии и Южного Кавказа, где ежегодно регистрируются эпизоотии среди животных, приводящие к инфицированию людей. Большое число почвенных очагов и низкий охват вакцинацией (в некоторых регионах – полное её отсутствие) приводят к заболеванию сельскохозяйственных животных, а контакт с больными животными и инфицированным мясом является причиной заболевания людей. Ежегодно случаи заболевания среди населения регистрируют в Казахстане, Таджикистане и Армении. Всего за период с 2000 по 2016 год зарегистрировано 767 случаев заболевания человека. С 2017 г. практически ежегодно сибирская язва регистрируется в Республике Киргизия [16]. В мае 2025 года в Таиланде зарегистрировано пять случаев кожной формы сибирской язвы, один из них – летальный. Все заболевшие в Таиланде имели прямой контакт с крупным рогатым скотом, предположительно зараженным сибирской язвой [16, 17, 223, 250].

В начале 2000-х годов были описаны новые пути передачи возбудителя сибирской язвы, связанные с парентеральным употреблением героина, контаминированного спорами сибирской язвы. Так, в 2009 г. в Великобритании зарегистрированы 47 случаев инъекционной формы сибирской язвы (летальность составила 34 %). В 2012 году зарегистрировано 13 случаев инъекционной сибирской язвы с летальностью в 42 %: 6 случаев выявлено в Великобритании, 4 – в Германии, 2 – в Дании и 1 – во Франции.

В России заболеваемость носит, как правило, спорадический характер. Однако в 2016 г. на территории страны выявлена самая крупная вспышка сибирской язвы за последние годы (в Ямало-Ненецком автономном округе – 36 случаев заболевания с одним летальным исходом) [16, 17]. В 2021 г. в Российской Федерации зафиксировано два случая кожной формы сибирской язвы среди людей в Сибирском (Республика Тыва) и Северо-Кавказском (Республика Дагестан) федеральных округах [51].

Места расположения когда-либо возникших почвенных очагов, которыми являются сибиреязвенные скотомогильники и захоронения павших от си-

бирской язвы животных, расцениваются как стационарно неблагополучные по сибирской язве пункты, так как в них сохраняются споры сибиреязвенного микроба, что обуславливает угрозу возвращения инфекции и повторных вспышек в течение многих десятилетий. На территории Российской Федерации насчитывается свыше 35 тыс. стационарно неблагополучных пунктов по сибирской язве, где за период с 1900 по 2003 год зарегистрировано более 70000 вспышек и отдельных случаев заболевания людей и животных [60].

Холера неоднократно возникала на протяжении более чем двух столетий в связи с глобальными путешествиями, стихийными бедствиями и социальными потрясениями, что на фоне глобальных процессов перемещения людей обуславливает возможность повторных вспышек во всём мире.

За более чем 30-летний период (1990–2023 гг.) в странах Восточной Европы крупные вспышки холеры регистрировались в Румынии. С 1990 по 1995 год зарегистрировано в общей сложности 712 случаев холеры (в 1990 г. – 270 случаев заболевания; в 1991 г. отмечена вспышка, связанная с завозом из Турции, – 226 случаев; в 1994 г. – 80, в том числе 46 завозных). Распространение болезни отмечено на Украине, где произошла вспышка в 2011 г. с регистрацией 32 больных и 22 вибрионосителей, и в Молдове (1999 и 2000 гг. – по 1 случаю). Заносы холеры отмечены в Белоруссии (1994, 1995 гг.), Венгрии (1997 г.), Польше (1994, 2019 гг.) и Чехии (2002, 2017 гг.) [16].

За период с 1990 по 2020 год в странах СНГ вспышки и спорадические случаи холеры отмечены в Грузии (1994 г.), Азербайджане (1993, 1994, 1995, 1998, 2001, 2009 гг.), России (1994, 2010, 2012, 2014 гг.) и Таджикистане (2009 г.) в основном завозного происхождения [16].

В 2024 году в 33 странах пяти регионов ВОЗ было зарегистрировано в общей сложности 733 956 случаев заболевания холерой и 5162 случая смерти. Такие факторы, как военные конфликты, массовое перемещение, стихийные бедствия и изменение климата усилили вспышки, особенно в сельских и пострадавших от наводнений районах, где плохая инфраструктура и ограниченный доступ к здравоохранению задерживают выявление случаев холеры и её лечение. Эта трансграничная динамика сделала вспышки холеры все более сложными и труднее поддающимися контролю. Кроме того, дефицит вакцин против холеры продолжает препятствовать усилиям по контролю вспышек холеры и оперативному реагированию на распространение заболевания [259].

Следует отметить, что начало седьмой пандемии холеры в России и все последующие ее проявления имели завозной «пусковой механизм» развития эпидемического процесса [39, 40]. Наличие реальной угрозы импорта возбудителя холеры в Россию из стран, неблагополучных по этой инфекции, определяет актуальность изучения структуры миграции населения и формирования социальных групп риска, а также наиболее вероятных направлений завоза инфекции из стран ближнего и дальнего зарубежья в различные по типам эпидемических проявлений холеры субъекты и их муниципальные образования.

Активизация миграционных процессов, увеличение товарооборота, наличие общих границ с неблагополучными по холере странами – всё это определяет реальную возможность заноса этой инфекции на территорию Российской Федерации. Непосредственным напоминанием об этой угрозе являются эпидемические вспышки или выявленные единичные случаи холеры в Дагестане (1994 г., 1998 г.), Татарстане (2001 г.), Башкортостане (2004 г.), Мурманске (2006 г.), Москве (2005, 2010, 2012, 2014 гг.). Штаммы, выделенные от заболевших, являются высокопатогенными вариантами возбудителя холеры Эль Тор, характерными для эндемичных по холере стран Юго-Восточной Азии [35, 40, 52, 56].

Особенности эпидемии холеры 1994 г. в Дагестане, когда было зарегистрировано 2359 больных и вибрионосителей в 187 населенных пунктах 27 районов и 8 городах, были обусловлены завозом холеры паломниками, следовавшими на автомобильном транспорте из Саудовской Аравии, выраженными миграционными процессами внутри республики и за ее пределы, недостаточным уровнем коммунального благоустройства населенных мест (водоснабжение, водоотведение и их очистка), социально-экономическими условиями (официально зарегистрированная и скрытая безработица составляли более 8% численности населения) [35, 41]. Обострение социальной напряженности ввиду проведения военной операции, увеличение числа беженцев в сопредельные территории на фоне вероятности завоза инфекции наёмниками из стран Азии неблагополучных по холере, обусловили возникновение вспышки холеры в 1994 г. в Чеченской республике. Вспышка холеры в 1999 г. в Приморском крае (66 больных холерой и 21 вибрионоситель) была обусловлена завозом инфекции из Китая [39].

В настоящее время в Донецкой и Луганской Народных Республиках, Запорожской и Херсонской областях имеет место чрезвычайная ситуация и связанные с ней нарушения социальной инфраструктуры (водоснабжения, водоотведения и др.). Эти факторы, а также интенсификация миграционных процессов могут способствовать повышению вероятности осложнения эпидемиологической ситуации по холере в результате завоза этой инфекции с последующей реализацией водного пути распространения инфекции [45].

Заключение

В XXI столетии сформировалась устойчивая тенденция к появлению возвращающихся (REIDs, вновь возникающих, возрождающихся) инфекционных болезней, заболеваемость которыми возрастает в уже существующей популяции людей в результате долгосрочных изменений эпидемиологических условий [21, 27, 41, 43]. Они проявляются в различных частях земного шара в виде вспышек и эпидемий после длительных периодов эпидемиологического благополучия. Начиная с 1990-х годов прошлого века феномен возвращающихся инфекций стали интенсивно изучать, и сама проблема была обозначена как

одна из приоритетных для мирового здравоохранения [6, 20, 22, 184, 236]. Каждая из возвращающихся инфекций обладает уникальной этиологией, экологией, путём передачи. Некоторые из них возникают в результате естественных процессов, таких как эволюция патогенов, формирование устойчивости к лекарственным препаратам, но многие являются результатом человеческого поведения и сбоев в системе здравоохранения (например, нарушения иммунопрофилактики). Эти и многие другие факторы приводят к нетипичному течению многих «старых» инфекционных болезней и появлению новых особенностей и высокой вероятности их эпидемического распространения [15, 22, 23, 28, 37, 151, 162]. Возрождение этих давно известных и почти побеждённых раньше инфекций сегодня превратилось в проблему международного масштаба, а список нозологий, которые можно отнести к этой группе, неуклонно пополняется [6, 22, 23, 28, 37, 151, 162].

Диагностика рецидивирующих инфекций является важным инструментом для идентификации и характеристики возбудителей инфекционных заболеваний как в клинических образцах, так и в образцах окружающей среды. В настоящее время чувствительность, специфичность и доступность современных диагностических методов значительно улучшились [24, 122]. Однако современные диагностические анализы должны быть доступными и выполнимыми для районов с ограниченными ресурсами.

По-прежнему существует острая необходимость в изучении эпидемиологических данных о межвидовой передаче инфекции, в разработке совместных подходов к борьбе с инфекционной заболеваемостью среди животных и людей, программ готовности и реагирования, а также создания системы раннего предупреждения [132, 158]. По мере роста населения мира и усложнения проблем возвращающихся инфекций крайне важно разработать инновационные и динамичные стратегии противодействия этим угрозам. Стратегии должны включать укрепление систем здравоохранения, улучшение диагностики, усиление систем эпидемиологического надзора и улучшение междисциплинарного и международного сотрудничества. Такой подход позволяет более целенаправленно применять знания из нескольких областей, способствует гибкости при адаптации к быстрым изменениям, которые продемонстрировали вновь возникающие заболевания за последние три-четыре десятилетия [158, 195].

Список литературы

1. Беляева Н.М., Турьянов М.Х., Царегородцев А.Д. Дифтерия. СПб: Нестор-История, 2012. 254 с.
2. Бичурина М.А., Романенкова Н.И., Розаева Н.Р., Воротникова В.А. Глобальная ситуация по полиомиелиту. Стратегия и тактика ВОЗ по ликвидации полиомиелита. Журнал инфектологии, 2011;3(2):5-14. <https://doi.org/10.22625/2072-6732-2011-3-2-5-14>.

3. Борисова О.Ю., Гадуа Н.Т., Пименова А.С. и др. Характеристика токсигенных штаммов *Corynebacterium diphtheriae*, выделенных на территории России. Инфекция и иммунитет, 2021; 11(4):683–691. doi: 10.15789/2220-7619-COT-1272.
4. Брико Н.И., Глушкова Е.В. Состояние и тенденции эпидемической ситуации по стрептококковой (группы А) инфекции в России в последние годы. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2018; 1:10–16. DOI: 10.22625/2072-6732-2019-11-1-7-16.
5. Брико Н.И., Глушкова Е.В., Какорина Е.П., Никитин Н.В. Стрептококковая (группы А) инфекция в России: состояние проблемы и тенденции развития. Журнал инфектологии, 2019;11(1):7-16. <https://doi.org/10.22625/2072-6732-2019-11-1-7-16>.
6. Брико Н.И., Покровский В.И., Малышев Н.А. Глобализация и распространение инфекционных заболеваний. Прикладная микробиология. 2015; Т. 2, 1(4):20-28.
7. Брико Н.И., Попович Л.Д., Миндлина А.Я. и др. Сравнительная оценка предотвращаемого социально-экономического ущерба при различных подходах к профилактике вакциноуправляемых инфекций в рамках Национального календаря профилактических прививок. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2020;19(1):4-13. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2020-19-1-4-13>.
8. Брико Н.И., Фельдблюм И.В. Современная концепция развития вакцинопрофилактики в России. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2019;19(5):4-13. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2019-18-5-4-13>.
9. Бутенко А.М. Крымская геморрагическая лихорадка. – РЭТ-ИНФО. 2005; 3: 45-48.
10. Василенко Н.Ф., Малецкая О.В., Прислегина Д.А. и др. Обзор нозокомиальных случаев заражения вирусом Крымской-Конго геморрагической лихорадки. Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение. 2019;8(4):39-47. doi: 10.24411/2305-3496-2019-14006.
11. Василенко Н.Ф., Малецкая О.В., Таран Т.В. и др. Анализ заболеваемости природно-очаговыми инфекциями на Юге Европейской части России в 2017 году. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2019;2:44-50.
12. Василенко Н.Ф., Прислегина Д.А., Малецкая О.В. и др. Заболеваемость арбовирусными инфекциями на юге европейской части Российской Федерации. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2021;98(1): 84-90. <https://doi.org/10.36233/0372-9311-74>.
13. Василенко Н.Ф., Прислегина Д.А., Таран Т.В. и др. Особенности проявлений эпидемиологического процесса клещевых трансмиссивных инфекций на юге России в современный период. Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. 2020;10(1):14-20. DOI: 10.18565/epidem.2020.10.1.14-20.
14. Волынкина А.С., Ткаченко Н.О., Малецкая О.В. и др. Крымская геморрагическая лихорадка: эпидемиологическая и эпизоотологическая ситуация в Российской Федерации в 2022 г., прогноз заболеваемости на 2023 г. Пробл. особо опасных инф. 2023;(2):6-12. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2023-2-6-12>.
15. Городин А.Н., Мойсова Д.Л., Бахтина В.А., Зотов С.В. Тренды современного лептоспироза. Эпидемиология и инфекционные болезни. 2018;23(2):93-100. DOI: <https://doi.org/10.18821/1560-9529-2018-23-2-93-100>.
16. Иванова А.В., Удовиченко С.К., Шиянова А.Е. и др. Распространение инфекционных болезней, значимых для санитарной охраны территории Российской Федерации, в европейском регионе ВОЗ. Пробл. особо опасных инф. 2021;4:16-26. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-4-16-26.
17. Куличенко А.Н., Еременко Е.И., Рязанова А.Г. и др. Биологические свойства и молекулярно-генетическая характеристика штаммов *Bacillus anthracis*, выделенных во время вспышки сибирской язвы в Ямало-Ненецком автономном округе в 2016 г. Пробл. особо опасных инф. 2017;1:94–99. DOI: 10.21055/0370-1069-2017-1-94-99.

18. Куличенко А.Н., Малецкая О.В., Василенко Н.Ф. и др. Крымская геморрагическая лихорадка в Евразии в XXI веке: эпидемиологические аспекты. Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. 2012;(3):42-53.

19. Куличенко А.Н., Прислегина Д.А. Крымская геморрагическая лихорадка: климатические предпосылки изменений активности природного очага на юге Российской Федерации. Инфекция и иммунитет. 2019;9(1):166–176. doi: 10.15789/2220-7619-2019-1-162-172.

20. Львов Д.К. Грипп и другие новые и возвращающиеся инфекции Северной Евразии: глобальные последствия. Федер. справочник здравоохранения России. 2010;11:209–220.

21. Львов Д.К. Значение вновь возникающих инфекций и биобезопасности. Вopr. вирусологии. 2002;5:4-7. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-140>.

22. Львов Д.К. Новые и возвращающиеся инфекции – дремлющий вулкан. Пробл. особо опасных инф. 2008;(2(96)):5-8. [https://doi.org/10.21055/0370-1069-2008-2\(96\)-5-8](https://doi.org/10.21055/0370-1069-2008-2(96)-5-8).

23. Львов Д.К. Рождение и развитие вирусологии – история изучения новых и возвращающихся вирусных инфекций. Вopr. вирусологии, 2012;51:5-20. e <https://cyberleninka.ru/article/n/rozhdenie-i-razvitie-virusologii-istoriya-izucheniya-novyh-i-vozvrashchayuschisya-virusnyh-infektsiy/viewer> (дата обращения 01.08.2025).

24. Львов Д.К., Борисевич С.В., Альховский С.В., Бурцева Е.И. Актуальные подходы к анализу вирусных геномов в интересах биобезопасности. Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение. 2019;8(2):96-101. doi: 10.24411/2305-3496-2019-12012.

25. Ляшенко Ю.И., Финогеев Ю.П., Павлович Д.А. Дифтерия редких локализаций у взрослых. Журн. инфектол. 2011;3(1):45–52.

26. Максимова Н., Якимова Н.Н., Маркина С.С. и др. Дифтерия в России в 21 веке. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2017;16(5):4–15. doi: 10.31631/2073-3046-2017-16-5-4-15.

27. Малеев В.В. Изменения климата и инфекционная патология. В кн. Современные проблемы оценки, прогноза и управления экологическими рисками здоровья населения и окружающей среды, пути их рационального решения. 2018; 221-223.

28. Малеев В.В. Некоторые аспекты эволюции инфекционной патологии на современном этапе. Кубанский научный медицинский вестник. 2020;27(4):18–26. <https://doi.org/10.25207/1608-6228-2020-27-4-18-26>

29. Малеев В.В. Новые и возвращающиеся инфекции. Терапевтический архив. 2000;72:6.

30. Малеев В.В., Галимзянов Х.М., Бутенко А.М., Черенов И.В. Крымская геморрагическая лихорадка. М.; Астрахань: Изд-во АГМА, 2003. 120 с.

31. Малецкая О.В., Прислегина Д.А., Таран Т.В. и др. Природно-очаговые вирусные лихорадки на юге Европейской части России. Лихорадка Западного Нила. Пробл. особо опасных инф. 2020;1:109–114. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-1-109-114.

32. Малецкая О.В., Таран Т.В., Прислегина Д.А. и др. Природно-очаговые вирусные лихорадки на юге европейской части России. Крымская геморрагическая лихорадка. Пробл. особо опасных инф. 2020;4:75–80. doi: 10.21055/0370-1069-2020-4-75-80.

33. Малхазова С.М., Миронова В.А., Пестина П.В., Орлов Д.С. Новые и возвращающиеся инфекции в России: медико-географический аспект. Вест. Моск. ун-та. Сер. 5. География. 2016;5: 24-32.

34. МУ 3.1.1.4015-24 Методические указания. Профилактика инфекционных болезней. 2024 <https://cntd.ru/news/read/rospotrebнадзор-razrabotal-novye-rekomendacii-po-epidemiologiceskom>. (дата обращения 01.08.2025).

35. Онищенко Г.Г., Беляев Е.Н., Москвитина Э.А. и др. Холера в Дагестане: прошлое и настоящее. Ростов-на-Дону. 1995. 120 с.

36. Онищенко Г.Г., Ефременко В.И., Бейер А.П. Крымская геморрагическая лихорадка. М.: ГОУ ВУНМЦ, 2005. 269 с.

37. Онищенко Г.Г., Кириллов И.А., Махлай А.А., Борисевич С.В. Ортопоксвирусы: прошлое, настоящее и будущее. Вестник РАМН. 2020;75(4):300–305. doi: 10.15690/vramn1363.
38. Онищенко Г.Г., Куличенко А.Н. (ред). Крымская геморрагическая лихорадка. Воронеж: ООО «Фаворит», 2018. 288 с.
39. Онищенко Г.Г., Москвитина Э.А., Кругликов В.Д. и др. Эпидемиологический надзор за холерой в России в период седьмой пандемии. Вестник РАМН. 2015;70 (2): 249–256. Doi: 10.15690/ vramn.v70i2.1320).
40. Онищенко Г.Г., Попова А.Ю., Кутырев В.В. и др. Актуальные проблемы эпидемиологического надзора, лабораторной диагностики и профилактики холеры в Российской Федерации. Журн. микробиол. 2016;1:89-101. <https://doi.org/10.36233/0372-9311-2016-1-89-101>.
41. Покровский В.И. Инфекционные болезни в России: оценка ситуации. РМЖ. 2000; 7:666.
42. Покровский В.И, Онищенко Г.Г., Черкасский Б.Л. Эволюция инфекционных болезней в России в XX веке. Руководство для врачей. М.: Медицина, 2003. – 664 с.
43. Покровский В.И., Фокина Е.Г. Дифтерия: болезнь забытая, но не исчезнувшая. Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. 2016;5:4-12.
44. Полиомиелит. По-прежнему актуален. ФБУЗ «Центр гигиенического образования населения» Роспотребнадзора. 2025 <https://cgon.rospotrebnadzor.ru/naseleniyu/infektsionnye-i-parazitarnye-zabolevaniya/infektsii-ot-a-do-ya/polioimielit-po-preznemu-aktualen/>. (дата обращения 02.08.2025).
45. Попова А.Ю., Носков А.К., Ежлова Е.Б. и др. Ретроспективный анализ эпидемиологической ситуации по холере в Донбасском регионе, Запорожской и Херсонской областях. Здоровье населения и среда обитания – ЗНиСО. 2023;31(11):82-93. <https://doi.org/10.35627/2219-5238/2023-31-11-82-93>.
46. Приказ Министерства здравоохранения РФ от 6 декабря 2021 г. N 1122н «Об утверждении национального календаря профилактических прививок, календаря профилактических прививок по эпидемическим показаниям и порядка проведения профилактических прививок» <https://base.garant.ru/403258640/> (дата обращения 02.08.2025).
47. Прислегина Д.А., Малецкая О.В., Дубянский В.М., Таран Т.В., Платонов А.Е. Клещевые трансмиссивные инфекции на юге России: современная эпидемиологическая ситуация, новый подход к построению прогнозных и объясняющих моделей заболеваемости (на примере Астраханской риккетсиозной и Крымской геморрагической лихорадок). Инфекция и иммунитет. 2023;13(3):535-548. doi: 10.15789/2220-7619-TBI-2036.
48. Прислегина Д.А., Малецкая О.В., Таран Т.В., Василенко Н.Ф. Современная эпидемиологическая ситуация по трансмиссивным комариным инфекциям на юге России (2013-2022 гг.). Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. 2024; 14(1):С. 14-21. DOI: <https://doi.org/10.18565/epidem.2024.14.1.14-21>.
49. Профилактика полиомиелита. Роспотребнадзор, 2025. https://rospotrebnadzor.ru/activities/recommendations/details.php?ELEMENT_ID=22909. (дата обращения 02.08.2025).
50. Роспотребнадзор напоминает о профилактике полиомиелита, 2023. <https://77.rospotrebnadzor.ru/index.php/press-centr/186-press-centr/11539-rospotrebnadzor-napominaet-o-profilaktike-poliomielita-31-01-2023> (дата обращения 02.08.2025).
51. Рязанова А.Г., Скударева О.Н., Герасименко Д.К. и др. Эпидемиологическая и эпизотологическая обстановка по сибирской язве в мире в 2021 г., прогноз на 2022 г. в Российской Федерации. Пробл. особо опасных инф. 2022;(1):64-70. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2022-1-64-70>
52. Савельев В.Н., Ковалев Д.А., Савельева И.В., Таран Т.В. и др. Эволюция фенотипических свойств в молекулярно-генетической организации геномов штаммов *Vibrio cholerae* O1 биовара Эль Тор, выделенных от больных и из объектов окружающей среды на Кавка-

зе с 1970 по 1998 год. Здоровье населения и среда обитания. 2020;12:56-61. <https://doi.org/10.35627/2219-5238/2020-333-12-56-61>.

53. Самсонова А.П., Петров Е.М., Савельева О.В. и др. Анализ документированных результатов исследования сывороток крови больных, подозрительных на заболевание лептоспирозами, в реакции микроагглютинации. Инфекция и иммунитет, 2022;12(5):875–890. doi: 10.15789/2220-7619-АТD-1758.

54. Санталова Г.В., Лебедев П.А., Гаранин А.А. и др. Кардиальные и некардиальные проявления инфекции, вызванной β -гемолитическим стрептококком группы А. РМЖ. Мать и дитя. 2022;5(1):63-71. DOI: 10.32364/2618-8430-2022-5-1-63-71.

55. Сизикова Т.Е., Лебедев В.Н., Борисевич С.В. Оценка опасности возбудителей зоонозных вирусных инфекций как потенциальных агентов пандемий. Вестник войск РХБ защиты. 2023;7(4):350-365. <https://doi.org/10.35825/2587-5728-2023-7-4-350-365>.

56. Смирнова Н.И., Горяев А.А., Заднова С.П. и др. Генетическая характеристика штаммов *Vibrio cholerae*, завезенных на территорию Российской Федерации в разные периоды 7 пандемии холеры. Журн. микробиол. 2011;88(33):3-10.

57. Смирнова С.Е. Крымская-Конго геморрагическая лихорадка (этиология, эпидемиология, лабораторная диагностика). М.: АТиСО, 2007. 304 с.

58. Смирнова С.Е. Мировой ареал вируса Крымской-Конго геморрагической лихорадки. Бюллетень сибирской медицины. 2006;5(1):79-86.

59. Смирнова С.Е. Циркуляция Крымской-Конго геморрагической лихорадки в Ставропольском крае в сезоны 1999-2000 гг. Журн. микробиол., эпидемиол. и иммунобиол. 2005;3:49-53.

60. Черкасский Б.Л. (редактор). Кадастр стационарно неблагополучных по сибирской язве пунктов Российской Федерации. М.: ИнтерСЭН; 2005. 829 с.

61. Щелкунов С.Н., Щелкунова Г.А. Нужно быть готовыми к возврату оспы. Вопр. вирусологии. 2019;64: 206-214. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-2019-64-5-206-214>.

62. Эпидемиологическая обстановка по природно-очаговым инфекционным болезням в Южном и Северо-Кавказском федеральных округах в 2022 г.: аналитический обзор. Куличенко А.Н., Малецкая О.В., Прислегина Д.А. и др. Ставрополь: Принт, 2023. 104 с.

63. Эпидемиологическая обстановка по природно-очаговым инфекционным болезням на юге европейской части России в 2023 г.: аналитический обзор. Куличенко А.Н., Малецкая О.В., Манин Е.А. и др. Ставрополь, 2024. 111 с.

64. Adetifa I., Muyembe J-J., Bausch D.G. Mpox neglect and the smallpox niche: a problem for Africa, a problem for the world. The Lancet, 2023;401(10390):1822-1824. doi:10.1016/S0140-6736(23)00588-3. PMID 37146622.

65. Adetola O.O. Adebisi M.A. Impacts of Deforestation on the Spread of *Mastomys natalensis* in Nigeria. World Scientific News. 2019;130:286–296. <https://www.researchgate.net/publication/336686440>.

66. Adler N.R., Mahony A., Friedman N.D. Diphtheria: forgotten, but not gone. Intern Med J. 2013 Feb;43(2):206-10. <https://doi.org/10.1111/imj.12049>. PMID: 23402486.

67. Almeida-Pinto F., Pinto R. Rocha J. Navigating the Complex Landscape of Ebola Infection Treatment: A Review of Emerging Pharmacological Approaches. Infect Dis Ther. 2024;13:21–55. <https://doi.org/10.1007/s40121-023-00913-y>.

68. Almost 30,000 suspected mpox cases in Africa this year, WHO says». Reuters. 23 September 2024. Retrieved 24 September 2024. <https://www.reuters.com/world/africa/almost-30000-suspected-mpox-cases-africa-this-year-who-says-2024-09-23/> (дата обращения 02.08.2025).

69. Arcari G., Hennart M., Badell E., Brisse S. Multidrug-resistant toxigenic *Corynebacterium diphtheriae* sublineage 453 with two novel resistance genomic islands. Microb Genom. 2023 Jan;9(1):mgen000923. doi: 10.1099/mgen.0.000923. PMID: 36748453.

70. Arruda L.B., Free H.B., Simons D. et al. Current sampling and sequencing biases of Lassa mammarenavirus limit inference from phylogeography and molecular epidemiology in Lassa fever endemic regions. *PLOS Glob Public Health*. 2023 Nov 8;3(11):e0002159. doi: 10.1371/journal.pgph.0002159. PMID: 37939051; PMCID: PMC10631635.
71. Baize S., Kaplon J., Faure C., Pannetier D., Georges-Courbot M.C., Deubel V. «Lassa virus infection of human dendritic cells and macrophages is productive but fails to activate cells». *Journal of Immunology*. 2024;172 (5): 2861–9. doi:10.4049/jimmunol.172.5.2861.
72. Basarab M., Bowman C., Aarons E.J., Cropley I. Zika Virus. *BMJ*. 2016;352:i1049. <https://doi.org/10.1136/bmj.i1049>.
73. Ben Zakour N., Davies M., You Y. et al. Transfer of scarlet fever-associated elements into the group A *Streptococcus* M1T1 clone. *Sci Rep* 2015;5:15877. <https://doi.org/10.1038/srep15877>.
74. Bente D.A., Forrester N.L., Watts D.M., et al. Crimean-Congo hemorrhagic fever: history, epidemiology, pathogenesis, clinical syndrome and genetic diversity. *Antivir Res*. 2013;100 (1):159–189. doi: 10.1016/j.antiviral.2013.07.006.
75. Besa N.C., Coldiron M.E., Bakri A. et al. Diphtheria outbreak with high mortality in northeastern Nigeria. *Epidemiol Infect*. 2014 Apr;142(4):797–802. doi: 10.1017/S0950268813001696. Epub 2013 Jul 18. PMID: 23866913.
76. Bharti A.R., Nally J.E., Ricaldi J.N. et al. Leptospirosis: a zoonotic disease of global importance. *Lancet Infect Dis*. 2003 Dec;3(12):757–71. doi: 10.1016/s1473-3099(03)00830-2. PMID: 14652202.
77. Bonmarin I., Guiso N., Le Flèche-Matéos A. et al. Diphtheria: a zoonotic disease in France? *Vaccine*. 2009 Jun 24;27(31):4196–200. doi: 10.1016/j.vaccine.2009.04.048. Epub 2009 May 5. PMID: 19393707.
78. Bonnet J.M., Begg N.T. Control of diphtheria: guidance for consultants in communicable disease control. World Health Organization. *Commun Dis Public Health*. 1999 Dec;2(4):242–9. PMID: 10598380.
79. Bowen R.A., Nemeth N.M. Experimental infections with West Nile virus. *Curr Opin Infect Dis*. 2007 Jun;20(3):293–7. doi: 10.1097/QCO.0b013e32816b5cad. PMID: 17471040.
80. Carette J.E., Raaben M., Wong A.C. et al. Ebola virus entry requires the cholesterol transporter Niemann-Pick C1. *Nature*. 2011 Aug 24;477(7364):340–3. doi: 10.1038/nature10348. PMID: 21866103.
81. Carson P.J., Konewko P., Wold K.S. et al. Long-term clinical and neuropsychological outcomes of West Nile virus infection. *Clin Infect Dis*. 2006 Sep 15;43(6):723–30. doi: 10.1086/506939. Epub 2006 Aug 10. PMID: 16912946.
82. CDC «Lassa fever situation report» (PDF). Nigeria Centre for Disease Control. March 2020. <https://www.ncdc.gov.ng/themes/common/files/sitreps/f9c5b3d7327f20c15c3916ff5514fb14.pdf> (дата обращения 01.08.2025).
83. CDC «Lassa fever». 29 April 2022. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/lassa-fever> (дата обращения 01.08.2025).
84. CDC «Species of dead birds in which West Nile virus has been detected, United States, 1999–2016» (PDF). CDC. Retrieved 28 March 2019. https://www.cdc.gov/west-nile-virus/media/files/Bird_species_West_Nile_virus_U.S.pdf (дата обращения 01.08.2025).
85. CDC About Diphtheria. 2025. <https://www.cdc.gov/diphtheria/about/index.html> (дата обращения 01.08.2025).
86. CDC European Centre for Disease Prevention and Control. Chikungunya worldwide overview. 2025. <https://www.ecdc.europa.eu/en/chikungunya-monthly> (дата обращения 01.08.2025).
87. CDC How Zika Spreads, 2025. <https://www.cdc.gov/zika/causes/index.htm>. (дата обращения 01.08.2025).

88. CDC West Nile Transmission of West Nile Virus, 2024. <https://www.cdc.gov/west-nile-virus/php/transmission/index.html> (дата обращения 01.08.2025).
89. CDC. About Leptospirosis, April 4, 2025. <https://www.cdc.gov/leptospirosis/about/index.html> (дата обращения 01.08.2025).
90. CDC. Centers for Disease Control and Prevention. History of Ebola Virus Disease (EVD) Outbreaks. Atlanta: US CDC; 2022. Available at: <https://www.cdc.gov/vhf/ebola/history/chronology.html>. (дата обращения 01.08.2025).
91. CDC. Diphtheria. Page last reviewed: September 9, 2022 <https://www.cdc.gov/diphtheria/index.html>. (дата обращения 01.08.2025).
92. CDC. Monkeypox. 2022. Outbreak Cases and Data. Available online: <https://www.cdc.gov/poxvirus/monkeypox/response/2022/index.html>. (дата обращения 01.08.2025)..
93. CDC. Mpox in the U Damaso ed States and Around the World: Current Situation. 16-Jan 2025. <https://www.cdc.gov/mpox/situation-summary/index.html>. (дата обращения 01.08.2025).
94. Chapman A.J., Faine S., Adler B. Antigens Recognized by the Human Immune Response to Vaccination with a Bivalent Hardjo/Pomona Leptospiral Vaccine. *FEMS Microbiol. Immunol.* 1990;2:111–118. doi: 10.1016/0928-8244(90)90007-F.
95. Chen R., Puri V., Fedorova N. et al. Comprehensive Genome Scale Phylogenetic Study Provides New Insights on the Global Expansion of Chikungunya Virus. *J Virol.* 2016 Nov 14;90(23):10600–10611. doi: 10.1128/JVI.01166-16. PMID: 27654297.
96. Cheng M. (14 August 2024). «WHO declares mpox outbreaks in Africa a global health emergency as a new form of the virus spreads». Associated Press. Archived from the original on 16 August 2024. Retrieved 14 August 2024. <https://apnews.com/article/who-mpox-africa-health-emergency-cc9bdf31b49d06bec5efd44fb55d5e42> (дата обращения 01.08.2025).
97. Cilia G., Bertelloni F., Albini S., Fratini F. Insight into the Epidemiology of Leptospirosis: A Review of Leptospira Isolations from «Unconventional» Hosts. *Animals (Basel)*. 2021 Jan 14;11(1):191. doi: 10.3390/ani11010191. PMID: 33466962; PMCID: PMC7830643.
98. Cleto S.A., Rodrigues C.E., Malaque C.M. et al. Hemodia filtration Decreases Serum Levels of Inflammatory Mediators in Severe Leptospirosis: A Prospective Study. *PLoS One*. 2016 Aug 3; 11(8):e0160010. doi: 10.1371/ journal.pone. 0160010. eCollection 2016.
99. Cohen J. Monkeypox outbreak questions intensify as cases soar. *Science*. 2022 May 27;376(6596):902–903. doi: 10.1126/science.add1583.
100. Costa F., Hagan J.E., Calcagno J. et al. Global Morbidity and Mortality of Leptospirosis: A Systematic Review. *PLoS Negl Trop Dis*. 2015 Sep 17;9(9):e0003898. doi: 10.1371/journal.pntd.0003898. PMID: 26379143.
101. Damaso C.R. Phasing out monkeypox: mpox is the new name for an old disease. *Lancet Reg Health Am*. 2023 Jan;17:100424. doi: 10.1016/j.lana.2022.100424. Epub 2022 Dec 28. PMID: 36588985.
102. Davies M.R., Keller N., Brouwer S. et al. Detection of Streptococcus pyogenes M1UK in Australia and characterization of the mutation driving enhanced expression of superantigen SpeA. *Nat Commun*. 2023 Feb 24;14(1):1051. doi: 10.1038/s41467-023-36717-4. PMID: 36828918; PMCID: PMC9951164.
103. Davies M.R., Holden M.T., Coupland P. et al. Emergence of scarlet fever Streptococcus pyogenes emm12 clones in Hong Kong is associated with toxin acquisition and multidrug resistance. *Nat Genet*. 2015 Jan;47(1):84–7. doi: 10.1038/ng.3147. Epub 2014 Nov 17. PMID: 25401300.
104. Davis L.E., DeBiasi R., Goade D.E. et al. West Nile virus neuroinvasive disease. *Ann Neurol*. 2006 Sep;60(3):286–300. doi: 10.1002/ana.20959. PMID: 16983682.
105. Day N. Leptospirosis: Epidemiology, microbiology, clinical manifestations, and diagnosis. *UpToDate* Oct 31, 2022.<https://www.uptodate.com/contents/leptospirosis-epidemiology-microbiology-clinical-manifestations-and-diagnosis> (дата обращения 01.08.2025).

106. Delmas B., Jabot J., Chanareille P. et al. Leptospirosis in ICU: A Retrospective Study of 134 Consecutive Admissions. *Crit Care Med.* 2018 Jan;46(1):93-99. doi: 10.1097/CCM.0000000000002825. PMID: 29116996.
107. Di Giulio D.B., Eckburg P.B. Human monkeypox: an emerging zoonosis. *Lancet Infect Dis.* 2004. Jan;4(1):15-25. Doi: 10.1016/s1473-3099(03)00856-9. PMID: 14720564.
108. Dietzel E., Schudt G., Krähling V. et al. Functional Characterization of Adaptive Mutations during the West African Ebola Virus Outbreak. *J Virol.* 2017 Jan 3;91(2):e01913-16. doi: 10.1128/JVI.01913-16.
109. Dittmann S., Wharton M., Vitek C. et al. Successful control of epidemic diphtheria in the states of the former Union of Soviet Socialist Republics: lessons learned. *J Infect Dis.* 2000;181(Suppl 1):10-22. doi: 10.1086/315534.
110. Dixon M.G., Schafer I.J.; Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Ebola viral disease outbreak – West Africa, 2014. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2014 Jun 27;63(25):548-51. PMID: 24964881. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24964881/> (дата обращения 01.08.2025).
111. Duffy M.R., Chen T.H., Hancock W.T. et al. Zika virus outbreak on Yap Island, Federated States of Micronesia. *N Engl J Med.* 2009 Jun 11;360(24):2536-43. doi: 10.1056/NEJMoa0805715. PMID: 19516034.
112. Emanuel J., Marzi A., Feldmann H. Filoviruses: Ecology, Molecular Biology, and Evolution. *Adv Virus Res.* 2018;100:189-221. doi: 10.1016/bs.aivir.2017.12.002. Epub 2018 Feb 1. PMID: 29551136.
113. Erez N., Achdout H., Milrot E. et al. Diagnosis of Imported Monkeypox, Israel, 2018. *Emerg Infect Dis.* 2019 May;25(5):980-983. doi: 10.3201/eid2505.190076. Epub 2019 May 17. PMID: 30848724; PMCID: PMC6478227.
114. Escudero-Pérez B., Lalande A., Mathieu C. et al. Host-Pathogen Interactions Influencing Zoonotic Spillover Potential and Transmission in Humans. *Viruses.* 2023 Feb 22;15(3):599. doi: 10.3390/v15030599.
115. Falendysz E.A., Lopera J.G., Rocke T.E., Osorio J.E. Monkeypox Virus in Animals: Current Knowledge of Viral Transmission and Pathogenesis in Wild Animal Reservoirs and Captive Animal Models. *Viruses.* 2023 Mar 31;15(4):905. doi: 10.3390/v15040905. PMID: 37112885; PMCID: PMC10142277.
116. Faye O., Freire C.C., Iamarino A. et al. Molecular evolution of Zika virus during its emergence in the 20(th) century. *PLoS Negl Trop Dis.* 2014 Jan 9;8(1):e2636. doi: 10.1371/journal.pntd.0002636. PMID: 24421913; PMCID: PMC3888466.
117. Fels J.M., Bortz R.H. 3rd, Alkutkar T. et al. Glycoprotein Mutation That Emerged during the 2013-2016 Ebola Virus Epidemic Alters Proteolysis and Accelerates Membrane Fusion. *mBio.* 2021 Feb 16;12(1):e03616-20. doi: 10.1128/mBio.03616-20. PMID: 33593971; PMCID: PMC8545129.
118. Fernández-Ruiz N., Estrada-Peña A. Towards New Horizons: Climate Trends in Europe Increase the Environmental Suitability for Permanent Populations of *Hyalomma marginatum* (Ixodidae). *Pathogens.* 2021 Jan 21;10(2):95. doi: 10.3390/pathogens10020095. PMID: 33494140; PMCID: PMC7909578.
119. Frank M.G., Weaver G., Raabe V. Crimean Congo Hemorrhagic Fever Virus for Clinicians—Virology, Pathogenesis, and Pathology. *Emerg Infect Dis.* 2024;30(5):847-853. <https://doi.org/10.3201/eid3005.231646>.
120. Galazka A.M., Robertson S.E. Diphtheria: changing patterns in the developing world and the industrialized world. *Eur J Epidemiol.* 1995 Feb;11(1):107-17. doi: 10.1007/BF01719955. PMID: 7489768.
121. Galazka A. The changing epidemiology of diphtheria in the vaccine era. *J Infect Dis.* 2000 Feb;181 Suppl 1:S2-9. doi: 10.1086/315533. PMID: 10657184.

122. Gardy J.L., Loman N.J. Towards a genomics-informed, real-time, global pathogen surveillance system. *Nat Rev Genet.* 2018 Jan;19(1):9-20. doi: 10.1038/nrg.2017.88. Epub 2017 Nov 13. PMID: 29129921; PMCID: PMC7097748.
123. Glenny A.T., Hopkins B.E. Diphtheria Toxoid as an Immunising Agent. *Br J Exp Pathol.* 1923 Oct;4(5):283–8. PMCID: PMC2047731.
124. Gomes A.P., Leptospirosis: An Update – Part 1 Of 2: Etiology, Ecology, Epidemiology, Prophylaxis And Control. *Brazilian Journal of Health Review.* 2022;5(3):11361–11372. <https://doi.org/10.34119/bjhrv5n3-281>.
125. Goodman A. The Global Impact of the Zika Virus Pandemic: The Importance of Emergency Preparedness. *Health.* 2020;12:132-140. doi: 10.4236/health.2020.122012.
126. GOV.UK. Confirmed cases of mpox clade Ib in United Kingdom. Last updated 6 February 2025 <https://www.gov.uk/guidance/confirmed-cases-of-mpox-clade-ib-in-united-kingdom> (дата обращения 02.08.2025).
127. Gozalan A., Esen B., Fitzner J. et al. Crimean-Congo haemorrhagic fever cases in Turkey. *Scand. J. Infect. Dis.* 2007;39(4):332–6. DOI: 10.1080/00365540601053014.
128. Graham M.B. Monkeypox (Mpox). *Medscape*, Updated: Apr 19, 2023 <https://emedicine.medscape.com/article/1134714-overview?form=fpf>. (дата обращения 16.08.2024).
129. Greene S.A., Ahmed J., Datta S.D. et al. Progress Toward Polio Eradication – Worldwide, January 2017–March 2019. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2019 May 24;68(20):458-462. doi: 10.15585/mmwr.mm6820a3. PMID: 31120868; PMCID: PMC6532951.
130. Harran E., Hilan C., Djelouadji Z., Ayral F. Epidemiology of Leptospirosis: The First Literature Review of the Neglected Disease in the Middle East. *Trop Med Infect Dis.* 2022 Sep 24;7(10):260. doi: 10.3390/tropicalmed7100260. PMID: 36288001; PMCID: PMC9610218.
131. Hawman D.W., Feldman H. Crimean-Congo haemorrhagic fever virus. *Nat Rev Microbiol.* 2023 Jul;21(7):463-477. doi: 10.1038/s41579-023-00871-9.
132. Hill-Cawthorne G.A., Sorrell T.C. Future directions for public health research in emerging infectious diseases. *Public Health Res Pract.* 2016 Dec 14;26(5):2651655. doi: 10.17061/phrp2651655. PMID: 27997934.
133. Hirata Jr. R. Potential pathogenic role of aggregative-adhering *Corynebacterium diphtheriae* of different clonal groups in endocarditis. *Braz. J. Med. Biol. Res.* 2008, 41(11): 986–991.
134. Hoefer A., Pampaka D., Herrera-León S. et al. Molecular and Epidemiological Characterization of Toxigenic and Nontoxigenic *Corynebacterium diphtheriae*, *Corynebacterium belfantii*, *Corynebacterium rouxii* and *Corynebacterium ulcerans* Isolates. Identified in Spain from 2014 to 2019. *J Clin Microbiol.* 2021 Feb 18;59(3): e02410-20. doi: 10.1128/JCM.02410-20.
135. Hossain A., Monem M.A., Rahman M., Raza R. Mpox (monkeypox): a comprehensive updated of current epidemic evidence. *Sci One Health.* 2024 Dec 9;4:100100. doi: 10.1016/j.soh.2024.100100. PMID: 39872962; PMCID: PMC11764110.
136. Houlihan C., Ron B. «Lassa fever». *BMJ.* 2017 12 July;358: j2986. doi:10.1136/bmj. j2986. PMID 28701331. S2CID 206916006.
137. Huang Y., Mu L., Wang W. Monkeypox: epidemiology, pathogenesis, treatment and prevention. *Signal Transduct Target Ther.* 2022 Nov 2;7(1):373. doi: 10.1038/s41392-022-01215-4. PMID: 36319633; PMCID: PMC9626568.
138. ICTV. Virus Taxonomy: 2024 Release. <https://ictv.global/taxonomy> (дата обращения 25.07.2025).
139. Idris A., Abaidani S.A.K., Ghugey S.L. et al. Four Cases of Nontravel-Related Leptospirosis in Oman: A Call for Action. *J. Epidemiol. Glob. Health.* 2016;6:215. doi: 10.1016/j.jegh.2016.04.004.
140. Ince Y., Yasa C., Metin M. et al. Crimean-Congo hemorrhagic fever infections reported by ProMED. *Int J Infect Dis.* 2014;26:44-6. doi: 10.1016/j.ijid.2014.04.005.

141. Instituti i Shëndetit P. (ISHP). Pediatric cases of Crimean-Congo hemorrhagic fever in Kosovo. Tirana; ISHP. Available from: <https://www.ishp.gov.al/pediatric-cases-of-crimean-congo-hemorrhagic-fever-in-kosovo/> (дата обращения 25.07.2025).
142. Jacob S.T., Crozier I., Fischer W.A. et al. Ebola virus disease. *Nat Rev Dis Primers*. 2020 Feb 20;6(1):13. doi: 10.1038/s41572-020-0147-3. PMID: 32080199.
143. Jain A., Samdani S., Meena V., Sharma M.P. Diphtheria: It is still prevalent!!! *Int J Pediatr Otorhinolaryngol*. 2016 Jul;86:68-71. doi: 10.1016/j.ijporl.2016.04.024. Epub 2016 Apr 21. PMID: 27260583.
144. Jakimovski D., Banović P., Spasovska K. et al. One health investigation following a cluster of Crimean-Congo haemorrhagic fever, North Macedonia, July to November 2023. *Euro Surveill*. 2025 Jan;30(4):2400286. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2025.30.4.2400286. PMID: 39885822; PMCID: PMC11920785.
145. Jakimovski D., Poposki K., Dimzova M. et al. Two Human Infections with Diverse Europe-1 Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Strains, North Macedonia, 2024. *Emerg Infect Dis*. 2025 Feb;31(2):313-317. doi: 10.3201/eid3102.241249. PMID: 39983691; PMCID: PMC11845147.
146. Jalali T., Salehi-Vaziri M., Pouriayevali M.H. et al. Evaluation of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Orthonairovirus AviTagged Nucleoprotein for Potential Application in Diagnosis. *Iran Biomed J*. 2019 Nov;23(6):379-87. doi: 10.29252/ibj.23.6.379. Epub 2019 May 20.
147. Kang Y., Yu Y., Xu S. Human monkeypox infection threat: A comprehensive overview. *PLoS Negl Trop Dis*. 2023 Apr 20;17(4):e0011246. PMID: 37079486. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0011246>.
148. Karpagam K.B., Ganesh B. Leptospirosis: a neglected tropical zoonotic infection of public health importance-an updated review. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*. 2020 May;39(5):835-846. doi: 10.1007/s10096-019-03797-4. Epub 2020 Jan 2. PMID: 31898795.
149. Katz A.R., Morens D.M. Severe streptococcal infections in historical perspective. *Clin Infect Dis*. 1992 Jan;14(1):298-307. doi: 10.1093/clinids/14.1.298. PMID: 1571445.
150. Kimball S. (2023). WHO says mpox outbreak, the largest in history, no longer global health emergency <https://www.cnn.com/2023/05/11/mpox-who-says-outbreak-no-longer-global-health-emergency.html>. (дата обращения 02.08.2025).
151. King K.C., Hall M.D., Wolinska J. Infectious disease ecology and evolution in a changing world. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*. 2023 Mar 27;378(1873):20220002. doi: 10.1098/rstb.2022.0002. Epub 2023 Feb 6. PMID: 36744560; PMCID: PMC9900701.
152. Kipkorir, Dhali A., Srichawla B. et al. The re-emerging monkeypox disease. *Trop Med Int Health*. 2022 Nov;27(11):961-969. doi: 10.1111/tmi.13821. Epub 2022 Oct 13. PMID: 36229989.
153. Ko A. I., Galvao Reis M. et al. The re-emerging monkeypox disease. *Trop Med Int Health*. 2022 Nov;27(11):961-969. doi: 10.1111/tmi.13821. Epub 2022 Oct 13. PMID: 36229989.,
154. Kobayashi N. Impact of Emerging, Re-Emerging and Zoonotic Viral Infectious Diseases, in a Virologist's Perspective. *Open Virol J*. 2018 Aug 31;12:131-133. doi: 10.2174/1874357901812010131. PMID: 30288201.
155. Krow-Lucal E.R., de Andrade M.R., Cananéa J.N.A. et al. Association and birth prevalence of microcephaly attributable to Zika virus infection among infants in Paraíba, Brazil, in 2015-16: a case-control study. *Lancet Child Adolesc Health*. 2018 Mar;2(3):205-213. doi: 10.1016/S2352-4642(18)30020-8. Epub 2018 Jan 12. PMID: 30169255.
156. Kuhn J.H., Alkhovsky S.V., Avšič-Županc T. et al. ICTV Virus Taxonomy Profile: Nairoviridae 2024. *J Gen Virol*. 2024 Apr;105(4):001974. doi: 10.1099/jgv.0.001974. PMID: 38687001.
157. Kupferschmidt K. Life-saving diphtheria drug is running out. *Science*. 2017 Jan 13;355(6321):118-119. doi: 10.1126/science.355.6321.118. PMID: 28082541.

158. Laing G., V Overgaauw ilato MAN, Cleaveland S et al. One Health for neglected tropical diseases. *Trans R Soc Trop Med Hyg.* 2021 Jan 28;115(2):182-184. doi: 10.1093/trstmh/traa117. PMID: 33169163.
159. Lamagni T., Guy R., Chand M. et al. Resurgence of scarlet fever in England, 2014-16: a population-based surveillance study. *Lancet Infect Dis.* 2018 Feb;18(2):180-187. doi: 10.1016/S1473-3099(17)30693-X. Epub 2017 Nov 27. PMID: 29191628.
160. Lau C.L., Smythe L.D., Craig S.B., Weinstein P. Climate change, flooding, urbanisation and leptospirosis: fuelling the fire? *Trans R Soc Trop Med Hyg.* 2010 Oct;104(10):631-8. doi: 10.1016/j.trstmh.2010.07.002. Epub 2010 Sep 1. PMID: 20813388.
161. Lau C.L., Townell N., S Cilia on E. et al. Leptospirosis: An important zoonosis acquired through work, play and travel. *Aust J Gen Pract.* 2018 Mar;47(3):105-110. doi: 10.31128/AFP-07-17-4286. PMID: 29621837.
162. Le Duc J.W., Sorvillo T.E. A Quarter Century of Emerging Infectious Diseases – Where Have We Been and Where Are We Going? *Acta Med Acad.* 2018 May;47(1):117-130. doi: 10.5644/ama2006-124.222. PMID: 29957979.
163. Lenharo M. Dengue rates drop after release of modified mosquitoes in Colombia. *Nature.* 2023 Nov;623(7986):235-236. doi: 10.1038/d41586-023-03346-2. PMID: 37891252.
164. Levett P.N. Leptospirosis. *Clin Microbiol Rev.* 2001 Apr;14(2):296-326. doi: 10.1128/CMR.14.2.296-326.2001. PMID: 11292640; PMCID: PMC88975.
165. Levett P.N. Leptospirosis: re-emerging or re-discovered disease? *J Med Microbiol.* 1999 May;48(5):417-418. doi: 10.1099/00222615-48-5-417. PMID: 10229537.
166. Li Y., Nanduri S.A., Van Beneden C.A., Beall B.W. M1UK lineage in invasive group A streptococcus isolates from the USA. *Lancet Infect Dis.* 2020 May;20(5):538-539. doi: 10.1016/S1473-3099(20)30279-6. PMID: 32359463.
167. Lindeborg M., Barboutis C., Ehrenborg C. et al. Migratory birds, ticks, and crimean-congo hemorrhagic fever virus. *Emerg Infect Dis.* 2012 Dec;18(12):2095-7. doi: 10.3201/eid1812.120718. PMID: 23171591.
168. Liu Z.Y., Shi W.F., Qin C.F. The evolution of Zika virus from Asia to the Americas. *Nat Rev Microbiol.* 2019 Mar;17(3):131-139. doi: 10.1038/s41579-018-0134-9. PMID: 30617340.
169. Lobigs M., Diamond M.S. Feasibility of cross-protective vaccination against flaviviruses of the Japanese encephalitis serocomplex. *Expert Rev Vaccines.* 2012;11(2):177-87. doi:10.1586/erv.11.180.
170. Loeb M., Eskandarian S., Rupp M. et al. Genetic variants and susceptibility to neurological complications following West Nile virus infection. *J Infect Dis.* 2011 Oct 1;204(7):1031-7. doi: 10.1093/infdis/jir493. PMID: 21881118; PMCID: PMC3203390.
171. Lorenzo Juanes H.M., Carbonell C. et al. Crimean-Congo Hemorrhagic Fever, Spain, 2013-2021. *Emerg Infect Dis.* 2023 Feb;29(2):252-259. doi: 10.3201/eid2902.220677.
172. Ludwig B., Zotzmann V., Bode C. et al. Lethal pulmonary hemorrhage syndrome due to *Leptospira* infection transmitted by pet rat. *IDCases.* 2017 Apr 28;8:84-86. doi: 10.1016/j.idcr.2017.04.016. PMID: 28491815; PMCID: PMC5423347.
173. Lum F.M., Torres-Ruesta A., Tay M.Z., Lin R.T.P., Lye D.C., Rénia L., Ng LFP. Monkeypox: disease epidemiology, host immunity and clinical interventions. *Nat Rev Immunol.* 2022 Oct;22(10):597-613. doi: 10.1038/s41577-022-00775-4. Epub 2022 Sep 5. PMID: 36064780.
174. Lynskey N.N., Jauneikaite E., Li H.K. et al. Emergence of dominant toxigenic M1T1 *Streptococcus pyogenes* clone during increased scarlet fever activity in England: a population-based molecular epidemiological study. *Lancet Infect Dis.* 2019 Nov;19(11):1209-1218. doi: 10.1016/S1473-3099(19)30446-3. Epub 2019 Sep 10. PMID: 31519541; PMCID: PMC6838661.
175. Maas M., de Vries A., Cuperus T., van der Giessen J. et al. A predictive risk map for human leptospirosis guiding further investigations in brown rats and surface water. *Infect Ecol Epidemiol.*

2023 Jun 27;13(1):2229583. doi: 10.1080/20008686.2023.2229583. PMID: 37398878; PMCID: PMC10308863.

176. Markina S.S., Maksimova N.M., Vitek C.R. et al. Diphtheria in the Russian Federation in the 1990s. *J Infect Dis.* 2000 Feb;181 Suppl 1:S27-34. doi: 10.1086/315535. PMID: 10657187.

177. Marzi A., Chadinah S., Haddock E. et al. Recently Identified Mutations in the Ebola Virus-Makona Genome Do Not Alter Pathogenicity in Animal Models. *Cell Rep.* 2018 May 8;23(6):1806-1816. doi: 10.1016/j.celrep.2018.04.027. PMID: 29742435; PMCID: PMC5969531..

178. Maxmen A. Deadly Lassa-fever outbreak tests Nigeria's revamped health agency. *Nature.* 2018 Mar 22;555(7697):421-422. doi: 10.1038/d41586-018-03171-y. PMID: 29565399.

179. McCollum A.M., Shelus V., Hill A. et al. Epidemiology of Human Mpox – Worldwide, 2018–2021. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2023 Jan 20;72(3):68-72. doi: 10.15585/mmwr.mm7203a4. PMID: 36656790; PMCID: PMC9869741.

180. McQuiston J.H., McCollum A., Christie A. et al. The Rise of Mpox in a Post-Smallpox World. *Emerging Infectious Diseases.* 2025;31(1):27-31. doi:10.3201/eid3101.241230.

181. Mendoza E.J., Warner B., Safronetz D., Ranadheera C. Crimean-Congo haemorrhagic fever virus: Past, present and future insights for animal modelling and medical countermeasures. *Zoonoses Public Health.* 2018 Aug;65(5):465-480. doi: 10.1111/zph.12469. Epub 2018 Apr 20. PMID: 29676526; PMCID: PMC7165601.

182. Molaei G., Andreadis T.G., Armstrong P.M., Anderson J.F., Vossbrinck C.R. Host feeding patterns of *Culex* mosquitoes and West Nile virus transmission, northeastern United States. *Emerg Infect Dis.* 2006 Mar;12(3):468-74. doi: 10.3201/eid1203.051004. PMID: 16704786; PMCID: PMC3291451.

183. Monkeypox cases waning, but global threat remains. Gavi, the Vaccine Alliance. Archived from the original on 1 June 2022. Retrieved 1 June 2023. <https://www.gavi.org/vaccineswork/monkeypox-cases-waning-global-threat-remains> (дата обращения 02.08.2025).

184. Morens D.M., Fauci A.S. Emerging infectious diseases: threats to human health and global stability. *PLoS Pathog.* 2013;9(7):e1003467. doi: 10.1371/journal.ppat.1003467. Epub 2013 Jul 4. PMID: 23853589; PMCID: PMC3701702.

185. Musso D., Gubler D.J. Zika Virus. *Clin Microbiol Rev.* 2016 Jul;29(3):487-524. doi: 10.1128/CMR.00072-15. PMID: 27029595; PMCID: PMC4861986.

186. Musso D., Ko A.I., Baud D. Zika Virus Infection – After the Pandemic. *N Engl J Med.* 2019 Oct 10;381(15):1444-1457. doi: 10.1056/NEJMr1808246. PMID: 31597021.

187. Nadar S., Khan T., Omri A. Reemergence of monkeypox: prevention and management. *Expert Rev Anti Infect Ther.* 2022 Nov;20(11):1425-1433. doi: 10.1080/14787210.2022.2128763. Epub 2022 Sep 30. PMID: 36161803.

188. Nasirian H. New aspects about Crimean-Congo hemorrhagic fever (CCHF) cases and associated fatality trends: A global systematic review and meta-analysis. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis.* 2020 Apr;69:101429. doi: 10.1016/j.cimid.2020.101429. Epub 2020 Feb 5. PMID: 32062190.

189. NCDC Lassa fever Situation Report Epi Week 13: 28 March – 3 April, 2022 – Nigeria». ReliefWeb. Retrieved 23 April 2022. <https://reliefweb.int/report/nigeria/ncdc-lassa-fever-situation-report-epi-week-13-28-march-3-april-2022> (дата обращения 02.08.2025).

190. NCDC Lassa Fever Situation Report Epi Week 51: 16th – 22nd December 2024 <https://reliefweb.int/report/nigeria/ncdc-lassa-fever-situation-report-epi-week-51-16th-22nd-december-2024>. (дата обращения 02.08.2025).

191. Nia A.M., Habibi A.R., Shirzadi M.R.: Spatial and statistical analysis of leptospirosis IN GUILAN PROVINCE, IRAN, *Int. Arch. Photogramm. Remote Sens. Spatial Inf. Sci.*, XL-1/W5, 497–502. <https://doi.org/10.5194/isprsarchives-XL-1-W5-497-2015>, 2015.

192. Nkoghe D., Formenty P., Leroy E.M. et al. Multiple Ebola virus haemorrhagic fever outbreaks in Gabon, from October 2001 to April 2002. *Bull Soc Pathol Exot.* 2005 Sep;98(3):224-9. French. PMID: 16267965.
193. Nyakarahuka L., Kankya C., Krøntveit R. et al. How severe and prevalent are Ebola and Marburg viruses? A systematic review and meta-analysis of the case fatality rates and seroprevalence. *BMC Infect Dis.* 2016 Nov 25;16(1):708. Available at: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27887599> (дата обращения 02.08.2025).
194. Otu A., Ebenso B., Walley J. et al. Global human monkeypox outbreak: atypical presentation demanding urgent public health action. *Lancet Microbe.* 2022 Aug;3(8):e554-e555. doi: 10.1016/S2666-5247(22)00153-7. Epub 2022 Jun 7. PMID: 35688169; PMCID: PMC9550615.
195. Overgaauw P.A.M., Vinke C.M., Hagen MAEV, Lipman LJA. A One Health Perspective on the Human-Companion Animal Relationship with Emphasis on Zoonotic Aspects. *Int J Environ Res Public Health.* 2020 May 27;17(11):3789. doi: 10.3390/ijerph17113789. PMID: 32471058; PMCID: PMC7312520.
196. Park D.W., Kim S.H., Park J.W. et al. Incidence and Characteristics of Scarlet Fever, South Korea, 2008–2015. *Emerg Infect Dis.* 2017 Apr;23(4):658-661. doi: 10.3201/eid2304.160773. PMID: 28322696; PMCID: PMC5367408.
197. Patel P.R., Shah S. Ebola Virus. *StatPearls* [Internet]. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK560579/>. (дата обращения 12.11.2023).
198. Paz S. Climate change impacts on West Nile virus transmission in a global context. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 2015 Apr 5;370(1665):20130561. doi: 10.1098/rstb.2013.0561. PMID: 25688020.
199. Picardeau M. Leptospirosis: Updating the Global Picture of an Emerging Neglected Disease. *PLoS Negl Trop Dis.* 2015 Sep 24;9(9):e0004039. doi: 10.1371/journal.pntd.0004039. PMID: 26402855; PMCID: PMC4581693.
200. Porter J., Sullivan W. The cellular lives of Wolbachia. *Nat Rev Microbiol.* 2023 Nov;21(11):750-766. doi: 10.1038/s41579-023-00918-x. Epub 2023 Jul 10. PMID: 37430172.
201. Portillo A., Palomar A.M., Santibanez P., Oteo J.A. Epidemiological aspects of crimean-congo hemorrhagic fever in Western Europe: what about the future? *Microorganisms.* (2021) 9:649. doi: 10.3390/microorganisms9030649
202. Quick M.L., Sutter R.W., Kobaidze K. et al. Risk factors for diphtheria: a prospective case-control study in the Republic of Georgia, 1995–1996. *J Infect Dis* 2000; 181:S121–9.
203. Ravendra P. Chauhan, Ronen Fogel, Janice Limson. Overview of Diagnostic Methods, Disease Prevalence and Transmission of Mpox (Formerly Monkeypox) in Humans and Animal Reservoirs // *Microorganisms* 2023 Apr 30;11(5):1186. doi: 10.3390/microorganisms11051186.
204. Recent trends in emerging infectious diseases. *Int J Health Sci (Qassim).* 2009 Jul;3(2):V-VIII. PMID: 21475529; PMCID: PMC3068824.
205. Reed K.D., Melski J.W., Graham M.B. et al. The detection of monkeypox in humans in the Western Hemisphere. *N Engl J Med.* 2004 Jan 22;350(4):342-50. doi: 10.1056/NEJMoa032299. PMID: 14736926.
206. ReliefWeb. Bi-weekly situation report #11, 9 June 2019 – Bangladesh. Geneva, Switzerland: WHO, 2019. Available at: <https://reliefweb.int/report/bangladesh/rohingya-refugee-crisis-who-bangladesh-bi-weekly-situation-report-11-09-june-2019>.
207. Reynolds M.G., Doty J.B., McCollum A.M. et al. Monkeypox re-emergence in Africa: a call to expand the concept and practice of One Health. *Expert Rev. Anti. Infect. Ther.* 2019; 17(2): 129-39. Doi: <https://doi.org/10.1080/14787210.2019.1567330>
208. Rice M.E., Galang R.R., Roth N.M., Ellington S.R. et al. (2018) Vital Signs: Zika-Associated Birth Defects and Neurodevelopmental Abnormalities Possibly Associated with Congenital Zika Virus

Infection—U.S. Territories and Freely Associated States, 2018. MMWR Morbidity Mortality Weekly Report, 67, 858-867. <https://doi.org/10.15585/mmwr.mm6731e1>

209. Richmond J.K., Baglole D.J. Lassa fever: epidemiology, clinical features, and social consequences. *BMJ*. 2003 Nov 29;327(7426):1271-5. doi: 10.1136/bmj.327.7426.1271. Erratum in: *BMJ*. 2004 Jan 10;328(7431):96. PMID: 14644972

210. Rimoin A.W., Mulembakani P.M., Johnston S.C. et al. Major increase in human monkeypox incidence 30 years after smallpox vaccination campaigns cease in the Democratic Republic of Congo. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2010;107(37):16262-7. Doi: <https://doi.org/10.1073/pnas.1005769107>.

211. Risk assessment for the EU/EEA of the mpox epidemic caused by monkeypox virus clade I in affected African countries (Press release). European Centre for Disease Prevention and Control. 16 August 2024. <https://web.archive.org/web/20240821092158/https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/risk-assessment-mpox-epidemic-monkeypox-virus-clade-i-africa>

212. Rümke L.W., de Gier B., Vestjens S.M.T. et al. Dominance of M1UK clade among Dutch M1 *Streptococcus pyogenes*. *Lancet Infect Dis*. 2020 May;20(5):539-540. doi: 10.1016/S1473-3099(20)30278-4. PMID: 32359464.

213. Sahneh, 2019, Sahneh E., Delpisheh A., Sayehmiri K., Khodabakhshi B., Moafi-Madani M. Investigation of Risk Factors Associated with Leptospirosis in the North of Iran (2011–2017) *J. Res. Health Sci*. 2019;19:e00449.

214. Sangal V., Hoskisson P.A. Evolution, epidemiology and diversity of *Corynebacterium diphtheriae*: New perspectives on an old foe. *Infect Genet Evol*. 2016 Sep;43:364-70. doi: 10.1016/j.meegid.2016.06.024.

215. Seang S., Burrell S., Todesco E. et al. Evidence of human-to-dog transmission of monkeypox virus. *Lancet*. 2022 Aug 27;400(10353):658-659. doi: 10.1016/S0140-6736(22)01487-8. Epub 2022 Aug 10. PMID: 35963267; PMCID: PMC9536767.

216. Sejvar J., Bancroft E., Winthrop K. et al. Eco-Challenge Investigation Team. Leptospirosis in «Eco-Challenge» athletes, Malaysian Borneo, 2000. *Emerg Infect Dis*. 2003 Jun;9(6):702-7. doi: 10.3201/eid0906.020751.

217. Shartova N., Mironova V., Zelikhina S., Korennoy F., Grishchenko M. (2022) Spatial patterns of West Nile virus distribution in the Volgograd region of Russia, a territory with long-existing foci. *PLoS Negl Trop Dis* 16(1): e0010145. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010145>

218. Shayan S., Bokaeian M., Shahrivar M.R., Chinikar S. Crimean-Congo hemorrhagic fever. *Lab Med*. 2015;46(3):180–189. doi: 10.1309/LMN1P2FRZ7BKZSCO.

219. Shchelkunov S.N. (2013) An Increasing Danger of Zoonotic Orthopoxvirus Infections. *PLoS Pathog* 9(12): e1003756. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1003756>

220. Shchelkunov S.N., Marennikova S.S., Moyer R.W. (2005). *Orthopoxviruses pathogenic for humans*. New York: Springer. 425 p. <https://link.springer.com/book/10.1007/b107126#book-header>

221. Singer L., Vest K.G., Beadling C.W. (2017) Zika Virus: Review of Management Considerations and Controversies at Six Months. *Disaster Med Public Health Prep*. 2017 Jun;11(3):279-284. doi: 10.1017/dmp.2016.141. Epub 2016 Aug 30. PMID: 27572275.

222. Socolovschi C., Angelakis E., Renvoisé A. et al. Strikes, flooding, rats, and leptospirosis in Marseille, France. *Int J Infect Dis*. 2011 Oct;15(10):e710-5. doi: 10.1016/j.ijid.2011.05.017. Epub 2011 Jul 20. PMID: 21767971.

223. Supotnitsky M.V. Heroin anthrax in Scotland and Germany. *Biopreparaty. Profilaktika, Diagnostika, Lechenie*. [BI Preparations. Prevention, Diagnosis, Treatment]. 2011;1:40–4.

224. Taxon Details (ICTV). Taxon name: Orthopoxvirus monkeypox. Retrieved August 2024 https://ictv.global/taxonomy/taxondetails?taxnode_id=202304771&taxon_name=Orthopoxvirus%20monkeypox (дата обращения 01.08.2025).

225. Tessier E., Hennart M., Badell E. et al. Genomic Epidemiology of *Corynebacterium diphtheriae* in New Caledonia. *Microbiol Spectr.* 2023 Jun 15;11(3):e0461622. doi: 10.1128/spectrum.04616-22. Epub 2023 Apr 12.
226. Torgerson P.R., Hagan J.E., Costa F. et al. Global Burden of Leptospirosis: Estimated in Terms of Disability Adjusted Life Years. *PLoS Negl Trop Dis* 2015; 9:e0004122.
227. Truelove S.A., Keegan L.T., Moss W.J. et al. Clinical and Epidemiological Aspects of Diphtheria: A Systematic Review and Pooled Analysis. *Clin Infect Dis.* 2020 Jul 1; 71(1): 89–97. doi: 10.1093/cid/ciz808
228. Utarini A., Indriani C., Ahmad R.A. et al.; AWED Study Group. Efficacy of Wolbachia-Infected Mosquito Deployments for the Control of Dengue. *N Engl J Med.* 2021 Jun 10;384(23):2177-2186. doi: 10.1056/NEJMoa2030243.
229. Venkatesan P. Re-emergence of infectious diseases associated with the past. *Lancet Microbe.* 2021 Apr;2(4):e140. doi: 10.1016/S2666-5247(21)00066-5. PMID: 35544188.
230. Vest K.G. (2016) Zika Virus: A Basic Overview of an Emerging Arboviral Infection in the Western Hemisphere. *Disaster Medicine Public Health Preparedness*, 10, 707-712. <https://doi.org/10.1017/dmp.2016.43>
231. Vijayachari P., Sugunan A.P., Shriram A.N. (2008). «Leptospirosis: an emerging global public health problem». *J Biosci.* 33 (4): 557–69.
232. von Graevenitz A. The changing epidemiology of diphtheria in the past two centuries. *Ann Ig.* 2002 Jan-Feb;14(1 Suppl 1):1-5. PMID: 12162125.
233. Wagner K.S. Screening for *Corynebacterium diphtheriae* and *Corynebacterium ulcerans* in patients with upper respiratory tract infections 2007–2008: a multicentre European study. *Clin. Microbiol. Infect.* 2010; 17(4): 519–525.
234. Wagner K.S., White J.M., Lucenko I. et al. Diphtheria Surveillance Network. Diphtheria in the postepidemic period, Europe, 2000–2009. *Emerg Infect Dis.* 2012 Feb;18(2):217-25. doi: 10.3201/eid1802.110987. PMID: 22304732
235. Walker M. J. et al. Disease manifestations and pathogenic mechanisms of Group A *Streptococcus*. *Clin. Microbiol. Rev.* 27, 264-301 (2014).
236. Wang S., Li W., Wang Z. et al. Emerging and reemerging infectious diseases: global trends and new strategies for their prevention and control. *Signal Transduct Target Ther.* 2024 Sep 11;9(1):223. doi: 10.1038/s41392-024-01917-x. PMID: 39256346; PMCID: PMC11412324.
237. Wasiński B. Leptospiroza – aktualne problemy [Leptospirosis – current problems]. *Przegl Epidemiol.* 2011;65(3):471-6. Polish. PMID: 22184951.
238. West-Nil-fieber. *Infektionsschutz.de*. Informationen für Bürgerinnen und Bürger. Last update: 20.04.2023 <https://www.infektionsschutz.de/ru/erregersteckbriefe/likhoradka-zapadnogo-nila/> (дата обращения 03.08.2025).
239. Whitfield Z.J., Prasad A.N., Ronk A.J. et al. Species-Specific Evolution of Ebola Virus during Replication in Human and Bat Cells. *Cell Rep.* 2020, 32, 108028.
240. WHO Director-General declares mpox outbreak a public health emergency of international concern? Aug 16, 2024 <https://www.who.int/europe/news-room/16-08-2024-who-director-general-declares-mpox-outbreak-a-public-health-emergency-of-international-concern> (дата обращения: 20.07.2025).
241. WHO Director-General declares the ongoing monkeypox outbreak a Public Health Emergency of International Concern. 23 July 2022. <https://www.who.int/europe/news/item/23-07-2022-who-director-general-declares-the-ongoing-monkeypox-outbreak-a-public-health-event-of-international-concern> (дата обращения 02.08.2025).
242. WHO to identify pathogens that could cause future outbreaks and pandemics, 21 November 2022. <https://www.who.int/news/item/21-11-2022-who-to-identify-pathogens-that-could-cause-future-outbreaks-and-pandemics> (дата обращения: 20.07.2024).

243. WHO. 2022–2023 Mpox (Monkeypox) Outbreak: Global Trends». Worldhealthorg.shinyapps.io. World Health Organization. 23 February 2024. Archived from the original on 2 September 2022. Retrieved 4 March 2024https://worldhealthorg.shinyapps.io/mpx_global/. (дата обращения: 20.07.2024).

244. WHO. Chikungunya, 2025. https://www.who.int/health-topics/chikungunya#tab=tab_1 (дата обращения: 20.07.2024).

245. WHO. Chikungunya, 8 December 2022 <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/chikungunya> (дата обращения: 20.07.2024).

246. WHO. Crimean-Congo haemorrhagic fever. 20 February 2025. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/crimean-congo-haemorrhagic-fever> (дата обращения 01.08.2025).

247. WHO. Diphtheria, 2018 https://www.who.int/health-topics/diphtheria#tab=tab_1 (дата обращения: 20.07.2024).

248. WHO. Disease Outbreak News (DONs). 2025. <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news> (дата обращения 01.08.2025).

249. WHO. Disease Outbreak News. Sudan virus disease – Uganda, 21 February 2025. <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2025-DON556> (дата обращения 02.08.2025).

250. WHO. Disease Outbreak News/ Anthrax – Thailand 29 May 2025. <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2025-DON573> (дата обращения 02.08.2025).

251. WHO. Ebola situation report, 16 december 2015. https://iris.who.int/bitstream/handle/10665/202501/ebolasitrep_16Dec2015_eng.pdf;jsessionid=9F8806EACAA1C75D8B3CA281F23F2C72?sequence=1/ (дата обращения 02.08.2025).

252. WHO. Ebola virus disease, 20 April 2023. <https://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/ebola-virus-disease> (дата обращения 01.08.2025).

253. WHO. Fact sheet – Mpox (Monkeypox)». World Health Organization (WHO). 18 April 2023. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/mpox> (дата обращения 28.02.2025). (дата обращения 02.08.2025).

254. WHO. Global Polio Eradication Initiative. About Polio. 2025. <https://polioeradication.org/about-polio/> (дата обращения: 20.07.2025).

255. WHO. Mpox (monkeypox) outbreak 2022». Retrieved 2023-01-07.<https://www.who.int/emergencies/situations/monkeypox-oubreak-2022> .

256. WHO. Lassa fever 5 December 2024 <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/lassa-fever> (дата обращения: 20.07.2024).

257. WHO. Crimean-Congo haemorrhagic fever 20 February 2025. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/crimean-congo-haemorrhagic-fever> (дата обращения: 20.07.2025).

258. WHO. Mpox 26 August 2024 <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/mpox> (дата обращения: 20.07.2024).

259. WHO. Multi-country outbreak of cholera, External situation report #21 – 18 December 2024. <https://www.who.int/publications/m/item/multi-country-outbreak-of-cholera--external-situation-report--21---18-december-2024>. (дата обращения: 20.07.2024).

260. WHO. Pathogens prioritization: a scientific framework for epidemic and pandemic research preparedness. 30 July 2024. Meeting report. <https://www.who.int/publications/m/item/pathogens-prioritization-a-scientific-framework-for-epidemic-and-pandemic-research-preparedness>. (дата обращения: 20.07.2025).

261. WHO. Poliomyelitis (polio). 2025. https://www.who.int/health-topics/poliomyelitis#tab=tab_1 (дата обращения: 20.07.2025).

262. WHO. Poliomyelitis, 2 апреля 2025. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/poliomyelitis>. (дата обращения: 20.07.2025).

263. WHO. Prioritizing diseases for research and development in emergency contexts, 2022 <https://www.who.int/activities/prioritizing-diseases-for-research-and-development-in-emergency-contexts> (дата обращения: 20.07.2024).

264. WHO. Publishes list of top emerging diseases likely to cause major epidemics / URL: <http://www.who.int/medicines/ebolatreatment/WHO-list-of-top-emerging-diseases/en/> 2023 (дата обращения: 20.07.2024).

265. WHO. R&D Blueprint for Epidemics. Targeting research on diseases of greatest epidemic and pandemic threat 2024. <https://www.who.int/teams/blueprint/who-r-and-d-blueprint-for-epidemics> (дата обращения 02.08.2025).

266. WHO. West Nile virus, 25 September 2024 <https://www.who.int/europe/news-room/questions-and-answers/item/west-nile-virus> (дата обращения: 20.07.2024).

267. WHO. West Nile virus. 3 October 2017. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/west-nile-virus> (дата обращения 01.08.2025).

268. WHO. WHO recommends new name for monkeypox disease» (Press release). World Health Organization (WHO). 28 November 2022. <https://www.who.int/news/item/28-11-2022-who-recommends-new-name-for-monkeypox-disease> Дата обращения: 30.07.2025.

269. WHO. Zika virus disease – India, 29 January 2025. <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2025-DON549>. (дата обращения 01.08.2025).

270. WHO. Zika Virus No Longer International Emergency But Still a Threat, November 19, 2016. <https://web.archive.org/web/20180211072422/https://newsline.com/zika-virus-no-longer-international-emergency-still-threat/> (дата обращения 01.08.2025).

271. WHO. Zika virus, 8 December 2022. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/zika-virus> (дата обращения 01.08.2025).

272. Wieczorek M., Gad B., Krzysztozek A. et al. Detection of vaccine-derived poliovirus type 2 from sewage samples and public health response, Poland, November to December 2024. / Euro Surveill. 2025 Jan;30(1):2400805. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2025.30.1.2400805.

273. Wolbert J.G., Rajnik M., Swinkels H.M., Higginbotham K. Poliomyelitis. 2024 Oct 6. In: StatPearls [Internet]. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2025 Jan–. PMID: 32644370. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32644370/>

274. You Y. et al. Scarlet fever epidemic in China caused by *Streptococcus pyogenes* serotype M12: epidemiologic and molecular analysis. EBioMedicine 28, 128-135 (2018).

275. Zakharova O.I., Korennoy F.I., Iashin I.V. et al. Ecological and Socio-Economic Determinants of Livestock Animal Leptospirosis in the Russian Arctic. Front Vet Sci. 2021 Apr 12;8:658675. doi: 10.3389/fvets.2021.658675.

276. Zakour N.L.B. et al. Transfer of scarlet fever-associated elements into the group A *Streptococcus* M1T1 clone. Sci. Rep. 5, 15877 (2015).

277. Zawilińska B., Kosz-Vnenchak M. General introduction into the Ebola virus biology and disease. Folia Med Cracov. 2014;54(3):57-65.

278. Žele-Vengušt D., Lindtner-Knific R., Mlakar-Hrženjak N. et al. Exposure of Free-Ranging Wild Animals to Zoonotic *Leptospira interrogans* Sensu Stricto in Slovenia. Animals (Basel). 2021 Sep 17;11(9):2722. doi: 10.3390/ani11092722.

279. Zé-Zé L., Nunes C., Sousa M. et al. Fatal Case of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever, Portugal, 2024. Emerg Infect Dis. 2025 Jan;31(1):139-143. doi: 10.3201/eid3101.241264. Epub 2024 Dec 6. PMID: 39641460; PMCID: PMC11682786.

Глава 4. НОВЫЕ ВЫЗОВЫ СТАРЫХ ИНФЕКЦИЙ

4.1. Инфекции, вызываемые условно-патогенными микроорганизмами

На фоне бурного прогресса медицины и появления мощных антибиотиков возникло ошибочное представление о том, что инфекционные болезни перестают быть серьезной проблемой. Однако реальность оказалась иной: на смену классическим инфекциям приходят новые вызовы, связанные не столько с высоковирулентными патогенами, сколько с микроорганизмами, долгое время воспринимавшимися как безобидные члены человеческого микробиома.

В настоящее время наблюдается повышенный интерес к инфекциям, спровоцированным условно-патогенными микроорганизмами (УПМ). Это объясняется тем, что они при определённых условиях способны проявлять вирулентные свойства и вызывать тяжёлые, зачастую трудно диагностируемые и рецидивирующие инфекции [1].

УПМ, которые входят в состав эндоэкологии человека (например, кишечная палочка, грибы *Candida* и другие) или иногда встречаются во внешней среде (*Bacillus cereus* и прочие), становятся патогенными лишь при определённых условиях. К последним относятся: ослабленная иммунная система, высокая инфекционная доза, проникновение в организм штаммов микроорганизмов с повышенной вирулентностью (например, госпитальные штаммы золотистого и эпидермального стафилококков, клебсиелл, эшерихий и других), а также внешние факторы, влияющие на формирование и развитие эпидемического процесса [2, 3].

Когда речь идет о заболеваниях, спровоцированных УПМ, необходимо учитывать возможность разнообразных путей заражения. Они включают как естественные механизмы (аэрозольный, фекально-оральный, контактный, половой, трансмиссивный или гемоконтактный), так и искусственные, обусловленные инвазивными медицинскими манипуляциями, применяемыми в диагностике и терапии.

Данные инфекции вызывают микроорганизмы, принадлежащие к различным систематическим группам: бактерии, грибы, вирусы, одноклеточные организмы. Условно-патогенный характер значительного числа микроорганизмов, играющих ключевую роль в современной инфекционной патологии, представляет собой общее явление, характерное для болезней, поражающих только людей (антропонозы), животных и человека (зоонозы) и развивающихся в окружающей среде (сапронозы). С точки зрения эволюции, это наиболее оптимальная стратегия для поддержания жизнеспособности возбудителей инфекций как биологических видов, в сравнении с высокопатогенными вариантами, которые имеют более ограниченную нишу [1, 4].

УПМ играют значительную роль в развитии антропонозных заболеваний, включая различные внутрибольничные заражения. В данную группу входят также оппортунистические заболевания, проявляющиеся при ВИЧ-инфекции и других состояниях, связанных с ослаблением иммунитета, инфекции мочеполовой системы, а также целый ряд иных патологий, провоцирующих дисбиоз в кишечнике и других органах и тканях.

Проблема внутрибольничных инфекций в последние годы приобрела исключительно большое значение для всех стран мира как промышленно развитых, так и развивающихся [5]. Их основными возбудителями (85% от общего числа) являются УПМ: грамположительные кокки (эпидермальный и золотистый стафилококк, бета-гемолитический стрептококк, пневмококк, энтерококк) и грамотрицательные палочковидные бактерии (клебсиеллы, эшерихии, энтеробактерии, протей, псевдомонады и др.). Кроме этого, значительную роль в их этиологии внутрибольничных инфекций играют вирусные агенты, в частности вирусы простого герпеса, аденовирусной инфекции, гриппа, парагриппа, цитомегалии, вирусных гепатитов, респираторно-синцитиальной инфекции, а также риновирусы, ротавирусы и энтеровирусы. Отличительной чертой внутрибольничных инфекций, вызванных УПМ, является их устойчивость к лекарственным препаратам и невосприимчивость к негативным факторам окружающей среды, таким как ультрафиолетовое излучение и дезинфицирующие средства [6].

Важную роль в возникновении внутрибольничных инфекций с участием УПМ играет недостаточность, а порой и полное отсутствие местного иммунитета. В определенной степени это зависит от характера предшествовавшей патологии, выполненного оперативного вмешательства и проводимых медицинских манипуляций.

Преодоление внутрибольничных инфекций представляет собой сложную задачу, обусловленную целым комплексом факторов. Среди них – многообразие путей передачи возбудителей, наличие как среди медицинских работников, так и среди пациентов источников инфекции, а также занос инфекций в больницы. Кроме того, существенное значение имеют недостатки в подходах к назначению и применению антимикробных препаратов, а также наличие у

пациентов факторов риска, имеющих как социальную, так и биологическую природу.

Специфика конкретных видов внутрибольничных инфекций существенно варьируется в зависимости от специализации медицинского учреждения. Например, в ожоговых центрах доминирует синегнойная палочка, передающаяся преимущественно через предметы ухода и руки персонала, при этом основным источником внутрибольничной инфекции выступают сами госпитализированные. В акушерских стационарах преобладает грамположительная микрофлора (стафилококки, стрептококки), в психиатрических – кишечные инфекции [7]. Главными возбудителями внутрибольничных инфекций у больных с мочекаменной болезнью, независимо от применяемого лечения, являются грамотрицательные микроорганизмы, среди которых превалируют *Escherichia coli* и *Pseudomonas aeruginosa*. Среди грамположительных микроорганизмов чаще встречается *Staphylococcus*. Воспалительные заболевания почек и верхних отделов мочевыделительной системы в основном обусловлены грамотрицательной флорой. В развитии воспалений нижних мочевых путей доминирующую роль играет грамположительная микрофлора [8]. Для пациентов хирургического профиля наиболее частые сочетания образуют *S. aureus*, *P. aeruginosa*, *E. coli*, *Klebsiella spp.*, *Proteus spp.*, *Enterococcus spp.* Для пациентов ЛОР-профиля в сочетаниях также участвовали *Corynebacterium spp.*, *Candida spp.* Необходимо подчеркнуть, что стафилококки участвуют в ассоциациях практически со всем спектром микроорганизмов как в отделениях общей хирургии, так и в более специализированных [9]. В последние годы в этиологии гнойно-воспалительных заболеваний значительно возрос удельный вес заболеваний, вызываемых условно-патогенными грамотрицательными микроорганизмами, в особенности синегнойной палочкой, протейями и кишечной палочкой.

Наиболее уязвимыми к развитию госпитальных инфекций являются определенные категории пациентов: новорожденные (особенно родившиеся раньше срока), люди преклонного возраста и ослабленные пациенты, лица с хроническими болезнями (сахарный диабет, заболевания крови, нарушение функции почек), иммунодефицитом, онкологическими заболеваниями. Восприимчивость человека к внутрибольничным инфекциям возрастает при наличии у пациента повреждений кожи, дренажных трубок в полостях тела, катетеров в сосудах или мочевыводящих путях, трахеостомической трубки и других медицинских приспособлений, способствующих проникновению инфекции. Продолжительность пребывания в больнице, длительное использование антибиотиков и применение препаратов, подавляющих иммунитет, также влияют на частоту возникновения и серьезность госпитальных инфекций [10,11].

Установлена более высокая заболеваемость медицинских работников острыми и хроническими инфекциями. Воздействие УПМ может приводить к развитию ряда болезней, включая острые респираторные инфекции, воспаление миндалин, глотки, верхнечелюстной пазухи, ангину, воспаление легких,

мочевыводящего пузыря, почек, инфекционное поражение сердечной мышцы и иные патологии. Данные заболевания занимают значительную долю (92%) в общей структуре заболеваемости медицинских работников. По некоторым отдельным видам болезней, таким как ринит, тонзиллит, бронхит, гнойные поражения кожного покрова, наблюдаются значительные расхождения в показателях заболеваемости между медперсоналом и остальным населением. В периоды сезонного увеличения заболеваемости ОРИ наиболее высокий уровень заболеваемости наблюдается у сотрудников, работающих в поликлиниках, приемных отделениях, инфекционных, стоматологических и многопрофильных больницах, превышая показатели заболеваемости среди взрослого населения в 1,5-1,8 раза [12, 13].

Опportunистические инфекции – большая группа инфекционных болезней, которые развиваются при иммунной недостаточности. У людей с хорошим иммунитетом при контакте с условно-патогенными возбудителями, как правило, инфекционный процесс не развивается. В настоящее время наблюдается тенденция к увеличению частоты опportunистических инфекций, что обусловлено комплексом факторов. Среди них – ухудшение социального положения значительной части населения, снижение общей сопротивляемости организма (включая последствия ВИЧ-инфекции) [14, 15]. Распространению этих инфекций также способствуют особенности сексуального поведения и широкое распространение наркотиков, затрагивающее в первую очередь сексуально активных и трудоспособных граждан. Важно отметить, что совершенствование методов лабораторной диагностики повышает точность обнаружения и регистрации опportunистических инфекций.

Перечень возбудителей опportunистических инфекций весьма широк и охватывает разнообразные таксономические категории: вирусы, бактерии, простейшие и грибы, причем большая их часть является УПМ. Им не свойственна строгая избирательность к определенным органам, в связи с чем один и тот же вид возбудителя способен провоцировать разнообразные клинические проявления болезней.

Опportunистические инфекции характеризуются двойственностью течения: они могут проявляться клинически и одновременно существовать в скрытой форме. Формирование очага инфекции с участием УП микрофлоры происходит вследствие нарушения баланса между количеством возбудителя, который попал в организм, и состоянием иммунитета. Если он ослаблен, даже небольшое количество инфекционного агента может вызвать заболевание [16]. К числу характерных опportunистических инфекций, провоцируемых УПМ, относятся пневмоцистная пневмония, токсоплазмоз, цитомегаловирус (ЦМВ) и хламидийные инфекции. Данные заболевания имеют широкое распространение в различных климатических зонах и странах, охватывая все континенты. Токсоплазмозом, по приблизительным подсчетам, заражено не менее 1,5 миллиона человек. Положительные реакции на токсоплазмоз определяются у 30

– 80% населения мира, в России – у 10 – 50%. С возрастом увеличивается частота выявления положительных реакций на токсоплазмоз. При приобретенном токсоплазмозе встречаются лимфаденопатическая, глазная, церебральная и висцеральная формы, затрагивающие различные органы и системы. Врожденный токсоплазмоз может приводить к мертворождениям, рождению детей с аномалиями и дефектами физического развития.

Возбудитель токсоплазмоза *Toxoplasma gondii* – внутриклеточный паразит. Как и другие внутриклеточные паразиты, в ходе эволюции он приобрел высокую степень адаптации к организму-хозяину. *Toxoplasma gondii* обладает способностью проникать в любые клетки и ткани организма. Заражение токсоплазмозом наиболее распространено в регионах, где население часто употребляет мясо, не прошедшее достаточную термическую обработку или проживает в неблагоприятных социально-гигиенических условиях. Кроме того, существует вероятность передачи токсоплазм при использовании контаминированной воды. Увеличение числа клинически выраженных случаев токсоплазмоза наблюдается при ослаблении защитных механизмов организма, достигая пика у ВИЧ-инфицированных.

Цитомегаловирусная инфекция (ЦМВИ) также широко распространена среди населения. Антитела к возбудителю ЦМВ обнаруживаются у значительной части населения (от 50% до 80%). В большинстве случаев инфекция протекает бессимптомно или в лёгкой форме, однако представляет опасность для лиц с ослабленным иммунитетом и беременных женщин, так как вирус может передаваться от матери к плоду. Врождённая ЦМВИ может привести к гибели плода или рождению ребёнка с врождёнными дефектами. ЦМВИ способна длительно сохраняться в организме, часто переходя в хроническую форму; обострение клинических проявлений обычно происходит на фоне иммунодефицита, особенно при ВИЧ-инфекции. Выявление цитомегаловирусов в крови у людей с ВИЧ считается неблагоприятным признаком, указывающим на возможное развитие выраженных симптомов в течение года [17,18].

Хламидийные инфекции, возбудители которых занимают промежуточное положение между бактериями, риккетсиями и вирусами, включают как заболевания, поражающие только человека, так и общие для человека и животных. Хламидии способны вызывать у человека широкий спектр органных поражений. В отличие от многих других патогенных микроорганизмов, они могут поражать одновременно как наружные, так и внутренние половые органы, слизистые оболочки дыхательных путей, внутреннюю оболочку кровеносных сосудов и сердце, синовиальную оболочку суставов, зубы, органы зрения и слуха [19, 20]. По данным ВОЗ, ежегодно в мире регистрируется около 100 миллионов новых случаев хламидиоза, а общее число инфицированных хламидиями на планете, по самым скромным оценкам, достигает 1 миллиарда человек. Среди различных клинических проявлений хламидиоза преобладают поражения мочеполовой системы, которые часто приводят к осложнениям в

других органах и системах. Урогенитальный хламидиоз является наиболее распространённой инфекцией, передаваемой половым путём (ИППП) [21].

Многочисленные научные работы подтверждают, что в развитии урогенитальных инфекций, вызванных условно-патогенной микрофлорой, обычно участвует целый комплекс различных микроорганизмов. Клинические проявления при этом часто не выражены, заболевания протекают с минимальными симптомами или вообще бессимптомно, не имеют характерных признаков, склонны к переходу в хроническую форму и поражению нескольких органов. Это приводит к тому, что пациенты поздно обращаются за медицинской помощью, зачастую уже при развитии осложнений со стороны репродуктивной системы. В связи с этим, проблема урогенитальных инфекций, связанных с УПМ, является важной и актуальной с медицинской и социальной точек зрения. Данное обстоятельство требует повышенного внимания со стороны врачей и разработки эффективных стратегий диагностики и лечения [22, 23].

Gardnerella vaginalis – факультативно-анаэробный микроорганизм, представитель условно-патогенной микрофлоры влагалища – в норме выявляется у 40-60% здоровых женщин. Гарднереллы принимают участие, совместно с другими УПМ, в развитии бактериального вагиноза при действии предрасполагающих факторов, которые приводят к значительному увеличению концентрации гарднерелл при снижении концентрации лактобактерий [24].

К УПМ относятся грибы *Candida*, которые входят в состав нормальной микрофлоры организма человека (около 10-20% женщин являются бессимптомными кандидоносителями), но при определенных условиях (при нарушении нормального биоценоза, дисметаболических расстройствах, дисфункции иммунной системы) могут проявлять патогенные свойства. Грибы также могут поражать кожу и слизистые покровы, вызывать генерализованные формы с поражением различных тканей и органов: пищеварительного тракта, дыхательных путей, мочеполовую и центральную нервную системы. В 40–45% случаев кандидоз сочетается с бактериальным вагинозом. Считается, что приблизительно у 75% женщин бывает хотя бы один эпизод кандидоза в течение жизни. Проявлениями заболевания у женщин является кандидозный вульвовагинит, возможно развитие цервицита, уретрита, цистита. У мужчин основным проявлением инфекции является кандидозный баланопостит, уретрит. Наиболее часто грибы рода *Candida* приводят к инфекционному поражению нижних отделов мочеполовой системы, возникают зуд, жжение, покраснение половых органов, выделения из половых путей [25].

До конца не выяснена значимость микоплазм и уреаплазм в развитии заболеваний мочеполовой системы, поскольку чаще всего они классифицируются как УПМ. Микоплазмы представляют собой небольшие, изменчивые по форме клетки, у которых отсутствует клеточная оболочка – её роль выполняет трехслойная цитоплазматическая мембрана, что обуславливает их невысокие

антигенные свойства. Микоплазмы могут длительно сохраняться на поверхности или внутри эпителиальных клеток.

Известно, что различные органы человека могут быть колонизированы 16 видами микоплазм, 6 из которых обладают тропностью к тканям урогенитальной системы: *Mycoplasma hominis*, *Ureaplasma urealyticum*, *Mycoplasma primatum*, *Mycoplasma genitalium*, *Mycoplasma spermatophilum* и *Mycoplasma penetrans* [26]. Наибольший практический интерес вызывают 3 вида микоплазм: *M. hominis*, *U. urealyticum* и *M. genitalium*.

M. hominis, являясь УПМ, встречается у 10-50% здоровых людей. При неблагоприятных условиях, достигая высоких концентраций, может вызывать воспалительно-деструктивные процессы. У женщин *M. hominis* принимает участие в развитии бактериального вагиноза и воспалительных заболеваний – уретритов, цервицитов, воспалительных поражений органов малого таза. У мужчин микоплазмы колонизируют уретру и крайнюю плоть, вызывают развитие уретритов, простатитов.

Ureaplasma urealyticum, будучи УПМ, проявляет свои болезнетворные свойства лишь при стечении определенных обстоятельств. У мужчин это может привести к уретриту, а у женщин – к циститу. В сочетании с другими болезнетворными или УПМ *U. urealyticum* может играть роль в возникновении разнообразных патологий, включая бактериальный вагиноз, воспаление влагалища, цервицит, воспалительные заболевания органов малого таза, а также осложнения беременности, послеродового периода и аборт [27].

В наши дни микрофлору человека принято воспринимать как разнообразные скопления микробных сообществ, которые располагаются в различных участках кожи и слизистых оболочек всех доступных полостей организма. В естественной среде обитания человека микроорганизмы сосуществуют в сложных микробных группах, где формируются различные типы взаимодействий. Разнообразные болезни способны влиять на микробиологический состав биоценоза слизистой оболочки дыхательных путей. Исследование характеристик микрофлоры ротоглотки у детей, находящихся в реанимации, выявило замещение нормальной микрофлоры патогенными энтерококками, грамотрицательными энтеробактериями и неферментирующими бактериями. Комбинация возбудителя дифтерии с болезнетворными стафилококками и стрептококками на поверхности миндалин приводит к сильной интоксикации организма, так как ферменты кокков усиливают действие дифтерийного токсина [28].

При дисбактериозе толстой кишки часто обнаруживается повышенное количество УПМ с преобладанием стафилококков и грибов *Candida*. Видовой состав УПМ варьирует в зависимости от причины дисбактериоза. Например, при поражении желчевыводящих путей увеличивается популяция энтеробактерий, особенно лактозонегативных, а при паразитарных инфекциях отмечен рост количества протеев.

В кишечном биоценозе бактерии взаимодействуют друг с другом, и это взаимодействие может быть синергическим, антагонистическим или нейтральным. Межмикробные взаимодействия влияют на численность сапрофитных, условно-патогенных и патогенных микроорганизмов в микробиоте человека, на формирование ими биопленок, а также способствуют развитию осложнений [29]. Нарушение баланса кишечной микрофлоры, или дисбактериоз, часто сопровождается различными соматическими заболеваниями.

Традиционно полагают, что начальным этапом в развитии дисбиотических нарушений является сокращение численности резидентной микрофлоры, включая бифидобактерии, лактобактерии и эшерихии. Поэтому терапия дисбактериоза, как правило, ориентирована на повышение популяции бифидо- и лактобактерий посредством пробиотических препаратов. Модификация состава нормальной кишечной флоры закономерно влечет за собой усиление дисбаланса микроэкологии, что выражается в чрезмерном росте УПМ, в том числе золотистого стафилококка и гемолитических бактерий. Многие УПМ (клебсиеллы, протей, псевдомонады, стафилококки), образуя биопленки, приобретают резистентность к неблагоприятным воздействиям, в том числе к антибиотикам [30].

Вероятно, именно факторы вирулентности некоторых УПМ, такие как способность к адгезии, цитотоксичности и выработке энтеротоксинов служат инициирующим фактором в нарушении микробиологического равновесия [31]. Исходя из этого, лабораторная диагностика дисбактериоза должна фокусироваться на идентификации УПМ, их количественной оценке с целью назначения адекватной терапии [32].

В связи с увеличением числа острых кишечных инфекций (ОКИ), вызванных УПМ, особенно среди маленьких детей, и сложностью их диагностики из-за неспецифических симптомов и отсутствия четких диагностических критериев, вопросы клинической и лабораторной диагностики таких инфекций приобретают особую важность. В эпидемиологическом плане ключевыми остаются вопросы о роли различных источников инфекции, путях и факторах передачи, а также эффективности противоэпидемических мер при ОКИ, вызванных УПМ [33].

Например, клебсиеллы, по разным данным, выявляются как причина кишечных инфекций у детей с различной частотой (от 6% до 56,5%), что зависит от возраста пациентов, характера заболеваемости (единичные случаи или вспышки) и используемых методов диагностики. Клебсиеллезная кишечная инфекция обычно проявляется как гастроэнтероколит, поражающий весь желудочно-кишечный тракт [34]. Заболевания, вызванные протейями, отличаются многообразием клинических форм. При ОКИ наиболее часто выделяются *P. vulgaris*, *P. morganii*, реже *P. mirabilis*, *P. reffgeri*. У половины больных заболевание протекает преимущественно в среднетяжелой форме. Более тяжелое течение наблюдается при заболеваниях, вызванных *P. mirabilis*, тогда как при

заболеваниях, обусловленных *P. vulgaris*, чаще отмечается легкое течение кишечной инфекции. В значительной мере тяжесть заболевания связана с возрастом больных [35, 36].

Диагностика инфекций, вызванных УПМ представляет собой сложный многоступенчатый процесс, включающий в себя различные методы исследований [37–39]:

- традиционные бактериологические методы, основанные на культивировании отдельных бактериальных колоний и их идентификации посредством анализа морфологических характеристик, ферментных свойств, антигенной структуры, восприимчивости к специфическим бактериофагам, антибиотикам и антисептикам. Параллельно выполняется количественная оценка видов микроорганизмов, присутствующих в образце, путем измерения количества колониеобразующих единиц (КОЕ);

- методы обнаружения, основанные на выявлении антигенов микроорганизмов с использованием иммунохимических реакций (например, реакция иммунофлуоресценции (РИФ), иммуноферментный анализ (ИФА), радиоиммунный анализ (РИА)), их генетического материала (полимеразная цепная реакция (ПЦР), секвенирование) или типичных продуктов метаболизма (органических кислот, спиртов, аммиака);

- методы, позволяющие оценить иммунный ответ организма на антигены возбудителей, выявить положительную сероконверсию и определить динамику увеличения титров антител в период инфекции. Применяются различные реакции (например, реакция пассивной гемагглютинации (РПГА), ИФА). Увеличение титров антител в четыре и более раза в парных образцах сыворотки, взятых в начале заболевания и спустя 10-14 дней, указывает на этиологическую значимость идентифицированного микроорганизма.

Профилактика инфекций, вызванных УПМ, включает в себя ряд мероприятий. Важными факторами предотвращения заболеваний является соблюдение гигиенических норм, правильное питание, укрепление иммунитета, регулярные профилактические осмотры и прививки.

Учитывая, что большинство УПМ проявляют свое патогенное действие при определенных условиях, таких как наличие внутренних или внешних факторов риска, целесообразно в профилактические меры для групп риска включать использование иммуномодулирующих средств. Эти средства усиливают общие защитные механизмы организма.

Многие ученые в последнее время акцентируют внимание на сочетании в геноме условно-патогенных бактерий факторов, определяющих устойчивость к антибиотикам и вирулентность [40-43]. Антибиотикорезистентность УПМ сегодня – это серьезное препятствие в лечении. Широкое распространение антибиотикорезистентности УПМ определяет необходимость регулярного микробиологического мониторинга и дальнейшего изучения механизмов устойчивости.

Понимание роли УПМ в патогенезе инфекций, особенно у пациентов группы риска, является ключевым элементом современной инфекционной безопасности и требует междисциплинарного подхода с участием врачей-инфекционистов, микробиологов, эпидемиологов и клинических фармакологов.

Заключение

Инфекции, вызываемые УПМ, представляют собой серьёзную и нарастающую проблему в здравоохранении. УПМ, долгое время воспринимавшиеся как безобидные сапрофиты или непостоянные члены микрофлоры человека, сегодня всё чаще выступают в роли серьёзных возбудителей инфекционных процессов – особенно у пациентов с ослабленным иммунитетом, лиц с тяжёлыми сопутствующими заболеваниями, а также в условиях стационаров и интенсивной терапии.

Современные вызовы связаны не только с ростом числа внутрибольничных инфекций, но и с широким распространением устойчивости возбудителей к антибиотикам, сложностью верификации этиологической роли УПМ (ввиду их постоянного присутствия в нормальной микрофлоре), а также с трудностями в выборе адекватной терапии заболеваний, особенно при полимикробных ассоциациях. Увеличение числа онкологических и аутоиммунных заболеваний, широкое применение иммуносупрессивной терапии и инвазивных медицинских процедур создают благоприятную среду для реализации патогенного потенциала этих микроорганизмов.

Таким образом, «старые» возбудители в новых условиях проявляют «новые» свойства, требуя от медицинского сообщества пересмотра диагностических критериев, стратегий профилактики и подходов к лечению. Ключевыми направлениями в борьбе с этой угрозой становятся усиление микробиологического мониторинга, внедрение молекулярно-генетических методов диагностики, рациональное использование антибиотиков, развитие персонализированной медицины и расширение знаний клиницистов о клинической значимости УПМ.

Без комплексного подхода, объединяющего эпидемиологию, микробиологию, клиническую практику и фармакологию, эффективное противодействие этим «тихим», но всё более опасным инфекциям будет невозможным. Инфекции, вызываемые УПМ – яркий пример того, как эволюция медицинских технологий и изменение социально-демографической ситуации порождают новые вызовы, даже, казалось бы, в хорошо изученных областях инфекционной патологии.

Список литературы

1. Семина Н.А., Ковалева Е.П., Акимкин В.Г. Эпидемиологические особенности инфекций, вызываемых условно-патогенными микроорганизмами. Эпидемиология и вакцинопрофилактика. 2008; 38(1): 10–12. <https://cyberleninka.ru/article/n/epidemiologicheskie-osobennosti-infektsiy-vyzyvaemyh-uslovno-patogennymi-mikroorganizmami/viewer>
2. Яковлев С.А. Инфекционные заболевания глобальная проблема современности. Территория науки. 2017; 1: 20–23. <https://cyberleninka.ru/article/n/infektsionnye-zabolevaniya-kak-globalnaya-problema-sovremennosti/viewer>
3. Федоров С.П. Проблема дисбиоза в гастроэнтерологической практике. РМЖ. 2006; 8(2): 85–89. [Электронный ресурс]. – Режим доступа: https://www.rmj.ru/articles/bolezni_organov_pishchevareniya/Problema_disbioza_v_gastroenterologicheskoy_praktike/
4. Егорова С.А., Макарова М.А., Кафтырева Л.А. Этиологическая значимость условно-патогенных энтеробактерий при острых кишечных заболеваниях и дисбиотических состояниях кишечника. Инфекция и иммунитет. 2011; 1(2): 181–184. <https://cyberleninka.ru/article/n/etiologicheskaya-znachimost-uslovno-patogennyh-enterobakteriy-pri-ostryh-kishechnyh-zabolevaniyah-i-disbioticheskikh-sostoyaniyah/viewer>
5. Крамарь О.Г., Савченко Т.Н. Внутрибольничные инфекции. Вестник Волгоградского государственного медицинского университета. 2010; 34 (2): 3–7. <https://cyberleninka.ru/article/n/vnutribolnichnye-infektsii/viewer>
6. Профилактика внутрибольничных инфекций в деятельности заместителя главного врача по медицинской части. Вопросы экспертизы и качества медицинской помощи. 2009; 7: 55–59.
7. Саъдуллоев Ф.С. Внутрибольничные инфекции у больных с мочекаменной болезнью в послеоперационном периоде. Исследования и практика в медицине. 2015; 3: 25–29.
8. Дзеранов Н.К. Инфекция мочевыводящих путей у пациентов с крупными и коралловидными камнями. Материалы XII съезда Российского общества урологов. Москва, 2012. – 130 с.
9. Григорьев К.И. Внутрибольничные инфекции и их значение в общеклинической практике. Гастроэнтерология. 2010; 1: 80–85. <https://cyberleninka.ru/article/n/vnutribolnichnye-infektsii-i-ih-znachenie-v-obsheklinicheskoy-praktike-lektsiya/viewer>
10. Уразаева С.Т., Бегалин Т.Б., Жумагалиев Р.Ж., Василькова Н.А. Проблемы внутрибольничных инфекций и пути их профилактики. Медицинский журнал Западного Казахстана. 2011; 4(32): 98–102. <https://cyberleninka.ru/article/n/problemy-vnutribolnichnyh-infektsiy-i-puti-ih-profilaktiki/viewer>
11. Черненькая Т.В., Годков М.А. «Проблемные» полирезистентные бактерии – возбудители внутрибольничных инфекций у пациентов в критических состояниях (обзор литературы). Журнал им. Н.В. Склифосовского неотложная медицинская помощь. 2015; 3: 30–35. https://www.jnmp.ru/jour/article/view/223?locale=ru_RU
12. Reddy S.T., Chung K.K., McDaniel C.J. et al. Micropatterned surfaces for reducing the risk of catheter-associated urinary tract infection: an *in vitro* study on the effect of sharklet micropatterned surfaces to inhibit bacterial colonization and migration of uropathogenic *Escherichia coli*. Journal of endourology. 2011; 25(9): 1547–1552. DOI: 10.1089/end.2010.0611.
13. Куракин Э.С. Перспективные подходы к диагностике внутрибольничных инфекций на основе современных представлений о молекулярно-генетических механизмах формирования госпитальных штаммов. Вестник новых медицинских технологий. 2011; 18(4): 265–268.
14. Никульшина Л.Л. Эпидемиология оппортунистических инфекций в хирургии: что изменилось со времен Н.И. Пирогова? Вестник совета молодых учёных и специалистов Челябинской области. 2018; 3(22): 29–33. <https://cyberleninka.ru/article/n/epidemiologiya-opportunisticheskikh-infektsiy-v-hirurgii-cto-izmenilos-so-vremen-n-i-pirogova/viewer>

15. Оппортунистические инфекции: проблемы и перспективы / под ред. Ю.В. Редькина, О.А. Мирошника, В.В. Лобова. Омск: ОГМА, 2002; 11–15.

16. Целипанова Е.Е., Галкина Л.А., Савицкая Н.А. Результаты клиничко-лабораторного обследования на оппортунистические инфекции детей первого года жизни с повторными острыми респираторными заболеваниями. 2016; 5: 45–49. <https://epidemiology-journal.ru/ru/archive/article/33708>

17. Запруднов А.М., Григорьев К.И., Харитонов Л.А., Богомаз Л.В., Юдина Т.М. Проблемы и перспективы современной детской гастроэнтерологии. Педиатрия. 2016; 96(6): 10–18. <https://cyberleninka.ru/article/n/problemny-i-perspektivy-sovremennoy-detskoy-gastroenterologii/viewer>

18. Васильев В.В. Клинические рекомендации по лечению, диагностике и профилактике врожденной цитомегаловирусной инфекции / В.В. Васильев, Н.Н. Володин, И.А. Горланов и др. СПб: РАСПМ, 2015. – 48 с.

19. Гладин Д.П., Корольюк А.М., Дробот И.В., Кирилова Н.П., Козлова Н.С., Анненкова И.Д. Хламидии и хламидиозы. Российские биомедицинские исследования. 2021; 6(4): 37–46. <https://cyberleninka.ru/article/n/hlamidii-i-hlamidiozy/viewer>

20. Данилов А.И., Петроченкова Н.А., Ковалева Н.А., и др. Современные аспекта хламидийной инфекции (Обзор). Вестник Смоленской государственной медицинской академии. 2018; 17(3): 83–88. <https://cyberleninka.ru/article/n/sovremennye-aspekty-hlamidiynoy-infektsii-obzor/viewer>

21. Глобальная стратегия сектора здравоохранения по инфекциям, передаваемым половым путем 2016–2021 гг. Всемирная организация здравоохранения: официальный сайт. Женева; 2016. URL: <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs110/ru>

22. Кулаков В.И., Прилепская В.Н. Практическая гинекология (Клинические лекции). 2-е изд. М.: МЕД пресс-информ, 2002. – 720 с.

23. Липова Е.В., Витвицкая Ю.Г. Особенности клинического течения урогенитальных инфекций у женщин на современном этапе. Вестник последипломного медицинского образования. 2009; 1: 15–16. <https://cyberleninka.ru/article/n/osobennosti-klinicheskogo-techeniya-bakterialnogo-vaginoza-u-zhenshin-reproduktivnogo-vozhrasta/viewer>

24. Болдырева М.Н., Липова Е.В., Витвицкая Ю.Г. Урогенитальные инфекции у женщин, обусловленные условно-патогенной биотой: Способы выявления и коррекция. Научные исследования. 2010; №2: 26–31. file:///C:/Users/serduk_ns/Downloads/896-1174-1-PB-1.pdf

25. Кулаков В.И. Инфекции, передаваемые половым путём: Проблема настоящего и будущего. Акушерство и гинекология. 2003; 6: 3–6. https://omnidocor.ru/library/izdaniya-dlya-vrachey/ginekologiya/gn2007/gn2007_9_1/infektsii-peredavaemye-polovym-putem-problema-nastoyashchego-i-budushchego/

26. Липова Е.В. Эффективность местного лечения бактериального вагиноза и урогенитального кандидоза натамицином (пимафуцином). Проблемы медицинской микологии. 2003; 5(2): 53. https://omnidocor.ru/library/izdaniya-dlya-vrachey/ginekologiya/gn2008/gn2008_10_5/urogenitalnyy-kandidoz-zhenshchin-problemy-i-puti-resheniya/

27. Taylor-Robinson D. Genital Mycoplasmas Infection. Wien Rlin. Wochenschr. 1997; 109: 578-583. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/9286063/>

28. Антонян А.А., Горбунова Е.А. Особенности межмикробных взаимоотношений микрофлоры кишечника. VIII Международная научно-практическая конференция. МЦНС «Наука и просвещение». 2017; 233–236.

29. Анганова Е.В. Острые кишечные инфекции у детей на фоне выделения условно-патогенных микроорганизмов. Казанский медицинский журнал. 2009; 90(1): 111–112. <https://cyberleninka.ru/article/n/ostrye-kishechnye-infektsii-u-detey-na-fone-vydeleniya-uslovno-patogennyh-mikroorganizmov/viewer>

30. Рыбальченко О.В. Особенности ультратонкого строения защитных структур в биопленках лактобацилл и условно-патогенных бактерий нормофлоры кишечника. Клиническое питание. 2007; №1: 65. <https://cyberleninka.ru/article/n/uslovno-patogennnye-mikroorganizmy-pri-disbakterioze-kishechnika/viewer>
31. Оришак Е.А. Условно-патогенные микроорганизмы при дисбактериозе кишечника. Ученые записки Санкт-Петербургского государственного медицинского университета имени академика И. П. Павлова. 2012; 17(2): 24–27. <https://cyberleninka.ru/article/n/uslovno-patogennnye-mikroorganizmy-pri-disbakterioze-kishechnika/viewer>
32. Лузина Е.В. Антибиотикоассоциированная диарея. 2009; 2: 122–124. <https://cyberleninka.ru/article/n/antibiotikoassotsirovannaya-diareya/viewer>
33. Савичева А.М., Прилепская В.Н., Соколовский Е.В., Кисина В.И. Роль микоплазм в урогенитальной патологии женщин и их половых партнеров. Актуальные проблемы здравоохранения. 2008; 7(1): 11–22. <https://cyberleninka.ru/article/n/rol-mikoplazm-v-urogenitalnoy-patologii-zhenshin-i-ih-polovyh-partnerov/viewer>
34. Поздеев О.К. Медицинская микробиология / Под ред. акад. РАМН В.И. Покровского. М.: ГЭОТАР-МЕД, 2002. – 768 с.
35. Воротынцева Н.В., Мазанкова Л.Н. Острые кишечные инфекции у детей. М.: Медицина, 2001. – 480 с.
36. Жеребцова Н.Ю. Клинико-лабораторные особенности острых кишечных инфекций, вызванных условно-патогенными энтеробактериями у детей и подростков: Автореферат дис. канд. мед.наук. М., 2006. – 24 с.
37. Дроботова Д.Ю. Передовые решения для лабораторной диагностики в ветеринарии от компании ООО «Интерлабсервис». Farm Animals. 2013; 3: 34–40. <https://cyberleninka.ru/article/n/peredovye-resheniya-dlya-laboratornoy-dagnostiki-v-veterinariii-ot-kompanii-ooo-interlabservis/viewer>
38. Медицинская лабораторная диагностика (программы и алгоритмы). Справочник / под редакцией проф. А.И. Карпищенко. Санкт-Петербург: «Интермедика», 2001. – 480 с.
39. Зайкова Э.Ф. Опорные клинические критерии первичной диагностики оппортунистических инфекций // Оппортунистические инфекции: проблемы и перспективы / под ред. Ю.В. Редькина, О.А. Мирошника. Омск: Изд-во ОмГМА, 2002: 10–13.
40. Пальчун В.Н., Кафарская Л.И., Кунельская Н.А., Артемьев М.Е., Гуров А.В. Микробный пейзаж и пути рациональной антибиотикотерапии при острой гнойной патологии ЛОР-органов. Лечебное дело. 2004; 4: 88–95. <https://cyberleninka.ru/article/n/mikrobnnyy-peyzazh-i-puti-ratsionalnoy-antibiotikoterapii-pri-ostroy-gnoyno-vospalitelnoy-patologii-lor-organov/viewer>
41. Salgueiro V.C., Iorio N.L., Ferreira M.C., Chamon R.C., Dos Santos K.R. Methicillin resistance and virulence genes in invasive and nasal Staphylococcus epidermidis isolated from neonates. BMC Microbiol. 2017; 17(1):15. DOI: 10.1186/s12866-017-0930-9.
42. Покровский В.И., Брико Н.И. Инфекционные болезни в эпоху глобализации. Вестник Российской АМН. 2010; 6–11. <https://cyberleninka.ru/article/n/infektsionnye-bolezni-v-epohu-globalizatsii-1/viewer>
43. Acinetobacter baumannii and Pseudomonas aeruginosa. Clinical Microbiology and Antimicrobial Chemotherapy. 2020; 22(2): 128-136. (In Russian). DOI: 10.36488/cmasc.2020.2.128-136.

4.2. Проблема антибиотикорезистентности

Устойчивость инфекций к антибиотикам представляет собой глобальную угрозу, несмотря на усилия по разработке качественно новых, инновационных

антимикробных средств. Сегодня это не только вопрос здравоохранения, но и социальная проблема. Формирование антибиотикорезистентности влечет за собой увеличение продолжительности пребывания в больнице, а также рост экономических издержек. Более того, антибиотики играют критически важную роль в национальной безопасности государства для эффективной борьбы с биологическим оружием [1].

Знаменательным моментом для медицины стал 1928 год, когда британский ученый Александр Флеминг открыл пенициллин, первый в истории антибиотик. Это открытие ознаменовало новую эру в медицине, – эпоху антибиотиков, которые вначале воспринимались как универсальное средство, способное радикально изменить ситуацию в борьбе с инфекционными заболеваниями. Однако восторженное отношение к ним быстро сменилось более реалистичным. Дальнейшее изучение микроорганизмов привело к разработке множества антибактериальных препаратов, отличающихся механизмами действия, спектром активности и химическими характеристиками.

Антибиотикорезистентность (АР) признана ВОЗ одной из десяти наиболее серьезных угроз глобальному здравоохранению с 2019 года. Это обусловлено несколькими факторами: быстрым распространением резистентности среди микроорганизмов, включая УПМ, образованием биопленок, которые ограничивают биодоступность препаратов; множественной лекарственной устойчивостью; выявлением в геномах бактерий «островков патогенности», содержащих гены АР, и частой передачей этих генов. В научно-медицинской литературе АР даже придают статус «вновь появившейся смертельной болезни» [2, 3].

В 2009 г. Американское общество инфекционных болезней (IDSA) выделило шесть особо опасных видов (родов) АР патогенных бактерий, объединенных в группу ESKAPE (эти микроорганизмы в процессе селекции приобрели свойство ускользать – escape – от действия современных антибиотиков): *Enterococcus faecium* (VRE), *Staphylococcus aureus* (MRSA), *Klebsiella* spp., *Escherichia coli* (с расширенным спектром бета-лактамаз – extended spectrum beta-lactamases (ESBL)), *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Enterobacter* spp. Однако в феврале 2017 г. опубликовано сообщение ВОЗ уже о двенадцати опасных для человека АР бактериях. В списке, утвержденном ВОЗ, все резистентные микроорганизмы разделены на три группы по уровню необходимости в создании новых антибактериальных препаратов: крайне приоритетные, высокоприоритетные и среднеприоритетные [4-7].

Первая группа представлена микроорганизмами с множественной лекарственной устойчивостью, которые в результате присоединения к неинфекционным заболеваниям (например, травмам, ожогам) могут вызывать тяжелые и часто – смертельные инфекции, такие как сепсис и пневмонии. В эту группу включены *Acinetobacter* spp., *Pseudomonas* spp. и различные виды семейства *Enterobacteriaceae* (включая *Klebsiella* spp., *E. coli*, *Serratia* spp и *Proteus* spp.). У

этих бактерий сформировалась устойчивость к действию широкого ряда антибиотиков, включая карбопенемы и цефалоспорины третьего поколения, которые являются препаратами выбора при лечении инфекционных заболеваний с множественной лекарственной устойчивостью.

Во вторую группу (высокой приоритетности) включены бактерии, демонстрирующие возрастающую невосприимчивость к лекарствам. Это, в частности, *Enterococcus faecium* с резистентностью к ванкомицину, *Staphylococcus* (к метициллину и ванкомицину), *Helicobacter pylori* (к кларитромицину), *Campylobacter spp.* и *Salmonellae spp.* (к фторхинолонам), а также *Neisseria gonorrhoeae* (к цефалоспорином и фторхинолонам).

В третьей группе микроорганизмы, такие как *Streptococcus pneumoniae*, устойчивый к пенициллину, *Haemophilus influenzae*, резистентный к ампициллину, и *Shigella spp.*, проявляющая устойчивость к фторхинолонам.

Одной из серьезных проблем является ограниченный доступ к качественным антимикробным препаратам. Дефицит антибиотиков наблюдается повсеместно, вне зависимости от уровня экономического развития страны. Сегодня очевидно, что без надлежащего лечения инфекций, не поддающихся антибиотикотерапии, и без расширения доступа к существующим и инновационным противомикробным лекарствам высокого качества, число заболевших и умирающих от инфекций будет только увеличиваться. Вмешательства в медицине, например, хирургия (включая кесарево сечение и эндопротезирование), химиотерапия при онкологии и пересадка органов станут более опасными.

В мире наблюдаются высокие показатели устойчивости к антибиотикам, применяемым для лечения распространенных бактериальных заражений, таких как инфекции мочевыводящих путей, заражение крови, половые инфекции и определенные виды диареи, что указывает на истощение эффективных антимикробных средств. Глобальная система надзора за устойчивостью к противомикробным препаратам (GLASS) свидетельствует, что резистентность к ципрофлоксацину, широко используемому для лечения инфекций мочевыводящих путей, колеблется от 8,4% до 92,9% для *Escherichia coli* и от 4,1% до 79,4% для *Klebsiella pneumoniae* [8, 9].

K. pneumoniae – распространенная кишечная бактерия, которая может вызывать опасные для жизни инфекционные поражения. В настоящее время во всех регионах мира распространилась устойчивость *K. pneumoniae* к препаратам последнего резерва (класса карбапенемов). *K. pneumoniae* является одной из ведущих причин таких внутрибольничных инфекций, как пневмония, инфекции кровотока, инфекции у новорожденных и пациентов отделений интенсивной терапии. В некоторых странах из-за формирования устойчивости карбапенемы не подходят для лечения более половины пациентов, инфицированных *K. pneumoniae* [10, 11].

Широкое распространение получила устойчивость *E. coli* к противомикробной активности фторхинолонов, часто применяемым при инфекциях мо-

чевой системы. Во многих странах мира результативность этой группы препаратов снизилась более чем на 50% случаев.

Колистин остается единственным препаратом последнего резерва в борьбе с жизнеугрожающими инфекциями, вызываемыми энтеробактериями, устойчивыми к карбапенемам.

Staphylococcus aureus присутствует в микрофлоре кожных покровов человека, а также нередко вызывает распространение вне- и внутрибольничных инфекций. Согласно статистике, риск летального исхода у пациентов, зараженных метициллин-резистентным *S. aureus*, увеличивается на 64% по сравнению с теми, кто инфицирован вариантом, чувствительным к этому антибиотику.

Повсеместная невосприимчивость к лекарствам у разнообразных видов *N. gonorrhoeae* сводит к нулю попытки предотвратить и лечить гонорею. Возбудитель быстро обретает устойчивость к сульфаниламидам, пенициллинам, тетрациклинам, макролидам, фторхинолонам и цефалоспорином первых поколений. В настоящее время, действенным способом эмпирического лечения гонореи, является применение инъекционного цефтриаксона – цефалоспорины широкого спектра действия [12].

Появление у *Mycobacterium tuberculosis* резистентности к антибиотикам стал серьезной угрозой и сводит на нет успехи, достигнутые в глобальной борьбе с туберкулезом. По информации ВОЗ, в 2020 году было зафиксировано порядка полумиллиона новых случаев туберкулеза, невосприимчивого к рифампицину. По большей части это были случаи мультирезистентного туберкулеза – формы болезни, характеризующейся устойчивостью к двум наиболее действенным лекарствам против этой инфекции [13].

Другая проблема – резистентность к противовирусным лекарствам, возникающая из-за быстрого размножения вирусов при продолжительном воздействии лекарственных препаратов и отбора резистентных вариантов, особенно у больных с ослабленным иммунитетом. В настоящее время проблема устойчивости касается большинства противовирусных препаратов, включая антиретровирусные.

Формирование лекарственно устойчивой ВИЧ-инфекции (ЛУ-ВИЧ) может снизить или полностью нивелировать действенность всех антиретровирусных средств, включая новейшие. Заражение ЛУ-ВИЧ возможно как у пациентов, проходящих антиретровирусную терапию, так и у людей, впервые столкнувшихся с ВИЧ. В ряде африканских, азиатских и латиноамериканских стран, где проводится отслеживание ситуации, доля случаев ЛУ-ВИЧ с устойчивостью к ненуклеозидным ингибиторам обратной транскриптазы (ННИОТ) до начала лечения среди взрослых, начинающих терапию первой линии, превышает 10%. Особую обеспокоенность вызывает высокая распространенность резистентности, существующей до начала лечения, у младенцев. В африканских странах, расположенных к югу от Сахары, более половины новорожденных с диагностированным ВИЧ являются носителями вируса, устойчивого к ННИОТ. Учиты-

вая эти факторы, в обновленных рекомендациях ВОЗ в качестве приоритетного лечения первой линии для взрослых и детей рекомендуется новый препарат – долутегравир. Его применение особенно важно для предотвращения неблагоприятных последствий, связанных с устойчивостью к ННИОТ [14, 15].

Увеличение устойчивости создает значительные экономические проблемы, так как средства второй и третьей линии обходятся значительно дороже препаратов первой линии. Программа ВОЗ по борьбе с устойчивостью ВИЧ отслеживает динамику распространения инфекции и формирования устойчивости к устаревшим и современным препаратам против ВИЧ по всему миру.

Появление малярийных паразитов, обладающих устойчивостью к лекарствам, представляет собой серьезную проблему в борьбе с малярией, приводящую к росту заболеваемости и смертности. В качестве основного метода терапии неосложненной малярии, вызванной *Plasmodium falciparum*, в большинстве эндемичных стран рекомендуется артемизинин-комбинированная терапия [16].

Растущая устойчивость грибковых инфекций к лекарственным препаратам осложняет и без того непростую ситуацию с их лечением. Это ведет к появлению новых случаев заражения грибами, трудно поддающимся лечению, неэффективности терапии и переходу на более дорогие схемы лечения. Лечение многих грибковых инфекций всегда было сопряжено с трудностями, включая токсичность препаратов, особенно у пациентов с сопутствующими инфекциями, такими как ВИЧ. Широкое распространение получила лекарственно устойчивая форма *Candida auris*, устойчивая к флуконазолу, амфотерицину В и вориконазолу, с растущей резистентностью к каспофунгину [17].

Еще в 1970-х годах ВОЗ начала принимать меры по борьбе с устойчивостью к противомикробным препаратам, а в 1984 году была принята первая резолюция Всемирной ассамблеи здравоохранения, призывающая к рациональному использованию лекарственных средств, включая антибиотики. С 1998 года Европейская сеть эпиднадзора за устойчивостью к антимикробным средствам осуществляет сбор информации из стран Европейского Союза, функционируя под эгидой Европейского центра профилактики и контроля заболеваний и собирая данные из 27 стран-членов ЕС, а также из Исландии и Норвегии [18-20].

В 2001 году ВОЗ представила Глобальную стратегию по сдерживанию устойчивости к антимикробным средствам. Эта стратегия была направлена на замедление развития новых резистентных штаммов и ограничение распространения уже имеющихся микроорганизмов с АР. В ноябре 2001 года Европейский Союз также предпринял шаги, предложив государствам-членам разработать собственные стратегии разумного использования антибактериальных средств. Позднее, в 2015 году, Всемирная ассамблея здравоохранения одобрила Глобальный план действий по устойчивости к противомикробным препаратам. В рамках этого плана ВОЗ инициировала создание системы эпи-

демиологического надзора за устойчивостью микроорганизмов к противомикробным препаратам [21].

В последние годы наблюдается активизация международных усилий в борьбе с АР, выражающаяся в разработке программ и стратегий, создании ассоциаций и принятии деклараций. Среди наиболее значимых инициатив следует отметить «Всемирную декларацию по борьбе с устойчивостью к антибиотикам» и «Программу 10х20», нацеленную на создание десяти новых антибиотиков. Также сформирована коалиция из 40 биофармацевтических фирм, сосредоточенных на поиске и разработке новых антимикробных средств [22].

Одним из ключевых методов изучения АР является непрерывный мониторинг. Большинство государств Евросоюза внедрили национальные и международные системы отслеживания устойчивости к антибиотикам. В европейском регионе при поддержке ВОЗ действует организация European Antimicrobial Resistance Surveillance System (EARSS), задача которой – совершенствование национальных систем надзора за АР в странах ЕС. Данные, полученные в лабораториях стран-участниц, консолидируются в единую общеевропейскую базу данных об АР.

В России мониторинг АР с 2000 года осуществляет научно-методический центр, функционирующий на базе НИИ антимикробной химиотерапии ГБОУ ВПО СГМА Минздрава России. Центр регулярно предоставляет в ВОЗ информацию о состоянии АР в РФ, основанную на результатах многоцентровых исследований, а также данные об использовании антибиотиков. Активное участие в этой работе принимает ассоциация МАКМАХ (Межрегиональная ассоциация по клинической микробиологии и антимикробной химиотерапии), реализующая совместно с компанией AstraZeneca ряд проектов, таких как ЦЕРБЕРУС – многоцентровое исследование устойчивости к антибиотикам грамотрицательных и грамположительных клинических штаммов бактерий в России, и ПеГАС – первое в России многоцентровое исследование резистентности основных возбудителей респираторных инфекций, таких как пневмококки, гемофильная палочка и β -гемолитические стрептококки группы А. В исследованиях принимают участие 30 различных центров в России. Создана «Карта АБР России» – AMRmap (map.antibiotic.ru). Карта позволяет сократить время между проведённым исследованием и предоставлением результатов. В стране с 2011 г. активно реализуется программа СКАТ (Стратегия контроля антимикробной терапии), целями которой являются оптимизация применения антимикробных препаратов в стационарах и сдерживание роста антибиотикорезистентности [23].

Глобальная интерактивная карта ResistanceOpen, разработанная системой HealthMap, является ценным источником данных о резистентности к антибиотикам. Она не только информирует о мировых вспышках заболеваний и их возбудителях, но и предоставляет сведения об устойчивости к антимикробным препаратам, причем все эти данные доступны для широкого пользования. В

Европе для аналогичных целей функционирует EARS-Net (Европейская сеть по надзору за устойчивостью к антимикробным средствам), которая отслеживает изменения в распространении заболеваний и чувствительность возбудителей к различным препаратам [24].

Одним из показателей результативности решения проблемы АР является формирование глобальных партнерств и соглашений между странами. Эффективная стратегия по контролю и мониторингу АР требует комплексного подхода, активного участия большого числа стран и сокращения числа внутрибольничных инфекций. На сегодняшний день инициативы по ограничению распространения устойчивости к антимикробным препаратам осуществляются в странах Северной и Южной Америки, ЕС, Восточной Европе, Азии, Африке и Западно-Тихоокеанском регионе. Лидирующую роль в проведении научных исследований и контрольных мероприятий в данной области занимает Россия, в то время как в Киргизии и Казахстане реализовано ограниченное количество мер. ESAC-Net (Европейская сеть по надзору за потреблением антимикробных препаратов) разработала методики количественной оценки и качественного анализа моделей применения антибиотиков. Более того, ESAC-Net обеспечивает органы государственной власти и Европейскую комиссию достоверными данными о рациональности использования антибактериальных средств в Европе.

В контексте сегодняшних вызовов в сфере охраны здоровья, борьба с устойчивостью бактерий к антибиотикам становится одной из ключевых задач. Решение этой проблемы видится в нескольких направлениях. Во-первых, это интеграция в клиническую практику инновационных природных антибиотических препаратов с высокой эффективностью. Во-вторых, перспективным путем является химическая трансформация уже известных антибиотиков, что позволит улучшить их свойства и преодолеть резистентность. В-третьих, разработка ксенобиотиков, веществ, чуждых биологическим системам, что может стать альтернативным подходом. Кроме того, важным аспектом является создание целенаправленных систем доставки лекарств, которые обеспечат адресное воздействие на бактерии. Наконец, разработка принципиально новых классов антимикробных средств также представляется необходимым шагом в борьбе с антибиотикорезистентностью.

В Российской Федерации принята стратегия предупреждения распространения антимикробной резистентности на период до 2030 года [25], в которой отмечено, что особая роль в борьбе с устойчивостью микроорганизмов принадлежит вакцинопрофилактике, которая обеспечивает формирование специфического иммунитета, что приводит к снижению потребности в применении противомикробных препаратов.

Иммунизация может ограничить развитие устойчивости к антибиотикам, сокращая общее количество инфекций. Это достигается за счет прямого и косвенного (коллективного) воздействия, уменьшения разнообразия циркули-

рующих резистентных вариантов и выраженного влияния конъюгированных вакцин. При этом следует учитывать побочное действие, которое оказывают противовирусные прививки [26].

В последние годы идёт активная разработка новых антибиотиков, которые будут воздействовать на базовые внутриклеточные структуры бактерий, оказывающие повреждающее действие на макроорганизм.

Создание принципиально новых средств требует, несомненно, большого внимания. Согласно информации, предоставленной Европейским агентством по лекарственным средствам, из 66 вновь разработанных действующих веществ с антибактериальным эффектом, только 27 показали потенциально новый механизм воздействия или взаимодействовали с до этого неизвестной мишенью. И лишь 15 из них были потенциально пригодны для системного использования [27].

Следует отметить, что создание новых антимикробных препаратов – не единственный способ противодействия инфекционным болезням. Изучение математической модели, сравнивающей темпы разработки новых антибиотиков со скоростью их обесценивания в результате развития устойчивости у микроорганизмов, выявило, что в долгосрочной перспективе замедление эволюционного процесса у бактерий оказывается более действенным подходом, чем непрерывное создание новых антибиотиков. Вероятно, создание подобных методик станет приоритетным вектором развития антимикробной терапии в будущем.

Синергетический эффект достигается при совместном применении антибиотиков и алкилрезорцинов – природных молекул, обладающих защитными свойствами. Алкилрезорцины, проникая внутрь бактериальных клеток, нарушают целостность их мембран, денатурируют белки и повреждают геном, тем самым повышая восприимчивость бактерий к антибиотикам. Эта комбинация, известная как «суперпуля», демонстрирует тысячекратное увеличение эффективности по сравнению с монотерапией антибиотиками и тридцатикратное замедление развития резистентности [28].

На фоне глобального увеличения числа бактериальных штаммов, обладающих резистентностью ко многим антимикробным препаратам, возрастает актуальность поиска альтернативных методов профилактики и терапии инфекционных и воспалительных процессов. В этой связи активно изучаются антибактериальные свойства ионов и наночастиц различных металлов и полупроводниковых материалов [29, 30]. Эти элементы интегрируются в состав покрытий для катетеров, хирургических перевязочных материалов, антисептической одежды, а также ортопедических имплантатов. Обсуждаются возможности более широкого применения металлических наночастиц в медицинской практике.

В последние годы вновь возрос интерес к бактериофагам и лизатам бактерий как потенциальным антимикробным агентам [31]. Их применение

в качестве средств борьбы с бактериями началось вскоре после их открытия, в 20-х годах прошлого века. К преимуществам фаготерапии относят высокую избирательность воздействия, отсутствие негативного влияния на нормальную микрофлору, бактерицидный эффект, в том числе в отношении биопленок, способность бактериофагов к самовоспроизведению в области инфекции, обеспечивая «автоматическую» дозировку. Кроме того, отмечается отсутствие токсичности и тератогенности, безопасность применения в период беременности, хорошая переносимость и высокий химиотерапевтический индекс. Использование бактериофагов можно рассматривать как высокоточную антибактериальную терапию. Исторически антибактериальные вирусы были единственными средствами, способными подавлять рост бактерий. Бактериофаги обладают значительным потенциалом в качестве альтернативы химиотерапевтическим антибактериальным препаратам. В отличие от антибиотиков, они характеризуются строгой избирательностью действия, не нарушают баланс микрофлоры, а также стимулируют факторы специфического и неспецифического иммунитета, что особенно важно при лечении хронических воспалительных заболеваний и бактерионосительства. Однако для масштабного использования этих средств требуется урегулировать вопрос оперативного появления резистентных к фагам вариантов бактерий в популяции.

Сегодня как никогда важна солидарная ответственность врачей, фармацевтов-провизоров и пациентов за применение антибактериальных препаратов, учитывая глобальный масштаб проблемы. В каждой стране необходимо наличие государственного органа или скоординированного механизма для отслеживания устойчивости к антимикробным препаратам. Этот орган должен обеспечивать функционирование систем мониторинга использования антибиотиков, разработку национальных протоколов по их разумному применению, а также создание национальных нормативных актов, контролирующих их исполнение.

Согласно официальным медицинским данным, инфекционные заболевания, такие как пневмония и кишечные инфекции, остаются в числе десяти основных причин общей и младенческой смертности во многих странах Африки и Азии [32]. Это обуславливает повышенный спрос на антибиотики в данных регионах. Однако нехватка квалификации в области антибиотикотерапии приводит к их необоснованному назначению и применению, что, в свою очередь, способствует росту антибактериальной устойчивости. Проблема антибиотикорезистентности также является серьезной проблемой в экономически развитых странах, включая Европу, США и Китай. Антибиотики доступны и применяются повсеместно: в учреждениях первичной медико-санитарной помощи, стоматологических клиниках, больницах, ветеринарных учреждениях и на фермах [33, 34].

Одна из ключевых стратегий в борьбе с антибиотикорезистентностью – ограничение использования антибиотиков в животноводстве. В частности, за-

преращение добавления в корм животных препаратов, применяемых в медицине, а также использование антибиотиков для стимуляции роста. Это особенно важно, учитывая, что значительная доля (около 75%) производимых в мире антибиотиков используется именно в животноводстве. Параллельно с этим, ведется активная работа по ограничению бесконтрольного применения антибиотиков в медицине: предотвращение самолечения, борьба с необоснованным назначением при вирусных и грибковых заболеваниях и запрет на продажу без рецепта. Врачи отдают предпочтение антибиотикам узкого спектра действия, направленным на конкретные виды бактерий, и стараются проводить тесты на чувствительность перед назначением терапии [35-37].

В период после принятия в 2001 году Глобальной стратегии ВОЗ по мониторингу и сдерживанию устойчивости к противомикробным препаратам, были предприняты значительные усилия для организации качественного глобального надзора. Успех современных систем мониторинга устойчивости к антибиотикам обусловлен прогрессом в сфере информационных технологий и поддержкой национальных систем здравоохранения. Особенно значительные успехи достигнуты в Европе и Северной Америке. Благодаря развитой системе здравоохранения в передовых странах и участию ВОЗ в программах контроля устойчивости к антибиотикам в развивающихся странах стало возможным за 10-15 лет добиться заметного сокращения частоты заболеваний, вызванных бактериями с множественной лекарственной устойчивостью, ограничить нерациональное использование антибиотиков врачами, повысить осведомленность населения о рисках самолечения антимикробными препаратами, а также предоставить многим странам методологии для мониторинга и контроля устойчивости к антибиотикам [38, 39].

Для решения вопросов борьбы с устойчивостью к антибиотикам необходимо, в частности, разработать и внедрить стандартизированные протоколы мониторинга, организовать сбор больших данных из различных регионов, расширить лабораторные возможности, улучшить управление данными и возможности для создания сетей.

В нашей стране в рамках «Стратегии предупреждения распространения антимикробной устойчивости в Российской Федерации на период до 2030 года» (распоряжением Правительства РФ от 29 сентября 2020 года № 2477) определены основные направления и меры по борьбе с проблемой АР [40]:

- 1) информирование населения по вопросам применения противомикробных препаратов и проблемам антимикробной резистентности
 - просвещение населения по проблемам антимикробной резистентности, включая вопросы рационального применения противомикробных препаратов, их адекватной замены, а также недопустимости самолечения;
 - пропаганда иммунопрофилактики, здорового образа жизни и личной гигиены; информирование граждан о необходимости сохранения или восстановления нормальной микробиоты своего организма;

- мотивирование правильного и осведомленного поведения пациента при обращении в медицинскую организацию.

2) повышение уровня подготовки специалистов в соответствующих отраслях по вопросам, связанным с антимикробной резистентностью

- разработка, внедрение и совершенствование образовательных программ высшего образования и дополнительных профессиональных программ, в том числе непрерывного медицинского и фармацевтического образования, для специалистов различных профилей по вопросам антимикробной резистентности, совершенствование образовательных программ по медицинской микробиологии, эпидемиологии, фармакоэкономике, а также осуществление мер по сдерживанию распространения антимикробной резистентности;

- совершенствование профессиональных стандартов и квалификационных требований к специалистам, ответственным за назначение, применение и использование противомикробных препаратов, химических и биологических средств;

- формирование профессиональной этики поведения специалистов, ответственных за назначение, применение и использование противомикробных препаратов, химических и биологических средств, касающейся в том числе продвижения противомикробных препаратов, химических и биологических средств со стороны их производителей.

3) совершенствование мер по предупреждению и ограничению распространения и циркуляции возбудителей с антимикробной резистентностью

- внедрение современных методов профилактики, диагностики и лечения инфекционных заболеваний, препятствующих формированию и распространению антимикробной резистентности, включающих проведение этиологической диагностики и определение устойчивости возбудителей инфекционных заболеваний к противомикробным препаратам, оптимизацию схем лечения, обеспечивающих снижение риска развития резистентности патогенных микроорганизмов к противомикробным препаратам;

- внедрение новых эффективных методов определения профиля лекарственной устойчивости возбудителей инфекционных болезней;

- совершенствование учета и регистрации случаев инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи, контроля качества дезинфекционных средств и средств защиты растений;

- проведение санитарно-противоэпидемических, противоэпизоотических мероприятий, в том числе производственного контроля, а также осуществление санитарно-эпидемиологического и ветеринарного надзора;

- разработка и внедрение методов диагностики состояния микробиоты, методов ее сохранения или восстановления нарушенных природных микробиоценозов человека, сельскохозяйственных животных и растений, а также создание и производство продуктов питания, нормализующих микробиоту (пробиотиков, пребиотиков, синбиотиков, метабиотиков);

4) обеспечение системного мониторинга распространения АР

- развитие инфраструктуры микробиологических лабораторий медицинских и ветеринарных организаций;
- внедрение новых эффективных методов диагностики профиля лекарственной устойчивости возбудителей инфекционных болезней;
- мониторинг распространения антимикробной резистентности, основанный на данных лабораторной диагностики, в качестве одного из основных направлений мониторинга биологических и химических угроз в Российской Федерации;
- осуществление контроля остаточных количеств антибиотиков в пищевой продукции и продовольственном сырье животного происхождения;
- создание и развитие единой (межведомственной) базы данных о распространении антимикробной резистентности и включение ее в структуру баз данных формируемой государственной информационной системы обеспечения химической и биологической безопасности.

5) изучение механизмов возникновения антимикробной резистентности и разработка противомикробных препаратов и альтернативных методов, технологий и средств профилактики, диагностики и лечения инфекционных заболеваний человека, животных и растений

- проведение фундаментальных и прикладных научных исследований в области микробной экологии человека, животных и растений;
- определение механизмов формирования и распространения антимикробной резистентности;
- формирование в рамках ведения государственных коллекций патогенных микроорганизмов панелей штаммов микроорганизмов, обладающих резистентностью к противомикробным препаратам, химическим и биологическим средствам, а также стандартизация и объединение баз данных геномов таких микроорганизмов;
- разработка и внедрение противомикробных препаратов, в том числе антибиотиков; разработка и внедрение биологических лекарственных препаратов, в том числе препаратов на основе бактериофагов, иммунобиологических препаратов, иммуномодуляторов, пробиотиков, препаратов на основе противомикробных пептидов животного, растительного и микробного происхождения;
- разработка регламентов применения бактериофагов в различных областях здравоохранения, ветеринарии и растениеводстве, усовершенствование методов профилактики и лечения инфекционных заболеваний с помощью бактериофагов путем поэтапного введения препаратов бактериофагов в отраслевые стандарты в качестве противомикробных средств;
- разработка технологий и лекарственных средств, препятствующих формированию патогенными микроорганизмами биопленок, токсинов и других агрессивных соединений, элиминирующих гены резистентности к лекарствен-

ным препаратам, препятствующих переносу этих генов к чувствительным микроорганизмам или снижающих экспрессию генов, а также иных препаратов, способствующих снижению инфекционности патогенных микроорганизмов;

- разработка дезинфекционных средств, не содержащих компоненты, способствующие формированию резистентности микроорганизмов к химическим и биологическим средствам;

- разработка новых (быстрых) методов контроля содержания антибиотиков в пищевой продукции и продовольственном сырье животного происхождения;

- разработка способов диагностики на основе технологий секвенирования следующего поколения и технологий микрочипов для идентификации генов резистентности микроорганизмов к противомикробным препаратам в клиническом материале, пищевой продукции и продовольственном сырье животного происхождения;

б) совершенствование мер по осуществлению контроля за оборотом противомикробных препаратов, химических и биологических средств

- введение ограничений, исключающих бесконтрольное применение противомикробных препаратов, химических и биологических средств, в том числе: совершенствование контроля за рецептурным отпусканием противомикробных препаратов для медицинского и ветеринарного применения;

- принятие мер по обеспечению рационального назначения и применения противомикробных препаратов в здравоохранении и ветеринарии;

- принятие мер по недопущению нецелевого применения противомикробных препаратов в профилактических и иных целях; повышение требований к дистанционной торговле противомикробными препаратами и пестицидами;

- запрет рекламы противомикробных препаратов;

- учет производства и потребления противомикробных препаратов, их перемещения через государственную границу Российской Федерации, отслеживание их оборота, движения и распределения путем ведения учета в электронной форме с участием производителей, импортеров, организаций оптовой и розничной торговли, медицинских и ветеринарных организаций, индивидуальных предпринимателей и юридических лиц, осуществляющих деятельность по выращиванию, разведению и содержанию животных, по производству кормов и кормовых добавок для животных;

- введение производственного контроля за применением противомикробных препаратов, химических и биологических средств в медицинских и ветеринарных организациях, а также индивидуальными предпринимателями и юридическими лицами, осуществляющими деятельность по выращиванию, разведению и содержанию сельскохозяйственных животных, в том числе аквакультуры, растений, а также по производству пищевых продуктов животного и растительного происхождения;

- предотвращение контрабандного ввоза и незаконного использования фармацевтических субстанций противомикробных препаратов и действующих веществ пестицидов в сельском хозяйстве.

7) обеспечение межведомственного взаимодействия и развитие международного сотрудничества в области предупреждения и ограничения распространения антимикробной резистентности

- развитие методического, материально-технического обеспечения и кадрового потенциала медицинских и ветеринарных организаций, индивидуальных предпринимателей и юридических лиц, осуществляющих деятельность по разведению, выращиванию и содержанию животных, фитосанитарных организаций, использующих противомикробные препараты, химические и биологические средства;

- мониторинг распространения антимикробной резистентности в качестве одного из основных направлений мониторинга биологических и химических угроз в Российской Федерации, направленный на участие микробиологических и токсикологических лабораторий организаций (на региональном уровне), референс-центров по отдельным видам медицинской, ветеринарной, фитосанитарной и иной деятельности, а также методического верификационного центра по вопросам антимикробной резистентности (на уровне федеральных органов исполнительной власти);

- согласование действий разных ведомств при создании и развитии единой базы данных по распространению антибиотикорезистентности. Разработка и внедрение, на основе данных мониторинга распространения антибиотикорезистентности, совместного плана действий для заинтересованных ведомств, направленного на сдерживание распространения антибиотикорезистентности в России, с применением проектно-целевого подхода;

- поддержка существующих и развитие перспективных направлений и проектов международного сотрудничества в рамках Союзного государства, Евразийского экономического союза, стран БРИКС, Содружества Независимых Государств, Шанхайской организации сотрудничества, Организации Объединенных Наций по вопросам предупреждения распространения антимикробной резистентности в мире.

Таким образом, осознание масштабов угрозы, связанной с ростом устойчивости микроорганизмов к противомикробным препаратам, а также разработка и внедрение комплексных мер по её сдерживанию приобретают глобальное значение. В условиях современного мира, характеризующегося свободным перемещением людей и стиранием границ между странами, АР перестала быть проблемой отдельных государств или индивидуальных пациентов – она стала вызовом для всего человечества. Широкое применение на практике рекомендаций ВОЗ способствует значительному снижению распространения устойчивых штаммов микроорганизмов, которые сегодня представляют одну из ключевых угроз как здоровью населения, так и устойчивому развитию

общества. В этой связи система здравоохранения нашей страны сталкивается с необходимостью формирования надёжного контроля за назначением антибиотиков, создания сети мониторинга АР, а также систематического сбора и анализа данных об антибиотикограммах и клинических последствиях резистентности. Для эффективной борьбы с устойчивостью бактерий к антибиотикам требуется комплексный, межведомственный подход и активная координация усилий на национальном уровне.

Проблема антибиотикорезистентности представляет собой один из самых острых вызовов для современной медицины и общественного здравоохранения. Старые, казалось бы, хорошо изученные инфекции – такие как туберкулёз, сальмонеллёз, гонорея, стафилококковые и стрептококковые инфекции – вновь становятся угрозой из-за стремительного роста устойчивости патогенов к традиционным антибиотикам. Этот феномен обусловлен как естественной эволюцией микроорганизмов, так и антропогенными факторами: неоправданным и неконтролируемым использованием антибиотиков в медицине, ветеринарии и сельском хозяйстве.

Антибиотикорезистентность ставит под угрозу достижения XX века в борьбе с инфекционными болезнями, делая рутинные медицинские вмешательства от хирургических операций до химиотерапии – потенциально смертельно опасными. Бездействие в этой сфере чревато возвращением в «донаучную эпоху», когда любая инфекция могла стать приговором.

Решение проблемы требует комплексного, междисциплинарного и глобального подхода: усиления систем мониторинга, рационального использования антибиотиков, активного внедрения программ микробиологического мониторинга, инвестиций в разработку новых антимикробных препаратов и альтернативных стратегий (например, фаготерапии, иммунотерапии), а также просветительской работы с населением и медицинским сообществом.

Борьба с антибиотикорезистентностью – это не только медицинская, но и этическая, экономическая и экологическая задача. Только совместными усилиями на национальном и международном уровнях можно сохранить эффективность существующих антибиотиков и обеспечить безопасность будущих поколений.

Список литературы

1. Козлов Р.С. Антимикробные препараты и резистентность микроорганизмов: две стороны медали. Ведомости научного центра экспертизы средств медицинского применения. 2007; 3: 30–32. [Электронный ресурс]. – Режим доступа: 28b0ef16b15d66cdab10c4468f274b1.pdf
2. Bocharova Y., Savinova T., Lasareva A., Polikarpova S., Gordinskaya N., Mayanskiy N. et al. Genotypes, carba-penemase carriage, integron diversity and oprD alterations among carbapenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa* from Russia. *Int J Antimicrob Agents*. 2020; 55(4):105899. DOI: 10.1016 / j. ijantimicag.2020.105899.

3. Хасаева Е.И., Деулина Л.Е. Побочные действия лекарственных средств. Научно-образовательный журнал для студентов и преподавателей «StudNet». 2022; 5: 3247–3255. <https://cyberleninka.ru/article/n/pobochnye-deystviya-lekarstvennyh-sredstv/viewer>
4. Кулмагамбетов И.Р., Сарсенбаева С.С., Рамазанова Ш.Х., Есимова Н.К. Современные подходы к контролю и сдерживанию антибиотикорезистентности в мире. Международный журнал прикладных и фундаментальных исследований. 2015; 9(1): 54–59. URL: <https://applied-research.ru/ru/article/view?id=7438>
5. URL: <https://applied-research.ru/ru/article/view?id=7438> (дата обращения: 26.07.2025). Sader H.S., Jones R.N. Antimicrobial susceptibility of Gram-positive bacteria isolated from US medical centers: results of the Daptomycin Surveillance Program (2007–2008). Diagn. Microbiol. Infect. Dis. – 2009; 65(2):158-162.
6. Caini S., Hajdu A., Kurcz A., Böröcz K. Hospital-acquired infections due to multidrug-resistant organisms in Hungary, 2005–2010 [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.eurosurveillance.org/images/dynamic/EE/V18N02/art20352.pdf>.
7. Kallen A.J., Mu Y., Bulens S., et al. Health care-associated invasive MRSA infections, 2005–2008. JAMA. 2010; 304(6): 641–648. DOI: 10.1001/jama.2010.1115.
8. Миронов А.Ю., Савицкая К.И., Воробьев А.А. Условно-патогенные микроорганизмы в патогенезе заболеваний мочеполовых путей у больных региона Московской области. Организация здравоохранения, социальная гигиена и история медицины. 2000; 25-32.
9. Jong G.M., Hsiue T.R., Chen C.R., Chang H.Y., Chen C.W. 1995. Rapidly fatal outcome of bacteremic *Klebsiella pneumoniae pneumonia* in alcoholics. Chest 107: 214–217. DOI:10.1378/chest.107.1.214.
10. Ярец Ю.И. Патогенный потенциал бактерий группы ESKAPE, выделенных из ран: характеристика фено-и генотипических маркеров и возможность их практического применения. Journal of the Grodno State Medical University. 2022; 20(4): 400–413. DOI:10.25298/2221-8785-2022-20-4-400-413.
11. Nishida S., Ono Y. Genomic analysis of a pan-resistant *Klebsiella pneumoniae* sequence type 11 identified in Japan in 2016. Int J Antimicrob Agents. 2018; 9(2). DOI: 10.1128/mBio.00440-18
12. Tchesnocova V.L., Rechkina E., Chan D., Haile H.G., Larson L., Ferrier K. et al. Pandemic uropathogenic fluoroquinolone-resistant *Escherichia coli* has enhanced ability to persist in the gut and cause bacteriuria in healthy women. Clin Infect Dis. 2020; 70(5): 937–939. DOI: 10.1093/cid/ciz547.
13. Даниленко В.Н., Зайчикова М.В., Дьяков И.Н., Шур К.В., Маслов Д.А. *Mycobacterium tuberculosis*: Проблемы лекарственной устойчивости, вирулентности и подходы к их решению. Вестник РГМУ. 2018; 3: 5-11.
14. Киреев Д.Е., Кириченко А.А., Лопатухин А.Э., Шлыкова А.Э. и др. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунологии. 2023; 100(2): 219–227. DOI: <https://doi.org/10.36233/0372-9311-345>
15. Ожмегова Е.Н., Бобкова М.Р. Лекарственная устойчивость ВИЧ: прежние и современные тенденции. Вопросы вирусологии. 2022; 67 (3): 193-205. <https://doi.org/10.36233/0507-4088-113>
16. Казаков А.С., Букатина Т.М., Вельц Н.Ю., Дармостукова М.А. Журавлева Е.О. Малярия и проблемы безопасности противомаларийных препаратов. Безопасность и риск фармакотерапии. 2017; 3: 112–115. <https://cyberleninka.ru/article/n/malyariya-i-problemy-bezopasnosti-protivomalyariynyh-preparatov/viewer>
17. Иванов А.А., Куличенко Т.В. *Candida auris*: проблемы диагностики и лечения. Вопросы современной педиатрии. 2020; 19(1): 20–25. <https://doi.org/10.15690/vsp.v19i1.2081>

18. Резолюция Всемирной ассамблеи здравоохранения (WHA37.33.) о рациональном использовании лекарственных средств // Всемирная организация здравоохранения, Женева, 1984. – URL: http://whqlibdoc.who.int/wha_eb_.
19. Резолюция Всемирной ассамблеи здравоохранения (WHA51.17): Возникающие и другие инфекционные болезни: резистентность к противомикробным препаратам // Всемирная организация здравоохранения. Женева, 1998. URL: http://apps.who.int/gb/archive/pdf_files/WHA51.
20. Глобальная стратегия ВОЗ по сдерживанию устойчивости к антимикробным средствам // Всемирная организация здравоохранения. – Женева, 2001. URL: <http://whqlibdoc.who.int/hq/2001/WHO>.
21. Резолюция Всемирной ассамблеи здравоохранения (WHA54.11): Стратегия ВОЗ в области лекарственных средств // Всемирная организация здравоохранения. – Женева, 2001. URL: http://apps.who.int/gb/archive/pdf_files/WHA54/ra54r11.
22. Всемирная Организация Здравоохранения. Глобальный план действий по борьбе с устойчивостью к противомикробным препаратам. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/254884>.
23. Костинов М.П., Елагина Т.Н., Филатов Н.Н., Костинова А.М. Ожидаемые эпидемиологический и клинический эффекты вакцинации против пневмококковой инфекции в России. Инфекционные болезни. 2018; 7(2): 107–114. doi: 10.24411/2305-3496-2018-12013
24. Козлов Р.С., Сивая О.В., Кречикова О.И., Иванчик Н.В. Динамика резистентности *Streptococcus pneumoniae* к антибиотикам в России за период 1999–2009 гг. (Результаты многоцентрового перспективного исследования ПеГАС). Клиническая микробиология и антимикробная химиотерапия. 2010; 12(4): 329–341. <https://cyberleninka.ru/article/n/dinamika-rezistentnosti-streptococcus-pneumoniae-k-antibiotikam-v-rossii-za-period-1999-2009-gg-rezultaty-mnogotsentrovogo/viewer>
25. Стратегия предупреждения распространения антимикробной устойчивости в Российской Федерации на период до 2030 года распоряжением Правительства РФ от 25 сентября 2017 г. № 2045-р. <http://publication.pravo.gov.ru>
26. McLaughlin M., Advincula M.R., Malczynski M., et al. Correlations of Antibiotic use and carbapenem resistance in Enterobacteriaceae. Anti-microb. Agents Chemother. 2013; 57(10): 5131–5133. БМЭ: Антибиотикорезистентность 16 октября 2011 года. DOI: 10.1128/AAC.00607-13
27. He Center for Disease Dynamics, Economics & Policy (CDDEP). Resistance Map. <https://resistancemap.cddep.org/>.
28. Гребенкина П.В., Юхина В.А., Гулина А.М., и др. Современные способы преодоления антибиотикорезистентности и перспективы использования NK- клеток как агентов антибактериальной терапии. Медицинская иммунология. <https://doi.org/10.15789/1563-0625-MWT-2945>
29. S. Alghamdi, The role of vaccines in combating antimicrobial resistance (AMR) bacteria, Saudi Journal of Biological Sciences. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2021.08.054>
30. Решетько О.В., Якимова. Инновационные антибиотики для системного применения. Клиническая микробиология, химиотерапия. 2015; 17(14): 273–285. <https://cyberleninka.ru/article/n/innovatsionnye-antibiotiki-dlya-sistemnogo-primeneniya/viewer>
31. Пинто Т.К. Банержи А., Назаров П.А. Производные трифенилфосфония как альтернатива обычным антибиотикам. Вестник РГМУ. 2018; 1:16–20. DOI: 10.24075/pf.v14i5.1782
32. Намазова-Баранова Л.С., Баранов А.А. Антибиотикорезистентность в современном мире. Pediatric pharmacology. 2017; 14 (5): 341–354. DOI: 10.15690/vrgmu2018/003
33. Зырянов С.К., Бутранова О.И. Современные подходы к выбору антибиотика для терапии внебольничной пневмонии у различных категорий пациентов (Обзор). Качественная клиническая практика. 2019; 1: 89–105. DOI: 10.24411/25880519-2019-10067

34. Семёнов В.М., Дмитраченко Т.И., Жильцов И.В. Микробиологические и биологические аспекты резистентности к антимикробным препаратам. Медицинские новости. 2004; 2: 23–29. <https://cyberleninka.ru/article/n/rezistentnost-k-antimikrobnym-preparatam-osnovnyh-bakterialnyh-vozbuditeley-nozokomialnyh-infektsiy-vzglyad-v-budushee/viewer>

35. Яколев С.А. Инфекционные заболевания как глобальная проблема современности. Территория науки. 2017; 1: 20–23. <https://cyberleninka.ru/article/n/infektsionnye-zabolevaniya-kak-globalnaya-problema-sovremennosti/viewer>

36. Калиниченко С.В. Микробиоцинозы носоглотки при хронических инфекциях стафилококкового генеза и их биорегуляция. Медицинский вестник Северного Кавказа. 2021; 16(3): 298–302. <https://cyberleninka.ru/article/n/mikrobiotsenozy-nosoglotki-pri-hronicheskikh-infektsiyah-stafilokokkovogo-geneza-i-ih-bioregulyatsiya/viewer>

37. World Health Organization (WHO). Global priority list of antibiotic-resistant bacteria to guide research, discovery, and development of new antibiotics [Электронный ресурс].

38. Козлов Р.С., Голуб А.В. Стратегия использования антимикробных препаратов как попытка ренессанса антибиотиков. Антимикробные препараты. 2011; 13(4): 322–334. <https://cyberleninka.ru/article/n/strategiya-ispolzovaniya-antimikrobnym-preparatov-kak-popytka-renessansa-antibiotikov/viewer>

39. Кулмагамбетов И.Р., Сарсенбаева С.С., Нурманбетова Ф.Н. Эффективность программ борьбы с антибиотикорезистентностью. Фундаментальные исследования. 2014; 10: 1742–17. <https://cyberleninka.ru/article/n/strategiya-ispolzovaniya-antimikrobnym-preparatov-kak-popytka-renessansa-antibiotikov/viewer>

40. Габриэлян Н.И., Шарапченко С.О., Кисиль О.В. Проблема глобального развития антибиотикоустойчивости возбудителей нозокомиальных инфекций. Терапевтический архив. 2020; 6: 110–117. DOI: 10.26442/00403660.2020.11.000783

4.3. Сочетанные инфекции

4.3.1. Основные вопросы сочетанности инфекций

Первое упоминание о сочетанных инфекциях датируется 1865 годом, когда Л. Пастер обнаружил, что заразная болезнь шелковичных червей обусловлена двумя разными микроорганизмами [95]. Во второй половине XIX века были впервые описаны случаи вторичных и сочетанных инфекций у людей. Однако в статьях была представлена только информация о клинических случаях заболеваний и не раскрыта эпидемиологическая составляющая инфекционного процесса [10].

Во второй половине XX века с развитием микробиологии и клинической практики число публикаций по проблеме сочетанных инфекций увеличилось. В разных работах использовались различные термины для описания данной патологии: смешанные, ассоциированные, полиэтиологические, коморбидные инфекции, микст-инфекции, коинфекции, суперинфекции [53, 89].

Объемные исследования вопросов сочетанных инфекций были изложены, в частности, в монографии Пискаревой Н.А., посвященной клинике и лабораторной диагностике «смешанных» вирусных инфекций [72], и монографии Ляшенко Ю.Н., Иванова А.Н. [53], содержащей описание сочетанных инфек-

ций, в том числе вирусных гепатитов, брюшного тифа, паратифов А и В, острых кишечных диарейных заболеваний, ангины, дифтерии и малярии [53].

В монографии Нечаева В.В. рассмотрены вопросы эпидемиологии, клиники, диагностики, лечения сочетанных форм туберкулёза, ВИЧ-инфекции и вирусных гепатитов [66], в научном труде Шкарина В.В. описаны эпидемиологические особенности различных сочетанных инфекций [95].

Несмотря на повышенный интерес к проблеме сочетанности инфекционных болезней, в настоящее время отсутствует комплексный научный подход к изучению данной инфекционной патологии. В России не ведется регистрация и учет случаев сочетанных инфекций за исключением ВИЧ-инфекции/туберкулёза [65, 98].

О многообразии сочетанных инфекций можно судить по публикациям. Наиболее подробно изучены вопросы сочетанности социально значимых заболеваний, таких как туберкулёз, ВИЧ-инфекция, вирусные гепатиты, а также энтеровирусных, острых респираторных, природно-очаговых инфекций, паразитозов [95].

В связи с отсутствием статистических данных затруднение вызывает структуризация сочетанных инфекций по числу возбудителей, их видам, экологии. Наибольший удельный вес в структуре сочетанных инфекций приходится на заболевания, вызванные двумя возбудителями [95], также описываются случаи, вызванные четырьмя и более инфекционными агентами [98].

Этиологическими агентами сочетанных инфекций могут быть как клеточные (бактерии, грибы, простейшие), так и неклеточные (вирусы) формы микроорганизмов, а также гельминты. Наиболее частым сочетанием микроорганизмов-ассоциантов являются: бактерия + вирус; бактерия + бактерия; вирус + вирус [95].

Клиническая картина при сочетанных инфекциях может отличаться от моноинфекции, вызванной данными микроорганизмами, в том числе может наблюдаться:

- доминирование проявлений одной инфекции над другой (другими);
- наличие симптомов всех инфекций с усилением их и формированием тяжелой клинической картины;
- наличие симптомов всех инфекций, протекающих независимо и не влияющих на картину каждого заболевания;
- отягощенное влияние одной инфекции на другую, что может затруднять диагностику и выявление сочетанного инфекционного процесса, особенно для инфекций, возбудители которых поражают одни и те же органы;
- искажение клинической картины, в том числе проявление симптомов, не свойственных для каждой инфекции по отдельности [95].

Особый интерес вызывает патогенез и взаимоотношения возбудителей при сочетанных инфекциях. Изучение этого вопроса затруднено в связи с наличием нескольких одновременно протекающих инфекционных процессов. При

сочетанных инфекциях организм человека и возбудители инфекций формируют сложную паразитарную систему, в которой патогенные микроорганизмы взаимодействуют между собой и с макроорганизмом [97].

При анализе патогенеза смешанных инфекций учитывают: входные ворота инфекционных агентов, пути инфицирования, последовательность и сроки инфицирования разными возбудителями (особенно в случае независимого инфицирования), длительность инкубационного периода, тропность органов, взаимодействие возбудителей инфекционных болезней с макроорганизмом и между собой, изменчивость возбудителей, реакции макроорганизма на микст-инфицирование [87, 97].

При общности механизмов заражения зачастую возникает одновременное инфицирование несколькими патогенами. Примерами таких заболеваний является боррелиозно-риккетсиозная, боррелиозно-вирусная смешанная инфекция, сочетанная респираторная, кишечная инфекция [43, 67, 72].

Также может развиваться суперинфекция в результате присоединения инфекционного агента к первичному процессу. Вторичное инфицирование в данном случае может происходить вследствие повышения восприимчивости ко второму патогену. Кишечные вирусы повышают чувствительность к патогенным микроорганизмам с фекально-оральным механизмом заражения: сальмонеллам, шигеллам [67]. Тяжелому течению сочетанной инфекции может способствовать совпадение сроков вторичного инфицирования с фазой угнетения защитных реакций макроорганизма после иммунного ответа на первичный инфекционный процесс. Также может наблюдаться отягощение течения первичного заболевания в связи с повышением инфекционной нагрузки на организм, взаимодействия между микроорганизмами. В отдельных случаях присоединившаяся инфекция может протекать легче. Механизм данного явления основывается на консолидации защитных сил организма при первичном заражении [95].

Взаимодействие патогенов может происходить по различным сценариям: с активизацией (синергизм) инфекционного процесса, вызванного обоими (всеми) возбудителями, активизацией одного заболевания, без активизации инфекционного процесса (антагонизм), с отсутствием влияния патогенов друг на друга (индифферентность) [95]. Возможно искажение клинических проявлений болезни в силу наличия симптомов, не свойственных для течения каждой отдельной инфекционной патологии [69].

Взаимодействие между патогенными микроорганизмами на основе синергизма свойственно для сочетанных инфекций: боррелиоз/бабезиоз, клещевой энцефалит/боррелиоз, ВИЧ-инфекция/цитомегаловирусная инфекция [3, 79, 86].

Тяжелое течение одной из инфекций характерно при совместном инфицировании и взаимодействии штаммов вируса гриппа и *Staphylococcus aureus* за счет нарастания вирулентности последних. Аденовирусы способ-

ствуют активизации микоплазменной инфекции [55]. При этом микоплазмы оказывают ингибирующее действие на аденовирусы, вирусы кори и герпеса [8]. На взаимоотношения возбудителей может оказать влияние очередность заражения [52].

При антагонистических взаимоотношениях между возбудителями могут развиваться легкие формы обоих заболеваний (заражение вирусами гриппа и парагриппа, вирусом гриппа и аденовирусом, энтерококками и грибами рода *Candida*, различными вирусами гепатита) [69].

В отдельных случаях сочетанные инфекции не оказывают друг на друга влияния. Чаще это характерно для инфекций, не имеющих тесной патогенетической связи (клещевой энцефалит и грипп, клещевой энцефалит и сыпной тиф), исключением является сочетанное инфицирование ВИЧ и возбудителем туберкулёза, имеющими разные механизмы заражения, но общую тропность к органам лимфатической системы [8]. Сочетание респираторно-синцитиального вируса и метапневмовируса, как правило, не оказывает существенного влияния на клинику обоих заболеваний [69].

Под воздействием сочетанности может активизироваться изменчивость возбудителей [87]. Например, к повышению вирулентности штаммов бета-гемолитического стрептококка группы А может приводить их взаимодействие с вирусами гриппа и других возбудителей ОРВИ [55]. Следствием такого взаимодействия может быть выделение в окружающую среду высоковирулентных штаммов микроорганизмов [80].

Совместное паразитирование может влиять на чувствительность микроорганизмов к антибактериальным препаратам. Например, при сочетанных формах урогенитальных инфекций от больных чаще выделяют антибиотикорезистентные штаммы, чем при моноинфекции [81]. Это может быть связано с горизонтальным обменом плазмидами и генами резистентности в условиях сочетанного инфекционного процесса.

Анализ патогенеза сочетанных инфекций, вызванных тремя и более возбудителями разных видов и тропности, имеет определенные сложности и требует учета множества факторов: количества возбудителей, вызвавших заболевание, очередности инфицирования, свойств штаммов патогенных микроорганизмов [95].

4.3.2. Особенности отдельных групп сочетанных инфекций

ВИЧ-ассоциированные инфекции

ВИЧ-инфекция – широко распространенная тяжелая патология, при этом зачастую причиной летальности больных СПИДом является не сам вирус иммунодефицита, а присоединение других инфекций. Отмечаются случаи сочетанности ВИЧ-инфекции с туберкулёзом, вирусными гепатитами, бакте-

риальными пневмониями, герпесными инфекциями, бластоцитозом, СПИД-оппортунистическими протозоозами, микозами, протозойными инфекциями.

ВИЧ-ассоциированный туберкулёз – одна из самых значимых смешанных инфекций [64]. Чаще всего у больных – в 48,4 % отмечается одновременное выявление ВИЧ-инфекции и туберкулёза, в 44,5 % – заражение туберкулёзом ВИЧ-инфицированных и только в 7,1 % случаев первичным заболеванием является туберкулёз [13]. Несмотря на то что связь между этими инфекциями носит непрямой характер (относятся к разным группам и отличаются по механизму передачи), каждый год в мире выявляется более 1,3 млн таких случаев [95]. По данным ВОЗ и публикаций, у лиц с ВИЧ-инфекцией риск развития клинически выраженных форм туберкулёза возрастает в 10–20 раз [34, 101]. При ВИЧ-инфекции туберкулёз как вторичное заболевание развивается в 50–70 % случаев [83]. При этом тяжесть и продолжительность обострения туберкулёза оказывает влияние на степень нарушения клеточного иммунитета [83]. Совместное воздействие ВИЧ/возбудителя туберкулёза на иммунную систему является сложным, механизмы иммунологических нарушений изучены недостаточно.

У детей с ВИЧ-инфекцией отмечается утяжеление клинической картины, чаще выявляют диссеминированные, генерализованные формы туберкулёза, может развиваться туберкулёзный менингоэнцефалит [35].

Важнейшим фактором развития сочетанной инфекции ВИЧ + туберкулёз является уровень жизни населения. Большинство больных – социально дезадаптированные лица: безработные, мигранты, лица, освободившиеся из мест лишения свободы. Часто в таких группах у больных выявляется множественная сочетанность, присоединение гепатитов С и В, грибковых поражений, венерических заболеваний [2, 64].

В России динамика сочетанности ВИЧ-инфекции и туберкулёза представляет восходящий тренд. Отмечен рост смертности как от туберкулёза, так и от ВИЧ-инфекции. В разных регионах выявляют существенный разброс числа больных с сочетанной патологией. Это может быть связано не только с отсутствием данной проблемы в отдельных субъектах РФ, но и с отличиями в уровнях подготовки фтизиатров, недостаточностью выявления туберкулёза инфекционистами в Центрах СПИД, отсутствием отработанных методик обследования контингентов риска на ВИЧ и туберкулёз [64, 83].

Сочетанная инфекция ВИЧ + вирусный гепатит С широко распространена во всех регионах мира [59]. Частота сочетанной инфекции в разных странах колеблется от 33 до 59 %. На территории России хронический гепатит диагностирован у 60–70 % ВИЧ-инфицированных. Сочетанная инфекция ВИЧ + вирусный гепатит С характеризуется взаимным отягощением патологического процесса, усугублением иммуносупрессии, гибелью гепатоцитов и фиброзом печени. Срок перехода в цирроз или рак сокращается с 30 до 15 лет [70, 76]. Хронический гепатит В у больных СПИДом встречается реже, его выявляют у 10–15 %

ВИЧ-инфицированных. При коинфекции вирусного гепатита В и ВИЧ-инфекции возрастает риск серьезных поражений печени, выражена гепатотоксичность на фоне антиретровирусной терапии, повышается процент смертности в сравнении с моноинфицированием [25, 65, 76].

Распространенность сочетанной инфекции высока в районах, где отмечается большое сосредоточение лиц с наркозависимостью. Однако в последние годы увеличилось значение полового (гетеросексуального) пути передачи возбудителей [66]. Вовлечение в эпидемический процесс женщин повышает вероятность вертикальной передачи парентеральных гепатитов и ВИЧ-инфекции [50].

Сведения о распространении сочетанных случаев ВИЧ-инфекции, туберкулёза и вирусных гепатитов единичны [2, 11, 66]. В связи с различиями в механизме передачи возбудителей вероятность одномоментного заражения всеми тремя патогенами невысока, однако с учетом общего механизма передачи может иметь место одновременное заражение ВИЧ, вирусами гепатитов С и В [2, 77].

К ВИЧ-ассоциированным инфекциям также относят вирусный гепатит Е, который часто переходит в хроническую форму на фоне иммуносупрессии, вызванной СПИДом [59, 70].

Пандемия COVID-19 привела к возникновению новых вариантов сочетанности ВИЧ-инфекции. Среди случаев новой коронавирусной инфекции 1 % – сочетанные со СПИДом формы. При отсутствии антиретровирусной терапии или у пациентов, в отношении которых она не эффективна, заболевание может протекать в тяжёлой форме и характеризоваться длительным выделением вируса SARS-CoV-2, а также накоплением мутаций в геноме коронавируса [27, 90, 103].

В связи с высокой вариативностью сочетанной инфекционной патологии ВИЧ-инфицированных требуется комплексное изучение эпидемиологических, клинических, лечебно-диагностических особенностей данных заболеваний специалистами различных направлений, совершенствование систем учета.

Сочетанные вирусные гепатиты

Парентеральные вирусные гепатиты по уровню заболеваемости и наносимому экономическому ущербу занимают одно из ведущих мест в инфекционной патологии человека [12]. Сочетанные формы гепатитов малоизучены, однако имеются сведения о росте числа случаев регистрации данной патологии [29]. В России сочетанное инфицирование наблюдалось в 3-26,3 % зарегистрированных случаев вирусных гепатитов. Среди госпитализированных больных чаще регистрировалась микст-инфекция вирусного гепатита В и вирусного гепатита С (51,4 %), вирусного гепатита В и вирусного гепатита D (42,8 %), реже отмечалась смешанная инфекция вирусного гепатита В, вирусного гепатита D, вирусного гепатита С (5,7 %) [29]. Основной группой риска при сочетанном ин-

фицировании возбудителями парентеральных гепатитов являются потребители инъекционных наркотиков [30]. Сочетанный хронический вирусный гепатит имеет более тяжелое течение в сравнении с моногепатитами С и В [30]. Заболевание может характеризоваться прогрессирующим течением и серьезными поражениями печени.

Реже наблюдается сочетанность вирусного гепатита А. В связи с общностью механизмов передачи выявляют микст-инфицирование больных вирусным гепатитом А, брюшным тифом, дизентерией, иерсиниозом, лямблиозом и другими кишечными инфекциями и гельминтозами. Описаны сочетанные инфекции вирусного гепатита А, вирусного гепатита С, вирусного гепатита В и малярии [47, 53].

Дальнейшее изучение причин сочетанности вирусных гепатитов и клинико-эпидемиологических особенностей данных форм инфекций будет способствовать разработке более эффективных профилактических мероприятий, систем прогнозирования [95].

Сочетанные острые кишечные инфекции

По данным, представленным в российских и зарубежных публикациях, до 70 % кишечных инфекций имеют сочетанную этиологию [67]. Несмотря на учет в официальных статистических базах широкого спектра кишечных инфекций, учётно-отчетные формы не предусматривают регистрацию сочетанной патологии. Причиной сочетанных кишечных инфекций является общность механизма заражения (фекально-оральный). Отмечаются различные варианты сочетанности как с патогенами бактериальной, так и вирусной природы [24, 99].

Вирусам принадлежит ведущее значение в этиологии острых кишечных инфекций. На долю вирусных кишечных инфекций приходится от 70 % в летний сезон до 90 % в зимний. Наиболее частые агенты сочетанных острых кишечных инфекций: аденовирусы, ротавирусы, норовирусы. Ротавирусная инфекция часто ассоциируется с инфекционными болезнями как вирусной, так и бактериальной этиологии [99]. Ассоциация возбудителей приводит к изменению клинической картины и усложняет диагностику заболевания. При сочетанности чаще отмечается тяжелая форма, но отмечаются и случаи легкого течения инфекции. После перенесенных сочетанных кишечных инфекций чаще отмечается бактерионосительство, развитие постинфекционной патологии ЖКТ [85].

Возможны сочетания брюшного тифа с бактериальными и вирусными кишечными инфекциями, гельминтозами и паразитогами. Данные инфекционные патологии могут возникать в результате одновременного или последовательного заражения [92]. Описана сочетанность брюшного тифа с малярией [92].

При сочетании брюшного тифа с дизентерией, сальмонеллёзом, амёбиазом отмечается изменение симптоматики заболевания. Характерно усиление

и длительность диспептических расстройств, учащение рецидивов, увеличивается вероятность инфекционно-токсического шока, кишечных кровотечений, перфорации кишки. Также длительное время может отмечаться бактерионосительство [56].

Сочетания брюшного тифа с гельминтозами, по данным публикаций, могут приводить к увеличению тяжести заболевания, возникновению осложнений, летальному исходу [31].

Отмечается рост случаев сочетанных форм сальмонеллёза с вирусными кишечными инфекциями (у 28,7 % больных ротавирусной инфекцией, у 21,2 % инфицированных норовирусом, у 30,2 % лиц с диагностированной аденовирусной инфекцией) [54, 67]. Клиническая картина при сочетанных формах сальмонеллёзной инфекции в сравнении с моноинфекцией характеризуется утяжелением симптоматики. Однако имеются и сообщения об отсутствии изменений в течении сальмонеллёза или даже легких формах заболевания при сочетании сальмонеллёза, ротавируса, норовируса и аденовируса [67, 68].

Шигеллёзы имеют высокий спектр сочетанности с другими инфекциями, гельминтозами и паразитами. При сочетанной дизентерии с гельминтозами формируется клиническая картина, характеризующаяся тяжелым и крайне тяжелым течением [53, 56].

Общий механизм передачи возбудителей и условий заражения способствует смешанной инфекции дизентерии и вирусного гепатита А. Чаще при данной инфекционной патологии, в связи с отличиями сроков инкубационного периода, вначале появляются симптомы дизентерии, но возможно и одновременное развитие заболеваний. Дизентерия негативно влияет на течение гепатита А в связи с нарушением водно-электролитного баланса и влияния шигеллёзных токсинов на гепатоциты печени. Нарушения печени, вызываемые вирусом гепатита, также отягощают течение дизентерии [53].

К кишечным инфекциям зоосапронозного происхождения относят иерсиниоз и псевдотуберкулёз. Отмечена сочетанность иерсиниоза с псевдотуберкулёзом, гепатитом А, шигеллёзом, сальмонеллёзом, листериозом, гельминтозами [53].

Повышение эффективности этиологической расшифровки случаев заболеваний острыми кишечными инфекциями необходимо для своевременного выявления случаев сочетанных инфекций и изучения особенностей их клинических и эпидемиологических особенностей, разработки средств профилактики [67].

Сочетанные респираторные инфекции

Интерес к проблеме острых респираторных заболеваний обусловлен повсеместным распространением данной группы инфекций и их высокой социально-экономической значимостью [69]. Ежегодно в мире регистрируется до 10 миллиардов случаев респираторных заболеваний, до 65 % всех случаев приходится на детей [41, 69]. В этиологической структуре респираторных

инфекций преобладают заболевания, вызванные вирусами. Наиболее распространены риновирусная инфекция и грипп [69].

В настоящее время благодаря широкому внедрению молекулярных методов (ПЦР) растет доля выявляемых сочетанных случаев инфекций [69]. Показано, что до трети всех острых респираторных заболеваний в мире обусловлены сочетанным воздействием нескольких этиологических агентов. Основным механизмом заражения сочетанными респираторными вирусными инфекциями являются воздушно-капельный и контактный пути [69]. Инфицирование несколькими патогенами может влиять на клиническую картину и затруднять диагностику заболеваний. Микст-инфекция чаще, чем моноинфекция, обусловленная респираторными вирусами, приводит к тяжелым и среднетяжелым формам течения заболевания, развитию бактериальных осложнений [69, 105].

Наиболее распространены в инфекционной патологии сочетания риновирусов, вирусов гриппа, парагриппа, коронавирусов, бокавирусов и аденовирусов [69]. Возможны и вирусно-бактериальные ассоциации – сочетания аденовирусов со стрептококками, стафилококками, риновирусами [17]. Приводятся данные о высокой заболеваемости сочетанными респираторными инфекциями новорожденных [37]. При проведении исследования среди больных гриппом у 23 % был выявлен дополнительный респираторный вирусный патоген [36].

Часто заражение респираторными инфекциями происходит на фоне иммунодефицитных состояний, вызванных пневмоцистной, микоплазменной, респираторно-синцитиальной инфекциями, вирусом Эпштейна-Барр, цитомегаловирусом [1, 46]. Частым вариантом сочетанности является смешанная герпесвирусная инфекция [51].

Благоприятным фоном для развития смешанной респираторной инфекции является наличие в детском организме возбудителей хламидийной инфекции (хламидии + цитомегаловирус, вирус простого герпеса + хламидии, токсоплазмоз + хламидии + лямблиоз + глистная инвазия). Хламидийная инфекция выявлялась у 33 % больных с сочетанной инфекцией, вызванной респираторными вирусами, пневмококками, ассоциированными со стрептококками и гемофильной палочкой. Присутствие хламидий не влияет на характер проявлений респираторной инфекции за исключением синдрома обструкции [38].

Коклюш может быть ассоциирован с аденовирусным заболеванием, гриппом, парагриппом. Этиология заболевания может носить многокомпонентный характер. Влияние вирусных инфекций носит негативный характер на течение коклюша. Наиболее неблагоприятное влияние может оказывать вирус гриппа и респираторно-синцитиальный вирус [82].

Пандемия COVID-19 привела к возникновению новых форм сочетанных инфекций. Выявляют различные варианты сочетания новой коронавирусной инфекции как с респираторными заболеваниями, так и с ВИЧ-инфекцией, гер-

песвирусной инфекцией. Возможны различные ассоциации герпесвирусной инфекции с COVID-19 (простой герпес, герпес-зостер, мультисистемный воспалительный синдром, реактивация вируса Эпштейна-Барр, вируса герпеса человека 6-го типа). Активация герпетической инфекции обусловлена иммуносупрессией. Отмечено влияние герпетической инфекции на клинические проявления коронавирусной инфекции, сочетанные инфекции способствуют развитию тяжелого течения заболевания. Так, пациенты с реактивацией вирусов герпеса значительно дольше нуждаются в искусственной вентиляции легких [14].

Возможна ассоциация COVID-19 с парагриппом, аденовирусной, респираторно-синцитиальной, бокавирусной, метапневмовирусной и риновирусной инфекцией. Чаще сочетанная инфекция COVID-19 с другими респираторными вирусами не приводит к повышению тяжести заболевания и смертности. Однако имеются сообщения и о более тяжелом течении болезни, необходимостью госпитализации в отделение интенсивной терапии и реанимации [58].

Нередко встречается сочетанное заболевание, вызванное возбудителями респираторных и кишечных инфекций. Инфекционному процессу данного заболевания, как правило, свойственно тяжелое течение, характерно изменение клинической картины. Также возрастает продолжительность вирус- и бактерионосительства [37].

Описано сочетанное течение норовирусной и аденовирусной инфекции, протекающей тяжело, с выраженной интоксикацией и комбинированным поражением дыхательной и пищеварительной систем [99].

Таким образом, существует множество вариантов сочетанных респираторных заболеваний, что требует глубокого изучения эпидемиологии и патогенеза, взаимодействия микроорганизмов в организме человека.

Сложности вызывает также выявление основного и сопутствующего заболевания, а также выбор тактики лечения при микст-инфицировании, что требует дальнейшего изучения проблемы сочетанных респираторных инфекций [95].

Сочетанные природно-очаговые инфекции

Природные очаги, в которых имеются условия для совместной циркуляции различных возбудителей инфекций, называют сочетанными [96].

Сочетанные природные очаги трансмиссивных инфекций часто функционируют за счет общности переносчиков. Микст-инфицированность клещей и позвоночных животных может служить индикатором сочетанных природных очагов [44].

В большинстве природных очагов одновременно циркулируют несколько патогенных микроорганизмов. В научных публикациях представлены многочисленные сообщения о наличии сочетанных природных очагов различных инфекций как бактериальной, так и вирусной природы, выявлении маркеров возбудителей на одной территории и коинфекции в организме переносчиков

и резервуарных хозяев патогенов. В организме клеща патогенные и эндосимбиотические микроорганизмы, вирусы, риккетсии, бактерии образуют своеобразный микробиоценоз. Антагонизм между разными возбудителями в организме клеща возникает редко [44].

Наиболее частая сочетанность отмечена для клещевого энцефалита и иксодового клещевого боррелиоза. В различных субъектах Российской Федерации сочетанные случаи данных заболеваний составляют от 10,7 % до 45,8 % [4, 19, 40, 84, 86, 100]. Распространенными агентами сочетанных случаев природно-очаговых заболеваний являются возбудители моноцитарного эрлихиоза человека и гранулоцитарного анаплазмоза человека, бабезиоза [4, 57, 71, 79].

Описаны сочетанные очаги (клещевого энцефалита, иксодового клещевого боррелиоза, моноцитарного эрлихиоза человека, гранулоцитарного анаплазмоза человека, клещевого риккетсиоза) на территории Сибири (Иркутской области, Красноярского края, Республики Алтай) [40, 61, 88, 100]. В популяции таежного клеща, являющегося основным переносчиком клещевого энцефалита, в разных природных очагах выявляют до 5-10 % взрослых особей, одновременно зараженных вирусом клещевого энцефалита и боррелиями [19, 44]. В различных природных очагах процент микст-зараженности существенно варьирует [44]. Распространена одновременная зараженность млекопитающих и птиц боррелиями различных видов. Так, в Пермской области в 17 % особей мелких млекопитающих были выделены возбудители боррелиоза и лептоспироза [23]. В Предуралье выявлено одновременное инфицирование боррелиями и бабезиями, возбудителем моноцитарного эрлихиоза человека рыжих полевок [44].

На территории субъектов юга европейской части России (Ростовская область, Ставропольский край, Республика Дагестан) имеются сочетанные очаги лихорадки Ку, Крымской геморрагической лихорадки, иксодовых клещевых боррелиозов, клещевого риккетсиоза, гранулоцитарного анаплазмоза человека, туляремии [32, 45].

Сочетанность свойственна не только трансмиссивным, но и другим зоонозным инфекциям [96]. Широко распространены на территории регионов России сочетанные природные очаги туляремии, лептоспироза, хантавирусной инфекции. В Приморском крае в сочетанных очагах лептоспироза и хантавирусной инфекции основными носителями обоих возбудителей являются полевая мышь и дальневосточная полевка [5, 23]. В Тверской и Архангельской областях основным резервуарным хозяином возбудителей туляремии, лептоспирозов, хантавируса в лесных биотопах является рыжая полевка, обнаружена коинфекция двух и трех возбудителей инфекций [23, 63].

Вопросы патогенеза природно-очаговых инфекций изучены неполно. Патогенез и клиническое течение инфекционного процесса сочетанных природно-очаговых инфекций характеризуются искажением клинической картины, доминированием одного из инфекционных заболеваний. Чаще ассоциирован-

ная инфекция с незначительными клиническими проявлениями выявляется лабораторно в случае комплексного обследования пациента [96].

Сочетание иксодового клещевого боррелиоза с клещевым энцефалитом является одним из наиболее изученных вопросов. Известны механизмы взаимодействия между возбудителями заболеваний, клещами-переносчиками и организмом хозяина. Анализ клинических проявлений у больных боррелиозно-энцефалитной сочетанной инфекцией показывает, что обычно преобладают признаки какого-либо одного заболевания, чаще иксодового клещевого боррелиоза [16]. В преобладающем большинстве случаев в сочетании с иксодовым клещевым боррелиозом отмечаются стертые формы клещевого энцефалита [16].

Эпидемиологический надзор за природно-очаговыми инфекциями проводится с целью оценки рисков инфицирования людей на территории очагов [44]. Требования к эпидемиологическому надзору за природно-очаговыми инфекциями изложены в СанПиН 3.3686-21 «Санитарно-эпидемиологические требования по профилактике инфекционных болезней», однако вопросы сочетанности природных очагов освещены в нем недостаточно.

Шкариным В.В. и Благонравовой А.С. (2017) предложено применение индекса сочетанности для анализа активности эпизоотического и эпидемического процессов. С применением данного индекса была оценена активность сочетанных природных очагов в Республике Мордовия. В центральной ландшафтно-экологической зоне выявлена высокая активность очагов (ИС 12,1), в восточной и западной – средняя (ИС 8,2 и 5,5 соответственно). Индекс сочетанности был применен к сочетанным природным очагам лептоспироза, геморрагической лихорадки с почечным синдромом, туляремии и позволил ранжировать территорию на зоны с низкой, средней и высокой активностью, а также разработать методику комплексной эколого-эпидемиологической оценки состояния природных очагов, оценки их активности, определения истинной заболеваемости сочетанными инфекциями, эпидемиолого-эпизоотологического районирования территории [95]. Для отдельных территорий в целях совершенствования надзора за природно-очаговыми инфекциями разработаны методики оценки потенциальной эпидемиологической опасности природных очагов [48, 39]. Для контроля за активностью природных очагов сочетанных инфекций активно применяются современные геоинформационные методы [9].

Смешанные инфекции, вызываемые условно-патогенными микроорганизмами

Условно-патогенные микроорганизмы занимают особое положение в инфекционной полиэтиологической заболеваемости [62]. В микробных ассоциациях данные микроорганизмы, дополняя свойства друг друга, реализуют свой патогенный потенциал [49, 62].

Сочетанные инфекции, вызванные условно-патогенными микроорганизмами, хорошо изучены как в отношении клинических, так и эпидеми-

ологических особенностей [49, 62]. К данным инфекциям относят: СПИД-ассоциированные оппортунистические инфекции, заболевания половой сферы, респираторные инфекции, гнойно-септические инфекции, конъюнктивиты, отиты, периодонтиты и др.

Случаи внебольничных пневмоний часто носят смешанный характер: *Streptococcus pneumoniae* с *Legionella pneumophila*, *Streptococcus pneumoniae* с *Pseudomonas* spp. [104]. В ЛОР-патологии часто возникают комбинации стафилококков с грибами [28, 6]. Гнойно-септические инфекции смешанной этиологии часто возникают у пациентов хирургического профиля [62]. Смешанная аэробно-анаэробная флора свойственна для вторичной инфекции брюшной полости (послеоперационные перитониты и абсцессы).

Сочетанные инфекции, вызванные условно-патогенными микроорганизмами, составляют значительную долю в структуре всех инфекционных заболеваний. При этом заболевания характеризуются широким спектром возбудителей, разнообразными механизмами взаимодействия патогенов. Несмотря на достаточную изученность данной группы инфекций, требуется дальнейшее изучение особенностей межмикробных взаимодействий условно-патогенных микроорганизмов и эпидемиологического значения этого феномена [95].

Сочетанность гельминтозов и паразитозов

Паразитозы являются одной из групп трудно диагностируемых инфекций. По оценке ВОЗ, гельминтозами поражено более двух миллиардов человек. Однако имеются существенные недостатки в статистическом учете случаев заболеваний гельминтозами и паразитозами [94].

Сочетанность паразитозов в медицинской литературе освещена слабо. Заболевания чаще связаны с инфекционными болезнями с фекально-оральным механизмом передачи (дизентерия, брюшной тиф). Гельминтозы могут ассоциироваться с вирусными, бактериальными инфекциями, протозоозами, микозами [93]. Установлены случаи сочетанного инфицирования разными видами гельминтов, а также одновременного инфицирования гельминтами и другими возбудителями инфекций. Паразитарные инфекции у детей в 75 % случаев протекают как сочетанная инвазия двумя и более паразитами [94]. Чаще всего одновременно выявляют аскаридоз, трихоцефалёз и анкилостомидозы [22].

Доказано, что описторхоз может приводить к утяжелению клинического течения и хронизации инфекционного процесса шигеллёза, брюшного тифа, бруцеллёза, вирусных гепатитов, клещевого энцефалита [20, 60].

Официальный учёт сочетанных паразитозов и гельминтозов не ведется, что не позволяет в полной мере оценить проблему и требует адаптации подходов эпиднадзора за данной группой заболеваний.

Сочетанность протозоозов

Показатель заболеваемости протозоозами не отражает истинной ситуации [93]. Пораженность населения токсоплазмозом в разных странах со-

ставляет от 10 до 95 % [93]. Описано его сочетание с бактериями, вирусами, гельминтами, простейшими, грибами [15, 93]. Особенно часто регистрируются случаи сочетанности токсоплазмоза с ВИЧ-инфекцией, ВИЧ-инфекцией и цитомегаловирусной инфекцией. Установлено, что ВИЧ-инфекция в сочетании с токсоплазмозом может протекать в виде генерализованного процесса с поражением глаз, печени, сердца, лёгких [78].

Лямблиоз может протекать одновременно с инфекциями как бактериальной, так и вирусной этиологии, гельминтозами [75]. Имеются сообщения о регистрации сочетанных случаев лямблиоза и дизентерии [53].

Бластоцистоз может быть сочетан с шигеллёзом, туберкулёзом, ВИЧ-инфекцией, гепатитом С и рядом других инфекций [93].

Малярия в сочетанности с брюшным тифом может протекать в тяжелой форме и иметь осложнения в виде инфекционно-токсического шока, пневмонии, малярийной комы [92]. Сочетание малярии с паразитогами часто выявлялось в ряде африканских стран [92]. Кроме того, малярия может сочетаться с вирусом Эпштейна-Барр, сальмонеллёзами, лихорадкой денге [18].

Сочетанность малярии с ВИЧ-инфекцией выявляется преимущественно в странах тропической Африки. Обе инфекции в данной ассоциации усиливают клинические проявления каждой болезни. Увеличивается риск осложнений [52, 102].

Возможно одновременное заражение различными видами малярийного плазмодия [92].

Сочетанность микозов

Оппортунистические микозы в последнее десятилетие стали важной проблемой здравоохранения как в России, так и за рубежом. Увеличение числа грибковых заболеваний связывают с применением антибиотиков широкого спектра действия, кортикостероидных препаратов, иммуносупрессоров, проведением инвазивных лечебных и диагностических процедур, ВИЧ-инфекцией [95].

Известны сочетания кандидоза с различными паразитогами, ВИЧ-инфекцией, инфекциями, вызванными стафилококками, энтерококками, туберкулёзом и другими инфекционными заболеваниями [95].

Аспергиллёз может сочетаться с широким спектром инфекционных заболеваний: легионеллёз, туберкулёз, стафилококковая инфекция, паразитарные заболевания. Чаще возникают инфекции, характеризующиеся поражением легких. У больных туберкулёзом аспергиллёз чаще выявляют при осложнении инфекционного процесса аскаридозом [21].

Особое значение в сочетанности грибковых заболеваний имеет ВИЧ-инфекция. Отмечается недостаточная изученность сочетанных грибковых инфекций и необходимость доработки алгоритмов дифференциальной диагностики, а также изучения механизмов распространения инфекций [95].

Сочетанные урогенитальные инфекции

Заболевания урогенитального тракта могут вызывать как условно-патогенные микроорганизмы, так и облигатные патогены. В связи с единством механизма заражения сочетанные инфекции урогенитального тракта наблюдаются чаще, чем моноинфекции [42, 91]. Сочетанная инфекция урогенитального тракта выявляется в 54 % всех случаев, из них более трети приходится на сочетания трёх и более возбудителей [42].

В структуре урогенитальных инфекций возможны различные сочетания: бактерия + бактерия, бактерия + вирус, бактерия + простейшие, простейшие + грибы, бактерия + вирус + простейшие, бактерия + простейшие + грибы.

Наиболее часто заболевания урогенитального тракта вызывают хламидии, гонококки, уреаплазмы и микоплазмы, а также различные их сочетания. На хламидиоз, по данным отдельных исследователей, приходится до 30 % всех воспалительных урогенитальных заболеваний [91].

Сочетания урогенитальных инфекций могут приводить к развитию осложнений, таких как: иммунодефицит, эрозия и рак шейки матки, невынашивание беременности, хроническая гипоксия плода, послеродовой эндометрит и другие патологии беременности [26, 91]. Доказано, что лекарственная устойчивость микроорганизмов при ассоциированных инфекциях формируется чаще, чем при моноинфекции [33, 81].

Широкое распространение сочетанных заболеваний, влияние инфекционного процесса на течение беременности, родов и здоровье детей требуют пристального внимания к проблеме сочетанных урогенитальных инфекций.

Полиэтиологические внебольничные пневмонии

По данным публикаций, сегодня отмечен высокий уровень заболеваемости внебольничными пневмониями в мире [74]. При этом в современной классификации пневмоний отсутствуют сочетанные этиологические формы заболевания [55, 95].

В этиологии пневмоний инфекции, связанные с инфицированием несколькими возбудителями, составляют от 2,3 до 65,8 % [7, 55]. Важное значение в этиологической структуре сочетанных пневмоний играют *Streptococcus pneumoniae*, *Mycoplasma pneumoniae*, *Chlamydia pneumoniae* [55]. У детей часто бактериальная пневмония развивается на фоне предшествующей вирусной инфекции [55].

Важной особенностью ассоциантов смешанных пневмоний является способность вступать в микробное взаимодействие, повышать антибиотикорезистентность и устойчивость к дезинфицирующим средствам, что требует корректировки лечебных и противоэпидемических мероприятий [95].

В период пандемии COVID-19 отмечалось совместное инфицирование больных вирусом SARS-CoV-2, другими респираторными вирусами и возбудителями внебольничных пневмоний бактериальной и грибковой этиологии, а также вторичное инфицирование возбудителями внутрибольничных инфекций. Распространенность сопутствующей и вторичной инфекции, ассоцииро-

ванной с COVID-19, составляла от 0,6 до 45,0 %, наиболее распространенными вирусами, вызвавшими инфекцию, были риновирусы, энтеровирусы и грипп А, а также сезонные коронавирусы, респираторно-синцитиальный вирус, вирусы парагриппа, метапневмовирус и вирус гриппа В [74, 106].

Для респираторных вирусов характерна способность нарушать регуляцию как врожденного, так и приобретенного иммунитета, что приводит к развитию бактерий в обычно стерильных участках дыхательных путей [95]. При изучении тяжелых или смертельных случаев во время пандемии вируса гриппа А(H1N1) pdm2009 в 2009 году было обнаружено, что бактериальная пневмония осложняла от одной четверти до половины случаев болезни, наиболее распространенными этиологическими агентами вторичной бактериальной пневмонии были *S. pneumoniae* и *Staphylococcus aureus* [95]. При COVID-19 отмечалось инфицирование больных бактериальными патогенами: *S. pneumoniae*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Staphylococcus aureus*, *M. pneumoniae*, *L. pneumophila*, *Aspergillus flavus*, *Candida* spp. [73; 106]. У пациентов с новой коронавирусной инфекцией отмечалось также развитие госпитальной инфекции, что связано с проведением искусственной вентиляции легких в отделениях интенсивной терапии. Риск развития госпитальной пневмонии значительно возрастал по мере увеличения срока госпитализации. Отмечается множественная лекарственная устойчивость возбудителей внутрибольничных пневмоний, что ухудшает прогноз исхода заболевания.

При обследовании больных COVID-19 в г. Ростов-на-Дону в 2020 г. доля внебольничных пневмоний, ассоциированных с верифицированными случаями COVID-19, составляет 35,6 %. Микст-инфицирование больных вирусом SARS-CoV-2 и другими возбудителями ОРВИ (коронавирусами типов HKU-1, OC43, NL-63 или 229E, РС-вирусами, риновирусами и др.) установлено в 25,9 % случаев. При исследовании мокроты от больных COVID-19 выявлены возбудители бактериальных и грибковых пневмоний, в том числе грибы рода *Candida*, среди которых 72,9 % пришлось на долю *C. albicans*, *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli* и *Klebsiella pneumoniae*. Отмечалось также вторичное инфицирование больных COVID-19 возбудителями внутрибольничных пневмоний, среди которых преобладали *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter baumannii*, в том числе со множественной резистентностью к антибактериальным препаратам [74].

Заключение

Наблюдаемые в последние 50 лет значительный подъем количественного уровня социальной активности, увеличение мобильности населения, связанное с туризмом и деловыми поездками, а также рост числа контактов с «дикой природой» закономерно повышают вероятность одновременного поражения несколькими патогенами. С другой стороны, улучшение качества лабораторной диагностики, несомненно сыграло роль в повышении выявляе-

мости всех микроорганизмов, вызвавших инфекционный процесс или участвующих в его развитии.

В целом, несмотря на большое количество публикаций, проблема сочетанных инфекций далеко не изучена. Вовлечение в ассоциации многих возбудителей создает предпосылки для более подробного изучения компонентов смешанных инфекций, их взаимодействия и влияния на организм человека.

Основываясь на вышеизложенном, можно сделать вывод, что предлагаемые некоторыми исследователями методы контроля и надзора за сочетанными природными очагами могут быть широко применимы во всех регионах, для этого требуется унификация методов обследования природных очагов и оценки их эпидемического потенциала.

Проблема сочетанных инфекций актуальна, заболеваемость регистрируется не в полном объеме, что требует стандартизации подходов к диагностике и учету.

Важное значение имеет развитие метагеномных методов исследования, позволяющих детектировать всех микроорганизмов в анализируемой пробе и провести их примерный количественный учет.

Также необходимо отметить, что сегодня в отношении большинства нозологий отсутствуют стандартизованные методы профилактики сочетанности, что требует корректировки эпидемиологических мероприятий.

Список литературы

1. Абрамова Н.А., Савенкова М.С., Абрамов А.Д. Роль внутрисемейного инфицирования часто болеющих детей. *Детские Инфекции*. 2014;13(1):52–58. doi:10.22627/2072-8107-2014-13-1-52-58.
2. Азовцева О.В., Пантелеев А.М., Карпов А.В., и др. Анализ медико-социальных факторов, влияющих на формирование и течение коинфекции ВИЧ, туберкулёза и вирусного гепатита. *Инфекция и Иммуитет*. 2019;9(5–6):787–799. doi:10.15789/2220-7619-2019-5-6-787-799.
3. Алексеев А.Н. Микстинфекции в переносчиках (развитие идей Е.Н. Павловского об организме хозяина как «паразитокосмосе»). В: Проблемы природной очаговости: материалы совещания Паразитологического общества при РАН (Санкт-Петербург, 8 июня 1999 г.). Санкт-Петербург; 1999:16–39.
4. Алешковская Е.С., Благов Н.А., Базунова В.А. Клинико-эпидемиологические аспекты смешанных клещевых инфекций в эндемичном регионе. *Журнал Инфектологии*. 2013;5(1):44–47. doi:10.22625/2072-6732-2013-5-1-44-47.
5. Алленов А.В., Борзов В.П., Краснощеков В.Н., Боровская Н.А., Кушнарева Т.В., Киряков В.Ю. Сочетанность природных очагов туляремии, лептоспироза и хантавирусной инфекции в экосистемах Приморского края. *Тихоокеанский Медицинский Журнал*. 2008;(2):40–43.
6. Бабаев С.Ю., Журавлёв Р.В., Митрофанова Н.Н., Мельников В.Л. Ретроспективный анализ эколого-эпидемиологических особенностей госпитальных инфекций в отделении реанимации многопрофильного стационара. В: Проблемы и перспективы развития современной медицины: сборник научных статей V Республиканской научно-практической конференции с международным участием студентов и молодых учёных (Гомель, 7-8 мая 2013 г.). Т. 1. Гомель: Изд-во ГомГМУ; 2013:64–65.

7. Баласанянц Г.С., Торкатюк Е.А. Микробный пейзаж респираторного тракта у больных с различной лёгочной патологией. Журнал Микробиологии, Эпидемиологии и Иммунобиологии. 2010;(4):56–60.

8. Бароян О.В., Портер Д.Р. Международные и национальные аспекты современной эпидемиологии и микробиологии. С предисл. акад. Б.В. Петровского. Москва: Медицина; 1975. 520 с.

9. Баталов Р.О., Ротанова И.Н. Ландшафтный анализ в выявлении природных предпосылок очаговности инфекционных заболеваний в Алтайском крае (на примере иксодового клещевого боррелиоза и туляремии). География и Природопользование Сибири. 2017;(23):16–38.

10. Беляева Н.М., Цурикова Н.Н. Полиомиелит: этиология, эпидемиология, патогенез, клиника, диагностика, лечение, профилактика: учебное пособие. Москва: Новик; 2012. 58 с. ISBN 978-5-904383-14-5.

11. Беляков Н.А., Рассохин В.В., Семёнов А.В. и др. ВИЧ-инфекция и коморбидные состояния в Северо-Западном федеральном округе Российской Федерации в 2017 году: аналитический обзор. Под ред. Н.А. Белякова. Санкт-Петербург: ФБУН НИИЭМ им. Пастера; 2018. 52 с. ISBN 978-5-904405-46-5.

12. Быстрова Т.Н., Ефимов Е.И., Арзеева А.Н. Парентеральные вирусные гепатиты: этиология, эпидемиология, диагностика, профилактика. Нижний Новгород: Изд-во НГМА; 2010. 176 с. ISBN 978-5-9783-0058-1.

13. Вартанян Ф.Е., Шаховский К.П. Туберкулёз, ассоциированный с ВИЧ-инфекцией, в странах мира. Эпидемиология и Инфекционные Болезни. 2007;(4):42–45.

14. Викиулов Г.Х., Орадовская И.В. Эпидемиологические и клинико-иммунологические аспекты респираторных инфекций: монография. Москва: Медицина; 2021. 248 с. ISBN 978-5-225-04567-1.

15. Волчкова Е.В., Лунченков Н.Ю., Каншина Н.Н. Факторы риска реактивации токсоплазменной инфекции у пациентов с ВИЧ-инфекцией. Международный Научно-Исследовательский Журнал. 2014;(8):34–36.

16. Гордеев А.В., Черникова А.А. Клинико-иммунологические аспекты клещевого энцефалита, иксодового клещевого боррелиоза. Детские Инфекции. 2009;(4):15–18.

17. Григорян С.С., Гаращенко Т.И. Противовирусный растительный препарат как актуальное средство лечения респираторных вирусных инфекций у взрослых и детей. Вопросы Практической Педиатрии. 2021;16(4):138–145. doi:10.20953/1817-7646-2021-4-138-145.

18. Гринев А.Б. Молекулярно-генетическая диагностика малярии: эффективность и возможности оптимизации: дис. ... канд. биол. наук: 03.02.11. Москва: Российский университет дружбы народов; 2013. 134 с.

19. Гришечкин А.Е., Морозова О.В., Щучинова Л.Д., Исаева Е.И., Логинова Н.В., Злобин В.И. Анализ инфекций, переносимых клещами, в Республике Алтай. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2011;16(57):12–17.

20. Гузеева Т.М. Состояние заболеваемости паразитарными болезнями в Российской Федерации и задачи в условиях реорганизации службы. Медицинская Паразитология и Паразитарные Болезни. 2008;(1):3–11.

21. Давыдова Н.А., Бектемиров А.М., Бадалова Н.С., и др. Кишечные паразиты у больных туберкулёзом: влияние на интерлейкиновый статус и развитие аспергиллёза лёгких. Медицинская Паразитология. 2016;(3):29–33.

22. Дарченкова Н.Н., Романенко Н.А., Чернышенко А.И. Современная ситуация по распространению аскаридоза в Российской Федерации. Медицинская Паразитология и Паразитарные Болезни. 2006;(4):40–43.

23. Демидова Т.Н., Попов В.П., Полухина А.Н., Орлов Д.С., Мещерякова И.С., Михайлова Т.В. Эпизоотическое и эпидемическое проявление природных очагов туляремии на террито-

рии Московской области (1965–2013 гг.). Журнал Микробиологии, Эпидемиологии и Иммунобиологии. 2015;(2):24–31.

24. Денисюк Н.Б. Ротавирусная инфекция у детей: моно- и сочетанные формы, особенности клиники и течения. Журнал Инфектологии. 2012;4(4):20–24. doi:10.22625/2072-6732-2012-4-4-20-24.

25. Доскожаева С.Т. Характеристика часто встречающихся вторичных заболеваний и оппортунистических инфекций при ВИЧ-инфекции. Вестник Алматинского Государственного Института Усовершенствования Врачей. 2013;(2):12–13.

26. Дружинина Е.Б. Уреаплазменная контаминация и микст-инфекции урогенитального тракта у беременных (акушерская тактика, состояние здоровья детей первого года жизни): дис. ... д-ра мед. наук: 14.00.01. Иркутск; 2007. 298 с.

27. Еремушкина Я.М., Кускова Т.К., Филиппов П.Г. и др. Особенности течения сочетанной инфекции COVID-19 и ВИЧ. Врач. 2022;(5):18–23. doi:10.29296/25877305-2022-05-04.

28. Ермольева С.А. Микробиологическая и эпидемиологическая характеристика инфекций смешанной этиологии с анаэробным компонентом: дис. ... канд. мед. наук: 14.00.30, 03.00.07. Нижний Новгород: Нижегородская государственная медицинская академия; 2006. 164 с.

29. Есемебетов К.И., Абдурахманов Д.Т., Одинцово А.В., Мухин Н.А. Риск прогрессирования и причины летального исхода при хроническом вирусном микст-гепатите. Российский Журнал Гастроэнтерологии, Гепатологии, Колопроктологии. 2013;23(3):49–55.

30. Жебрун А.Б., Калинина О.В. Вирусный гепатит С: эволюция эпидемического процесса, эволюция вируса. Журнал Микробиологии, Эпидемиологии и Иммунобиологии. 2016;(1):102–112.

31. Зайкова Э.Ф. и др. Особенности клинического течения некоторых смешанных форм кишечных инфекций. В: Зиновьев А.С., Далматов Д.М., ред. Смешанные инфекции и инвазии: сб. науч. тр. Омск: Издательство ОГМИ; 1981:79–81.

32. Зайцева О.А., Васильева О.В., Гнусарева О.А. и др. Циркуляция возбудителей природно-очаговых бактериальных инфекций на территории Ставропольского края в 2021 г. В: Проблемы особо опасных инфекций на Северном Кавказе: материалы конференции. 2022:84–85.

33. Захаркив Ю.Ф. Этиологическая структура воспалительных заболеваний урогенитального тракта среди социально адаптированных групп населения и роль *Trichomonas vaginalis* в их возникновении в связи с устойчивостью штаммов возбудителя к действию лекарственных препаратов: дис. ... канд. мед. наук: 14.00.30. Санкт-Петербург: Военно-медицинская академия им. С.М. Кирова; 2005. 107 с.

34. Зими́на В.Н., Кравченко А.В., Зюзя Ю.Р., и др. Особенности течения туберкулёза в сочетании с другими вторичными заболеваниями у больных с ВИЧ-инфекцией. ВИЧ-инфекция и Иммуносупрессии. 2011;3(3):45–51.

35. Зоркальцева Е.Ю., Зарицкая Л.В., Пугачева С.В. Клиника туберкулёза у детей с ВИЧ-инфекцией и влияние профилактических мероприятий на развитие и течение заболевания. Туберкулёз и Болезни Лёгких. 2019;97(3):35–39. doi:10.21292/2075-1230-2019-97-3-35-39.

36. Калюжин О.В. Острые респираторные вирусные инфекции: современные вызовы, противовирусный ответ, иммунопрофилактика и иммунотерапия. Москва: Медицинское информационное агентство; 2014. 288 с. ISBN 978-5-9986-0144-5.

37. Каннер Е.В. Острые вирусные инфекции с сочетанным поражением респираторного и желудочно-кишечного тракта у детей: этиология, иммунопатогенез, клиника, диагностика и лечение: дис. ... д-ра мед. наук: 14.01.08. Москва; 2021. 312 с.

38. Кветная А.С., Иванова В.В., Лоскутова Н.Г., и др. Респираторная хламидийная инфекция у детей с осложнённым течением острых респираторных вирусных инфекций. Журнал Микробиологии, Эпидемиологии и Иммунобиологии. 1994;(2):49–53.

39. Ковалевская А.А. Совершенствование эпидемиологического надзора в сочетанных природных очагах актуальных инфекционных болезней (на примере Астраханской области): автореф. дис. ... канд. мед. наук: 14.02.02. Саратов: Рос. науч.-исслед. противочум. ин-т «Микроб»; 2020. 22 с.
40. Козлова И.В. Научное обоснование и пути совершенствования экстренной диагностики и профилактики трансмиссивных клещевых инфекций в условиях сочетанности природных очагов: автореф. дис. ... д-ра мед. наук: 14.00.30. Иркутск: Научный центр медицинской экологии Восточно-Сибирского научного центра СО РАМН; 2008. 45 с.
41. Кокорева С.П., Трушкина А.В., Разуваев О.А., Казарцева Н.В. Этиологическая структура острых респираторных заболеваний в 2009–2013 гг. у детей г. Воронежа. Детские Инфекции. 2015;14(4):53–56.
42. Коноплева Т.Н., Лозовская Л.С., Сидельникова В.М. и др. Персистентные вирусные инфекции и факторы, способствующие их активации, у женщин с привычным невынашиванием беременности. Акушерство и Гинекология. 2006;(5):17–20.
43. Конькова-Рейдман А.Б. Моно- и микст-инфекции иксодовых клещевых боррелиозов и клещевого энцефалита: клиника, эпидемиология, иммуноопосредованные аспекты патогенеза: дис. ... д-ра мед. наук: 14.01.09. Санкт-Петербург; 2013. 293 с.
44. Коренберг Э.И., Помелова В.Г., Осин Н.С. Природно-очаговые инфекции, передающиеся иксодовыми клещами. Москва: Наука; 2013. 463 с.
45. Кормиленко И.В. Экологические и эпидемиологические аспекты крымской геморрагической лихорадки, лихорадки Ку и иксодовых клещевых боррелиозов в Ростовской области: автореф. дис. ... канд. биол. наук. Ростов-на-Дону: РосНИПЧИ «Микроб»; 2010. 24 с.
46. Корниенко М.Н., Каражас Н.В., Рыбалкина Т.Н. и др. Роль оппортунистических инфекций в этиологии острых респираторных заболеваний с осложнённым течением у часто болеющих детей. Детские Инфекции. 2012;11(3):25–29.
47. Крамарь Л.В., Каплунов К.О., Секретева В.М. Клинический случай сочетанного течения острого вирусного гепатита А и гастроинтестинальной формы острого сальмонеллёза. Волгоградский Научно-Медицинский Журнал. 2015;(4):50–52.
48. Куклев Е.В., Ковалевская А.А., Агапов Б.Л., Щербакова С.А. Оценка потенциальной эпидемической опасности сочетанных природных очагов бактериальных, вирусных и риккетсиозных инфекций. Анализ Риска Здоровья. 2019;(1):78–83. doi:10.21668/health.risk/2019.1.08.
49. Лабинская А.С. и др. Руководство по медицинской микробиологии: учеб. пособие для системы послевузовского профессионального образования врачей. Кн. 2: Частная медицинская микробиология и этиологическая диагностика инфекций. Москва: БИНОМ; 2015. 1151 с. ISBN 978-5-9518-0412-9.
50. Ладыгин К.В., Болдырев А.В., Стативко О.А., Авдеева И.В. Эпидемиологические аспекты хронических гепатитов у ВИЧ-инфицированных женщин во время их беременности. Научные Ведомости БелГУ. Сер. Медицина. Фармация. 2014;(4):5–10.
51. Левина А.С., Бабаченко И.В. Персистирующие инфекции у часто и длительно болеющих детей, возможности этиопатогенетической терапии. Детские Инфекции. 2014;13(4):41–45. doi:10.22627/2072-8107-2014-13-4-41-45.
52. Лысенко А.Я., Владимова М.Г., Кондрашин А.В., Майори Дж. Клиническая паразитология. Под общ. ред. А.Я. Лысенко. Женева: Всемирная организация здравоохранения; 2002. 752 с.
53. Ляшенко Ю.Н., Иванов А.Н. Сочетанные инфекции. Ленинград: Медицина; 1989. 240 с.
54. Малеев В.В., Горелов А.В., Усенко Д.В., Кулешов К.В. Актуальные проблемы, итоги и перспективы изучения острых кишечных инфекций. Эпидемиология и Инфекционные Болезни. Актуальные Вопросы. 2014;(1):4–8.

55. Марченко В.Н., Максимов М.В. Роль вакцинации в профилактике инфекций нижних дыхательных путей. Практическая Пульмонология. 2014;(4):10–15.

56. Матинов Ш.К. Клинико-эпидемиологические особенности и лечение острого амебиаза кишечника в Республике Таджикистан: дис. ... канд. мед. наук: 14.02.02, 14.01.09. Душанбе; 2011. 110 с.

57. Матущенко Е.В. Совершенствование лабораторной верификации клещевых инфекций в условиях сочетанности природных очагов: дис. ... канд. мед. наук: 14.00.30. Омск; 2006. 136 с.

58. Мелехина Е.В., Николаева С.В., Ильинская А.С., Понежева Ж.Б., Акопян А.С., Крапивкин А.И., Корсунский А.А., Горелов А.В. Рекомбинантные интерфероны в комплексной терапии новой коронавирусной инфекции. Инфекционные Болезни. 2020;18(3):41–46. doi:10.20953/1729-9225-2020-3-41-46.

59. Мельникова Е.Л., Волчкова Е.В., Иванников Е.В., Ольшанский А.Я., Вдовина В.Н., Пархоменко Ю.Г. Факторы риска формирования неходжкинской лимфомы у больных с коинфекцией ВИЧ и вирусным гепатитом С. Эпидемиология и Инфекционные Болезни. 2013;(5):4–8.

60. Мефодьев В.В., Беляева М.Н., Пахотина В.А. Закономерности проявления эпидемического процесса в гиперэндемичном очаге описторхоза Западной Сибири. Медицинская Паразитология и Паразитарные Болезни. 2015;(3):24–29.

61. Миноранская Н.С., Миноранская Е.Н. Клинико-эпидемиологическая характеристика микст-инфекции клещевого боррелиоза и клещевого энцефалита в Красноярском крае. Казанский Медицинский Журнал. 2013;94(2):211–214. ISSN 0368-0644.

62. Митрофанова Н.Н., Мельников В.Л., Бабаев С.У., Журавлёв Р.В. Эколого-эпидемиологические особенности госпитальных инфекций в отделении торакальной хирургии. Фундаментальные Исследования. 2014;(7):540–543.

63. Михайлова Т.В., Мещерякова И.С., Демидова Т.Н., Кормилицына М.И., Квасов Д.А., Степкин Ю.И. Особенности биотопического распределения различных видов мелких млекопитающих и их роль в поддержании природных очагов туляремии в северо-восточной части Воронежской области. Дальневосточный Журнал Инфекционной Патологии. 2014;(25):58–60.

64. Мишин В.Ю., Мишина А.В., Левченко М.В., и др. Сочетанные инфекции. Туберкулёз и ВИЧ-инфекция. Consilium Medicum. 2017;19(11):59–63. doi:10.26442/2075-1753_19.11.59-63.

65. Нечаев В.В., и др. Характеристика летальности как показателя социальной значимости сочетанных инфекций. Журнал Инфектологии. 2016;8(1):51–56.

66. Нечаев В.В., Иванов А.К., Пантелеев А.М. Социально значимые инфекции. В 2 ч. Ч. 2: Микст-инфекции. Санкт-Петербург: ООО «Береста»; 2011. 311 с.

67. Николаева С.В., Горелов А.В. Клинические особенности острых кишечных инфекций сочетанной этиологии у детей. Педиатрия. Журнал им. Г.Н. Сперанского. 2019;98(1):174–177. doi:10.24110/0031-403X-2019-98-1-174-177.

68. Николаева С.В., Усенко Д.В., Горелов А.В. Сочетанные острые кишечные инфекции у детей: клинические особенности, подходы к терапии. РМЖ. Медицинское Обозрение. 2019;(5):26–29.

69. Николаева С.В., Хлыповка Ю.Н., Горелов А.В. Острые респираторные инфекции сочетанной этиологии у детей. Медицинский Совет. 2022;(12):40–43. doi:10.21518/2079-701X-2022-16-12-40-43.

70. Павлов Д.В., Шакирова Д.Х., Галиуллин Н.И., Нагимова Ф.И. Особенности коинфицирования ВИЧ-позитивных пациентов вирусом гепатита С. Казанский Медицинский Журнал. 2014;95(6):905–908.

71. Пиневиц О.С., Попонникова Т.В., Вахрамеева Т.Н., Бедарева Т.Ю., Галиева Г.Ю., Берданова В.С. Клинические и этиологические аспекты клещевых микст-инфекций у детей. Мать и Дитя в Кузбассе. 2008;(3):30–35.

72. Пискарева Н.А. Смешанные вирусные инфекции у детей. Ленинград: Медицина. Ленингр. отд-ние; 1975. 208 с.
73. Попова А.Ю., Ежлова Е.Б., Демина Ю.В., и др. Особенности этиологии внебольничных пневмоний, ассоциированных с COVID-19. Проблемы Особо Опасных Инфекций. 2020;(4):99–105. doi:10.21055/0370-1069-2020-4-99-105.
74. Попова А.Ю., Ежлова Е.Б., Демина Ю.В., Носков А.К., Ковалев Е.В., Карпущенко Г.В., Чемисова О.С., Пичурина Н.Л., Павлович Н.В., Водопьянов С.О., Гудуева Е.Н., Слись С.С., Пшенничная Н.Ю., Литовко А.Р., Асмолова Н.Ю. Этиология внебольничных пневмоний в период эпидемического распространения COVID-19 и оценка риска возникновения пневмоний, связанных с оказанием медицинской помощи. Здоровье Населения и Среда Обитания. 2021;(7):67–75. doi:10.35627/2219-5238/2021-29-7-67-75.
75. Рахманов Э.Р., Матинов Ш.К., Мирзобоева З.Н., Хусаинов О.Х. Оценка эффективности препарата «Энтобан» при лечении больных острым амёбиазом кишечника. Вестник Авиценны. 2009;(1):101–104.
76. Рахмонов Д.Э. Некоторые клиничко-эпидемиологические аспекты коинфекции ВИЧ/гепатит С. Здравсохранение Таджикистана. 2023;(1):66–72. doi:10.52888/0514-2515-2023-356-1-66-72.
77. Сармометов Е.В., Сергевнин В.И., Шмагин Д.В., Микова О.Е. Эпидемический процесс при ВИЧ-инфекции, сочетанной с туберкулёзом. Какое заболевание ведущее? Туберкулёз и Болезни Лёгких. 2014;(9):72–85. doi:10.21292/2075-1230-2014-0-9-72-85.
78. Сарсекеева Н.Е. ВИЧ-инфекция и токсоплазмоз. Фундаментальные Исследования. 2014;(10-10):1976–1978.
79. Семёнов В.А., Мальцев Б.Б. Случай одновременного заболевания клещевым энцефалитом и бабезиозом. Медицина в Кузбассе. 2004;3(3):43–44.
80. Сингур О.А., Туркутюков В.Б., Ямамото Т., Заярный А.И. Мониторинг метициллинорезистентных штаммов золотистого стафилококка при бактериальных инфекциях урогенитального тракта. Тихоокеанский Медицинский Журнал. 2010;(1):52–54.
81. Сингур О.А., Туркутюков В.Б. Мониторинг резистентности штаммов *Neisseria gonorrhoeae* к антибактериальным препаратам при моно- и микст-инфекциях. Дальневосточный Медицинский Журнал. 2010;(2):10–12.
82. Скрипченко Н.В., Лобзин Ю.В., Иванова Г.П., и др. Нейроинфекции у детей. Детские Инфекции. 2014;13(1):8–18. doi:10.22627/2072-8107-2014-13-1-8-18.
83. Сотниченко С.А., Скляр Л.Ф. Анализ летальных исходов при ВИЧ-инфекции. Эпидемиология и Инфекционные Болезни. 2010;15(4):31–34.
84. Тарбеев А.К. Клиничко-эпидемиологические особенности Лайм-боррелиоза в Иркутской области и оценка эффективности его лабораторной диагностики: дис. ... канд. мед. наук: 14.00.30. Иркутск: ГУ «Научный центр медицинской экологии Восточно-Сибирского научного центра Сибирского отделения РАН»; 2004. 135 с.
85. Тхакушинова Н.Х. Острые кишечные инфекции вирусной и сочетанной этиологии у детей: особенности диагностических и лечебно-профилактических мероприятий: автореф. дис. ... д-ра мед. наук. 2016.
86. Усков А.Н., Лобзин Ю.В., Бургасова О.А. Клещевой энцефалит, эрлихиоз, бабезиоз и другие актуальные клещевые инфекции в России. Инфекционные Болезни. 2010;8(2):83–88.
87. Учайкин В.Ф., Шамшева О.В. Новое в патогенезе инфекционной болезни. Вестник РГМУ. 2013;(4):39–43.
88. Хазова Т.Г. Мониторинг очагов актуальных инфекций, передаваемых кровососущими членистоногими, в Центральной Сибири: дис. ... д-ра биол. наук: 03.00.19. Тюмень; 2006. 230 с.
89. Цинзерлинг А.В. СПИД и наиболее частые СПИД-ассоциированные инфекции (Патол. анатомия): учеб. пособие. Ленинград: ЛПМИ; 1991. 63 с. ISBN 5-251-00413-8.

90. Черноземова Е.А., Мекаева Н.В., Архипова Л.И. и др. Особенности клинического течения COVID-19 у людей, живущих с ВИЧ. Журнал Инфектологии. 2023;15(2):114–122. doi:10.22625/2072-6732-2023-15-2-114-122.

91. Чубукова О.А., Шкарин В.В. Сочетанные урогенитальные инфекции у мужчин. Урология. 2017;(6):126–130.

92. Шарипов Т.М. Клинико-эпидемиологические особенности сочетанного течения брюшного тифа и малярии в Республике Таджикистан: автореф. дис. ... 2011.

93. Шкарин В.В., Благоданова А.С., Саперкин Н.В. Особенности эпидемиологии протозоозов при сочетанности с инфекционными болезнями и гельминтозами. Инфекционные Болезни: Новости, Мнения, Обучение. 2017;(5):39–49.

94. Шкарин В.В., Благоданова А.С., Чубукова О.А. Особенности эпидемиологии гельминтозов как сочетанной патологии. Инфекционные Болезни: Новости, Мнения, Обучение. 2017;(3):123–130.

95. Шкарин В.В., Благоданова А.С., Чубукова О.А. Эпидемиологический подход к изучению сочетанной инфекционной патологии. Эпидемиология и Инфекционные Болезни. 2016;(6):67–75.

96. Шкарин В.В., Благоданова А.С., Чумаков М.Э. Эпидемиологические особенности сочетанных природно-очаговых инфекций. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2017;16(5):43–52. doi:10.31631/2073-3046-2017-16-5-43-52.

97. Шкарин В.В., Саперкин Н.В. Взаимодействие возбудителей сочетанных инфекций при комплексной коморбидности (теоретические и практические вопросы). РМЖ. Медицинское Обозрение. 2021;5(11):737–743. doi:10.32364/2587-6821-2021-5-11-737-743.

98. Шкарин В.В., Сергеева А.В. Эпидемиологические и клинические особенности сочетанных респираторных инфекций у детей. Журнал Эпидемиологии, Микробиологии и Иммунобиологии. 2017;(4):45–52. doi:10.36233/0372-9311-2017-4-45-52.

99. Шкарин В.В., Чубукова О.А., Благоданова А.С., Сергеева А.В. Проблемные вопросы сочетанности кишечных инфекций. Журнал Инфектологии. 2016;8(4):11–19. doi:10.22625/2072-6732-2016-8-4-11-19.

100. Щучинова Л.Д. Эпидемиологический надзор и контроль инфекций, передающихся клещами, в Республике Алтай: автореф. дис. ... канд. мед. наук: 14.00.30. Омск: ОмГМА; 2009. 23 с.

101. Antonucci G., Girardi E., Raviglione M.C., Ippolito G. Risk factors for tuberculosis in HIV-infected persons. A prospective cohort study. The Gruppo Italiano di Studio Tubercolosi e AIDS (GISTA). JAMA. 1995;274:143-148.

102. Bharati A.R., Saravanan S., Madhavan V., et al. Correlates of HIV and malaria co-infection in Southern India. Malar J. 2012;11:306. doi:10.1186/1475-2875-11-306.

103. Carrico A.W., Horvath K.J., Grov C., Moskowitz J.T., Pahwa S., Pallikkuth S., Hirshfield S. Double Jeopardy: Methamphetamine Use and HIV as Risk Factors for COVID-19. AIDS Behav. 2020;24:3020-3023. doi:10.1007/s10461-020-02854-w.

104. Gutiérrez F., Masia M., Rodríguez J.C. Community acquired pneumonia of mixed etiology: prevalence, clinical characteristics, and outcome. Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 2005;24(6):377-383.

105. Harada Y., Rinoshita F., Yoshida L.M., Minh le N., Suzuki M., Morimoto K., Toku Y., et al. Does respiratory virus coinfection increase the clinical severity of acute respiratory infection among children infected with respiratory syncytial virus? Pediatr Infect Dis J. 2013;32(5):441-445. doi:10.1097/INF.0b013e31828ba08c.

106. Lai C.C., Wang C.Y., Hsueh P.R. Co-infections among patients with COVID-19: The need for combination therapy with non-anti-SARS-CoV-2 agents? J Microbiol Immunol Infect. 2020;53(4):505-512. doi:10.1016/j.jmii.2020.05.013.

Глава 5. ОТ ПРИЧИНЫ К БОЛЕЗНИ. СОВРЕМЕННЫЕ ФАКТОРЫ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО РИСКА

5.1. Влияние изменений климата на инфекционные болезни

Климатические изменения как в виде глобальных долгосрочных процессов, так и краткосрочных аномальных явлений, закономерно вносят свой вклад в изменения в системе взаимодействия человек – патогенный микроорганизм. Это воздействие проявляется по следующим ключевым направлениям:

- иммунологическое – возникновение нарушений функционирования иммунной системы в ответ на стрессовые факторы (глава 6.2);
- социальное: влияние на миграционные явления и другие демографические процессы (глава 6.3);
- эпидемиологическое: действие на численность и жизнедеятельность векторов и резервуаров возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней, их ареалы и заболеваемость населения.

Данный раздел монографии посвящен последнему из них, связанному с влиянием климата на ситуацию по природно-очаговым инфекциям, путем воздействия на численность животных и эктопаразитов, участвующих в эпидемическом (эпизоотическом) процессе.

5.1.1. Современные изменения климата Земли и Российской Федерации

Изучение влияния современных климатических изменений на здоровье населения в настоящее время представляет одну из важнейших задач мирового научного сообщества в XXI в.

Значения температуры воздуха стабильно увеличиваются с 70-х годов XX века. Результаты анализа среднегодовых температурных величин за период с 1976 по 2020 г. демонстрируют рост показателей 0,18°C/10 лет для Земли и 0,34°C/10 лет – для Северного полушария [9, 10]. При этом, согласно данным Росгидромета, темпы потепления в нашей стране значительно выше среднемировых, достигают 0,49°C/10 лет (рисунок 3).

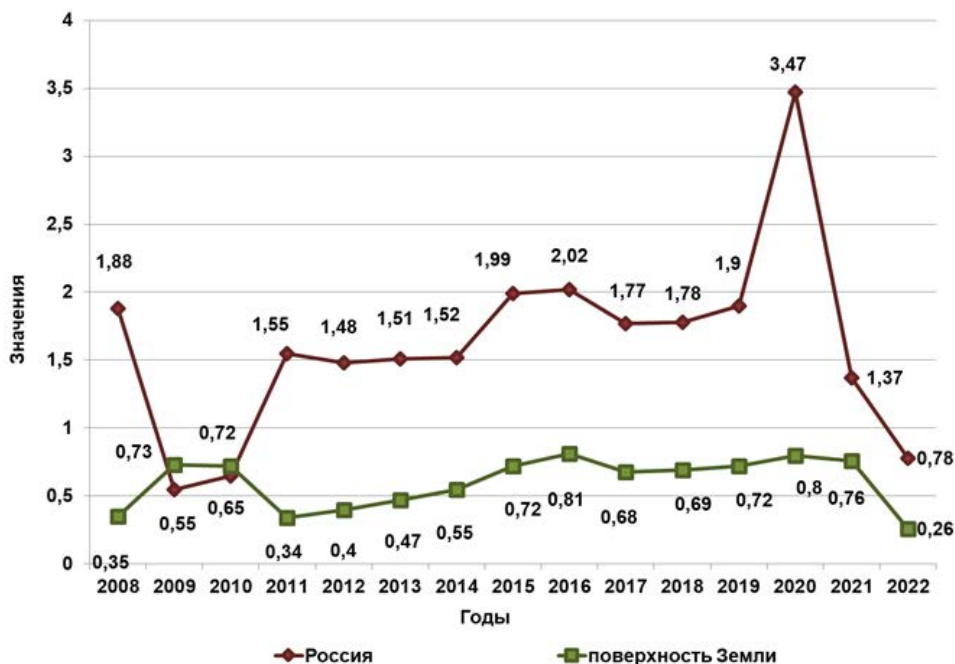


Рисунок 3 – Показатели годовых температурных аномалий Земного шара и Российской Федерации (2008-2022 гг.)

При этом темпы потепления в России характеризуются региональными и сезонными отличиями. Наиболее быстро температура воздуха растет весной ($0,64^{\circ}\text{C}$ за десятилетие), но повышение летних значений, несмотря на значительные колебания в разные годы, более выражено. Внутригодовое распределение показателя отличается неравномерностью. По увеличению зимних значений температурного фактора лидирует северо-западный регион Европейской части нашей страны. Рост весенних и осенних температур наиболее выражен на побережье Восточно-Сибирского моря. Кроме того, значительным потеплением весеннего и осеннего периодов ($0,77^{\circ}\text{C}$ и $0,76^{\circ}\text{C}$ за десятилетие соответственно) характеризуется Восточная Сибирь. Наиболее выраженное увеличение температурного показателя весной отмечается в Средней и Западной Сибири ($0,83^{\circ}\text{C}$ и $0,78^{\circ}\text{C}$ за десять лет соответственно). Также рост весенних значений температуры воздуха выявлен в ЮФО и СКФО ($0,62^{\circ}\text{C}$ и $0,61^{\circ}\text{C}$ за десятилетие) [9,10].

Наиболее экстремально тёплым как в целом для Земного шара, так и для Российской Федерации оказался 2020 г. Согласно данным ФГБУ «ИГКЭ» и Группы исследований климата Университета Восточной Англии (Climatic Research Unit (University of East Anglia, CRU UEA), показатели температуры в Северном полушарии достигли максимальных значений за весь период исследований. Величина среднегодовой температурной аномалии для нашей страны на $3,22^{\circ}\text{C}$ была выше среднего значения базового периода 1961-1990 г. Зареги-

стрированный новый рекордный температурный показатель более чем на 1°C превысил предыдущий (2007 г.) [9, 10].

Анализ значений температуры воздуха также свидетельствует, что 2022 г. стал пятым среди самых теплых в нашей стране с 1936 г. Данный показатель был выше нормы (1991-2020 гг.) на $0,87^{\circ}\text{C}$. Аномально высокие температуры, превышающие 80-й процентиль, наблюдались почти на всей территории Российской Федерации (в том числе в южных регионах) – 92 %, что уступает лишь 2020 г. (99 %) [10]. Потепление отмечалось во все времена года, но особенно жарким было лето (рисунок 4).

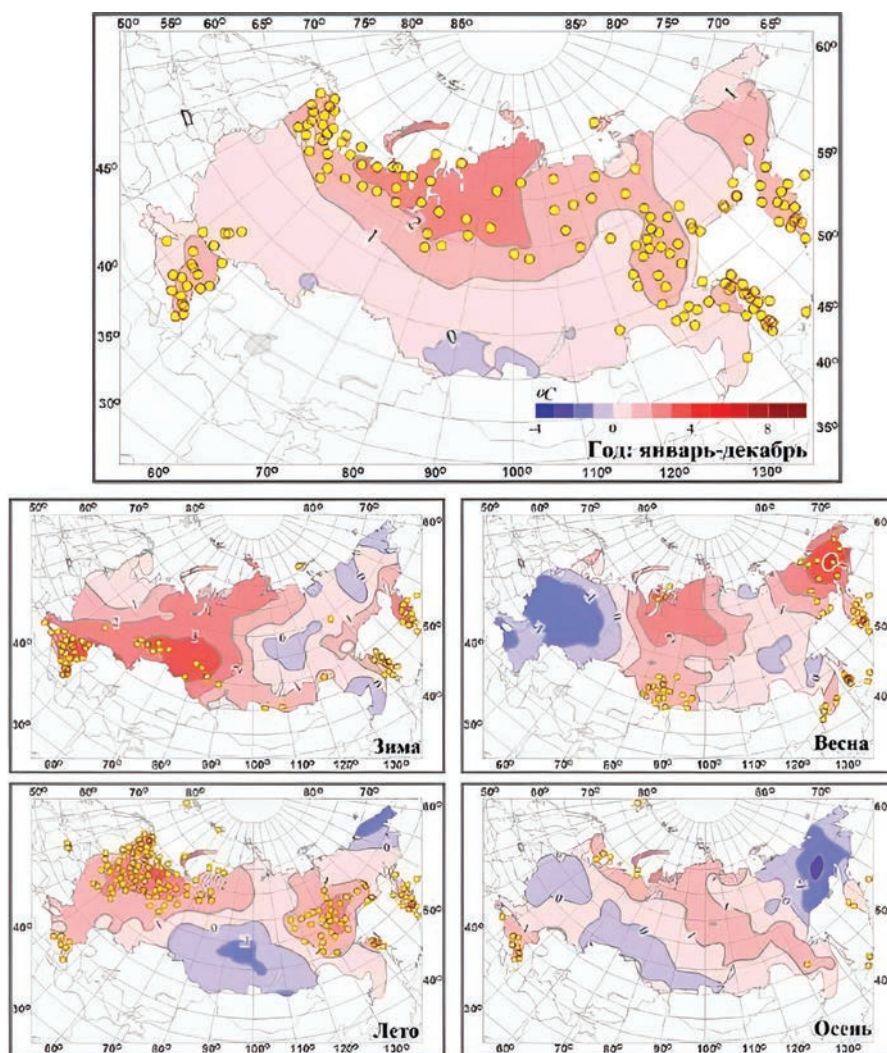


Рисунок 4 – Среднегодовые и сезонные температурные аномалии в Российской Федерации в 2022 г. (95 % экстремумы на картах представлены немасштабными условными знаками желтого цвета)

В целом осредненный по России показатель температурной аномалии достиг $0,77^{\circ}\text{C}$, что за всю историю метеонаблюдений уступает лишь значениям, зарегистрированным в 2021 и 2016 гг. ($1,08^{\circ}\text{C}$ и $0,93^{\circ}\text{C}$ соответственно). Особенно заметное потепление наблюдалось в южном регионе Европейской части нашей страны и в Дальневосточном федеральном округе – второй ($1,69^{\circ}\text{C}$) и четвертый ($0,72^{\circ}\text{C}$) ранги соответственно.

Помимо непосредственного роста значений температурного показателя, признаки изменения климата в России проявляются на примере других абиотических факторов. Так, например, установлено, что снег во многих регионах стал выпадать позже и таять раньше. Также увеличивается глубина оттаивания вечной мерзлоты. Зарегистрировано выраженное сокращение площади льда в Арктике вдоль Северного морского пути – до $26\,000\text{ км}^2$. Показатель минимальной годовой почвенной температуры на глубине до 320 см демонстрирует незначительный (не превышая $0,4^{\circ}\text{C}$ за десятилетие), но стабильный рост.

Таким образом, современные изменения климата в основном отражают тренд к повышению температуры воздуха на уровне Земного шара. При этом максимальная интенсивность данного процесса наблюдается в нашей стране.

5.1.2. Влияние климатических факторов на эпидемиологическую ситуацию по клещевым природно-очаговым инфекциям

Известно, что выживаемость и способность к размножению их возбудителей во многом зависит от гидрометеорологических условий. Современные изменения климата, помимо прямого влияния на здоровье человека, также (в сочетании с социальными условиями) характеризуются выраженным косвенным действием на уровень и динамику заболеваемости населения инфекционными болезнями (рисунок 5 [54]).

Для трансмиссивных и зоонозных природно-очаговых инфекций воздействие климатических факторов на интенсивность проявлений эпидемического процесса выражено наиболее отчетливо [26, 43, 48, 53, 56]. Это связано с тем, что популяционная плотность и уровень инфицированности векторов и носителей патогенных микроорганизмов (особенно клещей и кровососущих комаров) напрямую определяется абиотическими факторами.

Жизнедеятельность и активность паразитирования всех фаз развития иксодовых клещей в первую очередь находится в зависимости от показателей температуры воздуха [2, 49]. Наиболее выражено влияние этого фактора на развитие личиночных стадий (которые характеризуются низкими защитными свойствами хитинового покрова), а также на выживаемость особей в период зимней диапаузы [2, 30, 33, 49, 51, 87]. Это в конечном итоге определяет численность имаго и уровень заболеваемости населения различными нозологическими формами клещевых инфекций, что наглядно демонстрируют результаты исследований, проводимых на примере разных субъектов нашей страны. Так, в Ново-

сибирской, Владимирской и Иркутской областях выявлена связь между температурными показателями в разные месяцы года и интенсивностью проявлений эпидемического процесса клещевого вирусного энцефалита (КВЭ) и иксодового клещевого боррелиоза (ИКБ) [6]. В частности, обнаружены значимые корреляции между заболеваемостью КВЭ и февральскими, мартовскими, апрельскими, июльскими, августовскими, октябрьскими температурными величинами, а также с макроциклами и суммой температур воздуха за теплый и холодный периоды в Иркутске [18]. Кроме того, во Владимирской и Иркутской областях установлено влияние июльских и сентябрьских температурных значений предыдущего года на интенсивность проявлений эпидемического процесса ИКБ [50].



Рисунок 5 – Влияние абиотических факторов и социальных условий на возбудителей инфекционных болезней и заболеваемость населения.

После мягких зим, когда популяция клещей велика, иногда наблюдается снижение заболеваемости КВЭ. Это может быть связано с тем, что в условиях сравнительно теплого зимнего сезона выживают не только штаммы, обладающие выраженной вирулентностью, но и менее агрессивные варианты возбудителя, вызывающие преимущественно субклинические или относительно лёгкие формы заболевания, которые редко диагностируются. В то же время в сильные морозы сохраняют жизнеспособность штаммы, характеризующиеся наиболее высокой патогенностью [45].

Содержание влаги в почве и количество выпавших осадков также являются ключевыми факторами, определяющими смену фаз жизненного цикла иксодид [51]. Преимагинальные стадии развития характеризуются выраженной чувствительностью к колебаниям значений этих абиотических показате-

лей – обильные дожди или засуха негативно сказываются на выживаемости личинок. Баланс температурных величин воздушной среды и почвенной влажности является критически значимым для процессов линьки и последующего перехода во взрослую фазу [30]. При пониженном уровне атмосферной влажности наблюдается процесс дегидратации и прекращение жизнедеятельности иксодид. Выраженное комплексное действие данных факторов на численность *I. persulcatus* доказано на примере разных регионов России (от Красноярского края до Карелии) [5, 8, 17]. Результаты исследований, проведённых в Иркутской области и Забайкальском крае, свидетельствуют о наличии выраженной корреляции между теплыми погодными условиями (с отсутствием отрицательных температурных значений) и повышенными показателями численности клещей и заболеваемости ИКБ [14, 22, 27]. Полученные данные также подтверждаются иностранными публикациями, посвящёнными изучению влияния климатических показателей на *I. ricinus*. В Швейцарии и Чехии установлена зависимость численности и развития иксодид от величин температурного фактора, выпавших осадков и среднесуточного содержания влаги в атмосферном воздухе. На примере Швеции, Дании и Норвегии выявлено выраженное сочетанное влияние на жизнедеятельность *I. ricinus* значений температурного показателя (максимального и минимального) и осадков [61, 65, 68, 71].

Систематизированные результаты изучения связи заболеваемости населения КВЭ и жизнедеятельности клещей с абиотическими условиями представлены в таблице 1 [36].

Таблица 1 – Влияние климатических факторов на жизнедеятельность клещей и заболеваемость населения КВЭ

№	Факторы	Числовые значения факторов	Уровень заболеваемости
1.	Температура воздуха (°C)	-10.0... -1.9 в марте, +16.9... +19.0 в июле	Низкий ¹
2.	Температура воздуха (°C)	-18.0... -11.0 в феврале, -10.0... -1.9 в марте, +16.9... +19.0 в июле	Низкий ¹
3.	Температура воздуха (°C)	-1.5... +3.0 в апреле, +19.0... +22.2 в июле	Высокий ²
4.	Температура воздуха (°C)	+19.0... +22.2 в июле, +15.0... +18.7 в августе, +2.1... + 5.6 в октябре	Высокий ²
5.	Относительная влажность воздуха (%)	71.3 – 78.0 в марте, 68.0 – 74.5 в августе	Низкий ¹
6.	Относительная влажность воздуха (%)	64.0 – 73.6 в июне, 68.0 – 74.5 в августе, 73.5 – 80.0 в октябре	Низкий ¹
7.	Относительная влажность воздуха (%)	72.5 – 83.5 в феврале, 79.8 – 85.0 в декабре	Высокий ²

8.	Относительная влажность воздуха (%)	72.5 – 83.5 в феврале, 58.0 – 73.0 в апреле, 79.8 – 85.0 в декабре	Высокий ²
9.	Температура воздуха (°C)	+3.0...+ 5.0 весной	Начало пробуждения <i>Ix. persulcatus</i>
10.	Температура воздуха (°C)	выше +15.0 весной	Максимальная активность <i>Ix. persulcatus</i>

Примечание. ¹ 2–19 °/10000; ² 20–61 °/10000

Интерес представляют исследования по изучению влияния гидрометеорологических условий на интенсивность проявлений эпидемического процесса Крымской геморрагической лихорадки (КГЛ). Это особо опасная инфекция, широко распространённая во многих странах Азии, Африки и Европы, расположенных южнее 50° северной широты, также эндемична для юга европейской части России [36].

Результаты исследований, выполненные иранскими учёными, демонстрируют косвенную связь роста вероятности появления больных КГЛ с максимальными значениями температурного показателя и содержанием влаги в атмосферном воздухе с лагом три и два месяца соответственно [59]. Кроме того, выявлена зависимость количества заболевших с температурой, максимальной влажностью воздуха и осадками с временным лагом в несколько месяцев [76].

На примере Болгарии показано, что пятипроцентный рост заболеваемости КГЛ отмечается при повышении температурного показателя на один градус [77].

В нашей стране исследования по комплексному влиянию климатических факторов на жизнедеятельность клещей и интенсивность проявлений эпидемического процесса КГЛ проводились на примере Ставропольского края и Астраханской области [19, 35, 37]. Установлена выраженная зависимость между численностью *H. marginatum* от зимних величин температурного фактора и выпавших осадков. Показано, что выпадение ливневых дождей весной, напротив, оказывает обратное влияние. Выявлена сильная корреляционная связь численности преимагинальных фаз клещей, уровня заболеваемости КГЛ с погодными условиями летних месяцев предыдущего эпидемического сезона [11, 13]. Кроме того, установлено, что в Ставропольском крае интенсивность проявлений эпидемического процесса этой клещевой инфекции коррелирует с летними величинами температурного показателя и содержанием влаги в почве предшествующего года, а также с температурой и влажностью атмосферного воздуха в начале лета текущего эпидемического сезона [12]. В Астраханской области, в силу специфики климата и гидрологии, на численность *H. marginatum* и, соответственно, на заболеваемость населения КГЛ оказывают влияние также осадки и температура воздуха осенью и зимой [38].

Систематизированные результаты изучения связи заболеваемости населения КГЛ и жизнедеятельности клещей с абиотическими условиями представлены в таблице 2 [36].

Таблица 2 – Влияние климатических факторов на жизнедеятельность *H. marginatum* и заболеваемость населения КГЛ

№	Факторы	Значения факторов	Влияние
1.	Температура воздуха весной (°C): – дневная – ночная	– не ниже +9.0 – не ниже +2.0	Необходимо для активизации перезимовавших особей <i>H. marginatum</i> и начала их питания на животных
2.	Среднемесячная температура воздуха весной (°C)	+16.9	Пик паразитирования <i>H. marginatum</i>
3.	Среднемесячная сумма осадков (мм)	34.7	Пик паразитирования <i>H. marginatum</i>
4.	Весенне-летняя температура воздуха (май – июнь) (°C)	+26.0... +28.0	Оптимально для эмбриогенеза (при более низких значениях развитие яиц <i>H. marginatum</i> задерживается)
5.	Осадки (май–июль)	Обильные осадки	Губительно для преимагинальных фаз <i>H. marginatum</i>
6.	Осадки, влажность почвы (май-июль)	Недостаток осадков, сухость почвы	Высыхание покрова и гибель преимагинальных фаз <i>H. marginatum</i>
7.	Весенне-летняя температура воздуха (май-июль)	Прохладная погода	Неблагоприятно для выживаемости личинок <i>H. marginatum</i>
8.	Температура воздуха осенью	Теплая погода	Благоприятно для жизнедеятельности клещей, может увеличить продолжительность эпидемического сезона
9.	Осадки осенью	Дефицит осадков	Благоприятно для жизнедеятельности клещей, может увеличить продолжительность эпидемического сезона
10.	Температура воздуха зимой (декабрь–февраль) (°C)	Ниже – 20.0	Промерзание почвы и гибель клещей
11.	Среднемесячная температура воздуха весной (март-апрель) (°C)	+ 10.5	Необходимо для начала паразитирования <i>H. marginatum</i>
12.	Среднемесячная сумма осадков весной (мм)	47	Необходимо для начала паразитирования <i>H. marginatum</i>
13.	Максимальная температура воздуха трех предшествующих месяцев	Увеличение на 1°C	Рост заболеваемости на 9 %
14.	Максимальная относительная влажность трех предшествующих месяцев	Увеличение на 1 %	Рост заболеваемости на 4 %
15.	Среднемесячная температура воздуха предшествующего месяца	Увеличение на 1°C	Рост заболеваемости на 5,5 %

5.1.3. Связь заболеваемости населения природно-очаговыми инфекциями, возбудителей которых переносят кровососущие комары, с климатическими факторами

Исследование влияния абиотических факторов на жизнедеятельность комаров-векторов возбудителя лихорадки Западного Нила (ЛЗН) и заболеваемость населения этой трансмиссивной инфекцией – важная задача на сегодняшний день [31, 32, 47, 79]. Результаты многочисленных наблюдений свидетельствуют, что среди различных гидрометеорологических показателей ключевая роль принадлежит значениям температуры атмосферного воздуха. Значения данного фактора определяют как смену всех фаз жизненного цикла комаров, так и кинетику размножения вируса ЗН [31, 32, 79]. Установлено, что этот патоген может реплицироваться при температуре от +14°C до +45°C (у комаров и птиц соответственно) [58, 60, 70]. Показано, что скорость репликации положительно коррелирует с величиной температурного показателя, что сокращает время, необходимое для достижения инфицирующей дозы возбудителя ЛЗН в комаре. Например, при +14°C для этого требуется 58 дней, а при +30°C – всего 11 [31, 41]. Годы возникновения осложнений эпидемиологической ситуации по ЛЗН обычно являлись более теплыми и характеризовались жарким летом [1, 63, 64, 78, 81, 84].

Интенсивность проявлений эпидемического процесса этой трансмиссивной инфекции также косвенно зависит от количества выпавших осадков [69]. Риск роста заболеваемости ЛЗН возрастает при обильном выпадении дождей в предыдущем году и засушливой погоде в текущем. Избыток осадков создаёт благоприятные условия для размножения комаров, а недостаток способствует скоплению птиц и комаров вокруг немногочисленных сохранившихся водоемов [66, 78, 83].

Скорость яйцекладки также зависит от содержания влаги в атмосферном воздухе. Отклонения от оптимальных значений как в сторону чрезмерной сухости, так и при превышении значения 60 % негативно влияют на этот процесс [57]. Согласно результатам ряда работ, при высоких величинах температуры окружающей среды (35°C) и влажности воздуха 60 % количество отложенных яиц значительно меньше ($55 \pm 4,8$), чем при более низкой температуре (25°C) и влажности 80 %, когда этот показатель возрастает почти вдвое ($99 \pm 3,6$) [57].

Исследования, проведенные российскими учеными, выявили важную зависимость между климатическими факторами и уровнем заболеваемости ЛЗН в нашей стране. Показано, что более высокие значения температуры воздуха (в среднем за год и в течение весенне-летнего сезона) приводят к увеличению интенсивности проявлений эпидемического процесса, в то время как повышенное содержание влаги в атмосферном воздухе, наоборот, снижают ее [40].

При этом на примере отдельных субъектов ЮФО были выявлены региональные особенности влияния температуры атмосферного воздуха на заболе-

ваемость населения. В Волгоградской области осложнения эпидемиологической ситуации наблюдались в годы с аномально высокими (выше 21°C) майскими и июльскими показателями. В Ростовской области ключевую роль играли майские значения (июньские характеризовались более слабым влиянием), а также повышенные декабрьские предыдущего года. В Астраханской области, где лето стабильно жаркое, заболеваемость ЛЗН снижалась при низких зимних температурах (ниже -5°C в декабре-январе) [80].

Интерес также представляют результаты зарубежных работ. Показано, что на интенсивность проявлений эпидемического процесса в Греции наибольшее влияние оказывают количество выпавших осадков, температурные показатели почвы и атмосферного воздуха, а также содержание влаги в них [84]. В восточных и северо-западных районах Хорватии увеличение заболеваемости ЛЗН наблюдается при повышении среднемесячной температуры воздуха, а снижение (более выраженное на северо-западе страны) отмечается при увеличении количества выпавших осадков [40].

Связь инфицированности *Cx. pipiens* вирусом ЗН с гидрометеорологическими факторами подтверждена результатами американских исследований. Так, зараженность комаров повышалась при увеличении минимальных летних температур. Зависимость от влажности почвы весной была нелинейной. Наиболее высокие показатели инфицированности *Cx. pipiens* отмечались при недостаточном содержании влаги в почве или при повышении минимальных величин температурного фактора, а также коррелировали с теплой зимой и засухой с июля по сентябрь [69]. Также показано, что увеличению инфицированности *Cx. pipiens* способствовали рост кумулятивных температур воздуха (выше 22°C) и недостаток выпавших осадков в течение лета [82].

Статистически значимая корреляция между уровнями заболеваемости ЛЗН и погодными условиями весны и лета (выпавшими осадками, показателями температуры атмосферного воздуха и количества содержания влаги в нем) установлена в ряде европейских, азиатских и ближневосточных стран [78]. Результаты исследования, выполненного в Канаде, подтверждают увеличение риска осложнения эпидемиологической ситуации при засушливом начале и жаркой середине летнего периода [62, 80].

Систематизированные результаты изучения связи заболеваемости населения ЛЗН и жизнедеятельности комаров с абиотическими условиями представлены в таблице 3 [36].

Таблица 3 – Влияние климатических факторов на жизнедеятельность комаров – переносчиков вируса ЗН и заболеваемость населения ЛЗН

№	Факторы	Числовые значения факторов	Влияние
1.	Температура воздуха в июне (°C)	Выше средней на 3.9	Максимальный эпидемический подъем заболеваемости
2.	Температура воздуха 25-й недели года (накануне эпидемического сезона) (°C)	Выше средней на 5.2	Максимальный эпидемический подъем заболеваемости
3.	Относительная влажность воздуха в июне (%)	Ниже средней на 16.7	Максимальный эпидемический подъем заболеваемости
4.	Относительная влажность воздуха 25-й недели года (накануне эпидемического сезона) (%)	Ниже средней на 24.2	Максимальный эпидемический подъем заболеваемости
5.	Накопленная сумма активных температур воздуха июня (°C)	22 и выше	Максимальный эпидемический подъем заболеваемости
6.	Сумма активных температур воздуха июля (°C)	22 и выше	Увеличение длительности эпидемического сезона
7.	Показатели 25-й недели года: - средней температуры воздуха (°C); - средней относительной влажности воздуха (%)	- выше 22 - ниже 50	Резкий эпидемический подъем уровня заболеваемости
8.	Средняя температура воздуха в мае – июле (°C)	Выше 21	Вспышки заболевания
9.	Средняя температура воздуха с декабря по январь (°C)	Ниже -5	Уровень заболеваемости ниже обычного

5.1.4. Влияние гидрометеорологических условий на эпидемиологическую ситуацию по зоонозным природно-очаговым инфекциям (на примере геморрагической лихорадки с почечным синдромом)

Серьезную проблему для здоровья населения Российской Федерации представляет геморрагическая лихорадка с почечным синдромом (ГЛПС). Эта зоонозная инфекция в общей структуре нозологических форм ПОИ, после клещевых трансмиссивных инфекций, по частоте регистрации случаев заболевания занимает второе место [24, 28, 29, 46]. Сохранение напряженной эпидемиологической ситуации по этой инфекции свидетельствует о необходимости уделять особое внимание проведению комплексного анализа климатических факторов, влияющих на жизнедеятельность переносчиков хантавирусов.

Известно, что численность мелких млекопитающих во многом определяют абиотические факторы, влияющие на их репродуктивные показатели. Кроме того, оптимальные значения гидрометеорологических условий создают

благоприятную среду для их обитания, а также обеспечивают достаточное количество пищи. Рост популяций мышевидных грызунов наблюдается в годы, характеризующиеся мягкими зимним и летним сезонами и весной без паводковых явлений [46]. Такие климатические показатели, как количество осадков, температурные показатели атмосферного воздуха и достаточное содержание влаги в нём влияют на растительность, служащую не только кормовой базой для мелких млекопитающих, но и убежищем. Во время засухи, обуславливающей дефицит пищевых ресурсов, популяция мышевидных грызунов сокращается [21].

Вместе с тем выраженность влияния отдельных климатических факторов на численность переносчиков хантавирусов и интенсивность проявлений ГЛПС в разных регионах нашей страны имеет существенные отличия. Так, составление прогноза эпизоотической активности природных очагов этой инфекции для Саратовской области основано на значениях погодных условий зимой (количестве дней с выпадением осадков, температуре атмосферного воздуха и высоте снежного покрова). В Оренбургской области ключевую роль играют абиотические показатели предыдущего года (октябрьская температура воздуха и выпавшие осадки в ноябре) [16]. В Самарской области заболеваемость населения коррелирует с температурой воздуха и осадками летом, а также численностью мышевидных грызунов осенью [23].

Среди иностранных научных публикаций следует отметить китайские исследования, проведенные на примере различных регионов страны. Установлено, что интенсивность проявлений эпидемического процесса ГЛПС в провинции Шаньдун тесно связана с показателями осадков, температуры атмосферного воздуха и содержания влаги в нём, зарегистрированных за три месяца и год, предшествующие периоду наблюдения. В частности, снижение количества заболевших отмечалось при значениях температурного фактора от $+6,0^{\circ}\text{C}$ до $+23,7^{\circ}\text{C}$. Между уровнем заболеваемости и относительной влажностью воздуха выявлена прямая зависимость: как высокие (больше 85,7 %), так и низкие (меньше 67,5 %) показатели коррелировали с ростом интенсивности проявлений эпидемического процесса ГЛПС в этом регионе [67]. Результаты исследований, проведённых в провинции Хунань, свидетельствуют, что формирование эпидемиологической ситуации по этой ПОИ определяют не только средние значения температуры воздуха и выпавших осадков за год, но и ежемесячные температурные характеристики земной поверхности, а также NDVI (косвенные индикаторы содержания влаги в почвенном покрове) [86]. Выраженная связь между численностью норвежских крыс и рядом климатических факторов выявлена в провинции Ляонин. Наиболее выраженным влиянием характеризовались количество накопленных осадков, средние, максимальные и минимальные значения температуры атмосферного воздуха и абсолютное содержание влаги в нём. Причём, данная взаимосвязь носит положительный характер, то есть с увеличением этих абиотических показателей отмечается

рост популяции мышевидных грызунов [74]. Показано, что уровень заболеваемости ГЛПС в провинции Шэньси зависит от численности переносчиков хантавирусов (с двухмесячным лагом), количества выпавших осадков за предшествующие три месяца и температуры атмосферного воздуха за предыдущий четырёхмесячный период [85]. Напротив, интенсивность проявлений эпидемического процесса этой зоонозной инфекции в городском округе Чэньчжоу, помимо численности мелких млекопитающих, в наибольшей степени определяют среднемесячные величины NDVI, выпавших осадков, температуры атмосферного воздуха и его относительной влажности [73, 88].

Систематизированные результаты изучения связи заболеваемости населения ГЛПС и жизнедеятельности мышевидных грызунов с гидрометеорологическими условиями представлены в таблице 4 [36].

Таблица 4 – Влияние климатических факторов на жизнедеятельность мышевидных грызунов – переносчиков хантавирусов и уровень заболеваемости населения ГЛПС

№	Факторы	Значения факторов	Влияние
1.	Температура воздуха трех предшествующих месяцев (°C)	+6.0... +23.7	Отрицательная корреляционная связь с числом больных
2.	Температура воздуха трех предшествующих месяцев (°C)	Выше 23.7 и ниже 6.0	Положительная корреляционная связь с числом больных
3.	Влажность воздуха трех предшествующих месяцев (%)	Выше 85.7 и ниже 67.5	Положительная корреляционная связь с числом больных
4.	Температура воздуха летом	Теплая, но не жаркая	Благоприятно для усиленного размножения грызунов
5.	Отсутствие весеннего паводка		Благоприятно для усиленного размножения грызунов

5.1.5. Роль климата в изменении границ ареалов возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней на территории Российской Федерации

Гидрометеорологические факторы и современные климатические тенденции, помимо непосредственного влияния на жизнедеятельность специфических переносчиков и носителей возбудителей инфекционных болезней, также оказывают выраженное действие на изменение границ их ареала и рост числа субъектов, на территории которых регистрируются проявления эпидемического процесса ПОИ [26].

Рост температуры воздуха не только позволяет зараженным носителям инфекций переживать неблагоприятные условия холодного периода, но и повышает пригодность мест для их обитания. Климатические изменения при

этом влекут за собой разнообразные трансформации как паразитарных систем в целом, так и их отдельных элементов (таблица 5) [25].

В настоящее время наблюдаются потепления зим, увеличение объема выпадающих осадков (преимущественно летом) и удлинение теплого периода в целом, что способствует улучшению условий для существования *Ixodes persulcatus* и росту его численности на территории тайги. В результате этого таёжные клещи, обитающие в пределах 42-62° с.ш., постепенно распространяются вглубь страны, в северо-восточном направлении. Кроме того, современные изменения климата могут привести к расширению территории обитания клещей *Ixodes ricinus* в Европейском регионе. К концу текущего столетия ареал клещей данного вида может сместиться до 70-й параллели северной широты [26].

Таблица 5 – Влияние современных изменений климата на функционирование паразитарных систем и территориальное распространение ПОИ

№	Влияние	Результат
1.	Изменения численности возбудителей и их хозяев	- увеличение скорости развития переносчиков и возбудителей в результате повышения среднесуточных температур (переход от многолетних циклов к однолетним или от однократного к многократному размножению в течение года); - изменение показателей выживаемости патогенов; - увеличение длительности эпидемического сезона в результате более ранних метеорологических сроков наступления весеннего и более позднего – осеннего периодов
2.	Изменения ареалов возбудителей и их хозяев	- сдвиги границ ареалов возбудителей и их хозяев, включая широтные и/или высотные смещения; - расширение ареалов патогенных микроорганизмов и их адаптация к новым видам хозяев; - изменение фенологии носителей и переносчиков возбудителей ПОИ, приводящее к изменениям сроков миграций
3.	Микроэволюционные ответы	- локальная адаптация патогенов к новым хозяевам; - генетические изменения у возбудителей, появление новых генетических вариантов
4.	Кумулятивные/ синергетические ответы	- разрушение механизмов экологической изоляции, способствующих обмену фауной между прежде изолированными экосистемами; - усиление эффекта взаимодействия возбудителей и хозяев, влияющее на структуру паразитарных систем; - географическая мозаичность или появление эфемерных очагов болезней в связи с локальными климатическими флуктуациями

Анализ данных показывает, что среднегодовые значения температуры атмосферного воздуха в Архангельской области демонстрируют тенденцию к повышению. В период с 2000 по 2009 г. этот показатель увеличился на 1,3 °С по сравнению с периодом 1960–1989 гг. (0,7 °С). На сегодняшний день данная величина достигла +2,0 °С. Несмотря на общероссийскую тенденцию к уменьшению активности эпидемического процесса КЭ, в Архангельской области, напротив, зафиксировано её трехкратное увеличение. При этом была выявлена сильная прямая корреляция заболеваемости на территории данного субъекта с показателями температурного фактора [26].

Первоначально случаи заражения вирусом ЗН регистрировались только в южных субъектах нашей страны. Однако впоследствии зона его распространения охватила ряд других территорий ЦФО и ПФО, а к 2022 г. достигла Сибири и Урала [42].

Также в нашей стране отмечается стремительное расширение ареала возбудителя ГЛПС с вовлечением ранее неэндемичных субъектов СФО и выявлением новых переносчиков хантавирусов [15].

В Республике Саха (Якутия) и Республике Карелия зафиксировано значительное продвижение области распространения таежного клеща к северу. Кроме того, *Ix. persulcatus* впервые обнаружен в Магаданской области [5, 34, 55]. В Республике Татарстан (Предкамье) западная граница распространения таежного клеща сдвинулась на 100 км к северо-востоку [7]. Впоследствии освободившаяся экологическая ниша была колонизирована *I. ricinus*, мигрировавшим с юго-запада. Также активно продвигаются на север *Dermacentor reticulatus* (переносчики возбудителей КЭ и КВЭ), достигнув на сегодняшний день Кировской области [4].

Таблица 6 – Динамика распространения *Ae. albopictus* на Черноморском побережье Краснодарского края в период с 2016 по 2023 г.

Годы	Направление расширения ареала	Площадь изменения ареала (км)	Крайняя точка	Координаты
2016-2017	на севере	–	п. Красная поляна Адлерского района г. Сочи	43°40' с. ш. 40°12' в. д.
	на западе	–	п. Широкая балка г. Новороссийска	44°39' с. ш. 37°42' в. д.
2018	в северном направлении	122	ст. Неберджаевская Крымского района	44°50' с. ш. 37°54' в. д.
2019	в западном направлении	59	ст. Анапская Анапского района	44°54' с. ш. 37°22' в. д.
2020	в западном направлении	12	п. Витязево Анапского района	45°00' с. ш. 37°17' в. д.
2021-2023	в западном направлении	12	п. Уташ Анапского района	45°05' с. ш. 37°18' в. д.

Опасные комары *Aedes albopictus*, переносящие возбудителей лихорадок денге, Зика и чикунгунья, активно осваивают Черноморское побережье нашей страны [3, 39, 44, 52]. В течение семи лет, с 2016 по 2023 г., границы его обитания на территории Краснодарского края сместились на 122 км к северу и на 83 км к западу (таблица 6) [39].

При этом обращает внимание сходство климата Сочи и Туапсе с регионами Южной Европы (где ранее регистрировались аутохтонные инфицирования вирусами денге, чикунгунья и Зика), свидетельствующее о вероятности появления в будущем местных случаев на территории этих городских округов [20, 72, 75].

Начиная с 2019 года, комары *Ae. albopictus* были обнаружены в Республике Крым. Площадь их географического распространения также ежегодно увеличивалась (таблица 7).

Таблица 7 – Динамика распространения *Ae. albopictus* на территории Республики Крым с 2019 по 2023 г.

Годы	Направление расширения ареала	Площадь изменения ареала (км)	Крайняя точка	Координаты
2019-2020	на севере	–	Ялта	44°29' с. ш. 34°09' в. д.
2021	в северо-восточном направлении	28	Алушта	44°40' с. ш. 34°23' в. д.
2022	в юго-западном направлении	40	Алупка	44°25' с. ш. 34°02' в. д.
2023	в юго-западном направлении	47	Севастополь	44°37' с. ш. 33°31' в. д.
	северо-восточном направлении	86	Феодосия	45°02' с. ш. 35°22' в. д.

Таким образом, проблема влияния климата на интенсивность проявлений эпидемического процесса ПОИ, численность и изменения ареала переносчиков и носителей их возбудителей на сегодняшний день актуальна и требует дальнейшего изучения. При этом особое внимание следует уделять использованию новых получаемых данных для составления прогноза заболеваемости населения и активности природных очагов с целью поддержания эпидемиологического благополучия по этим опасным инфекционным болезням на территории нашей страны.

Заключение

Оценка влияния современных изменений климата на эпидемиологическую ситуацию по ПОИ остаётся на сегодняшний день одной из важных задач эпидемиологии. По информации, предоставленной Росгидрометом, темпы потепления в нашей стране существенно опережают среднемировые. Кроме

того, уменьшается продолжительность залегания снежного покрова и увеличение мощности сезонно-талого слоя вечной мерзлоты. Отмечается выраженная тенденция к росту температуры почвы.

Наибольшая интенсивность потепления при этом отмечается в Сибирском, Центральном и Северо-Кавказском федеральных округах – регионах, характеризующихся высокой активностью природных очагов инфекционных болезней. Благоприятные климатические условия, оказывая положительное влияние на численность, переносчиков и носителей возбудителей ПОИ, а также на вирулентность микроорганизмов, создают предпосылки к ухудшению эпидемиологической ситуации по опасным трансмиссивным и зоонозным инфекциям.

Кроме того, глобальное потепление приводит к расширению ареалов возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней на территории Российской Федерации. Наблюдаемые климатические изменения не только влияют на функционирование паразитарных систем, но и повышают пригодность мест для обитания носителей и переносчиков возбудителей ПОИ. На сегодняшний день доказано увеличение площади ареала клещей *I. persulcatus* и *D. reticulatus* в северном направлении, наблюдается тенденция к изменению северной границы *I. ricinus*. Результаты многочисленных отечественных и зарубежных исследований подтверждают связь роста заболеваемости КВЭ, КГЛ, ЛЗН и ГЛПС с увеличением температуры воздуха, почвы, а также определяемых ими показателей влажности

С каждым годом растёт число субъектов нашей страны, вовлечённых в эпидемический процесс ЛЗН и ГЛПС. Кроме того, опасения связаны с неуклонным распространением комаров *Ae. albopictus*, являющихся переносчиками арбовирусов, в пределах прибрежной зоны Черного моря, охватывающей Краснодарский край и Республику Крым. Это создает потенциальную опасность возникновения местных случаев заболеваний лихорадками денге и чикунгунья.

Таким образом, поддержание стабильной эпидемиологической ситуации по инфекционным болезням с природной очаговостью возможно достичь при регулярном проведении комплексного анализа воздействия абиотических факторов на хозяев и переносчиков возбудителей этих опасных заболеваний.

Список литературы

1. Антонов В.А., Смоленский В.Ю., Путинцева Е.В., Липницкий А.В., Смелянский В.П., Яковлев А.Т., Мананков В.В., Погасий Н.И., Красовская Т.Ю. Эпидемическая ситуация по лихорадке Западного Нила в 2011 году на территории Российской Федерации и прогноз ее развития. Проблемы особо опасных инфекций. 2012;(1(111)):17-21.
2. Балашов Ю.С. Иксодовые клещи – паразиты и переносчики инфекций. СПб: Наука; 1998. 287 с.

3. Бега А.Г., Москаев А.В., Гордеев М.И. Экология и распространение инвазивного вида комаров *Aedes albopictus* (Skuse, 1895) на юге Европейской части России. Российский журнал биологических инвазий. 2021;14(1):27-37. doi: 10.35885/1996-1499-2021-14-1-27-37.

4. Бессолицына Е.А., Волков С.А., Столбова Ф.С. Динамика зараженности бактериями рода *Borrelia* и вирусом клещевого энцефалита клещей, собранных в Кировской области. Инфекция и иммунитет. 2017;7(2):171-180. DOI: <http://dx.doi.org/10.15789/2220-7619-2017-2-171-180>.

5. Бугмырин С.В., Назарова Л.Е., Беспятова Л.А., Иешко Е.П. К вопросу о северной границе распространения *Ixodes persulcatus* (Acari: Ixodidae) в Карелии. Известия РАН. Серия биологическая. 2013;(2):240-244. DOI:10.7868/S0002332913020033.

6. Власов В.В., Репин В.Е. Инфекции, передаваемые клещами в Сибирском регионе. Новосибирск: Изд-во СО РАН; 2011. 395 с.

7. Губейдуллина А.Х., Бойко В.А., Любарская О.Д. Фауна и население иксодовых клещей (Ixodidae) в лесах Ульяновской области за два периода наблюдений (1966–1969 и 2007–2008 гг.). Ученые записки Казанского университета. Серия Естественные науки. 2009;151(2):181-190.

8. Данчинова Г.А., Хаснатинов М.А., Шулунов С.С., Арбатская Е.В., Бадиева Л.Б., Сунцова О.В., Чапоргина Е.А., Богомазова О.Л., Тимошенко А.Ф. Фауна и экология популяций иксодовых клещей – переносчиков клещевых инфекций в Прибайкалье. Бюллетень ВСНЦ СО РАМН. 2007;3(55 Suppl):86-89.

9. Доклад об особенностях климата на территории Российской Федерации за 2020 год. Москва; 2021. – 104 с. https://www.meteorf.gov.ru/upload/pdf_download/doklad_klimat2020.pdf (дата обращения 14.08.2025).

10. Доклад об особенностях климата на территории Российской Федерации за 2022 год. Москва; 2023. – 104 с. https://www.profiz.ru/upl/Doklad_o_klimate_RF_2022.pdf. (дата обращения 14.08.2025).

11. Дубянский В.М., Прислегина Д.А., Куличенко А.Н. Риск-ориентированная модель прогнозирования эпидемиологической ситуации по Крымской геморрагической лихорадке (на примере Ставропольского края). Анализ риска здоровью. 2018;(1):13-21. doi: 10.21668/health.risk/2018.1.02.

12. Дубянский В.М., Прислегина Д.А., Платонов А.Е. «Объясняющие» модели заболеваемости клещевыми инфекциями (на примере Астраханской риккетсиозной и Крымской-Конго геморрагической лихорадки). Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2023;100(1):34–45. DOI: <https://doi.org/10.36233/0372-9311-344>.

13. Дубянский В.М., Прислегина Д.А., Платонов А.Е. Прогнозирование заболеваемости Крымской геморрагической лихорадкой на основе данных спутникового мониторинга (дистанционного зондирования Земли из космоса) на примере Ставропольского края. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2022;99(3):322–335. DOI: <https://doi.org/10.36233/0372-9311-213>.

14. Емельянова А.Н., Кижло Л.Б. Клинико-эпидемиологические особенности иксодового клещевого боррелиоза в Забайкальском крае. Сибирский медицинский журнал (Иркутск). 2012;112(5):103-105.

15. Иванова А.В., Сафронов В.А., Попов Н.В., Куклев Е.В. Эпидемиологическое районирование территории Приволжского федерального округа по уровню потенциальной эпидемической опасности природных очагов геморрагической лихорадки с почечным синдромом. Проблемы особо опасных инфекций. 2020;(1):91-96. doi: 10.21055/0370-1069-2020-1-91-96

16. Калмыков А.А., Аминев Р.М., Корнеев А.Г., Поляков В.С. Эпидемиологический анализ причин роста заболеваемости ГЛПС военнослужащих в ЦВО в 2011 году. Медицинский альманах. 2012;(3):96-99.

17. Коротков Ю.С., Акулова Л.М., Хазова Т.Г., Килина А.И., Кисленко Г.С., Чунихин С.П. Циклические изменения численности таежного клеща в заповеднике «Столбы». Медицинская паразитология и паразитарные болезни. 1992;(3):7-10.
18. Коротков Ю.С., Никитин А.Н., Антонова А.М. Роль климатических факторов в многолетней динамике заболеваемости населения г. Иркутска клещевым энцефалитом. Бюллетень ВСНЦ СО РАМН. 2007;(3):121-125.
19. Куличенко А.Н., Прислегина Д.А. Крымская геморрагическая лихорадка: климатические предпосылки изменений активности природного очага на юге Российской Федерации. Инфекция и иммунитет. 2019;9(1):162-172. DOI: <http://dx.doi.org/10.15789/2220-7619-2019-1-162-172>.
20. Леншин С.В., Патраман И.В., Альховский С.В., Вышемирский О.И. Вирусные инфекции, переносимые комарами, – риски возникновения аутохтонных случаев заболевания в Краснодарском крае (систематический обзор). Эпидемиология и вакцинопрофилактика. 2021;20(3):129–38. doi: 10.31631/2073-3046-2021-20-3-129-138.
21. Леонтьев В.В. Динамика заболеваемости геморрагической лихорадкой с почечным синдромом населения г. Набережные Челны. Гигиена и санитария. 2015;94(3):18-23.
22. Лисак О.В., Козлова И.В., Сунцова, О.В., Богомазова О.Л., Дорощенко Е.К., Чумаченко И.Г., Черноиванова, О.О., Ревизор А.О. Современная эпидемиологическая ситуация в отношении трансмиссивных клещевых инфекций в северных районах Иркутской области. Acta Biomedica Scientifica. 2012;(5(87 Pt 1)):97-101.
23. Лифиренко Н.Г., Костина Н.В. К оценке возможного влияния климата на эпидемический процесс. Известия Самарского научного центра Российской академии наук. 2008;10(2):333-339.
24. Малецкая О.В., Таран Т.В., Прислегина Д.А., Платонов А.Е., Дубянский В.М., Волюнкина А.С., Василенко Н.Ф., Тохов Ю.Н., Цапко Н.В. Природно-очаговые вирусные лихорадки на юге европейской части России. Геморрагическая лихорадка с почечным синдромом. Проблемы особо опасных инфекций. 2019;(4):79-84. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2019-4-79-84>
25. Малхазова С.М., Миронова В.А., Башмакова И.Х. Природноочаговые болезни в Арктике в условиях меняющегося климата. Вестник Московского университета. Серия 5. География. 2022;(1):43-57.
26. Малькова И.Л., Рубцова И.Ю., Семакина А.В., Петухова Л.Н. Особенности проявления клещевых инфекций в отдельных регионах Российской Федерации в связи с глобальным потеплением климата. Журнал Белорусского государственного университета. Экология. 2023; 2:16–24. <https://doi.org//10.46646/2521-683X/2023-2-16-24>.
27. Носков А.К., Трушина Ю.Н., Туранов А.О., Адельшин Р.В., Хаснатинов М.А., Трухина А.Г., Андаев Е.И. Клинико-эпидемиологические особенности иксодовых клещевых боррелиозов в Забайкальском крае. Проблемы особо опасных инфекций. 2014;(4):25-28.
28. О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2018 году: Государственный доклад. Москва: Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека; 2019. 254 с.
29. О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2019 году: Государственный доклад. Москва: Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека; 2020. 299 с.
30. Оборин М.С., Артамонова О.А. Анализ географических закономерностей распространения клещевого энцефалита и лайм-боррелиоза на территории России. Вестник Алтайского государственного аграрного университета. 2016;(1):87-92.
31. Платонов А.Е. Влияние погодных условий на эпидемиологию трансмиссивных инфекций (на примере лихорадки Западного Нила в России). Вестник РАМН. 2006;(2):25-29.

32. Платонов А.Е., Гриднева К.А., Долгин В.А., Колясникова Н.М., Платонова О.В., Титков А.В. Применение дистанционного спутникового мониторинга для контроля и прогноза заболеваемости природно-очаговыми трансмиссивными инфекциями. Современные проблемы дистанционного зондирования Земли из космоса. 2013;10(3):21-32.

33. Померанцев Б.И. Иксодовые клещи (Ixodoidea). Фауна СССР. Паукообразные. Москва: Изд-во АН СССР; 1950. Вып. 2. 223 с.

34. Попов П.О. Наблюдаемые и ожидаемые климатообусловленные изменения распространения иксодовых клещей *Ixodes ricinus* и *Ixodes persulcatus* на территории Российской Федерации и стран Ближнего Зарубежья: автореф. дис. ... биол. наук: 03.02.08. М., 2016. – 24 с.

35. Прислегина Д.А., Дубянский В.М., Малецкая О.В., Куличенко А.Н., Василенко Н.Ф., Манин Е.А., Ковальчук И.В. Крымская геморрагическая лихорадка в Ставропольском крае: современные клинико-эпидемиологические аспекты и новый подход к прогнозированию заболеваемости. Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение. 2018;(3):49-56. doi: 10.24411/2305-3496-2018-13007.

36. Прислегина Д.А., Дубянский В.М., Платонов А.Е., Малецкая О.В. Влияние природно-климатических факторов на эпидемиологическую ситуацию по природно-очаговым инфекциям. Инфекция и иммунитет. 2021;11(5):820-836. doi: 10.15789/2220-7619-EOT-1631.

37. Прислегина Д.А., Малецкая О.В., Дубянский В.М., Платонов А.Е. Крымская геморрагическая лихорадка в Северо-Кавказском федеральном округе: обзор эпидемиологической ситуации и совершенствование методики прогнозирования заболеваемости. Инфекция и иммунитет. 2022;12(2):357-365. DOI: <http://dx.doi.org/10.15789/2220-7619-CHF-1827>.

38. Прислегина Д.А., Малецкая О.В., Дубянский В.М., Таран Т.В., Платонов А.Е. Клещевые трансмиссивные инфекции на юге России: современная эпидемиологическая ситуация, новый подход к построению прогнозных и объясняющих моделей заболеваемости (на примере Астраханской риккетсиозной и Крымской геморрагической лихорадки). Инфекция и иммунитет. 2023;13(3):535-548. DOI: <http://dx.doi.org/10.15789/2220-7619-TBI-2036>.

39. Прислегина Д.А., Малецкая О.В., Дубянский В.М., Шапошникова Л.И., Жильцова А.Ю., Василенко Н.Ф., Антонов А.В., Куличенко А.Н. Мониторинг за комарами – переносчиками опасных арбовирусов на основе использования интернет-ресурса ZikaMap. Здоровье населения и среда обитания. 2023;31(7):75-82. <https://doi.org/10.35627/2219-5238/2023-31-7-75-82>.

40. Путинцева Е.В., Алексейчик И.О., Чеснокова С.Н., Удовиченко С.К., Бородай Н.В., Никитин Д.Н., Агаркова Е.А., Батурин А.А., Шпак И.М., Фомина В.К., Несговорова А.В., Смелянский В.П., Викторов Д.В., Топорков А.В. Результаты мониторинга возбудителя лихорадки Западного Нила в Российской Федерации в 2019 г. и прогноз развития эпидемической ситуации на 2020 г. Проблемы особо опасных инфекций. 2020;(1):51-60. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-1-51-60

41. Путинцева Е.В., Липницкий А.В., Алексеев В.В., Смелянский В.П., Антонов В.А., Мананков В.В., Погасий Н.И., Злепко А.В., Чайка А.Н., Крючкова Т.П., Савченко С.Т., Жуков К.В. Распространение лихорадки Западного Нила в мире и Российской Федерации в 2010 г. Проблемы особо опасных инфекций. 2011;(1(107)):38-41.

42. Путинцева Е.В., Удовиченко С.К., Никитин Д.Н., Бородай Н.В., Батурин А.А., Мачнева А.Ю., Антонов А.С., Зарубин Н.А., Топорков А.В. Лихорадка Западного Нила в Российской Федерации в 2022 г., прогноз заболеваемости на 2023 г. Проблемы особо опасных инфекций. 2023;(1):75-84. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2023-1-75-84>.

43. Ревич Б.А. Изменение здоровья населения России в условиях меняющегося климата. Проблемы прогнозирования. 2008; 108(3):140-150. doi: 10.1134/S1075700708030106.

44. Рославцева С.А. О современном ареале комаров *Aedes (Stegomyia) aegypti* и *Aedes (Stegomyia) albopictus* в Европе и России. Пест-менеджмент. 2019;(3):9-14. doi: 10.25732/PM.2020.111.3.002.

45. Рубцова И.Ю., Малькова И.Л. Заболеваемость клещевым энцефалитом и заклещевленность территории Удмуртии как результат воздействия природных и антропогенных факторов. Вестник Воронежского государственного университета. Серия: География. Геоэкология. 2017;(1):46-54.
46. Савицкая Т.А., Иванова А.В., Исаева Г.Ш., Решетникова И.Д., Трифонов В.А., Зиятдинов В.Б., Магеррамов Ш.В., Хусаинова Р.М., Транквилевский Д.В. Анализ эпидемиологической ситуации по геморрагической лихорадке с почечным синдромом в Российской Федерации в 2022 г. и прогноз ее развития на 2023 г. Проблемы особо опасных инфекций. 2023;(1):85-95. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2023-1-85-95>.
47. Сафронов В.А., Смоленский В.Ю., Смелянский В.П., Савченко С.Т., Раздорский А.С., Топорков В.П. Оценка динамики эпидемических проявлений лихорадки Западного Нила в Волгоградской области в зависимости от климатических условий, предшествующих началу эпидемического сезона. Вопросы вирусологии. 2014;59(6):42-46.
48. Симонова Е.Г., Сергеев В.И. Предэпидемическая диагностика в системе риск-ориентированного эпидемиологического надзора над инфекционными болезнями. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2018; 17 (5): 31–37. doi: 10.31631/2073-3046-2018-17-5-31-37.
49. Тохов Ю.М., Дегтярев Д.Ю., Дубянский В.М. Иксодовые клещи (морфология, медицинское значение, регуляция численности). Ставрополь: ИП Светличная С.Г.; 2015. 84 с.
50. Трифонова Т.А., Марцев А.А. Оценка и прогнозирование эпидемиологической обстановки по иксодовому клещевому боррелиозу во Владимирской области. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2016;(1):58-62.
51. Трухачев В.И., Тохов Ю.М., Луцук С.Н., Дылев А.А. Толоконников В.П., Дьяченко Ю.В. Распространение и экологическая характеристика иксодовых клещей рода *Hyalomma* в экосистемах Ставропольского края. Юг России: экология, развитие. 2016;11(2):59-69.
52. Федорова М.В., Швец О.Г., Патраман И.В. Медяник И.М., Отставнова А.Д., Леншин С.В., Вышемирский О.И. Завозные виды комаров на Черноморском побережье Кавказа: современные ареалы. Медицинская паразитология и паразитарные болезни. 2019;(1):47-55. doi: 10.33092/0025-8326mp2019.1.47-55.2
53. Черкасский Б.Л. Риск в эпидемиологии. Москва: Практическая медицина; 2007. 476 с.
54. Яковлев А.А. О роли глобальных и региональных факторов в развитии эпидемического процесса антропонозных инфекций. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2020;19(6):86–100. doi: 10.31631/2073-3046-2020-19-6-86-100.
55. Ямборко А.В., Третьяков К.А., Муравьева В.П. Первые находки *Ixodes persulcatus* (Acarina, Ixodidae) в Магаданской области. Зоологический журнал. 2015;94(5):499-504. doi:10.7868/S0044513415050128.
56. Ясюкевич В.В., Титкина С.Н., Попов И.О., Давидович Е.А., Ясюкевич Н.В. Климатозависимые заболевания и членистоногие переносчики: возможное влияние наблюдаемого на территории России изменения климата. Проблемы экологического мониторинга и моделирования экосистем. М.: ИГКЭ; 2013; 25:314-359.
57. Ahmed T., Hyder M.Z., Liaqat I., Scholz M. Climatic Conditions: Conventional and Nanotechnology-Based Methods for the Control of Mosquito Vectors Causing Human Health Issues. Int J Environ Res Public Health. 2019;16(17):3165. Published 2019 Aug 30. doi:10.3390/ijerph16173165.
58. Amini M., Hanafi-Bojd A.A., Asghari S., Chavshin A.R. The Potential of West Nile Virus Transmission Regarding the Environmental Factors Using Geographic Information System (GIS), West Azerbaijan Province, Iran. J Arthropod Borne Dis. 2019;13(1):27-38. Published 2019 Mar 30.
59. Ansari H., Shahbaz B., Izadi S. et al. Crimean-Congo hemorrhagic fever and its relationship with climate factors in southeast Iran: a 13-year experience. J Infect Dev Ctries. 2014;8(6):749-757. Published 2014 Jun 11. doi:10.3855/jidc.4020.

60. Cornel A.J., Jupp P.G., Blackburn N.K. Environmental temperature on the vector competence of *Culex univittatus* (Diptera: Culicidae) for West Nile virus. *J Med Entomol.* 1993;30(2):449-456. doi:10.1093/jmedent/30.2.449.
61. Daniel M., Malý M., Danielová V., Kříž B., Nuttall P. Abiotic predictors and annual seasonal dynamics of *Ixodes ricinus*, the major disease vector of Central Europe. *Parasit Vectors.* 2015;8:478. Published 2015 Sep 18. doi:10.1186/s13071-015-1092-y.
62. Epp T.Y., Waldner C.L., Berke O. Predicting geographical human risk of West Nile virus--Saskatchewan, 2003 and 2007. *Can J Public Health.* 2009;100(5):344-348. doi:10.1007/BF03405266
63. Hahn M.B., Monaghan A.J., Hayden M.H. et al. Meteorological conditions associated with increased incidence of West Nile virus disease in the United States, 2004-2012. *Am J Trop Med Hyg.* 2015;92(5):1013-1022. doi:10.4269/ajtmh.14-0737.
64. Hartley D.M., Barker C.M., Le Menach A., Niu T., Gaff H.D., Reisen W.K. Effects of temperature on emergence and seasonality of West Nile virus in California. *Am J Trop Med Hyg.* 2012;86(5):884-894. doi:10.4269/ajtmh.2012.11-0342.
65. Hauser G., Rais O., Morán Cadenas F., Gonseth Y., Bouzelboudjen M., Gern L. Influence of climatic factors on *Ixodes ricinus* nymph abundance and phenology over a long-term monthly observation in Switzerland (2000-2014). *Parasit Vectors.* 2018;11(1):289. Published 2018 May 8. doi:10.1186/s13071-018-2876-7.
66. Ippoliti C., Candeloro L., Gilbert M. et al. Defining ecological regions in Italy based on a multivariate clustering approach: A first step towards a targeted vector borne disease surveillance. *PLoS One.* 2019;14(7):e0219072. Published 2019 Jul 3. doi:10.1371/journal.pone.0219072.
67. Jiang F., Wang L., Wang S. et al. Meteorological factors affect the epidemiology of hemorrhagic fever with renal syndrome via altering the breeding and hantavirus-carrying states of rodents and mites: a 9 years' longitudinal study. *Emerg Microbes Infect.* 2017;6(11):e104. Published 2017 Nov 29. doi:10.1038/emi.2017.92.
68. Jung Kjær L., Soleng A., Edgar K.S. et al. Predicting the spatial abundance of *Ixodes ricinus* ticks in southern Scandinavia using environmental and climatic data. *Sci Rep.* 2019;9(1):18144. Published 2019 Dec 2. doi:10.1038/s41598-019-54496-1.
69. Keyel A.C., Elison Timm O., Backenson P.B. et al. Seasonal temperatures and hydrological conditions improve the prediction of West Nile virus infection rates in *Culex* mosquitoes and human case counts in New York and Connecticut. *PLoS One.* 2019;14(6):e0217854. Published 2019 Jun 3. doi:10.1371/journal.pone.0217854.
70. Kinney R.M., Huang C.Y., Whiteman M.C. et al. Avian virulence and thermostable replication of the North American strain of West Nile virus. *J Gen Virol.* 2006;87(Pt 12):3611-3622. doi:10.1099/vir.0.82299-0.
71. Kjær L.J., Soleng A., Edgar K.S. et al. Predicting and mapping human risk of exposure to *Ixodes ricinus* nymphs using climatic and environmental data, Denmark, Norway and Sweden, 2016. *Euro Surveill.* 2019;24(9):1800101. doi:10.2807/1560-7917.ES.2019.24.9.1800101.
72. Lazzarini L., Barzon L., Foglia F. et al. First autochthonous dengue outbreak in Italy, August 2020. *Euro Surveill.* 2020;25(36):2001606. doi:10.2807/1560-7917.ES.2020.25.36.2001606.
73. Li C.P., Cui Z., Li S.L. et al. Association between hemorrhagic fever with renal syndrome epidemic and climate factors in Heilongjiang Province, China. *Am J Trop Med Hyg.* 2013;89(5):1006-1012. doi:10.4269/ajtmh.12-0473.
74. Li Y., Cazelles B., Yang G. et al. Intrinsic and extrinsic drivers of transmission dynamics of hemorrhagic fever with renal syndrome caused by Seoul hantavirus. *PLoS Negl Trop Dis.* 2019;13(9):e0007757. Published 2019 Sep 23. doi:10.1371/journal.pntd.0007757.
75. Monge S., García-Ortúzar V., López Hernández B. et al. Characterization of the first autochthonous dengue outbreak in Spain (August-September 2018). *Acta Trop.* 2020;205:105402. doi:10.1016/j.actatropica.2020.105402.

76. Mostafavi E., Chinikar S., Bokaei S., Haghdooost A. Temporal modeling of Crimean-Congo hemorrhagic fever in eastern Iran. *Int J Infect Dis.* 2013;17(7):e524-e528. doi:10.1016/j.ijid.2013.01.010.
77. Mostafavi E., Haghdooost A., Irani A.D., Bokaei S., Chinikar S. Temporal modeling of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Iran. *J Med Microbiol Infect Dis.* 2014;2(1):28–34. https://www.researchgate.net/publication/264785528_Temporal_Modeling_of_CrimeanCongo_Hemorrhagic_Fever_in_Iran (дата обращения 14.08.2025).
78. Paz S., Malkinson D., Green M.S. et al. Permissive summer temperatures of the 2010 European West Nile fever upsurge. *PLoS One.* 2013;8(2):e56398. doi:10.1371/journal.pone.0056398
79. Platonov A.E., Fedorova M.V., Karan L.S., Shopenskaya T.A., Platonova O.V., Zhuravlev V.I. Epidemiology of West Nile infection in Volgograd, Russia, in relation to climate change and mosquito (Diptera: Culicidae) bionomics. *Parasitol Res.* 2008;103 Suppl 1:S45-S53. doi:10.1007/s00436-008-1050-0.
80. Platonov A.E., Tolpin V.A., Gridneva K.A. et al. The incidence of West Nile disease in Russia in relation to climatic and environmental factors. *Int J Environ Res Public Health.* 2014;11(2):1211-1232. Published 2014 Jan 23. doi:10.3390/ijerph110201211.
81. Reisen W.K., Fang Y., Martinez V.M. Effects of temperature on the transmission of west nile virus by *Culex tarsalis* (Diptera: Culicidae). *J Med Entomol.* 2006;43(2):309-317. doi:10.1603/0022-2585(2006)043[0309:EOTOTT] 2.0.CO;2.
82. Ruiz M.O., Chaves L.F., Hamer G.L. et al. Local impact of temperature and precipitation on West Nile virus infection in *Culex* species mosquitoes in northeast Illinois, USA. *Parasit Vectors.* 2010;3(1):19. Published 2010 Mar 19. doi:10.1186/1756-3305-3-19.
83. Shaman J., Day J.F., Stieglitz M. Drought-induced amplification and epidemic transmission of West Nile virus in southern Florida. *J Med Entomol.* 2005;42(2):134-141. doi:10.1093/jmedent/42.2.134.
84. Stilianakis N.I., Syrris V., Petrosiagkis T. et al. Identification of Climatic Factors Affecting the Epidemiology of Human West Nile Virus Infections in Northern Greece. *PLoS One.* 2016;11(9):e0161510. Published 2016 Sep 15. doi:10.1371/journal.pone.0161510.
85. Tian H.Y., Yu P.B., Luis A.D. et al. Changes in rodent abundance and weather conditions potentially drive hemorrhagic fever with renal syndrome outbreaks in Xi'an, China, 2005-2012. *PLoS Negl Trop Dis.* 2015;9(3):e0003530. Published 2015 Mar 30. doi:10.1371/journal.pntd.0003530.
86. Xiao H., Huang R., Gao L.D. et al. Effects of Humidity Variation on the Hantavirus Infection and Hemorrhagic Fever with Renal Syndrome Occurrence in Subtropical China. *Am J Trop Med Hyg.* 2016;94(2):420-427. doi:10.4269/ajtmh.15-0486.
87. Yigit G.K. An example of tick-Crimean Congo hemorrhagic fever (CCHF) in Eflani district, Karabuk, Turkey. *Scientific Research and Essays.* 2011;6(11):2395–402. <https://doi.org/10.5897/SRE11.574>.
88. Zhao Q., Yang X., Liu H. et al. Effects of climate factors on hemorrhagic fever with renal syndrome in Changchun, 2013 to 2017. *Medicine (Baltimore).* 2019;98(9):e14640. doi:10.1097/MD.00000000000014640.

5.2. Современные факторы, влияющие на иммунитет и восприимчивость к инфекциям

5.2.1. Окружающая среда и состояние иммунитета

Доказано, что ухудшение экологических условий – одна из причин глобальной проблемы ослабления иммунной системы у людей. Подтверждением такого вывода является большая частота болезней, связанных с пониженной сопротивляемостью организма инфекциям, среди населения промышленных районов по сравнению с регионами, имеющими благоприятную санитарно-гигиеническую обстановку [1, 2]. Научно-технический прогресс, достижения медицины, к сожалению, не привели к снижению инфекционных и неинфекционных болезней среди населения планеты, в том числе и в детском возрасте. Напротив, растет число онкологических, сердечно-сосудистых, респираторных, эндокринных заболеваний, нервно-психических расстройств [3]. В настоящее время отмечается снижение коллективной резистентности населения планеты в результате неблагоприятного воздействия на организм человека экологических (загрязнение атмосферы и окружающей среды) [4-8], медицинских (неоправданное применение некоторых лекарственных средств) и социальных факторов (недостаточное и неполноценное питание, употребление наркотиков и алкоголя, усиление стрессорных воздействий и др.) [9]. Все вышеуказанные факторы оказывают отрицательное влияние на иммунную систему, провоцируя развитие различных форм иммунологических нарушений и состояний иммунодефицита [10, 11]. Основная задача иммунной системы – поддержание общего здоровья путем защиты организма от внешних воздействий патогенных микроорганизмов (бактерий, вирусов). В условиях интенсивного технологического влияния и ухудшения экологии именно иммунная, нервная и эндокринная системы играют ключевую роль в поддержании гомеостаза организма, определяя уровень адаптации и общее самочувствие [2, 12, 13, 14].

В Государственном докладе «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2022 году» [15] показано, что основными факторами, определяющими уровень нагрузки и формирующими состояние здоровья населения в 2022 году, является комплексная химическая нагрузка (химическое загрязнение продуктов питания, питьевой воды, атмосферного воздуха и почвы), воздействию которой подвержено население численностью 74,2 млн человек в 41 субъекте Российской Федерации, что составляет более 50,7 % [15].

«Субъекты Российской Федерации с наибольшим уровнем влияния комплекса санитарно-гигиенических факторов (химические, биологические, физические) на состояние здоровья населения в 2022 году: Республика Карелия, Архангельская область, Приморский край, Республика Коми, Новгородская

область, Краснодарский край, Республика Дагестан, Оренбургская область, Пермский край, Курганская область, Хабаровский край» [15].

«Субъекты Российской Федерации с наименьшим относительным влиянием санитарно-гигиенических факторов на состояние здоровья населения: Республика Адыгея, Астраханская область, Республика Марий Эл, Камчатский край, Орловская область, Кабардино-Балкарская Республика, Ставропольский край, Республика Алтай, Сахалинская область, Алтайский край» [15].

Анализ качества атмосферного воздуха в населённых пунктах Российской Федерации за период с 2013 по 2022 годы выявил значительное количество проб, превышающих допустимые нормы содержания ароматических углеводородов [15]. Согласно данным Государственного доклада [15], в десяти регионах Российской Федерации: Архангельской, Белгородской, Вологодской, Ленинградской, Ростовской, Новосибирской областях, республиках Дагестан, Калмыкия, Коми и Ханты-Мансийском автономном округе – Югра зафиксировано низкое качество питьевой воды по химическому составу.

В последнее время актуальны исследования, посвящённые изучению воздействия разных факторов на функционирование иммунной системы человека. Восприимчивость – способность реагировать на попадание в организм возбудителей инфекций с последующим развитием болезни или носительства. Негативные изменения в регуляции иммунной системы делают организм восприимчивым к различным инфекциям.

Популяция людей неоднородна по устойчивости и восприимчивости к микробным патогенам. Источник инфекции, механизм передачи возбудителей инфекционных болезней, восприимчивость населения – звенья эпидемиологического процесса. Отсутствие любого из звеньев ведет к разрыву цепи эпидемического процесса и прекращению дальнейшего распространения соответствующих заболеваний [16].

Таким образом, иммунный статус может изменяться под воздействием различных факторов, которые можно разделить на 4 группы:

- 1) климатические условия – температурный режим, продолжительность светового дня, степень влажности, особенности горных территорий, интенсивность освещения, природный радиационный фон;
- 2) химическое загрязнение – избыточное содержание тяжелых металлов, органических веществ, синтетических красителей, агрохимикатов;
- 3) физические явления – воздействие радиации, электромагнитных полей, света;
- 4) биологические факторы – распространение инфекционных заболеваний, наличие растительных аллергенов.

Основной итог отрицательного влияния данных факторов на человеческий организм заключается непосредственно в степени выраженности их воздействия (количестве полученной дозы).

В таблице 8 представлены ключевые факторы, способные влиять на организм человека.

Таблица 8 – Факторы, негативно влияющие на иммунную систему и здоровье человека

№ п/п	Группы	Факторы
1	Климатические	температурный режим, продолжительность светового дня, степень влажности, особенности горных территорий, интенсивность освещения, природный радиационный фон
2	Химические	избыточное содержание тяжелых металлов, органических веществ, синтетических красителей, агрохимикатов
3	Физические	воздействие радиации, электромагнитных полей, света
4	Биологические	распространение инфекционных заболеваний (микробный фактор), наличие растительных аллергенов

5.2.2. Влияние физических факторов на иммунную систему

Ионизирующее излучение является постоянным компонентом окружающей среды, присутствующим на всех этапах биологического развития. Каждая составляющая биосферы – бактерии, флора, фауна и человек – непрерывно подвергается воздействию природного (естественного) радиоактивного фона. Тем не менее, существуют обстоятельства, при которых уровень естественной радиации способен возрасти многократно – вплоть до тысячекратного увеличения [18]. Резкий рост уровня радиации в земной атмосфере, вызванный испытаниями атомного вооружения, авариями на объектах ядерной энергетики, развитием промышленности, а также потребность в создании высокоэффективных мер защиты населения, работников от радиационного воздействия превратили данную проблему в глобальную, придав ей международное значение и социальную значимость [18].

Нарушение функций иммунной системы под действием ионизирующего излучения обусловлено несколькими ключевыми факторами:

- снижением активности и числа клеток костного мозга, разрушением тканей лимфатической системы и нарушением защитных механизмов лимфатических барьеров;
- ослаблением естественных защитных сил организма (сопротивляемости) против инфекций;
- угнетением процесса фагоцитоза и уменьшением антимикробной активности компонентов крови;
- повреждением лимфоидной ткани, приводящим к замедлению выработки антител и понижению устойчивости организма к инфекционным агентам [18].

Иммунная реакция организма на воздействие радиации обусловлена дозировкой, продолжительностью, мощностью и типом излучения [19, 20, 21, 22]. При этом различные типы иммунных клеток обладают разной чувствительностью к радиации. Например, дендритные клетки погибают при облу-

чении дозой в диапазоне 2-4 Грей (Гр). Наиболее восприимчивы к действию радиации такие клетки иммунной системы, как Т-лимфоциты (хелперы и супрессоры), В-лимфоциты и тимоциты, формирующиеся в вилочковой железе. Эти клетки гибнут при облучении дозами порядка нескольких десятых долей Гр, причем установлено, что В-лимфоциты более чувствительны к радиации, чем Т-лимфоциты. Отдельные клетки иммунной системы устойчивы к радиационному воздействию. Так, например, Т-клетки памяти продолжают функционировать даже после облучения в дозах 6-10 Гр. Облучение оказывает значительное влияние на иммуннокомпетентные клетки лимфоидной ткани, вызывая изменения их функциональной активности, потерю рецепторных структур для связи с антигенами, расстройства механизмов распознавания, дисбаланс среди различных субпопуляций Т-хелперов (Th1 и Th2), подавление синтеза иммуноглобулинов плазматическими клетками, активацию выработки аутоантител и формирование специфических для отдельных органов аутоиммунных патологий [19, 20, 23]. Под воздействием ионизирующего излучения организм становится более восприимчивым к патогенным и условно-патогенным микроорганизмам. При получении высоких доз радиации уже в первые два дня резко тормозится образование антител, такая блокировка сохраняется минимум неделю. Полноценное возобновление продукции иммуноглобулинов фиксируется лишь приблизительно через 40-50 дней после радиационного воздействия [20, 24].

В исследовании Сенниковой Ю.А. с соавт. [25] проанализированы отдаленные эффекты слабого радиационного воздействия на иммунную систему. Проводилась оценка иммунного статуса у жителей Угловского района Алтайского края. Отмечено повышение частоты встречаемости инфекционно-аллергических, аутоиммунных, онкогематологических заболеваний. Выявлены изменения в функционировании иммунной системы, проявляющиеся снижением количества лимфоцитов крови, повышением концентрации в сыворотке крови интерлейкинов ИЛ-1, ИЛ-2, ИЛ-4, ИЛ-6, ИЛ-10, ФНО- α , ИНФ- γ . У лиц, подвергшихся влиянию ионизирующего излучения, формируются иммунопатологические синдромы [25].

Установлено, что пациенты, прошедшие лучевую терапию, могут столкнуться с негативными последствиями для своей иммунной системы. Негативные эффекты, спровоцированные высокими дозами облучения, развиваются быстрее, чем вызванные низкими дозами. Некоторые лимфоциты могут погибнуть в течение двух суток после облучения высокими дозами, что делает организм уязвимым для различных инфекционных заболеваний [26]. Было показано, что нарушение иммунных реакций и активизация аутоиммунных процессов происходят вследствие уменьшения размеров и дисфункции лимфатических узлов [27]. Важно подчеркнуть, что степень тяжести повреждений, вызванных радиацией, зависит от темпов деления и чувствительности клеток к облучению [28]. Повышенная восприимчивость клеток к радиационному по-

ражению и сбой в запуске адаптивной реакции являются показателями нестабильного состояния генома [29, 30]. Анализ изменения численности клеток с микроядрами в красном костном мозге относительно дозы облучения служит критерием оценки радиационного повреждения стволовых клеток крови [31].

В исследовании Смирновой С.Г. с соавторами [32] отмечено, что контингент ликвидаторов последствий аварии на Чернобыльской атомной электростанции (ЧАЭС) служит удобной моделью для изучения явлений соматического мутагенеза спустя длительное время после радиационного воздействия [32]. У исследуемых лиц обнаружено учащение случаев хромосомных аномалий в лимфоцитах периферической крови [33]. Было установлено, что уже через 1-3 года у ликвидаторов последствий аварии подтвержденный диагноз злокачественные новообразования сочетался с количественными изменениями иммунного статуса. Отмечалось уменьшение доли CD3+ и CD4+ Т-лимфоцитов, В-лимфоцитов, регуляторный индекс CD4+/CD8+. Одновременно увеличивалась абсолютная концентрация CD8+ Т-лимфоцитов, а также наблюдалась повышенная доля CD3/16/56+ NKT-клеток (естественных киллеров) над CD16/56+ NK клетками, а также повышение активности фагоцитов [33, 34].

Онищенко Г.Г. с соавт. (2021) [35] отмечено, что ограничение потребления пищевых продуктов с высоким содержанием радионуклидов является основной мерой снижения внутреннего облучения населения территорий, подвергшихся радиоактивному загрязнению. После аварии на Чернобыльской АЭС в Белоруссии, Украине, в Брянской, Калужской, Орловской и Тульской областях Российской Федерации отмечается значительный рост заболеваемости раком щитовидной железы среди лиц, бывших детьми или подростками в период облучения.

Значительная часть населения подвергается комбинированному воздействию нескольких физических факторов (воздействию электромагнитного, ультрафиолетового и ионизирующего излучения в малых дозах). Показано, что под влиянием электромагнитного излучения возникают нарушения в формировании иммунитета, чаще всего проявляющиеся его подавлением. Так, например, у животных, подвергшихся воздействию электромагнитных волн, усугубляется течение инфекции. Интенсивные электромагнитные поля влияют угнетающе на Т-систему клеточного иммунитета, повышают выработку адреналина, ускоряют свёртываемость крови и снижают активность гипофизарного отдела головного мозга [36].

Таким образом, под воздействием радиации ослабевает сопротивляемость организма к инфекциям. Естественный защитный механизм организма восстанавливается после радиационного облучения в сублетальных дозах не раньше, чем через месяц. Усиление восприимчивости организма после облучения связано, прежде всего, с уменьшением его естественной устойчивости к инфекционным агентам.

5.2.3. Химические факторы, воздействующие на иммунитет

Воздействие ксенобиотиков на человеческий организм преимущественно проявляется активацией иммунитета и усилением активности лимфатической системы, поэтому исследование состояния иммунной системы у населения зон с высоким уровнем «химической» нагрузки представляет особую значимость [37, 38, 39, 40]. Известно, что многие ксенобиотики негативно влияют на иммунитет [38, 41]. Попадание токсичных веществ из внешней среды способно привести к поражению иммунной системы и развитию вторичного иммунодефицита [38]. Особенно чувствительна к подобным воздействиям иммунная система у детей ввиду своей физиологической незрелости, что увеличивает риск развития иммунодефицитов среди детей, проживающих в регионах с высокой техногенной нагрузкой [38]. В последнее время возрастает интерес исследователей к изучению комплексного влияния факторов климатического и антропогенного воздействия на защитные механизмы и общую устойчивость организма. В исследованиях специалистов из Университета Кейптауна (ЮАР), Швейцарского института изучения аллергии и астмы, Стэнфорда (США) и Каролинского института (Швеция) продемонстрировало, что у детей, проживающих в сельских районах, иммунная система функционирует эффективнее по сравнению с детьми, проживающими в городских условиях [48].

Установлено, что комплексное действие химических веществ (ртути, свинца, кадмия, меди и цинка) оказывает, как правило, более выраженное действие, чем каждого металла в отдельности [42].

Металлы, проникая в кровоток и межклеточную жидкость, распространяются по различным органам и тканям организма, оказывая наибольшее влияние на структуры, отличающиеся минимальной чувствительностью к их действию. Такими особо уязвимыми органами являются компоненты иммунной и нейроэндокринной систем [43, 44].

Большинство тяжёлых металлов (например ртуть, свинец, кадмий, кобальт, титан, таллий, вольфрам), диоксины, полихлорированные и полициклические углеводороды оказывают отрицательное влияние на иммунную систему [43, 44]. Химические соединения способны угнетать разные уровни иммунной защиты: бензопирены тормозят синтез цитокинов, оксиды азота и сернистый газ ослабляют защиту слизистых оболочек, тяжёлые металлы, хлорированные циклические диоксиды оказывают угнетающее влияние на вилочковую железу; полициклические ароматические углеводороды приводят к выраженному снижению иммунитета [43, 44]. Ксенобиотики могут прямо и опосредованно воздействовать на клетки-мишени, повреждая местную защитную систему организма, что приводит к возникновению мутаций в генах иммунных клеток. Иммунная система может реагировать на ксенобиотики формированием специфического ответа, проявляющегося процессами гиперчувствительности, возникновением аутоиммунных и пролиферативных реакций [43, 44]. Установ-

лено, что под влиянием диоксинов и некоторых тяжёлых металлов уменьшается фагоцитоз лейкоцитов, замедляется деление и созревание клеток тимуса. [45]. У детей, проживающих в районах с высоким уровнем антропогенного загрязнения, значительно повышен уровень заболеваемости патологиями иммунной системы и аллергиями различного характера [46].

Таким образом, во многих исследованиях убедительно продемонстрировано, что иммунная система восприимчива к воздействию различных химических факторов окружающей среды (ксенобиотиков, пестицидов, органических соединений и металлов), что ведёт к снижению эффективности защитных реакций организма.

5.2.4. Социальные факторы, влияющие на иммунитет

Стрессовые нагрузки

В последние годы высокая информационная нагрузка и интенсификация социальных процессов, военные конфликты, нестабильная политическая и экономическая ситуация, миграция населения и др. приводят к развитию неустойчивости психоэмоционального состояния человека.

Резкий всплеск нервных и психических расстройств в сложных социально-экономических обстоятельствах выступает наиболее типичной формой реакции на психоэмоциональный стресс, проявляющийся различными психосоматическими нарушениями [53].

В Российской Федерации в лаборатории экономико-социологических исследований Национального исследовательского университета Высшей школы экономики (НИУ ВШЭ) был проведён анализ уровня психологического здоровья россиян. В рамках исследования в 2024 году было опрошено 8298 человек старше 18 лет. Около 47 % человек указали, что в течение года испытывали депрессию и эмоциональную нестабильность. Во всей выборке опрошенных проведена градация по уровням (слабый, умеренный и сильный) влияния стресса на организм. У 44,4 % участников выявлен слабый уровень стресса; у 39,1 % – умеренный, а 16,4 % сильный. Склонность к стрессу в 1,5 раза выше у женщин, чем у мужчин, особенно в возрастном диапазоне до 35 лет и составляет от 23,3 % до 28,5 %; в диапазоне 36-55 лет – от 14,3 % до 24,6 %; в возрасте от 56 лет и старше стресс испытывают от 6,5 % до 12,7 % опрошенных [54].

Обилие плохих новостей и неспособность от них «оторваться», неопределённость развития ситуаций оказывают негативное воздействие на организм и в целом способствуют психологическому неблагополучию населения.

Стресс представляет собой патологический процесс, включающий формирование универсальных защитно-приспособительных и патологических реакций организма, возникающих вследствие стрессорных факторов, приводящих к изменениям внутренней среды организма (гомеостаза) [54].

Основная роль в адаптационных реакциях организма при стрессе принадлежит нейроиммуноэндокринной системе [55, 56, 57, 58, 59]. Между иммунокомпетентной системой и гипоталамо-гипофизарно-надпочечниковой системой и симпатической нервной системой имеются многосторонние связи. Продолжительное повышение уровня катехоламинов (адреналин и норадреналин) приводит к изменениям функционирования клеток иммунной системы: нарушению активации Т-лимфоцитов, снижению числа Т-цитотоксических клеток, увеличению количества Т-хелперных-клеток, увеличению доли естественных киллерных лимфоцитов; изменению синтеза антител классов IgA, IgG, IgM, интерлейкина-6, уменьшению секреции фактора некроза опухоли альфа (ФНО- α) [60, 61]. При стрессовой ситуации в крови повышается уровень кортизола, интерлейкинов 1, 6 и 10 [55].

Острый стресс сопровождается повышением интенсивности иммунных реакций, приводящий к высвобождению в кровотоке дополнительного пула естественных Т-цитотоксических клеток (CD8+) и киллеров (CD3+/CD56+ и CD3-/CD56+), при этом снижается число Th-лимфоцитов (CD4+) [62].

При хроническом стрессе количество цитотоксических Т-клеток (CD8+) и ЕК-клеток (CD3-/CD56+) увеличивается, однако их пролиферативная способность снижается [63]. При хроническом стрессе преобладают супрессивные ответы на клеточные механизмы иммунитета [58].

Под влиянием хронического стресса развиваются соматические болезни, непосредственно зависящие от состояния иммунной системы [64, 65]. Реакции иммунитета на стресс определяется интенсивностью и продолжительностью воздействия: кратковременный стресс стимулирует иммунную активность, тогда как длительный хронический стресс снижает эффективность иммунной защиты, приводя к возникновению нарушений в функционировании иммунной системы [66].

Начальные изменения при развитии стресс-реакции включают снижение числа лимфоцитов в крови, усиленный выход лимфоцитов из тимуса и селезёнки, активизацию процессов гранулоцитопоза и В-лимфопоза в костном мозге. Сокращение количества лимфоцитов в крови сопровождается иммуносупрессивным эффектом, который взаимосвязан с содержанием стероидных гормонов в крови [67]. Колебания уровня кортикостероидов ведут к уменьшению числа Th2-лимфоцитов и активации Th1-лимфоцитов, что повышает вероятность формирования аутоиммунных патологий [64, 67]. Влияние хронического стресса может привести к постоянному сниженному значению в сыворотке крови IgA, что повышает восприимчивость к возможному развитию острых респираторных вирусных инфекций.

Таким образом, в результате стрессорного воздействия на организм нарушается функционирование иммунной системы, что приводит к снижению сопротивляемости организма инфекциям.

Злоупотребление алкоголем и табакокурение

Иммунная система, подобно другим органам и системам организма подвергается негативному влиянию алкоголя [68].

Спиртосодержащие вещества и их производные воздействуют на различные компоненты иммунной системы. Согласно концепции, предложенной в работе Ульяновой Л.И. (2013 г.) [68], нарушения в функционировании иммунной системы при алкогольном отравлении являются причиной развития поражений органов, что в целом влияет на общее состояние организма.

При остром алкогольном опьянении как у относительно здоровых людей, так и при хронической интоксикации у зависимых от алкоголя пациентов возникают функциональные нарушения в количественном составе лимфоцитов. В крови понижается уровень CD4+-лимфоцитов, нарушается соотношение иммунорегуляторного индекса (CD4+/CD8+-лимфоцитов) на фоне незначительного повышения уровня CD8+ Т-лимфоцитов. Эти изменения приводят к дисбалансу иммунной системы и служат одним из факторов формирования преходящего иммунодефицитного состояния [68]. Дефицит Т-клеток, являющихся частью адаптивного (специфического) иммунитета, резко увеличивает восприимчивость к инфицированию вирусами, грибами, паразитами и внутриклеточными бактериями [68, 69].

Алкоголь оказывает влияние и на факторы естественной резистентности, в частности снижается фагоцитарная активность лейкоцитов, усиливается их кислород-зависимая активность, приводящая к образованию свободных радикалов, которые повреждают клетки и ткани организма. Ослабленная способность фагоцитов приводит к снижению общей устойчивости организма и служит одной из причин развития инфекционных заболеваний [68].

Острая алкогольная интоксикация существенно ухудшает и показатели гуморальной звена иммунитета: снижается концентрация антител классов IgM и IgG, что предрасполагает к повышенному риску инфекционных заболеваний, увеличивается концентрация антител класса IgE, что повышает вероятность развития аллергии. [68].

Таким образом, регулярное употребление больших доз алкоголя губительно действует на функционирование иммунной системы организма, затрагивая как естественный (врожденный), так и приобретенный (адаптивный) иммунитет, что приводит к общему снижению иммунного статуса организма и повышает риск развития различных заболеваний.

Многочисленные научные данные подтверждают отрицательное воздействие и табакокурения на иммунитет организма, приводящее к снижению врожденного иммунитета, что проявляется повышением уровня общего количества лейкоцитов, уменьшением активности фагоцитоза и натуральных киллерных клеток (НК-клеток). Под влиянием никотина снижается выработка провоспалительных цитокинов и экспрессия ко-стимулирующих молекул, что нарушает взаимодействие между антигенпрезентирующими клетками и Т-лимфоцитами. Дисфункция адаптивного иммунитета проявляется слабым

ответом как клеточного, так и гуморального звеньев, что приводит к медленно прогрессирующему течению хронической обструктивной болезни легких, обусловленной курением (без наличия острой инфекции). После отказа от курения наблюдается постепенное снижение концентрации лейкоцитов, дисбаланс числа лимфоцитов (Т-хелперы/супрессоры) [70, 71, 72, 73, 74, 75].

Вовлечение адаптивной иммунной защиты проявляется синтезом цитокинов активированными CD8+ Т-лимфоцитами, которые приводят к развитию воспалительных процессов в бронхах [76]. У курящих людей отмечено повышение количества CD8+ лимфоцитов и одновременное сокращение CD4+ клеток в слизистой оболочке бронхов [77]. Иммунитет курящего человека недостаточно эффективно борется с инфекцией [70]. Табакокурение увеличивает число нейтрофилов, но при этом угнетает их защитную функцию и способность захватывать микроорганизмы посредством понижения синтеза супероксидов [76, 77]. Все это снижает резистентность к инфекции у курильщиков.

Таким образом, табачный дым оказывает системное воздействие на иммунную систему, повышая риск возникновения бактериальных, грибковых и вирусных инфекций.

Заключение

XXI век характеризуется высоким уровнем воздействия различных негативных факторов окружающей среды на здоровье человека. Комплекс физических, химических и социальных факторов оказывает значительное влияние на иммунную систему человека, приводя к снижению её защитных функций и повышению риска развития заболеваний.

Физические факторы включают загрязнение воздуха, воды и почвы токсичными веществами, радиацию, шумовое и электромагнитное излучение. Химическое воздействие связано с широким использованием синтетических материалов, химикатов и лекарственных препаратов, многие из которых обладают канцерогенными свойствами. Социальные аспекты – стресс, неправильное питание, гиподинамия, вредные привычки также играют существенную роль в ослаблении иммунитета.

Иммунная система – это сложная многоуровневая структура, обладающая высокой чувствительностью к влиянию отрицательных внешних воздействий. Сегодня именно нарушение её регуляторных функций становится ключевой причиной увеличения числа инфекционных заболеваний.

Особенно восприимчива к различным воздействиям иммунная система детей ввиду недостаточной зрелости организма, что повышает вероятность развития иммунодефицитов, особенно среди лиц, проживающих в регионах с высоким уровнем техногенного загрязнения [78]. Воздействие техногенной нагрузки вызывает снижение адаптационных возможностей организма, уменьшение сопротивляемости инфекционным болезням.

Окружающая внешняя среда представляет собой большую совокупность действующих на организм человека факторов, определяющих состояние его специфической и неспецифической реактивности, общего адаптационного ответа. Заболевание возникает тогда, когда нарушается его равновесие с факторами окружающей среды. Вследствие мультифакториального внешнего воздействия на организм развивается патологическая реактивность, характеризующаяся общим снижением компенсаторно-приспособительных возможностей организма [79]. Климатические факторы также воздействуют на иммунную систему. Изменение климата считается потенциальной угрозой для глобального здравоохранения. Выбросы парниковых газов, изменения температуры, частые и интенсивные волны жары и холода, изменение режима выпадения осадков, загрязнение воздуха – эти экстремальные погодные явления оказывают прямое и косвенное воздействие на иммунную систему, что проявляется отклонениями иммунологических параметров гомеостаза [47].

Глобальное изменение климата и экстремальные погодные явления связаны с эпигенетическими модификациями в иммунных клетках, что приводит к возможному повышению риска и распространенности аллергий и аутоиммунных заболеваний [49, 50]. Рост температурных показателей в последние годы провоцирует ускорение начала цветения растений, увеличивая количество выбрасываемой пыльцы в атмосферу, что создаёт условия для усиления симптомов аллергических заболеваний и приводит к иммунологической перестройке [51, 52]. Частые аномальные колебания климата влияют на здоровье человека, и увеличивают уязвимость организма к инфекциям. Формирование метеозависимых реакций проходит три этапа: начальный этап характеризуется приспособленностью организма к действию атмосферных физических факторов; промежуточный этап проявляется повышенной восприимчивостью к климатическим колебаниям, сопровождающимися нарушениями в работе иммунной системы; конечный этап (дезадаптация) – потеря устойчивости к погодным условиям, приводящая у относительно здоровых людей к развитию функциональных нарушений, а у страдающих хроническими болезнями к появлению выраженных клинических симптомов и рецидивов [80].

Таким образом, иммунная система осуществляет функцию постоянного скрининга внешних факторов для защиты и обеспечения жизнедеятельности человека. При комплексном продолжительном воздействии неблагоприятных факторов окружающей среды развиваются нарушения иммунитета, развитие иммунодефицитов, аутоиммунных и инфекционных болезней.

Современная эпоха ставит перед человечеством серьёзные задачи, решение которых требует комплексного подхода, включающего улучшение экологической обстановки, повышение уровня медицинской профилактики, направленной на раннее выявление и снижение всех рисков развития заболеваний.

Список литературы

1. Зайцева Н.В. Иммунная и нейроэндокринная регуляция в условиях воздействия химических факторов различного генеза: монография / Н.В. Зайцева, Д.В. Ланин, В.А. Черешнев. – Пермь: Изд-во Перм. Нац. Исслед. Политехн. Ун-та, 2016. – 236 с.
2. Черешнев В.А. Экология, иммунитет, здоровье [Электронный ресурс] // Известия Уральского государственного университета. – 2000. – № 16. – URL: <http://proceedings.usu.ru> (дата обращения: 19.07.2023).
3. Дыбунова Е.Л. Влияние экологических факторов на аллергическую заболеваемость детского населения Российской Федерации: дис... канд. Биол.наук: 14.00.36, 03.00.16 / Дыбунова Елена Леонидовна. – Москва, 2008. – 209 с.
4. Онищенко Г.Г., Зайцева Н.В., Землянова М.А. Гигиеническая индикация последствий для здоровья при внешнесредовой экспозиции химических элементов. – Пермь: Книжный формат. – 2011. – 532 с.
5. Gore A.C. Environmental toxicant effects on neuroendocrine function / A.C. Gore // Endocrine. – 2001. – Vol. 14. – P. 235-246.
6. Mishra K.P. Lead exposure and its impact on immune system: A review / K.P. Mishra // Toxicology in Vitro. 2009. – Vol. 23(6). – P. 969-972.
7. Масюк В.С. Состояние иммунной системы у детей в районе экологического неблагополучия / В.С. Масюк // Росс. Педиатр. Ж. – 2003. – №4. – С. 52-54.
8. Ревич Б.А. Загрязнение окружающей среды и здоровье населения: введение в экологическую эпидемиологию. – М.: Изд-во МНЭПУ, 2001. – 358 с.
9. Фарносова С.В. Гигиеническая оценка совместного воздействия техногенных и социальных факторов на формирование и течение бронхиальной астмы у детей : на примере депрессивных угледобывающих территорий Пермского края: автореф. Дис. ... канд. Мед. наук:14.00.07/ Фарносова Светлана Викторовна. – Пермь, 2008. – 24 с.
10. Дианова Д.Г. Параметры клеточного звена иммунной системы детей, проживающих на техногенно-нагруженных территориях / Д.Г. Дианова, Н.В. Зайцева, Д.В. Ланин // Вестник уральской медицинской академической науки. – 2011. – №2. Т. 2(35). – С.83.
11. Землянова М.А. Гигиеническая оценка воздействия техногенных химических факторов среды обитания на развитие донозологических изменений иммунной и антиоксидантной систем у детей / М.А. Землянова, В.Н. Звездин, Ю.В. Городнова, Т.С. Лыхина // Здоровье населения и среда обитания. – 2010. – №3. – С.21-25.
12. Dorshkind E. The roles of prolactin, growth hormone, insulin-like growth factor-I, and thyroid hormones in lymphocyte development and function: insights from genetic models of hormone and hormone receptor deficiency / E. Dorshkind, N.D. Horseman // Endocrine Rev., 2000. – Vol. 21. – P. 292-312.
13. Webster J.I. Neuroendocrine regulation of immunity / J.I. Webster, L. Tonelli, E.M. Sternbergx // Annu. Rev. Immunol. – 2002. – Vol. 20. – P. 125-163.
14. Полетаев А.Б. Морозов С.Г., Ковалев И.Е. Регуляторная метасистема (иммунонейроэндокринная регуляция гомеостаза). – М.: Медицина, 2002. – 166 с.
15. Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2022 году» [Электронный ресурс]. – URL: http://rospotrebнадзор.ru/documents/details.php?ELEMENT_ID=25076 (дата обращения: 19.07.2023).
16. Алексеенко С.Н., Дробот Е.В. Профилактика заболеваний / С.Н. Алексеенко, Е.В. Дробот. – Изд. Дом Акад. Естествознания – Москва, 2015. – 449 с.
17. Потапнев М.П. Молекулярные аспекты распознавания в иммунном и воспалительном ответе / М.П. Потапнев // Здравоохранение, 2014. – № 5. – С. 18-27.

18. Таирбеков М.Г., Петров В.М. Медико-биологические эффекты ионизирующих излучений. – М.: МИФИ, 2005. – 106 с.
19. Лебедев С.М., Федорова И.В. Некоторые аспекты иммунопрофилактики военнослужащих в условиях радиационного воздействия / С.М. Лебедев, И.В. Федорова // Военная медицина. 2020. – № 1. – С. 89-94.
20. Узбекиев Д.Е. Влияние радиационного излучения на иммунную систему (обзор литературы) / Д.Е. Узбекиев [и др.] // Международный журнал прикладных и фундаментальных исследований. – 2016. – № 8. – С. 538-541.
21. Александров Ю.А. Основы радиационной экологии. – Йошкар-Ола: Мар. Гос. Ун-т, 2007. – 268 с.
22. Kusunoki Y. Long-lasting alterations of the immune system by ionizing radiation exposure: Implications for disease development among atomic bomb survivors / Y. Kusunoki, T. Hayashi // International Journal of Radiation Biology. – 2008. – P. 1-14.
23. Park H.R. Factors effecting the Th2-like immune response after gamma-irradiation: low production of IL-12 heterodimer in antigen-presenting cells and small expression of the IL12 receptor in T cells / H. R. Park [et al.] // International Journal of Radiation Biology. – 2005. – P. 31-221.
24. Reuben J.M. The effect of low dose gamma irradiation on the differentiation and maturation of monocyte derived dendritic cells / J.M. Reuben // Physiol. – 2004. – P. 39-42.
25. Сенникова Ю.А. Отдаленные последствия влияния малых доз радиации на иммунную систему человека / Ю.А. Сенникова, Л.В. Гришина, Е.Л. Гельфгат, Н.Ю. Соловьева и др. // Бюллетень СО РАМН. 2005. – №2 (116). – С. 59-64.
26. Denise S. Radiation Therapy Side Effects on the Immune System (19.10.2015), available at: www.livestrong.com/article/263543-radiation-therapys.
27. Tolstykh E.I. Reconstruction of long-lived radionuclide intakes for Techa riverside residents: 137Cs / E.I. Tolstykh, M.O. Degteva, L.M. Peremyslova, [et al.] // Health Phys. – 2013. – Vol. 104, № 5. – P. 481-98.
28. Слюсарева О.А. Доза-эффекты однократного – облучения и состояние гомеостаза слизистой оболочки тощей кишки в динамике пролонгированности сроков наблюдения / О.А. Слюсарева, З.А. Воронцова // Вестник новых медицинских технологий. – 2010. – Т. XVII, № 2. – С. 39-41.
29. Засухина Г.Д. Адаптивный ответ – общебиологическая закономерность: факты, гипотезы, вопросы / Г.Д. Засухина // Радиационная биология. Радиоэкология. – 2008. – Т. 48. – № 4. – С. 464-473.
30. Ингель Ф.И. Перспективы использования микроядерного теста на лимфоцитах крови человека, культивируемых в условиях цитокинетического блока / Ф.И. Ингель // Экологическая генетика. – 2006. – Т. 4. – №3. – С. 7-19.
31. Steinert M. Delayed effects of accidental cutaneous radiation exposure: fifteen years follow-up after the Chernobyl accident / M. Steinert // Acad. Dermatol. – 2003. – Vol. 49, № 3. – P. 417-423.
32. Смирнова С.Г. Мониторинг частоты лимфоцитов, мутантных по генам Т-клеточного рецептора, у ликвидаторов последствий аварии на ЧАЭС в отдалённый пострадиационный период / С.Г. Смирнова, Н.В. Орлова, И.А. Замулаева и др. // Радиация и риск. – 2012. – Т. 21. № 1. – С. 20-29.
33. Jones I.M. Three somatic genetic biomarkers and covariates in radiation-exposed Russian cleanup workers of the Chernobyl nuclear reactor 6–13 years after exposure / I.M. Jones, H. Galick, P. Kato et al. // Radiat. Res. – 2002. – Vol. 158, № 4. – P. 424-442.
34. Островська С.С. Отдаленные последствия аварии на ЧАЭС для населения / С.С. Островська, В.В. Талько, В.Ф. Шаторна // Вестник ВДНЗУ. 2007. – Т. 15, вып. 3(51). С. 350-356.

35. Онищенко Г.Г. Радиологические последствия и уроки радиационных аварий на Чернобыльской АЭС и АЭС «Фукусима-1» / Г.Г. Онищенко, А.Ю. Попова, И.К. Романович // *Radiation Hygiene*. – 2021. – Vol. 14, No. 1. – P. 6-16.
36. https://13.rospotrebnadzor.ru/center/services/zdorov_obraz/135871# (дата обращения: 08.08.2025).
37. Кряжев Д.А. Комплексная оценка факторов среды обитания и состояния поствакцинального иммунитета / Д.А. Кряжев, М.В. Боев, Л.М. Тулина и др. // *Гигиена и санитария*. – 2016. – № (3) 95. – С. 229-233.
38. Зайцева Н.В. Оценка адаптационно-приспособительных реакций у детей в условиях хронического воздействия химических факторов среды обитания / Н.В. Зайцева, М.А. Землянова, Д.А. Кирьянова // *Экология человека*. – 2005. – № 9. – С. 29-31.
39. Лебедеенко С.А. Оценка содержания микроэлементов в крови больных различными формами гемобластозов, проживающих на территории Оренбургской области / Лебедеенко С.А., Ермолина Е.В., Боев В.М. // *Российский иммунологический журнал*. – 2014. – Т. 8. – № 3 (17). – С. 553-556.
40. Суменко В.В. Инновационный подход для разработки региональных показателей ультразвукового исследования органов брюшной полости и почек у детей, проживающих на территориях с различной антропогенной нагрузкой: монография / В.В. Суменко, В.М. Боев, М.И. Пыков, С.Е. Лебедькова. – Оренбург – М.: ООО ИПК «Университет», 2015. – 108 с.
41. Боев В.М. Сравнительный анализ эхографических показателей селезенки здоровых детей, проживающих на территориях с различной антропогенной нагрузкой / В.М. Боев, И.Л. Карпенко, Л.А. Бархатова и др. // *Здоровье населения и среда обитания*. – 2015. – № 1. – С. 19-21.
42. Овсянникова Н.М. Особенности адаптационных реакций человека в связи с содержанием тяжелых металлов в организме / Н.М. Овсянникова // *Ученые записки Таврического национального университета им. В. И. Вернадского*. – 2010. – Т. 23 (62), № 2. – С. 142-151.
43. Забродский П.Ф., Мандыч В.Г. Иммунотоксикология ксенобиотиков. – Саратов: Изд-во СВБХБ, 2007. – 420 с.
44. Куценко С.А. Основы токсикологии: научно-методическое издание. – Санкт-Петербург: Фолиант, 2004. – 720 с.
45. Dietert R.R. Developmental immunotoxicology: Focus on health risks / R.R. Dietert // *Chem. Res. Toxicol.* – 2009. – Vol. 22. – P. 17-23.
46. Долгих О.В. Особенности содержания специфического IgE и уровня раннего и позднего маркеров клеточной активации у детей с аллергопатологией в условиях техногенной нагрузки / О.В. Долгих, Т.С. Лыхина // *Вестник уральской медицинской академической науки*. – 2011. – №2-2 (35). – С. 84-85.
47. Хаитов Р.М., Пинегин Б.В., Истамов Х.И. Экологическая иммунология. – М.: Изд-во ВНИРО, 2002. – 219 с.
48. Lee A.S. Climate change and public health: The effects of global warming on the risk of allergies and autoimmune diseases / A.S. Lee, J. Aguilera, J.A. Efobi, Y.S. Jung, H. Seastedt [et al]. *EMBO Rep.* – 2023. – Vol. 24(4):e56821. DOI: 10.15252/embr.202356821
49. Мурашкин Н.Н. Влияние климата на течение атопического дерматита и возможности терапевтической коррекции / Н.Н. Мурашкин, Р.В. Епишев, А.И. Материкин, и др. // *Вопросы современной педиатрии*. – 2020. Т. 19, № 6. – С. 520-525.
50. Ahn K. The role of air pollutants in atopic dermatitis / K. J. Ahn // *Allergy Clin. Immunol.* – 2014. – Vol. 134(5). – P. 993-999. Doi: 10.1016/j.jaci.2014.09.023.
51. Гусева Е.И. Влияние температуры воздуха на организм человека / Е.И. Гусева, Д.С. Марков // *Успехи современного естествознания*. – 2013. – № 8. – С. 72-72.

52. <https://medcentr-diana-spb.ru/informacziya/zachem-snizhat-temperaturu-v-pomeshhenii-holod-ukrepyaet-immunitet/> (дата обращения: 05.08.2023).

53. Хохлов Л.К. Психическое здоровье население и современные экологические, социо-культуральные влияния / Л.К. Хохлов, А.А. Шипов, В.И. Горохов // Ярославский педагогический вестник. – 2003. – № 1 (19).

54. <https://www.finam.ru/publications/item/kak-i-pochemu-rossiyane-stradayut-ot-stressa-v-2024-godu-202408071846/?ysclid=m1zzb088vw232322288> (дата обращения: 08.10.2024).

55. Прохоненко И.О. Стресс и состояние иммунной системы в норме и патологии. Краткий обзор литературы // И.О. Прохоненко, В.Н. Германова, О.С. Сергеев / Вестник медицинского института «РЕАВИЗ». – 2017. – № 1. – 82-90.

56. Andersson U., Tracey K.J. Reflex principles of immunological homeostasis / U. Andersson, K.J. Tracey // Annu Rev Immunol. – 2012. – Vol. 30. – P. 313-335.

57. Carson W.F. Regulation of cellular immune responses in sepsis by histone modifications / W.F. Carson, S.L. Kunkel // Advances in protein and structural biology. – 2017. – Vol. 106. – P. 191-224.

58. Dhabhar F.S. Stress-induced redistribution of immune cells – from barracks to boulevards to battlefields: a tale of three hormones – Curt Richter Award Winner / F.S. Dhabhar, W.B. Malarkey, E. Neri, B.S. McEwen // Psychoneuroendocr. – 2012. – Vol. 37 (9). – P. 1345-1368.

59. Felger J.C., Lotrich F.E. Inflammatory cytokines in depression: neurobiological mechanisms and therapeutic implications / J.C. Felger, F.E. Lotrich // Neurosci. – 2013. – Vol. 246. – P. 199-229.

60. Glovatchcka V. Chronic stress-induced changes in pro-inflammatory cytokines and spinal glia markers in the rat: a time course study / V. Glovatchcka, H. Ennes, E.A. Mayer, S. Bradesi // Neuroimmunomod. – 2012. – Vol. 19 (6). – P. 367-376.

61. Guerreschi M.G. Beta2-adrenergic receptor signaling in CD4+ Foxp3+ regulatory T-cells enhances their suppressive function in a PKA-dependent manner / M.G. Guerreschi, L.P. Araujo, J.T. Maricato [et al]. // Eur J Immunol. – 2013. – Vol. 43. – P. 1001-1012.

62. Hänsel A. Inflammation as a psychophysiological biomarker in chronic psychosocial stress / A. Hänsel, S. Hong, R.J.A. Cámara, R.von Känel // Neurosci Biobehav Rev. – 2010. – Vol. 35 (1). – P. 115-121.

63. Черешнев В.А. Молекулярные механизмы воспаления: учебное пособие / под ред. акад. РАН и РАМН В.А. Черешнева. – Екатеринбург: УрО РАН, 2010. – 264 с.

64. Верзакова Ю.А. Изменение иммунного статуса в условиях стресса / Ю.А. Верзакова, В.А. Гиршфельд // Международный студенческий научный вестник. – 2019. – № 3. – С. 1-6.

65. Булгакова О.С. Иммунитет и различные стадии стрессорного воздействия / О.С. Булгакова // Успехи современного естествознания. – 2011. – №4. – С 31.

66. Широлапов И.В. Особенности иммунологических показателей в условиях экзаменационного стресса / И.В. Широлапов, В.Ф. Пятин, О.В. Лавров // Медицинская иммунология. – 2012. – Т. 14, № 1-2. – С. 133-138.

67. Хныченко Л.К. Стресс и его роль в развитии патологических процессов / Л.К. Хныченко, Н.С. Сапронов // Обзоры по клин. фармакол. и леч. терапии. – 2003. – Т.2. – №3 – С 2-10.

68. Ульянова Л.И. Нарушение функции иммунной системы при острой алкогольной интоксикации и алкоголизме / Ульянова Людмила Ивановна. Автореферат дисс... Москва. – 2013. С. 49.

69. Общие вопросы эпидемиологии и инфектологии. Кафедра инфекционных болезней УО «ВГМУ», г. Витебск, 2016. – 100 с.

70. Stämpfli M.R. How cigarette smoke skews immune responses to promote infection, lung disease and cancer / M.R. Stämpfli, G.P. Anderson // Nat. Rev. Immunol. – 2009. – Vol. 9. – P. 377-384.

71. Казаева О.В. Табакокурение как медико-социальная проблема в современном образовательном учреждении / О.В. Казаева, О.В. Шарапова // Наука молодых. – 2013. – № 1. – С. 38-41.
72. Асфандиярова Н.С. Никотин и система защиты / Н.С. Асфандиярова // Иммунопатология, аллергология, инфектология. – 2018. – № 3. – С. 6-12.
73. Gadgil A. Role of T-lymphocytes and pro-inflammatory mediators in the pathogenesis of chronic obstructive pulmonary disease / A. Gadgil, S.R. Duncan // Int. J. Chron. Obstruct. Pulmon. Dis. – 2008. – Vol. 3. – P. 531-541.
74. Lams B.E. Subepithelial immunopathology of the large airways in smokers with and without chronic obstructive pulmonary disease / B.E. Lams, A.R. Sousa, P.J. Rees, T.H. Lee // Eur. Respir. J. – 2000. – Vol. 15. – P. 512-516.
75. Takeuchi M. Inhibition of lung natural killer cell activity by smoking: the role of alveolar macrophages / M. Takeuchi, S. Nagai, A. Nakajima, [et al]. Respiration. – 2001. – № 68. – P. 262-267.
76. Pabst M.J. Inhibition of neutrophil and monocyte defensive functions by nicotine / M.J. Pabst, K.M. Pabst, J.A. Collier, [et al]. // J. Periodontol. – 1995. – Vol. 66. – P. 1047-1055.
77. Xu M. The influence of nicotine on granulocytic differentiation – inhibition of the oxidative burst and bacterial killing and increased matrix metalloproteinase-9 release / M. Xu, J.E. Scott, K.Z. Liu, [et al]. BMC Cell Biol. – 2008. – Vol. 9. P. 19.
78. Боев В.М. Реакция иммунной системы и лимфоидной ткани на воздействие химических факторов окружающей среды / В.М. Боев, Д.А. Кряжев, В.В. Суменко и др. // Современные проблемы науки и образования. – 2017. – № 4. – С. 41-45.
79. Досин Ю.М., Пуренок М.В., Игонина Е.Н., Ясовеев М.Г. Природные оздоровительные факторы и реактивность организма: Учеб. пособие. – Минск. ИППК БГУФК, 2011. – 10 с.
80. Милушкина О.Ю. Гигиенические аспекты профилактики заболеваний, связанных с напряжением адаптационных механизмов организма при акклиматизации: учебно-методическое пособие / О.Ю. Милушкина, А.А. Тарасов, Р.Р. Салыхович, Е.С. Богомолова. – Архангельск: Изд-во Северного государственного медицинского университета, 2022. – 67 с. ISBN 978-5-91702-441-7.

5.3. Глобализация и миграция населения

5.3.1 Глобализация как определяющий фактор распространения инфекций

Глобализация и миграция населения – тесно связанные между собой процессы. Характерной особенностью глобализации является установление прочных экономических, информационных, политических, культурных, экологических, демографических связей между государствами, которые становятся определяющим компонентом будущего развития стран. Важной формой этих связей являются миграционные потоки, то есть межгосударственные перемещения людей, вызываемые объективной неравномерностью мирового экономического развития, неравенством экономических условий и возможностей в разных странах, потребностями мирового рынка труда [14].

Академик РАН Биньямин Лазаревич Черкасский, отмечал, что термин «глобализация» (от лат. *globus* – шар) изначально имел сугубо финансово-экономическую специфику и определял тенденцию к образованию всемирной ин-

вестиционной среды и интеграции национальных рынков капиталов. Однако в конце XX – начале XXI в. стало понятно, что глобализация означает нечто большее, нежели только создание более обширных рынков. По словам учёного, деятельность в финансово-экономической сфере нельзя отделить от функций более сложной структуры социальной и политической жизни, преобразование которой должно способствовать прогрессу в достижении более широких по своему охвату социальных целей [39].

При изучении глобализации экономики многие исследователи полагают, что началом её истории следует считать конец 1960-х гг., а что касается демографического аспекта глобализации – именно в это время революционное развитие систем транспорта и связи в мире явилось условием «миграционного взрыва»; также этому способствовал и рост потребности в иностранной рабочей силе в ряде регионов [14].

В конце XX – начале XXI в. мир встал на пороге новой трансформации взаимоотношений в человеческом сообществе – глобализация стала важнейшим реальным аспектом современной мировой системы, самой главной тенденцией развития мирового сообщества, определяющей дальнейший ход развития нашей планеты. После окончания «холодной войны», т.е. с 90-х годов XX в., процесс глобализации последовательно обретает лавинообразный характер, причём не вызывает сомнений, что эта тенденция сохранится и в будущем. Глобализация касается всех сторон жизни мирового сообщества, один из основных аспектов которой – эпидемиологический, связанный с миграцией населения [39].

Глобальные миграционные перемещения происходят между континентами, оказывают существенное влияние на социально-экономическое и демографическое развитие городов и стран. С каждым годом роль миграции в формировании населения и развитии экономики всё более усиливается. Учитывая эти факторы, XXI век можно назвать «веком глобальной миграции» [35].

Важнейшим фактором, обуславливающим современные глобальные миграции, являются диспропорции в демографическом развитии. С начала XXI века отмечается интенсивный рост мирового населения. Так, согласно данным Организации Объединённых Наций (ООН), в 2007 г. оно составило 6,6 млрд человек. В развивающихся странах проживало 82 % населения, а в экономически развитых государствах – всего 18 %. В 2010 г. численность населения составила 6,9 млрд человек, в 2020 г. – 7,8 млрд, а по состоянию на июнь 2025 года население Земли составило 8,23 миллиарда человек, что на 70 миллионов больше по сравнению с аналогичным периодом 2024 года [36]. В современный период наиболее населёнными регионами мира являются Азия (около 4 млрд человек) и Африка (около 1 млрд человек). В числе 15 стран-лидеров по численности населения насчитывается 11 развивающихся стран. Наиболее многочисленными являются Китай и Индия. В усло-

виях, когда ограничены природные ресурсы и отсутствуют свободные земли, во многих развивающихся странах растёт плотность населения, все острее ощущается нехватка жилья, воды и продовольствия, распространяются заболевания. Согласно демографическим прогнозам, в ближайшем будущем демографические диспропорции в мире будут нарастать, а именно: будет происходить увеличение доли населения в развивающихся странах, а в развитых государствах сокращаться [35].

Важно отметить, что оценки числа людей на Земле могут меняться, так как рождение, смерть и миграция являются динамическими процессами. Кроме того, изменения в политике, экономике и социальных условиях также могут повлиять на количество населения. Такое значительное увеличение населения связано с несколькими факторами. Во-первых, продолжается высокий уровень рождаемости во многих развивающихся странах, где по-прежнему отсутствует эффективное контролирование рождаемости. Во-вторых, снижается уровень смертности, благодаря улучшению медицинской помощи и развитию технологий в сфере здравоохранения [36].

По мнению некоторых исследователей, к 2050 г. в развивающихся странах будет проживать уже более 86 % населения мира, при этом в самых бедных из развивающихся стран в ближайшие 20 лет население может удвоиться за счёт высокой рождаемости [35].

Для глобальной миграции XXI века характерно существенное возрастание масштабов подвижности населения как внутри отдельных государств, так и между странами и континентами, а также расширение географии миграции. По данным ООН, в 2000 г. в мире насчитывалось 175 млн мигрантов или 3 % населения находилось за пределами стран своего рождения [73]. Согласно данным Международной организации по миграции (МОМ), в 2002 г. около 130 млн человек проживали за пределами стран своего происхождения, т. е. каждый 35-й человек в мире являлся на тот момент мигрантом [109]. К 2005 году количество мигрантов в мире составило уже около 191 млн [1].

В докладе Глобальной комиссии по международной миграции со ссылкой на Отдел народонаселения ООН приводится еще большая цифра – 200 млн международных мигрантов, что в 2 раза больше, чем в 1980 г. Масштабы глобальной миграции велики и имеют стабильную тенденцию к росту, а география миграций расширяется, вовлекая в себя всё новые и новые страны и регионы, определяя риски распространения инфекционных болезней [35].

Накануне пандемии COVID-19 в 2020 г. в мире насчитывалось около 281 млн мигрантов, то есть людей, постоянно живущих в стране, отличной от страны своего рождения (что составляло 3,6 % от всего населения планеты) и 117 млн внутренне перемещённых лиц (1,4 %). В период наиболее острой фазы пандемии весной-летом 2020 г. миграционные потоки несколько сократились на непродолжительный период. После отмены пандемии (11.05.2023 г.) их рост возобновился, и уже в 2024 г. число мигрантов в мире достигло 304 млн

[71]. Эти цифры свидетельствуют о значительном увеличении международных миграций по сравнению с 2000 г., когда число мигрантов в мире составляло, по разным оценкам, от 150 млн до 175 млн [108], а число внутренних перемещений – около 21 млн [59]. Ещё более существенный рост – более чем удвоение – отмечается в сравнении нынешних показателей с уровнями миграций 1990 г. [77].

Отмечено [16], что ни период расцвета «однополярного мира», ни период его последующего упадка и возрождения геополитического противостояния великих держав не привели к смене тенденций в международных миграционных процессах, а следовательно, общая динамика миграционных процессов в мире определяется более глубокими и фундаментальными факторами, чем текущие геополитические сдвиги. Быстрый рост географической мобильности населения Земли, наблюдавшийся на протяжении последних десятилетий, связан с целым рядом различных факторов – от снижения социально-экономической и политической стабильности в различных регионах мира, увеличения числа гражданских войн и межгосударственных конфликтов до роста взаимосвязанности и взаимозависимости между отдельными странами и континентами и происходящих изменений в международной транспортной инфраструктуре.

В ежегодном отчёте о миграции граждан внутри своих стран, опубликованном 11.05.2023 г. Центром мониторинга внутренних перемещений (IDMC), приведены данные, что в 2022 г. из-за войн, насилия и природных катаклизмов было вынуждено сменить место жительства в пределах государства 71,1 млн человек, что превысило на 20 % показатели предыдущего года. При этом беспрецедентно высоким оказалось количество перемещений людей в поисках убежища или безопасных регионов для проживания – 60,9 млн человек, что на 60 % больше по сравнению с предыдущим годом. Нередко люди были вынуждены менять место жительства несколько раз в течение года. В указанной массе 28,3 млн граждан перемещались внутри своих стран из-за насилия и конфликтов: это в три раза превышает среднегодовой показатель за последнее десятилетие (к концу 2022 года). Ещё 32,6 млн лиц переехали из-за природных катастроф и стихийных бедствий – прирост в годовом исчислении зафиксирован на уровне почти 40 % [66].

По прогнозам МОМ, число международных мигрантов продолжит расти в 2023 г. В целом миграционные потоки будут продолжать перемещаться из стран с низким уровнем экономического развития в развитые страны. Также ожидается, что будут происходить изменения в географии миграции из-за новых экономических, политических и социальных факторов. Прогнозируется, что рост числа мигрантов будет продолжаться в ближайшие годы, и это будет оставаться актуальной проблемой для многих стран мира [32].

Глобализация охватывает экономические, политические, демографические и другие аспекты общественной жизни, которые взаимосвязаны между

собой и способствуют быстрому распространению новых и вновь возвращающихся инфекционных болезней [27, 42].

Число заболевших инфекционными заболеваниями в начале XXI века ежегодно составляет более 2 млрд. При этом смертность от инфекционных болезней превышает 17 млн. По заявлению Совета безопасности ООН, в 2002 г. инфекционные заболевания перестали быть только проблемой здравоохранения, в настоящее время они представляют глобальную политическую проблему. Приоритетным направлением международного сотрудничества является борьба с инфекционными заболеваниями. В XXI веке инфекционные болезни распространяются по всей планете намного быстрее по сравнению с тем, как это было прежде. По данным Всемирной организации здравоохранения, с 1970-х годов ежегодно в мире возникает одно новое инфекционное заболевание. ВОЗ акцентировала внимание на том, что возникшая новая инфекция в одном регионе мира уже через несколько часов может вызвать чрезвычайную ситуацию на другом конце планеты [27].

Стоит отметить, что миграционные потоки имеют чёткий односторонний вектор и связаны с перемещением людей из экономически (и часто политически) неблагополучных стран в развитые страны Западной Европы и Северной Америки [35]. Как правило, политическая и экономическая нестабильность сопровождаются падением уровня жизни населения, локальными вспышками инфекций, которые мигранты могут занести в благополучные страны. Массовые миграции последних лет связаны с военными событиями в Сирии (2011-2016), когда наблюдалось свыше 5 млн беженцев в страны Евросоюза [101]. Среди инфекционных заболеваний, разразившихся на фоне военного конфликта в Сирии, можно отметить многочисленные вспышки кишечных инфекций, дизентерию, а также полиомиелит (2016) и холеру (2022). Наиболее масштабная волна беженцев захлестнула страны Европы после начала специальной военной операции на Украине: по некоторым данным, количество беженцев составило около 16,5 млн человек. В аналитическом материале, посвящённом вопросам оказания медицинской помощи беженцам с Украины, журнал «The Lancet» отмечает значительное количество инфекционных болезней (в первую очередь – ВИЧ, туберкулёз, гепатиты, корь), характерных для жителей Украины [102].

Одной из особенностей глобализации является то, что она способствует формированию благоприятных условий для распространения многих инфекционных болезней. Кроме того, изменяется их структура. Можно с уверенностью сказать, что сегодня как никогда актуальны и своевременны слова лауреата Нобелевской премии Шарля Николя (1886–1936): «В будущем народятся новые заразные болезни, медленно исчезнут некоторые старые, а те, что останутся, не будут иметь в точности те формы, под которыми мы их знаем теперь» [39].

5.3.2. Миграция населения как фактор эпидемиологического риска

Учитывая тенденции к глобализации эпидемического процесса, Б.Л. Черкасским в 2008 г. был предложен комплекс градуированных статистических индикаторов, отражающих глобализацию эпидемического процесса для наиболее актуальных инфекций. Такими индикаторами являются следующие показатели: динамика заболеваемости и смертности, внутригодовая динамика заболеваемости, соотношение заболеваемости к смертности среди местных жителей и недавно прибывших контингентов, соотношение заболеваемости, обусловленной заражением на месте и за рубежом, и другие факторы, зависящие от конкретных инфекций [39].

Придавая важное значение миграции населения, учёный особо отмечал риск заражения инфекционными болезнями при посещении неблагополучной территории так же, как и риск завоза этих болезней местными жителями в другие страны [40]. При этом выделяются следующие основные факторы эпидемиологического риска:

- интенсивность циркуляции возбудителей инфекций на неблагополучных территориях и эффективность путей их передачи, что связано с социально-экономическими условиями жизни населения (включая санитарно-гигиенические условия), а также местные экологические условия, определяющие как ареалы хозяев и переносчиков возбудителей болезней и особенности их жизнедеятельности, так и закономерности развития возбудителей в организме хозяев, переносчиках и во внешней среде;
- иммунологический статус местного населения и вновь прибывающих лиц;
- эффективность системы защиты мигрирующего населения от заражения, включая иммуно- и химиопрофилактику, соблюдение санитарного режима питания и т. п.;
- достижения в борьбе с заразными болезнями в данной местности.

Во второй половине XX века международная миграция населения развивалась в основном в трёх направлениях, определяющих её эпидемиологическую значимость:

- туризм: познавательный (экскурсионный), курортный (лечебно-курортный, рекреационный), деловой, религиозный (паломничество к «святым местам»), посещения специальных мероприятий (ярмарок, конгрессов, фестивалей, выставок, спортивных состязаний и т. п.);
- экономическая миграция (миграция рабочей силы, трудовая миграция), происходящая с целью улучшения материального положения людей и направленная главным образом из развивающихся стран в более развитые в индустриальном отношении страны;

- военная и политическая миграция (включающая репатриацию населения в результате изменения государственных границ, бегство от различных форм дискриминации и т. п.).

Являясь в целом прогрессивным явлением, развитие международного туризма, вместе с тем, обусловило целый ряд проблем для здравоохранения стран, в которые направлялись потоки туристов и в которые они возвращались.

Основными организационными причинами, способствующими завозу инфекционных болезней туристами, были:

- неудовлетворительная международная информация об эпидемической ситуации в различных районах земного шара;

- отсутствие в странах, где распространены те или иные заразные болезни, информации о возможности заражения путешественников, что во многом объяснялось недостаточным сотрудничеством между национальными службами здравоохранения, туристскими и транспортными агентствами;

- недооценка путешественниками опасности заражения за рубежом, если посещение неблагополучных районов было кратковременным (например при переезде из одной страны в другую) [39].

Наиболее часто встречающимися заболеваниями туристов второй половины прошлого века являлись гастроэнтериты различной этиологии («диарея путешественников»), обусловленные неудовлетворительным санитарно-гигиеническим статусом посещаемых мест [82], многочисленные случаи завоза холеры из неблагополучных по этой инфекции стран [81], брюшного тифа и паратифов [92]. Особую опасность для туристов, путешествующих в тропических странах, представляли малярия, амебиаз, гельминтозы [38, 68, 86, 98, 107]. Это свидетельствует об эпидемиологических опасностях, с которыми сопряжён международный туризм, в случаях недостаточности предупредительных мер.

Проблемы инфекционной патологии рабочих-иммигрантов в основном включали две группы болезней – завозные болезни, присущие территориям их происхождения (главным образом паразитарные), и болезни, приобретаемые в месте иммиграции, связанные с местными условиями жизни (главным образом туберкулёз и венерические болезни). Иммигранты из развивающихся стран с неблагополучным санитарно-гигиеническим статусом нередко были поражены гельминтозами и другими паразитарными болезнями. Среди них особую опасность возможного укоренения представляли завозимые анкилостомидозы [48].

Повышению вероятности распространения инфекционных заболеваний способствуют ежегодно возрастающая международная торговля и миграция большого количества людей между континентами. Следует отметить, что наиболее быстро распространяются инфекции с воздушно-капельным механизмом передачи возбудителя, а также с коротким инкубационным периодом. Например, такие как грипп, оспа, чума и другие. Миграционные процессы, кроме того, благоприятствуют распространению антибиотикоустойчивых

форм микроорганизмов, формированию резистентности микроорганизмов к лекарственным средствам [80]. Одним из примеров импортированных возбудителей, резистентных ко многим лекарственным средствам (MDR), связанных с мигрирующим населением, является малярия, вызванная *Plasmodium falciparum* [91; 95]. Другим примером служит миграция населения из гиперэндемичных по туберкулёзу территорий. Такие иммигранты могут изменить эпидемические проявления данного заболевания и создать риск распространения возбудителя, резистентного ко многим антибиотикам (MDR TB) или даже резистентному к широкому спектру антибиотиков (XDR TB) среди населения стран Западной Европы и Северной Америки, которые считаются регионами с низкой заболеваемостью туберкулёзом [85; 99].

Туризм в начале XXI века – один из самых динамичных мировых рынков даже для бедных и слаборазвитых стран. Расширение возможностей по перемещению масс людей привело к процессам глобализации и международного туризма, делая туризм одной из самых выгодных сфер приложения капитала. Авиакомпании перевозят более 2 млрд пассажиров в год, что значительно повышает возможности быстрого распространения заразных болезней и их переносчиков [46, 80].

В последние годы в Россию только воздушным транспортом прибывает более 4 млн человек, из них около 10 % из стран, неблагополучных по карантинным болезням. Природные очаги чумы сохраняют активность в 14 странах мира, жёлтой лихорадки в 43 странах Африки и Южной Америки. Эндемичные районы по холере имеются в 63 странах, по малярии – в 94 странах [27].

Распространению возбудителей инфекционных болезней по всей планете способствуют международный туризм и возрастающая коммерция. Современные средства транспорта и новейшие технологии перемещения огромных масс людей (товаров) существенно активизируют процессы распространения инфекций, их переносчиков практически по всем странам мира. Следует отметить, что не всегда новый возбудитель инфекции может укорениться на новой территории. Для циркуляции возбудителя в новом для него регионе должны присутствовать условия, благоприятные для возбудителя (наличие переносчиков и/или чувствительной популяции, определённые поведенческие стереотипы и др.) [24, 25, 46].

«Военные» и «политические» миграции во все времена стимулировали эпидемический процесс вследствие, в первую очередь, дезорганизации экономики, ослабления медико-санитарных мероприятий, миграционных процессов, приобретающих весьма интенсивный характер в разных группах и слоях населения. Поскольку войны вызывают перемещение значительных масс военнослужащих, войска сами поражаются инфекциями, приобретая их в местах вторжения и стоянок, приносят с собой и распространяют их среди местного гражданского населения и, наконец, заносят их на родину, куда они возвращаются после военных действий [40].

Распространению возбудителей инфекционных болезней по всей планете способствует международный туризм.

Массовые перемещения гражданского населения в связи с организованной или стихийной эвакуацией из районов военных действий, нередко попадающего в неблагоприятные санитарно-гигиенические условия и испытывающего недостаток в медицинской помощи, влекут за собой заболеваемость различными заразными болезнями и распространение этих болезней на территориях, куда прибывают беженцы [9].

Актуальной проблемой является миграция населения, обусловленная социально-экономическими, политическими и экологическими факторами. Значительное увеличение миграционных потоков в Западную Европу произошло за последние десятилетия. Согласно статистическим данным, в 2000 г. общее число международных мигрантов на планете составляло более 155 миллионов человек, т.е. почти 3,0 % населения земного шара. Но уже к 2015 году их число возросло до 245 миллионов человек и составило более 3,5 % населения мира. Из этого числа более трети было отмечено в Европе с восемью странами (Франция, Германия, Италия, Казахстан, Российская Федерация, Испания, Украина и Великобритания), входящими в число 20 лучших принимающих стран на глобальном уровне. Большая часть (около 60 %) этих международных мигрантов прибыли из других европейских стран: около 12,9 % – из Азии (большинство из Китая, Бангладеш и Пакистана) и только немного более 2 % – из Африки [72, 110].

Масштабы и роль международной миграции в развитии мировой экономики растут год от года [22]. Так, в докладе Международной организации по миграции (МОМ), опубликованном на официальном сайте 1 декабря 2021 года, говорится уже о 281 миллионе международных мигрантов. Это примерно 3,6 % населения планеты.

Здоровье мигрантов, безусловно, является одним из наиболее актуальных вопросов, связанных с международной миграцией. Более высокие показатели смертности регистрируются от инфекционных заболеваний, а при онкологических и сердечно-сосудистых заболеваниях смертность гораздо ниже. При этом, безусловно, важную роль играют как политические, так и социально-экономические аспекты миграции [70; 88]. Это результат действия множества факторов, влияющих на жизнь человека в разные моменты времени на протяжении всего его миграционного пути [76].

В горячих точках и пунктах первого прибытия (до постановки иностранного гражданина на учёт по месту пребывания) наиболее распространены травматические и гинекологические заболевания, а также психологические расстройства. Здесь инфекционные заболевания не выступают на первое место. Тем не менее общий скрининг для раннего выявления наиболее распространённых инфекционных заболеваний должен быть проведён как можно скорее. Такой подход связан с необходимостью экстренного выявления инфекционных

заболеваний из-за их способности быстро передаваться от одного человека к другому, особенно в условиях перенаселённости, где будут размещаться вновь прибывшие мигранты [47]. Всестороннее знание эпидемиологической обстановки в стране, из которой прибывают мигранты, имеет решающее значение, но следует также учитывать страны транзита, поскольку многие люди могут провести длительное время в пути, прежде чем достичь конечного пункта назначения.

Следует подчеркнуть, что инфекционные заболевания среди мигрантов в значительной степени отражают плохие условия жизни и социальную маргинализацию, проявляющуюся в распаде социальных групп, разрыве традиционных связей между людьми, потере индивидами объективной принадлежности к той или иной социальной общности. В этих условиях тщательный санитарно-эпидемиологический надзор имеет существенное значение не только для лучшего понимания эпидемиологической ситуации и определения профилактических мероприятий, но и для предотвращения потенциального повторного заноса патогенов. Программы скрининга на основные инфекционные заболевания необходимо систематически внедрять и адаптировать к различным стадиям миграционного процесса [54].

С наибольшими трудностями в доступе к медицинской помощи часто сталкиваются незарегистрированные мигранты, в связи с этим их потребности в области здравоохранения не удовлетворяются. В этом случае условия их пребывания на новой территории могут ухудшиться и привести к дальнейшим осложнениям. Следует особо отметить, что решающее значение как для отдельного человека, так и для сообщества в целях улучшения состояния здоровья и предотвращения повторных случаев заболевания имеет надлежащий доступ к медицинской помощи независимо от правового статуса для обеспечения ранней диагностики и лечения. Профилактические мероприятия должны своевременно осуществляться на всех уровнях для повышения осведомлённости о заболеваниях, связанных с поездками [54].

5.3.3 Миграционные процессы и актуальные инфекции

В последнее время в связи с развитием массового туризма, интенсификацией миграционных процессов, деловых и торговых связей возникла проблема заноса зоонозных вирусных инфекций из тропических и субтропических стран мира в неэндемичные регионы [24]. Примером тому является возбудитель особо опасной геморрагической лихорадки вирус Марбург, интродуцированный с партией зелёных мартышек из Уганды в Германию и бывшую Югославию (Белград), где среди сотрудников вирусологических лабораторий возникли случаи этого заболевания после контакта с органами, кровью и культурами клеток почек обезьян [53, 93]. Известны завозные случаи лихорадки Ласса в США, Голландии, Германии, Японии и Израиле, а также случай лихорадки Эбо-

ла у гражданки Швейцарии, вернувшейся из Республики Кот д'Ивуар [60, 78]. Наряду с этими и другими примерами завоза и заноса тропических вирусных инфекций особое внимание привлекают многочисленные импортированные случаи лихорадки денге.

На американском континенте во второй половине прошлого века особо опасная лихорадка денге, переносимая комарами, была практически побеждена, отмечались только спорадические эндемические случаи. Несмотря на это, уже в начале нынешнего века комары распространились в Южную, Центральную Америку и часть территории США. Ежегодно этой лихорадкой, для которой характерна высокая смертность, поражаются более 600 тыс. человек. Заражённые вирусом денге комары авиарейсами разносят возбудителя этой особо опасной инфекции на большие расстояния. Случаи заболевания лихорадкой денге регистрируются в Африке, Австралии и Европе [46, 64].

В эндемичных по лихорадке денге регионах мира, где проживают около 3 млрд человек, ежегодно регистрируется более 110 млн больных с первичной, классической формой лихорадки денге и примерно полмиллиона больных лихорадкой денге с геморрагическим синдромом. При этом в более чем 20 тыс. случаев болезнь заканчивается летальным исходом (главным образом, летальные случаи регистрируются среди детей) [97].

Завозные случаи лихорадки денге в конце 90-х годов прошлого века регистрировались в Швеции [79], в начале 2000-х годов в Финляндии 11 штаммов вируса денге было выделено от больных людей, вернувшихся из тропических стран [69]. За три года (2003-2005 гг.) в европейских странах было зарегистрировано 219 случаев [106], в 1996-2008 гг. в США было выявлено 1459 больных лихорадкой денге [55, 83].

Для Российской Федерации лихорадка денге – завозная инфекционная болезнь. Однако в Центральном районе г. Сочи в 2004 г. обнаружены местные популяции комаров *Aedes aegypti*, а с 2016 г. – *Ae. albopictus*, являющихся в эндемичных районах мира переносчиками жёлтой лихорадки, лихорадки Зика, денге и других опасных арбовирусных инфекций. Обследование территории черноморского побережья Российской Федерации и Республики Абхазия, проведённое в 2017-2018 гг., показало, что в настоящее время комары *Ae. aegypti* практически не встречаются, в то время как *Ae. albopictus* активно продвигаются в западном и северо-западном направлении. На сегодняшний день комары *Ae. albopictus* в причерноморской зоне г. Сочи встречаются на участках побережья от государственной границы с Республикой Абхазия до г. Анапы и от побережья до высоты Красной Поляны [41]. Восстановление популяции комаров *Ae. albopictus* после длительного отсутствия их на территории черноморского побережья Кавказа не исключает возможности возникновения вспышек лихорадки денге в этом регионе [7, 44].

Особую популярность для российских туристов в последние годы приобретают страны Юго-Восточной Азии. По информации Федеральной службы по

надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, в Российской Федерации стали регистрировать завозные случаи лихорадки денге. Так, с 2012 по 2015 г. в Российскую Федерацию было импортировано 427 случаев заболевания лихорадкой денге из Таиланда, Индонезии, Индии, Вьетнама, Бангладеш, Гонконга, в том числе 103 случая в 2015 г. В 2016 г. было зарегистрировано 125 случаев лихорадки денге, а в январе-августе 2017 г. – 136 [26, 33].

Кроме классической лихорадки денге, которая в целом протекает благоприятно, может встречаться геморрагическая форма, которая имеет тяжёлое, нередко угрожающее для жизни течение. Гораздо сложнее установить правильный диагноз, если имеет место микст-инфекция, так как это может видоизменить клиническую картину болезни и утяжелить её [10].

Для российских граждан, выезжающих в тропические и субтропические страны, существует реальная угроза заражения эндемичными арбовирусными инфекциями, такими как лихорадки денге, чикунгунья, Западного Нила, Неаполитанской и Сицилийской москитными лихорадками и др. В НИИ вирусологии им. Д.И. Ивановского были проведены серологические обследования 153 пациентов с острыми лихорадочными заболеваниями неясной этиологии. Полученные результаты свидетельствовали о верификации 60 случаев инфекций, «завезённых» в Россию из тропических и субтропических стран, в том числе 46 случаев лихорадки денге, 8 – лихорадки чикунгунья, 4 – лихорадки Западного Нила и 2 – Неаполитанской москитной лихорадки. В целом частота этиологической расшифровки таких случаев составила 39,2 % [18].

Учитывая данные, полученные В.Ф. Ларичевым и соавт. (2012) и сведения о формировании аутохтонных очагов лихорадки чикунгунья в Италии и Франции (за счёт первичного завоза этой инфекции больными людьми из эндемичных регионов Индии с дальнейшей передачей вируса через укусы комаров здоровым людям) [18, 67, 89], нельзя исключить возможности возникновения подобной ситуации в некоторых южных территориях России [3, 28].

В 2013 г. в причерноморском регионе также был выявлен комар *Ae. koreicus* – вектор возбудителей опасных вирусных инфекций и дирофиляриоза [11]. Не исключается риск повторного появления популяции комаров *Ae. aegypti*, которые после проведения широкомасштабных противокомариных мероприятий в 30-40 гг. XX в. вновь были обнаружены в г. Сочи (2001–2004 гг.) и на участке Туапсе-Сухуми (2007 г.) [12].

В связи с ежегодным притоком более 10 миллионов отдыхающих, трудовых мигрантов из ближнего зарубежья, а также интенсивным транспортным потоком, обусловленным функционированием в регионе международных аэропорта и морского торгового порта, существует опасность завоза на территорию курортов Краснодарского края случаев тропических трансмиссивных лихорадок [5, 6, 8].

Высокой численности и активному распространению комаров-векторов арбовирусов способствует благоприятное влияние климатических факторов причерноморского региона. Благодаря этому создаётся возможность аутохтонной передачи арбовирусов восприимчивому населению в течение летнего периода [2, 3]. Установлено, что гидрометеорологические условия городов Сочи и Туапсе аналогичны климату районов Италии, Франции, Испании, Хорватии и Португалии, где были зарегистрированы аутохтонные случаи заболевания лихорадками денге, чикунгунья и Зика [19, 87].

В связи с посещением гражданами России стран с тропическим климатом количество завозных случаев лихорадки денге возросло.

Эта проблема требует постоянного мониторинга эпидемиологической ситуации, а также насторожённости врачей при сборе эпидемиологического анамнеза для своевременной диагностики этой экзотической инфекции. Потенциальные переносчики опасных арбовирусов комары *Ae. albopictus* в настоящее время ежегодно регистрируются на всей территории черноморского побережья Краснодарского края.

В связи с наличием биологических, природно-климатических и социальных факторов риска осложнения эпидемиологической ситуации по опасным арбовирусным лихорадкам на территории черноморского побережья Краснодарского края необходимо проведение постоянного мониторинга за численностью и видовым составом комаров. С этой целью для оптимизации мониторинга за распространением комаров *Ae. albopictus* на территории черноморского побережья Краснодарского края в ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора разработан единый централизованный информационный ресурс «ZikaMap», функционирующий в режиме реального времени [31].

Одной из самых серьёзных проблем является туберкулёз лёгких. Плохое состояние здоровья многих людей, спасающихся из зон конфликтов, вскоре после прибытия является важным фактором риска заражения или повторного заражения, активации инфекции и быстрого прогрессирования заболевания в активную форму. В связи с этим своевременная клиническая диагностика позволяет выявить наибольшую долю потенциально заразных людей, которые должны быть направлены в стационар для подтверждения диагноза и начала лечения.

Большую озабоченность здравоохранения вызывает акародерматит (чесотка) – заразное кожное заболевание, являющееся одним из самых распространённых дерматологических заболеваний: предполагается, что чесоткой страдает более 200 миллионов человек. Болезнь наиболее распространена в тропических странах, главным образом среди детей и стариков. Это заболевание внесено в группу забытых (пренебрегаемых) болезней. Чесоточный клещ *Sarcoptes scabiei*, вызывающий чесотку, может легко распространяться среди мигрантов во время путешествия на переполненных лодках или вскоре после

прибытия. Чесоточных клещей следует своевременно выявлять, чтобы избежать дальнейшего распространения. Хотя сами по себе кожные поражения не представляют серьёзной угрозы для здоровья, они могут привести к бактериальным суперинфекциям и их осложнениям [54].

Следует обращать особое внимание на инфекции с фекально-оральным механизмом заражения, такие как брюшной тиф или вирусные гепатиты А и Е, передающиеся через пищу и воду [51, 62]. Малярия для миграционных потоков в целом не представляет большой опасности, поскольку большинство мигрантов попадают в Европу через несколько месяцев после выезда из эндемичных районов (что значительно превышает средний инкубационный период). В основном они уже имеют иммунитет, и поэтому маловероятно, что у них разовьются опасные для жизни формы заболевания малярией. Но при этом существует возможность рецидива малярии, вызванной персистентными формами *Plasmodium vivax* или *Plasmodium ovale* [91, 95].

Высокий эпидемиологический риск для беженцев представляет корь. Ярким примером является вспышка кори, которая произошла в крупном поселении беженцев в Кале во Франции в начале 2016 г., когда было зарегистрировано более 3500 случаев заболевания, в основном среди молодых взрослых мужчин [74]. Для того чтобы избежать экспоненциального роста числа случаев кори, среди беженцев была организована экстренная массовая вакцинация. Тем не менее вспышка кори в Кале показала, что не следует недооценивать число людей, восприимчивых к наиболее значимым инфекциям, которые можно предотвратить с помощью вакцинации.

Ещё одним примером является вспышка холеры, начавшаяся на Гаити после разрушительного землетрясения в 2010 г. При проведении генетических исследований было установлено, что эпидемический штамм вибриона, вызвавший вспышку, вероятно, был занесён в страну иностранными силами безопасности [45, 75]. События такого рода чрезвычайно затрудняют контроль, отражая, насколько быстро рецидивирующие инфекционные болезни (эмерджентные инфекции – которые существовали в прошлом, но появляются снова после значительного снижения и быстро распространяются как по частоте, так и в новые географические области) могут передаваться и закрепляться в новых группах населения, прежде чем последует реакция со стороны органов здравоохранения. Это при том, что ежегодно число туристов увеличивается приблизительно на 6,0 % в год. Так, по данным Туристской организации ООН (UN Tourism), в 2024 году во всём мире международные поездки совершили 1,4 млрд туристов. Это на 11,0 % больше, чем в 2023 году, и означает восстановление на 99,0 % к допандемийному уровню [23].

Отличительная черта современного распространения эмерджентных болезней заключается в увеличении доли городского населения среди заражённых лиц. В настоящее время почти половина населения земли живёт в городах по сравнению с 10,0 % 60 лет назад, и ожидается, что эта тенденция сохра-

нится, особенно в развивающихся странах [104]. Перемещение населения из сельской местности в города может привести к распространению некогда локализованной инфекции. По мере роста населения и урбанизации увеличивается плотность населения, создавая в некоторых странах так называемые мегаполисы (например Токио, Мехико, Нью-Йорк и многие другие). В этих городах может проживать более 20-30 млн человек, часто в крайне ограниченных географических районах. Эти условия способствуют распространению заболеваний, особенно когда патоген обладает высокой контагиозностью. Кроме того, в некоторых из этих стран действуют стихийные рынки, где дикие животные и домашний скот забивается в плохих санитарных условиях и мясо продаётся непосредственно населению [43, 105], что способствует созданию благоприятных условий для возникновения эмерджентных болезней, недавними примерами которых явились TORS, MERS и COVID-19.

В центрах содержания мигрантов, где уровень бессимптомных носителей может быть высоким, весьма вероятны вспышки менингококковой инфекции. При этом наиболее восприимчивыми являются подростки и молодые люди [96, 100].

Наиболее актуальными инфекциями, которые необходимо учитывать среди трудовых мигрантов и беженцев для раннего лечения и профилактики, являются хронические вирусные гепатиты, вирус иммунодефицита человека и другие инфекции, передающиеся половым путём; туберкулёз лёгких, вакциноуправляемые заболевания и другие хронические паразитарные болезни [76].

Доля ВИЧ-позитивных мигрантов также отражает эпидемиологическую обстановку страны их происхождения, хотя есть свидетельства того, что ВИЧ часто передаётся в постмиграционной фазе [63]. Доступ мигрантов к лечению ВИЧ остаётся проблемой в ряде стран по всей Европе, что способствует усилению дискриминации и может способствовать дальнейшей передаче инфекции [58].

Одну из ведущих позиций в структуре инфекционной заболеваемости, связанной с изменением поведения человека, среди мигрантов занимают инфекции, передаваемые половым путем (ИППП), которые в значительной мере связаны с особенностями сексуального поведения. Влияние этих инфекций на демографические показатели и рост народонаселения не вызывает сомнения, однако их профилактике уделяется недостаточное внимание. Речь идет не только о широко известных ВИЧ-инфекции, сифилисе, гонорее, для которых разработаны государственные программы, но и о более распространенных, но протекающих нередко бессимптомно трихомониазе, хламидиозе, уреаплазмозе, склонных к хронизации и развитию воспаления органов малого таза, приводящих к бесплодию, осложнению беременности, патологии плода [21].

Меры социальной поддержки и оказание медицинских услуг, ориентированных на мигрантов, имеют решающее значение для улучшения их здоровья [103].

Как правило, показатели распространённости вирусов гепатита В и гепатита С среди мигрантов отражают показатели стран происхождения [56, 61]. По оценкам ВОЗ, приблизительно 240 и 130-150 миллионов человек соответственно живут с хроническим вирусным гепатитом В и вирусным гепатитом С в глобальном масштабе, при этом ежегодно умирает около 1,4 миллиона человек [65]. Поскольку наибольшее количество данных инфекций регистрируется в развивающихся странах, где отмечается наибольший миграционный отток, всем мигрантам, прибывающим из мест с высокой распространённостью, рекомендуется серологический скрининг по прибытии, чтобы обеспечить раннюю диагностику и лечение.

Мигранты из тропических и субтропических районов часто страдают хроническими гельминтозами, которые нередко могут оставаться нераспознанными в течение длительного времени из-за скудности клинических проявлений. К сожалению, систематический скрининг таких заболеваний среди лиц, которые переселяются в европейские страны, не проводится. В связи с этим трудно оценить их реальную распространённость. Особую озабоченность вызывает стронгилоидоз (паразитарное заболевание человека, вызываемое круглыми червями рода *Strongyloides*) из-за его высокой распространённости среди мигрантов и возможного летального исхода у лиц с ослабленным иммунитетом, так как остаётся нераспознанным или диагностируется слишком поздно [52, 111].

В процессе постоянно растущей мировой миграции человечество постоянно сталкивается с множеством проблем, которые требуют устойчивого глобального управления и принятия соответствующих решений. Известно, что ликвидация оспы привела к прекращению вакцинации против этой особо опасной инфекции, а это могло способствовать распространению оспы обезьян [90]. В более общем плане стареющее население планеты – это наиболее уязвимая возрастная группа, которая более подвержена риску заражения, поскольку стареющий иммунитет менее способен противостоять возникновению заболевания [49, 84]. Меняющийся глобальный контекст может позволить существующим человеческим патогенам приобретать новые характеристики и расширяться в масштабах.

Заключение

Все основные аспекты глобализации – экономический, экологический, политический, демографический и технологический – тесно взаимосвязаны между собой и влияют как на распространённость инфекционных болезней, так и на возможность их предотвращения, контроля и лечения [4, 13, 27].

Глобализация характеризуется увеличением плотности и мобильности населения, способствуя формированию благоприятных условий для распространения многих инфекционных болезней и изменению их структуры [94].

Среди этих проблем – распространение новых и возвращающихся инфекционных болезней на стыке животных, человека и окружающей среды. Эти заболевания являются дорогостоящими с медицинской, социальной, экономической и экологической точек зрения, а их серьёзные последствия требуют междисциплинарных решений. По мере увеличения численности населения и проникновения в новые географические регионы увеличивается вероятность того, что люди вступят в тесный контакт с теми видами животных, которые являются потенциальными хозяевами инфекционного агента.

Человечество сегодня оказалось в положении, когда эпидемии вновь беспрепятственно распространяются по земному шару, но на этот раз с беспрецедентной скоростью – как следствие глобализации современной жизни. В борьбе человека и патогенных микроорганизмов неусыпная бдительность – цена выживания.

XXI век стал свидетелем волны вспышек тяжёлых инфекционных заболеваний, которые оказали разрушительное воздействие на жизнь и средства к существованию во всем мире. Мировое сообщество стало свидетелем ряда чрезвычайных ситуаций санитарно-эпидемиологического характера, включая две крупнейшие в истории вспышки лихорадки Эбола (в Западной Африке, 2014 г. и Демократической Республике Конго, 2018 г.) [30], появление таких ранее неизвестных инфекционных болезней, как птичий грипп A(H5N1) и A(H9N2); свиной грипп A(H1N1) и A(H3N2); ближневосточный респираторный синдром и COVID-19. Сегодня инфекционные болезни распространяются по планете намного быстрее, чем когда-либо прежде, за счёт функционирования более 45 тыс. международных аэропортов и возможности свободного перемещения в течение двух суток практически в любую страну [37].

Самым серьёзным глобальным бедствием XXI века в области здравоохранения и величайшей проблемой, с которой человечество столкнулось со времён Второй мировой войны, считается пандемия COVID-19. Зародившись в Китае в конце 2019 года, SARS-CoV-2 (коронавирус тяжёлого острого респираторного синдрома 2) поразил все страны мирового сообщества. В начале 2020 года пандемия охватила страны Европы и Северной Америки. После этого COVID-19 распространился на страны Азии и Африки, а также поразил Австралию и Южную Америку, приобретая таким образом глобальную «прописку».

За последние десятилетия произошли беспрецедентные технологические, демографические и климатические изменения, сопровождающиеся многократным увеличением количества людей, проживающих в городах. Численность населения неуклонно продолжает расти, а глобальное изменение климата представляет собой растущую угрозу для общества. Все эти вместе взятые глобальные изменения увеличили риск вспышек инфекционных заболеваний, даже несмотря на улучшение санитарии и доступа к медицинской помощи во всём мире [50].

Авиаперелёты сыграли огромную роль в распространении возбудителей инфекционных болезней, способствующих возникновению эпидемий. Примером этому может служить болезнь, вызванная вирусом Зика, в 2015 г. в Северной и Южной Америке, когда патоген распространился среди восприимчивой популяции переносчиков. Считается, что вирус Зика был завезён таким образом в Бразилию из Французской Полинезии с комаром *Aedes aegypti* [50].

Международные поездки могут привести к глобальному распространению трансмиссивных болезней за счёт внедрения новых переносчиков в регионы с подходящими условиями окружающей среды или внедрения новых патогенов в местные инвазивные популяции переносчиков. Изменение климата вызвало сдвиг в ареале ряда трансмиссивных переносчиков, это способствует тому, что инвазивные комары устанавливают жизнеспособную популяцию в новых для себя условиях. В последнее время типичными становятся возникновение, распространение и укоренение вне пределов традиционных экзотических природно-очаговых нозоареалов, прежде всего африканских, на новых эндемичных территориях. Примером являются мокрецы рода *Culicoides* – эмерджентные векторы блютанга в Европе. За последние несколько десятилетий *Culicoides imicola*, переносчик вируса блютанга, который вызывает заболевание жвачных животных, распространился из стран Африки к югу от Сахары и Ближнего Востока в Европу, вызвав волну эпидемий этой инфекции [20].

Усилению миграционного движения, появлению его новых форм, изменению соотношения уже существующих типов и видов этого движения способствует быстрое развитие национальных информационных систем, мировой системы Internet, транспортных коммуникаций и средств связи. Повышение доли мирового городского населения, как и рост численности населения мира в целом, в первую очередь в развивающихся странах, экономические, политические, экологические законы мирового развития, как, собственно, и логика развития самого человека, изменение его поведения и мотивационных установок, обусловленное, в частности, повышением образовательного и профессионального уровня, также неизбежно ведут к усилению миграции.

Многие из этих изменений представляют собой новые и пока неисследованные учёными явления миграции, требуют дальнейшего научного осмысления. Как образно заметил Нобелевский лауреат, поэт Дерек Уолкотт (Derek Walkott), будущее миграции можно выразить в следующей фразе: «Нации остаются лишь в воображении» («No nation but imagination») [15].

В современном мире, в котором тесно взаимосвязаны проблемы здоровья и экономики, защита от инфекционных болезней не может быть ограниченной рамками какой-то одной страны. Защита от угрозы, вызванной инфекционными болезнями, требует совместных разносторонних и глобальных действий. [57].

В условиях взаимосвязанного и взаимозависимого мира любая вспышка инфекционного заболевания способна в считанные дни перерасти в глобаль-

ную угрозу. Количество регистрируемых вспышек инфекционных болезней в странах мира увеличивается с каждым годом, что влечёт за собой рост публикуемой информации, часть из которой требует верификации. На фоне возрастающего масштаба международного туризма и увеличения пассажиропотока многократно возрастает риск завоза инфекционных болезней на территорию России. Эпидемиологический прогноз первой половины XXI века, к сожалению, не утешителен. В любое время в любом месте планеты может начаться эпидемия или вспышка, возбудителями которой могут быть инфекционные патогены: новые, возвратившиеся, переместившиеся на новые территории. Спектр возможных возбудителей болезней у человека (в том числе и хронических инфекций) со временем будет расширяться. Сегодня из 5000 видов известных в мире вирусов идентифицировано менее 4 %. Из 300 тыс. – 1 млн видов бактерий, существующих на Земле, описано только 2000, а из всех океанических бактерий – менее 1 %.

Первой преградой на пути заноса и последующего распространения опасных инфекционных заболеваний на территории Российской Федерации является санитарно-карантинный контроль (СКК) на границе России.

В Российской Федерации разработана научно обоснованная система информатизации и цифровизации СКК – автоматизированная информационная система «Периметр» (АИС «Периметр»), позволяющая оценить риски, связанные с заносом опасных инфекционных болезней на всех санитарно-карантинных пунктах (СКП) страны. Ключевая составляющая СКК – научно обоснованная оценка риска заноса инфекции на территорию страны и принятие решения об объёме необходимых мероприятий [17, 34].

В связи с этим предложенная в АИС «Периметр» экспертная оценка риска завоза инфекционных болезней позволяет сотрудникам СКП, основываясь на достоверных сведениях, своевременно принимать решения о необходимости проведения СКК и исключить ошибочные действия в необходимом комплексе мероприятий в рамках осуществления СКК, при этом позволяя минимизировать субъективизм в отношении принятия решения. В результате внедрения АИС «Периметр», с одной стороны, достигается максимально возможная оперативность в информировании должностных лиц СКП о текущей эпидемиологической обстановке в странах мира, с другой – сформирован эффективный инструмент отслеживания эпидемиологической ситуации на федеральном уровне в режиме реального времени, позволяющий составлять прогноз с точностью до 90 % [29].

Таким образом, учитывая многокомпонентный характер угрозы, связанной с инфекционными болезнями во время миграции населения, наиболее эффективным способом противодействия является комплексный подход в сотрудничестве, включающий, кроме стандартов международного права здравоохранения, также нормы и принципы других отраслей: международного права, прав человека, международного экологического, торгового, гуманитарно-

го, криминального права. В обеспечении эпидемиологической безопасности решающую роль играют политическая воля государств, своевременное информирование ВОЗ о вспышках инфекционных заболеваний, наличие механизма финансирования для создания глобальной и национальных инфраструктур по слежению за всеми детерминантами эпидемического процесса.

Список литературы

1. Аннан К. Международная миграция и развитие: Доклад Генерального секретаря ООН на 16-й сессии Генеральной Ассамблеи ООН. Нью-Йорк, 2006.
2. Антонов А.В., Медяник И.М., Бойко Е.А. О результатах энтомологического мониторинга *Aedes (Stegomyia) albopictus* (Skus, 1895) (Diptera, Culicidae) на территории западной части Черноморского побережья Краснодарского края. Национальные приоритеты России. 2021; 3: 94–96.
3. Бег А.Г., Москаев А.В., Гордеев М.И. Экология и распространение инвазивного вида комаров *Aedes albopictus* (Skuse, 1895) на юге Европейской части России. Российский журнал биологических инвазий. 2021; 14 (1): 27–37.
4. Брико Н.И., Покровский В.И., Малышев Н.А. Глобализация и распространение инфекционных заболеваний. Прикладная микробиология. 2015; 1 (4): 20–28.
5. Видищева Е.В., Дрейзис Ю.И., Копырин А.С., Воробей Е.К. Планирование территорий как инструмент устойчивого развития морских курортов Краснодарского края. Вестник Академии знаний. 2019; 4: 86–94.
6. Волкова Т.А., Беликов М.Ю. Побережья Черного и Азовского морей как основные туристско-рекреационные зоны Краснодарского края. Успехи современного естествознания. 2021; 8: 41–46.
7. Ганушкина Л.А., Дремова В.П. Комары *Aedes aegypti* L. и *Aedes albopictus* skuse – новая биологическая угроза для юга России. Медицинская паразитология. 2012; 3: 49–55.
8. Гоева Т.А., Филобок М.А., Куприяшкина А.Е. Курорты федерального уровня в пределах Краснодарского края. Мировая наука. 2021; 6: 135–138.
9. Громашевский Л.В. Общая эпидемиология. – М.: Медицина, 1965. – 290 с.
10. Еремушкина Я.М., Кускова Т.К., Вдовина Е.Т. и др. Клинический анализ завозных случаев лихорадки денге, выявленных в Москве и Московской области. Инфекционные болезни, мнения, обучение. 2018; 7 (4): 102–110.
11. Ермолова Н.В., Лазаренко Е.В., Артюшина Ю.С. и др. Численность и распространение комаров *Aedes (Stegomyia) Albopictus* (Skuse, 1895) на территории Южного федерального округа Российской Федерации и Республики Абхазия. Медицинская паразитология и паразитарные болезни. 2019; 4: 3–9.
12. Жуков К.В., Викторов Д.В., Топорков А.В. Современные аспекты проблем лихорадки Зика. Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение. 2023; 12 (1): 97–104.
13. Иванова А.В., Удовиченко С.К., Шиянова А.Е. и др. Распространение инфекционных болезней, значимых для санитарной охраны территории Российской Федерации, в европейском регионе ВОЗ. Проблемы особо опасных инфекций. 2021; 4: 16–26.
14. Ивахнюк И.В. Развитие миграционной теории в условиях глобализации. Век глобализации. 2015; 1 (15): 36–51.
15. Ионцев В.А. Международная миграция населения: теория и история изучения. – М.: Диалог-МГУ. 1999. – 370 с. – (Серия «Международная миграция населения: Россия и современный мир»).

16. Картунов А.В. Миграции и международная безопасность: доклад № 101 / 2025 / [под ред. С.М. Гавриловой, И.А. Бочарова, А.П. Корзун, Д.О. Растегаева]; Российский совет по международным делам (РСМД). – М.: НП РСМД, 2025. – 52 с.
17. Кутырев В.В., Щербакова С.А., Карнаухов И.Г., Касьян Ж.А., Шиянова А.Е., Горбунов В.А. и др. Система мониторинга и реагирования на чрезвычайные ситуации в области общественного здравоохранения санитарно-эпидемиологического характера в странах СНГ. Проблемы особо опасных инфекций. 2022; 3: 95–106.
18. Ларичев В.Ф., Сайфуллин М.А., Акиншина Ю.А., Хуторецкая Н.В., Бутенко А.М. Завозные случаи арбовирусных инфекций в Российской Федерации. Эпидемиология и инфекционные болезни. 2012; 1: 35–38.
19. Леншин С.В., Патраман И.В., Альховский С.В., Вышемирский О.И. Вирусные инфекции, переносимые комарами, – риски возникновения аутохтонных случаев заболевания в Краснодарском крае (систематический обзор). Эпидемиология и вакцинопрофилактика. 2021; 20 (3): 129–138.
20. Макаров В.В., Джоханнес Шоопала, Джупина С.И., Сухарев О.И. Блютанг и блютангоподобные болезни в начале XXI в.: эпизоотологические исследования и анализ. Вестник Российского университета дружбы народов. Серия «Агрономия и животноводство». 2013; 1: 44–59.
21. Малеев В.В. Некоторые аспекты эволюции инфекционной патологии на современном этапе. Кубанский научный медицинский вестник. 2020; 27(4): 18–26.
22. Международная миграция в период COVID-19. Научный дайджест, 2022; 2 (7).
23. Международный туризм в 2024 году вернулся к допандемийному уровню /<https://www.interfax-russia.ru/index.php/tourism/news/mezhdunarodnyy-turizm-v-2024-godu-vernulsya-k-dopandemiyному-urovnyu>
24. Онищенко Г.Г. О мерах по обеспечению биологической безопасности на территории Российской Федерации. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2008; 5: 54–57.
25. Отвагин С.А., Брико Н.И. Сравнительная характеристика заболеваемости скарлатиной, ветряной оспой, краснухой, корью, коклюшем, эпидемическим паротитом населения г. Москвы в последние годы. Эпидемиология и инфекционные болезни. 2005; 6: 13–17.
26. Письмо Роспотребнадзора от 25.02.2013 № 01/2020-13-32 «Об ухудшении эпидемической ситуации по лихорадке денге».
27. Покровский В.И., Брико Н.И. Инфекционные болезни в эпоху глобализации. Вестник Российской АМН. 2010; 11: 6–11.
28. Попова А.Ю., Ежлова Е.Б., Демина Ю.В. и др. Лихорадка Зика: состояние проблемы на современном этапе. Проблемы особо опасных инфекций. 2016; 1: 5–12.
29. Попова А.Ю., Ежлова Е.Б., Смоленский В.Ю., Летюшев А.Н., Трескин А.А., Иванова А.В. и др. Автоматизированная информационная система «Периметр» – инструмент для модернизации информационного и технического обеспечения санитарно-карантинного контроля. Проблемы особо опасных инфекций. 2023; 3:6–14.
30. Попова А.Ю., Шиянова А.Е., Ежлова Е.Б., Демина Ю.В., Пакскина Н.Д., Кедрова О.В. и др. Комплекс мероприятий в рамках санитарной охраны территории Российской Федерации по недопущению завоза и распространения болезни, вызванной вирусом Эбола. Проблемы особо опасных инфекций. 2015; 3:49–54.
31. Прислегина Д.А., Малецкая О.В., Дубянский В.М., Шапошникова Л.И., Жильцова А.Ю., Василенко Н.Ф. и др. Мониторинг за комарами – переносчиками опасных арбовирусов на основе использования интернет-ресурса ZikaMap. Здоровье населения и среда обитания – ЗНиСО. 2023; 31(7):75–82.

32. Прогноз международной миграции на 2023 год. Тенденции и перспективы: [Электронный ресурс] Пища для ума. URL: <https://food-receptkphoto.ru/prognoz-mezhdunarodnoy-migratsii-na-2023-god-tendentsii-i-perspektivy>.

33. Протокол совещания специалистов, осуществляющих эпидемиологический надзор за инфекционными и паразитарными болезнями. М., 16 мая 2013 г. URL <http://rospotrebнадзор.ru/>.

34. Рыжков Ю.В., Соловьев М.Ю. Управление рисками в санитарно-карантинном контроле. Проблемы особо опасных инфекций. 2012; 3:33–37.

35. Рязанцев С.В., Боженко В.В. Миграция в условиях глобализации. Народонаселение. 2010; 4 (50): 70–82.

36. Сколько всего людей в мире в 2025 году: точная статистика: [Электронный ресурс] Интернет журнал. URL: <https://investim.guru/obzory/skolko-vsego-lyudey-v-mire-v-2025-godu-tochnaya-statistika>.

37. Слись С.С., Ковалев Е.В., Янович Е.Г., Кононенко А.А., Носков А.К. Основные риски формирования чрезвычайной эпидемической ситуации, ассоциированной с новыми респираторными вирусами. Эпидемиология и вакцинопрофилактика. 2022; 21(2):74–82.

38. Хромов А.С., Кобахидзе Т.А. Актуальность проблем тропической медицины для европейских социалистических стран. Тезисы докл. Всесоюзного совещания по проблемам тропической медицины. – М., 1973; 8–10.

39. Черкасский Б.Л. Глобальная эпидемиология. – М.: Практическая медицина, 2008. – 447 с.

40. Черкасский Б.Л., Сергиев В.П., Ладный И.Д. Эпидемиологические аспекты международной миграции населения. – М.: Медицина, 1984. – 208 с.

41. Чехвалова Е.В., Манин Е.А., Куличенко А.Н., Оробей В.Г., Швеиц О.Г. Современная эпизоотолого-эпидемиологическая обстановка по природно-очаговым инфекциям в городе-курорте Сочи. Проблемы особо опасных инфекций. 2019; 3: 111–117.

42. Шенаев В.Н. Глобализация – объективный мировой процесс. В кн.: Многоликая Европа: пути развития. М., 2002 – 420 с.

43. Шкарин В.В., Ковалишена О.В. Новая эра в эволюции инфекционной патологии. Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. 2018; 4: 4–10.

44. Юничева Ю.В., Рябова Т.Е., Маркович Н.Я., Безжонова О.В. и др. Первые данные о наличии размножающейся популяции комаров *Aedes aegypti* в районе Большого Сочи и в отдельных городах Абхазии. Медицинская паразитология. 2008; 3: 40–43.

45. Ali A., Chen Y., Johnson J.A. et al. Recent clonal origin of cholera in Haiti. Emerg. Infect. Dis. 2011; 17: 699–701.

46. Arguin P.M., Marano N., Freedman D.O. Globally mobile populations and the spread of emerging pathogens. Emerg. Infect. Dis. 2009; 15 (11): 1713–1720.

47. Arnold F., Katona C., Cohen J., Jones L., McCoy D. Responding to the needs of refugees. BMJ 2015; 351: 6731.

48. Aspöck H., Picher O., Flamm H. Häufigkeit und Bedeutung des Parasitenbefalls von Gastarbeitern. Wien. med. Wschr. 1975; 125 (38): 540–543.

49. Aw D., Silva A.B. & Palmer Baker R.E, Mahmud A.S., Miller I.F., Rajeev M., Rasambainarivo F., Rice B.L. et al. Infectious disease in an era of global change. Nat. Rev. Microbiol. 2022; 20 (4):193–205.

50. Baker R.E., Mahmud A.S., Miller I.F., Rajeev M., Rasambainarivo F., Rice B.L. et al. Infectious disease in an era of global change. Nat. Rev. Microbiol. 2022; 20 (4):193–205.

51. Benzeguir A.K., Capraru T., Aust-Kettis A., Björkman A. High frequency of gastrointestinal parasites in refugees and asylum seekers upon arrival in Sweden. Scand. J. Infect. Dis. 1999; 31: 79–82.

52. Bouree P. High prevalence of strongyloidiasis among immigrants. *Med. Sante. Trop.* 2012; 22: 262.
53. Bray M. Filoviridae. *Clinical Virology*. Eds D. R. Richman et al. Washington, 2002: 875–890.
54. Castelli F., Sulis G. Migration and infectious diseases. *Clinical Microbiology and Infection.* 2017; 23: 283–289.
55. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Travel-associated Dengue surveillance – United States, 2006–2008. *Morbidity and Mortality Weekly Report.* 2010; 59 (23): 715–719.
56. Chu J.J., Wormann T., Popp J., Patzelt G., Akmatov M.K., Kramer A. et al. Changing epidemiology of hepatitis B and migration – a comparison of six Northern and North-Western European countries. *Eur. J. Public. Health.* 2013; 23: 642–647.
57. Colwell R.R. Global climate and infectious disease: The cholera paradigm. *Science*, 1996; 274 (5295): 2025–2031.
58. Deblonde J., Sasse A., Del Amo J., Burns F., Delpech V., Cowan S. et al. Restricted access to antiretroviral treatment for undocumented migrants: a bottleneck to control the HIV epidemic in the EU/EEA. *BMC Public. Health.* 2015; 15: 1228.
59. Displaced Persons: The Global Context. *Physiopeedia* 2025. URL: https://www.physiopeedia.com/Displaced_Persons:_The_Global_Context
60. Ebola virus. *Wkly Epidemiol. Rec.* 1995; 79 (19): 137.
61. El-Hamad I., Pezzoli M.C., Chiari E., Scarcella C., Vassallo F., Puoti M. et al. Point-of-care screening, prevalence, and risk factors for hepatitis B infection among 3,728 mainly undocumented migrants from non-EU countries in northern Italy. *J. Travel. Med.* 2015; 22: 78–86.
62. Eonomopoulou A., Pavli A., Stasinopoulou P., Giannopoulos L.A., Tsiodras S. Migrant screening: lessons learned from the migrant holding level at the Greek-Turkish borders. *J. Infect. Public. Health.* 2017; 10: 177–184.
63. Fakoya I., Alvarez-del Arco D., Woode-Owusu M., Monge S., Rivero Montesdeoca Y., Delpech V. et al. A systematic review of post-migration acquisition of HIV among migrants from countries with generalised HIV epidemics living in Europe: implications for effectively managing HIV prevention programmes and policy. *BMC Public. Health.* 2015; 15: 561.
64. Fidler D. Emerging trends in international law concerning global infectious disease control. *Emerg. Infect. Dis.* 2003; 9 (3): 285–290.
65. Global Health Sector Strategy on Viral Hepatitis 2016–2021. Towards ending viral hepatitis. Geneva: World Health Organization; 2016.
66. Global Report on Internal Displacement, 2023 <https://www.internal-displacement.org/press/>
67. Grandadam M., Caro V., Plumet S. et al. Chikungunya virus, southeastern France. *Emerg. Infect. Dis.* 2011; 17 (5): 910–913.
68. Hatz B., Stahel T., Weiss N., Degremont A. La malaria importée en Suisse de 1974 à 1976. *Schweiz. med. Wschr.* 1978; 108 (39): 1495–1499.
69. Huhtamo E., Uzcátegui N.Y., Siikamäki H. et al. Molecular epidemiology of dengue virus strains from Finnish travelers. *Emerg. Infect. Dis.* 2008; 14 (1): 80–83.
70. Ikram U.Z., Mackenbach J.P., Harding S., Rey G., Bhopal R.S., Regidor E. et al. All-cause and cause-specific mortality of different migrant populations in Europe. *Eur. J. Epidemiol.* 2016; 31: 655–665.
71. International Migrant Stock 2024: Key facts and figures. Advance unedited version. United Nations Department of Economic and Social Affairs, Population Division. January 2025. URL: https://www.un.org/development/desa/pd/sites/www.un.org.development.desa.pd/files/undesa_pd_2025_intlmigstock_2024_key_facts_and_figures_advance-unedited.pdf Global Report on Internal Displacement, 2023.

72. International Migration Report 2015: Highlights: United Nations. Geneva: UN: Department of Economic and Social Affairs, Population Division; 2016.

73. International Migration Report 2002, New York: United Nations Population Division Department of Economic and Social Affairs, 2002: 1.

74. Jones G., Haeghebaert S., Merlin B., Antona D., Simon N., Elmouden M. et al. Measles outbreak in a refugee settlement in Calais, France: January to February 2016. *Euro Surveill*, 2016; 21: 30167.

75. Keim P.S., Aarestrup F.M., Shakya G., Price L.B., Hendriksen R.S., Engelthaler D.M., Pearson T. Reply to «South Asia instead of Nepal may be the origin of the Haitian cholera outbreak strain» *MBio*. 2011; 2: e00245–e00311.

76. Kentikelenis A., Karanikolos M., Williams G., Mladovsky P., King L., Pharris A. et al. How do economic crises affect migrants' risk of infectious disease? A systematic-narrative review. *Eur. J. Public. Health*. 2015; 25: 937–944.

77. Kramer S., Tong Y. Global migration change, 1990–2020. Pew Research Center. 19.08.2024. URL: <https://www.pewresearch.org/religion/2024/08/19/global-migration-change-1990-2020/>

78. Le Guenno D. Isolation and patrial characterization of a new strain of Ebola virus. *Lancet*. 1995; 8960: 1271–1274.

79. Lindbäck H., Lindbäck J., Tegnell A. et al. Dengue fever in travelers to the tropics, 1998 and 1999. *Emerg. Infect. Dis*. 2003; 9 (4): 438–442.

80. MacPherson D.W., Gushulak B.D., Baine W.B. et al. Population mobility, globalization, and antimicrobial drug. *Emerg. Infect. Dis*. 2009; 15 (11): 1727–1732.

81. Mansueto S., Migneco G., L'epidemiologia del colera in ralazione ai moderni mezzi di transport. *Minevra med*. 1974; 65 (81): 4227–4237.

82. Merson M.H., Morris G., Sack D. et al. Travellers' diarrhea in Mexico. A prospective study of physicians and family members attending a congress. *New Engl. J. Med*. 1976; 294 (24): 1266–1305.

83. Mohammed H.P., Ramos M.M., Rivera A. et al. Travel-associated dengue infections in the United States, 1996 to 2005. *J. Travel. Med*. 2010; 17 (1): 8–14.

84. Nikolich-Zugich J. The twilight of immunity: emerging concepts in aging of the immune system. *Nat. Immunol*. 2018; 19 (1): 10–19.

85. Odone A., Tillmann T., Sandgren A., Williams G., Rechel B., Ingleby D. et al. Tuberculosis among migrant populations in the European Union and the European Economic Area. *Eur J Public Health*. 2015; 25:506e12.

86. Pene P., Rougemont A., Bourgeade A., Quilici M. et al. Le paludisme d'importation dans les hopitaux de Marseille de 1973 a 1976: caracteres epidemiologiques. *Bull. Soc. Path. Exot*. 1977; 70 (6): 596–605.

87. Pereira-Dos-Santos T., Roiz D., Paupy C., Lourenço-De-Oliveira R. A systematic review: is *Aedes albopictus* an efficient bridge vector for zoonotic arboviruses? *Pathogens*. 2020; 9 (4): 266.

88. Rechel B., Mladovsky P., Ingleby D., Mackenbach J.P., McKee M. Migration and health in an increasingly diverse Europe. *Lancet*. 2013; 381 (9873): 1235–1245.

89. Rezza G. Chikungunya and West Nile virus outbreaks: what is happening in north-eastern Italy? *Eur. J. Publ. Hlth*. 2009; 19 (3): 236–237.

90. Rimoin A.W., Mulembakani P.M., Johnston S.C. et al. Major increase in human monkeypox incidence 30 years after smallpox vaccination campaigns cease in the Democratic Republic of Congo. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2010; 107 (37): 16262–16267.

91. Roggelin L., Tappe D., Noack B., Addo M.M., Tannich E., Rothe C. Sharp increase of imported *Plasmodium vivax* malaria seen in migrants from Eritrea in Hamburg, Germany. *Malar J*. 2016; 15:325.

92. Ryder R.W., Blake P.A. Typhoid fever in the United States, 1975 and 1976. *J. infect. Dis*. 1979; 139 (1). 124–126.

93. Sanchez A., Peter C.I., Rollin P. et al. Filoviridae: Marburg and Ebola viruses. *Fields Virology* / Eds B.N. Fields et al. New York. 2001; 1161–1176.
94. Schmeller D.S., Courchamp F., Killeen G. Biodiversity loss, emerging pathogens and human health risks. *Biodivers Conserv.* 2020; (29): 3095–3102.
95. Sonden K., Castro E., Tornnberg L., Stenstrom C., Tegnell A., Farnert A. High incidence of *Plasmodium vivax* malaria in newly arrived Eritrean refugees in Sweden since May 2014. *Euro Surveill.* 2014; (35): 19.
96. Stefanelli P., Fazio C., Neri A., Rezza G., Severoni S., Vacca P. et al. Imported and Indigenous cases of Invasive Meningococcal Disease W: P1.5,2: F1e1: ST-11 in migrants' reception centers. Italy, June–November, 2014. *Adv. Exp. Med. Biol.* 2016; 897: 81–83.
97. Streit J.A., Yang M., Cavanaugh J.E., Polgreen P.M. Dengue Incidence among hospitalized Patients, united States. *Emerg. Infect. Dis.* 2011; 17 (5): 914–916.
98. Strurchler D. Epidemiologic und Klinik der Malaria Schweiz. *med. Wschr.* 1978; 108 (46): 1810–1811.
99. Sulis G., Roggi A., Matteelli A., Raviglione M.C. Tuberculosis: epidemiology and control. *Mediterr J. Hematol Infect Dis.* 2014; 6 (1) :e2014070.
100. Tafuri S., Prato R., Martinelli D., Germinario C. Prevalence of carriers of *Neisseria meningitidis* among migrants: is migration changing the pattern of circulating meningococci? *J. Travel. Med.* 2012; 19:311–313.
101. The toll of war the economic and social consequences of the conflict in Syria 2017. <https://www.worldbank.org/en/country/syria/publication/the-toll-of-war-the-economic-and-social-consequences-of-the-conflict-in-syria>
102. Valentina Marchese, Beatrice Formenti, Nicola Cocco, Giulia Russo, Jacopo Testa. Examining the pre-war health burden of Ukraine for prioritisation by European countries receiving Ukrainian refugees (англ.). *The Lancet Regional Health – Europe.* 2022; 15: 100369.
103. Van Beckhoven D., Florence E., Ruelle J., Deblonde J., Verhofstede C., Callens S. et al. Good continuum of HIV care in Belgium despite weaknesses in retention and linkage to care among migrants. *BMC Infect. Dis.* 2015; 15: 496.
104. Watson F.M. Statistical Report, 2004 <https://www.churchofjesuschrist.org/study/general-conference/2005/04/statistical-report-2004?lang=eng>
105. Webster R.G. Wet markets—a continuing source of severe acute respiratory syndrome and influenza? *Lancet.* 2004; 363:234–236.
106. Wichmann O., Gascon J., Schunk M. et al. Severe dengue virus infection in travelers: risk factors and laboratory indicators. *J. Infect. Dis.* 2007; 195 (8): 1089–1096.
107. Wiedermann G. Mikrobiologische und parasitare Risiken des Aufenthaltes in warmen Landern. *Zbl. Bakt. Hyg. I. Abt. Orig. B.* 1979; 168 (1–2): 165–174.
108. World Migration Report 2000. IOM, United Nations. 2000. URL: https://publications.iom.int/system/files/pdf/wmr_2000_edited_0.pdf
109. World Migration 2003: Managing Migration Challenges and Responses for People on the Move. Geneva: IOM, 2003; 2: 5.
110. World Migration Report 2015. Migrants and cities: new partnerships to manage mobility. Geneva: International Organization for Migration (IOM); 2015.
111. Zammarchi L., Montagnani F., Tordini G., Gotuzzo E., Bisoffi Z., Bartoloni A. et al. Persistent strongyloidiasis complicated by recurrent meningitis in an HTLV seropositive Peruvian migrant resettled in Italy. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2015; 92: 1257 – 1260.

5.4 Чрезвычайные ситуации биологического характера

5.4.1. Особенности развития чрезвычайных ситуаций биологического характера

Чрезвычайные ситуации (ЧС) биологического характера – это катастрофы, связанные с присоединением и/или распространением опасных биологических агентов, повлекшие за собой человеческие жертвы, ущерб здоровью людей в значительных размерах, а также нанесение серьёзного ущерба окружающей среде. В настоящее время выделяют три основные категории ЧС биологического характера: биотеррористическая атака, пандемия и эпидемия [24].

ЧС, связанные с инфекционными заболеваниями, отличаются от других типов катастроф тем, что они повышают риск распространения инфекционных заболеваний во время и после инцидента. Следовательно, они влекут за собой необходимость специализированных мер по смягчению последствий, планированию и реагированию для предотвращения и контроля распространения инфекций [13].

Последствия чрезвычайных ситуаций могут быть как ограниченными в пространстве и времени, так и охватывать значительные территории и временной промежуток. Чрезвычайные ситуации (ЧС) биологического характера – это катастрофы, связанные с присоединением и/или распространением опасных биологических агентов, поэтому одной из главных задач при ликвидации катастроф различного генеза является обеспечение эпидемиологического благополучия (защищенности) не только пострадавших, но и населения, территория проживания которого будет использована в качестве мест эвакуации и временного размещения. Социально-экономическая ситуация и демографические изменения, возникающие в результате увеличения плотности населения, сосредоточенного на небольших территориях, могут усилить негативное воздействие ЧС [15, 56].

Заболеваемость в зонах катастроф может увеличиться по ряду причин: активного распространения эндемичных инфекций, а также заноса с людьми, прибывающими в зону ЧС для оказания специализированной помощи (сотрудники МЧС, строители). Помимо этого, массовое перемещение населения, как организованное, так и случайное, может привести к распространению инфекции за пределы зоны бедствия, создавая множество новых очагов заболевания. Риски возникновения инфекций, связанные с переселением, обусловлены множеством факторов: плохое общее физическое и психическое состояние здоровья, отсутствие доступа к адекватным базовым медицинским услугам, переполненные убежища, где не соблюдаются правила гигиены и санитарии. Это приводит к повышенному риску воздействия патогенов и способствует распространению болезней [51].

В зонах ЧС разрушение зданий и инфраструктуры жилищно-коммунального хозяйства усугубляет санитарно-гигиенические условия, что часто приводит к росту заболеваний, таких как острые кишечные инфекции. Также в условиях тяжелой обстановки, включая военные конфликты, может наблюдаться снижение эффективности иммунитета, полученного в результате специфической профилактики, которая в силу ограниченного доступа к вакцинам и сбоям в работе медицинских учреждений не проводится, что в свою очередь способствует увеличению заболеваемости. Показательным примером может служить эпидемия полиомиелита, возникшая в 1995 году в Грозном, Чеченской Республики, которая затронула девять районов и вызвала инфицирование 138 детей, шесть из которых погибли [28].

Чрезвычайные ситуации, вызванные военным конфликтом, в подавляющем большинстве случаев приводят к гуманитарным катастрофам, массовым миграциям населения и, как следствие, вспышками инфекционных заболеваний: холеры (Гонконг 1991, Руанда 1994, Заир 1997, Сомали 1997, 2000); желтой лихорадки (Либерия 2004), сыпного тифа (Бурунди 1997).

На территориях, подвергшихся воздействию ЧС создается оптимальная среда для массового размножения носителей и переносчиков инфекций (грызуны, членистоногие), что приводит к развитию эпизоотий с активизацией природных очагов инфекционных болезней и, как следствие, увеличению заболеваемости ПОИ среди людей. Во время военных действий на территории конфликта часто создается благоприятная обстановка для распространения особо опасных инфекций как среди животных, так и людей, например, сибирской язвы, чумы, туляремии [12].

Среди стихийных бедствий, способствующих возникновению инфекционных заболеваний, наиболее частая причина – наводнения, которые приводят к многочисленным неблагоприятным последствиям, в том числе загрязнению поверхностных и грунтовых вод, что нарушает доступ к базовым гигиеническим потребностям, увеличению числа переносчиков (комаров) природно-очаговых инфекций [39, 45, 55].

За последние 20 лет наводнения способствовали распространению различных заболеваний. Примерами могут служить вспышка лептоспироза в Келантане, Малайзия [49], малярии в провинции Аньхой, Китай, 2007 г. [41], гастроэнтерита и респираторных инфекций в Нидерландах, 2015 г. [50], бактериальной дизентерии в провинции Хунань, Китай, 2012 г. [47].

Считается, что социально-экономические факторы играют важную роль в возникновении эпидемий в целом [44]. Ряд исследований показывает существенное влияние таких факторов, как высокий уровень бедности, низкий уровень образования и грамотности в формировании вспышек инфекционных болезней в регионе ЧС. Так во время наводнения 2012 года на о. Фиджи заболеваемость лептоспирозом в два раза чаще регистрировалась у людей в районах с высоким уровнем бедности, а инфекционная диарея в провинции Хунань

в сезон наводнений с 2004 по 2011 год в Китае была более распространена в регионах с низким уровнем экономического развития [38, 46, 52].

Недостаточная осведомленность пострадавшего населения и волонтеров о важности изоляции больных и мерах личной профилактики при многих инфекционных заболеваниях в ряде случаев являлось причиной их роста. Например, в ходе расследования, проведенного после наводнения в 2016 году в районе Восточный Бадевахчо на юге Эфиопии, совместное проживание здоровых и больных детей, страдающих чесоткой, стало основным фактором, способствовавшим вспышке заболевания [40]. Контакты волонтеров с местным населением на фоне употребления необеззараженной воды и несоблюдения ряда гигиенических процедур стало основным фактором, повлиявшим на распространение холеры во время землетрясения на Гаити в 2010 году [42].

Готовность инфраструктуры, наличие систем наблюдения за инфекционными заболеваниями, наличие и реализация планов действий по предупреждению вспышек инфекций играют важную роль в смягчении последствий ЧС. Эффективное задействование систем эпидемиологического надзора и профилактики инфекций, повышение осведомлённости являются важными аспектами, способствующими защите населения от инфекционных заболеваний во время вооруженных конфликтов и стихийных бедствий.

5.4.2. Пандемия – чрезвычайная ситуация биологического характера

Понятие пандемии характеризует возможность (как правило, реализованную) распространения инфекционной болезни между странами. Пандемия характеризует не только интенсивность заболевания, но, в первую очередь, международный характер ее территориального распространения. С позиции социально-экологической концепции эпидемического процесса, пандемия – это глобальная социально-экологическая система, обеспечивающая сохранение и распространение возбудителей инфекций в планетарном масштабе, сформированная комплексом региональных социально-экологических процессов (эпидемий) [34].

Из всех видов ЧС биологического характера пандемии представляют наибольшую потенциальную угрозу общественному здоровью с точки зрения заболеваемости и смертности. Исторически пандемии гриппа происходят с относительной регулярностью. В XX веке три пандемии гриппа (в 1918-1919, 1957-1958 и 1968-1969 годах) привели к примерно 53 миллионам смертей во всем мире. В 2009 году появился новый штамм гриппа А (H1N1), который быстро реализовался в пандемию, в результате которой во всем мире погибло до 575 000 человек.

Ключевыми проблемными особенностями пандемий являются:

1) риск распространения:

- патогены могут быстро распространяться из-за их способности к мутации и адаптации;

- глобализация и увеличение мобильности людей способствуют быстрому распространению болезни по всему миру;

2) вызовы здравоохранению:

- пандемии могут перегружать медицинские системы, что приводит к растущим рискам для пациентов;

- необходимость создания новых инфраструктурных решений (постройка госпиталей, лабораторий);

3) экономические последствия:

- закрытие бизнеса, особенно в отраслях с высоким уровнем контактов (например, туризм, общественный транспорт), что приводит к значительным убыткам;

- падение спроса на товары и услуги, что ведет также к значительным экономическим потерям во всех слоях общества;

4) социальные последствия:

- увеличение стресса и тревоги среди населения из-за неопределенности;

- изменения в повседневной жизни (социальное дистанцирование) могут привести к эмоциональным проблемам и депрессии [4].

В отличие от биотеррористической атаки или эпидемии, пандемия обычно не возникает внезапно. Всемирная организация здравоохранения (ВОЗ) выделяет шесть фаз пандемии, начиная с периода, когда случаев заражения человека возбудителем/болезнью практически нет, и заканчивая периодом, когда заболевание активно и устойчиво распространяется от человека к человеку:

- низкий риск заражения людей;

- высокий риск заражения людей;

- передача от человека к человеку отсутствует или очень ограничена;

- доказаны случаи передачи возбудителя болезни от человека человеку;

- доказана значительная передача от человека к человеку;

- эффективная и устойчивая передача от человека к человеку.

Ожидается, что пандемия будет поражать сообщества несколькими волнами. Каждая волна будет длиться примерно 6–8 недель, что делает реагирование на неё более длительным, чем в случае других типов катастроф. Также следует отметить, что не все пандемии развиваются постепенно. Примером тому может служить пандемия H1N1 2009 года, возникновение которой было достаточно внезапным, а распространение быстрым.

Среди признаков, отличающих пандемию от эпидемий, можно выделить следующие:

- эпидемии могут возникать под действием уже известного и циркулирующего в человеческой популяции возбудителя, возможно, с небольшими генетическими мутациями, в то время как пандемию вызывает новый вариант

возбудителя или совершенно другой возбудитель, который быстро становится доминирующим, вытесняя предшественника;

- скорость распространения эпидемии на территории отдельного государства определяется развитостью национальной транспортной инфраструктуры и соотношением городского и сельского населения, а скорость распространения пандемии зависит от международных транспортных и, отчасти, туристических потоков;

- эпидемии обычно служат источником пандемии, возникая на территории отдельных государств и распространяясь по всему миру;

- один из основных признаков пандемии – высокий уровень заболеваемости и смертности населения;

- после завершения пандемии на отдельных территориях эпидемический процесс сохраняется и продолжается на более низком уровне. Прекращение эпидемий характеризуется либо прекращением заболеваний, либо их сохранением на спорадическом уровне.

Обобщенные знания о прошедших пандемиях могут стать основой создания действенных инструментов в борьбе с ними в будущем. Так, пандемия новой коронавирусной инфекции (COVID-19) с 2020 по 2023 годы продемонстрировала необходимость адаптации стратегий борьбы с эпидемиологическими угрозами [6, 9]. Опыт показал, что эффективное управление эпидемиями требует интеграции современных технологий и научных достижений в области эпидемиологии:

- информационные технологии – использование больших данных и цифровых платформ для мониторинга и прогнозирования распространения инфекций;

- молекулярно-генетические методы – быстрая идентификация вирусов с помощью секвенирования ДНК, что позволяет быстро адаптировать стратегии лечения и профилактики;

- совершенствование санитарной охраны территорий – соблюдение Международных медико-санитарных правил (ММСП) для предотвращения международного распространения болезней.

Таким образом, современные стратегии борьбы с эпидемиями должны учитывать не только практические аспекты, но и интеграцию передовых технологий для более быстрого реагирования на новые угрозы [18].

В работе [48] рассмотрено несколько сценариев воздействия пандемий на макроэкономические результаты и финансовые рынки, которые, несмотря на ряд различий, могут оказывать значительное влияние на мировую экономику. Анализируя первый опыт, полученный во время пандемии COVID-19, авторы констатируют неэффективность традиционных экономических мер и предлагают разработку новых, комплексных механизмов, среди которых важную роль занимает оценка эпидемиологических рисков и связи экономики и здравоохранения [35, 43, 53].

Анализ исследований показал, что высокая скорость распространения пандемии COVID-19 является следствием экономической глобализации. В ходе борьбы с пандемией государства обычно придерживаются национальной политики, действуя изолированно и не всегда согласованно [29, 54]. Исследователи Гарвардского университета выявили, что даже в случаях, когда заболеваемость и смертность населения относительно невысоки, последствия для экономики страны могут быть весьма серьезные, так, во время лихорадки Эбола в Либерии в 2013-2014 гг. их ВВП снизился на 8 % [37].

Таким образом, учитывая опыт последних эпидемий и особенно пандемии COVID-19, очевидно, что одной из наиболее важных проблем в области международной биобезопасности является повышение эффективности управления в области мирового здравоохранения. Новая коронавирусная инфекция, обладая летальностью и хронизацией ряда сопутствующих заболеваний, распространившись по всему миру, стала вызовом для мирового сообщества.

Так, роль координатора по борьбе с пандемией COVID-19 после её объявления в марте 2020 года взяла на себя Всемирная организация здравоохранения, однако очень быстро столкнулась с критикой за неэффективные действия. Основные причины низкой эффективности включали [9]:

- снижение роли ВОЗ как эксперта;
- замедленную аналитику, вызванную зависимостью от правительств стран-участниц;
- уменьшение сотрудничества лабораторий в рамках программ ВОЗ из-за конкуренции, например, отказ от «Тестов солидарности»;
- недовольство национальных систем здравоохранения рекомендациями ВОЗ относительно препаратов [33];
- сложную бюрократическую структуру, которая затрудняет принятие решений.

Эти факторы усложнили управление пандемией COVID-19, несмотря на первоначальные усилия [25].

В свою очередь, в соответствии с Международными медико-санитарными правилами ввиду постоянной динамики эпидемиологической ситуации и необходимости оперативного реагирования Всемирная организация здравоохранения должна получать уведомления об основных типах кризисных ситуаций в сфере общественного здравоохранения:

1. Инфекционные болезни, требующие обязательного информирования ВОЗ (COVID-19, SARS, птичий грипп (H5N1) и другие инфекции, которые могут вызывать значительные вспышки по всему миру).
2. События, которые имеют международное значение в сфере здравоохранения. Категория, охватывающая любые события, способные существенно повлиять на здоровье населения за пределами одной страны. Она включает как инфекционные болезни, так и неинфекционные заболевания (в т.ч.

отравления). Примером могут служить вспышки холеры, массовые отравления через загрязнённую воду или продукты питания.

3. Инфекционные болезни, для которых необходимо оценивать необходимость уведомления ВОЗ. Эти заболевания требуют оценки их потенциала для распространения за пределы национальных границ, а информация об их возникновении или вспышке может потребоваться для принятия международных мер (некоторые формы лихорадок (например лихорадка Западного Нила).

Таким образом, ММСП подчеркивает важность своевременного обмена информацией для предотвращения и управления пандемиями и другими угрозами общественному здравоохранению. Это требует от стран активного сотрудничества с ВОЗ, чтобы обеспечить быстрое принятие мер по локализации и контролю потенциальных вспышек заболеваний, а также скорейшей ликвидации их последствий.

В современном мире для оперативного сбора и анализа информации о кризисных ситуациях применяются следующие подходы:

1) «Глобальная обсерватория здоровья» – интернет-портал, который предоставляет доступ к динамическим данным об основных показателях здоровья населения мира из источников ВОЗ;

2) электронные мессенджеры – практически мгновенный обмен любой информацией;

3) система уведомлений о кризисных ситуациях, которая позволяет оперативно сообщать о новых эпидемиях или чрезвычайных событиях в общественном здравоохранении;

4) использование современных технологий для сбора и анализа информации, включающих в себя анализ больших данных (Big Data) и использование искусственного интеллекта, чтобы более эффективно отслеживать и прогнозировать эпидемиологические тренды;

5) работа с партнерами – сотрудничество со многими организациями по всему миру для сбора данных о кризисных ситуациях (государственные органы, научные организации и т.д.);

6) регулярные встречи и конференции со своими партнерами для обсуждения и анализа данных о кризисных ситуациях.

Такие заболевания, как чума, холера, желтая лихорадка и вирусные геморрагические лихорадки (включая Эболу, Лассу и Марбург), считаются потенциальными агентами чрезвычайных ситуаций, чему способствует ряд причин [11]:

- высокая контагиозность – передаются легко от человека к человеку или через векторы (например, моски) и могут быстро распространиться;
- высокая летальность, особенно если не получена своевременная медицинская помощь;
- глобальный характер – за счет увеличения международных сообщений эти заболевания могут быстро распространиться по всему миру;

- сложности в лечении и предотвращении – некоторые из этих болезней требуют специальных условий лечения и не всегда есть эффективные методы профилактики.

Нельзя не упомянуть исключительную роль стихийных бедствий, повышающих риск распространения чумы в природных очагах, существующих на территории 50 стран мира, включая 9 стран СНГ. Так в 90-х годах прошлого столетия эпидемия чумы в Индии, вызванная землетрясением и наводнением, унесла жизни 54 человек (заболело 876), а экономический ущерб составил 1,7 млрд долларов [18].

В связи с вышеперечисленным, ВОЗ и другие международные организации тщательно отслеживают эти заболевания и готовы к быстрому реагированию в случае их возникновения.

После 10 лет действия ММСП [27] было сделано заключение, что они являются эффективным инструментом для предупреждения и контроля чрезвычайных ситуаций в общественном здравоохранении с международным значением. Действия ММСП (2005 г.) направлены на оперативное, гибкое и эффективное обследование, мониторинг и контроль угроз, способствующие предотвращению ЧС без лишних формальностей. Их значимость продемонстрировала пандемия гриппа А/Н1N1/09: она началась непредсказуемо в Мексике и США, где была зафиксирована повышенная заболеваемость и высокий уровень летальных исходов у заболевших с тяжелыми пневмониями среди лиц молодого возраста. Необычное географическое начало пандемии гриппа (ранее все подобные эпидемии возникали в Азии, преимущественно в Китае) придавало ситуации особую серьезность по критериям ММСП (2005 г.), усугубляемую тем фактом, что подтип гриппа А/Н1N1/ вызвал самый тяжелый пандемийный рост в 1918 году, приведший к потере около 60 млн жизней. Развитие ситуации проходило по достаточно стремительному сценарию: в апреле 2009 года ситуацию классифицировали как ЧС, что соответствовало требованиям ММСП (2005 г.), а уже через месяц заболевание было подтверждено в 74 странах и территориях, и 11 июня 2009 года было объявлено о пандемии гриппа А/Н1N1/09.

Учитывая наличие протяженной границы (14 стран, включая такие крупные государства, как Китай, Финляндия и Норвегия, общей протяженностью 20734 км), обширную территорию и значительное количество международных контактов, Россия уделяет особое внимание борьбе с биологическими угрозами. Для обеспечения биологической безопасности страны реализуется комплекс мер:

- усиление пограничного контроля – использование современных технологий для раннего выявления потенциальных угроз;

- международное сотрудничество – укрепление связей с соседними странами и международными организациями для обмена информацией о биологических рисках;

- постоянное обучение специалистов всех заинтересованных служб и ведомств с целью эффективного реагирования на угрозы.

Благодаря этим усилиям Россия минимизирует риски, связанные с биологическими угрозами, обеспечивая безопасность как собственного населения, так и соседних стран.

В условиях появления новых источников биологической опасности необходимо принимать дополнительные меры в области организации, права и медицинской безопасности, чтобы снизить риски возникновения пандемий (эпидемий) на территории России [8].

Внесение ряда изменений в Федеральный закон «О защите населения и территорий от чрезвычайных ситуаций природного и техногенного характера» в 2020 году позволило регламентировать порядок предупреждения и ликвидации чрезвычайных ситуаций биологического характера. Данное изменение было связано с необходимостью обеспечения законности использования режима повышенной готовности и мер государственного принуждения в сложных эпидемиологических условиях [2]. Федеральный закон № 492-ФЗ от 30 декабря 2020 года определяет стратегию биологической безопасности, которая направлена на улучшение государственного управления в сфере санитарно-эпидемиологического благополучия. Для достижения этой цели планируется создание системы стратегического планирования, которая будет основываться на постоянном взаимодействии между федеральными и региональными органами власти. Разработка таких программ регламентирована ст. 3 (с изменениями от 2 июля 2021 г.), 5.1 (с изменениями от 19 августа 2024 г.) и 6 (с изменениями от 15 ноября 2022 г.) Федерального закона от 30 марта 1999 г. № 52-ФЗ «О санитарно-эпидемиологическом благополучии населения», которые к полномочиям субъектов Российской Федерации в области обеспечения санитарно-эпидемиологического благополучия населения относят право разработки, утверждения и реализации региональных программ обеспечения санитарно-эпидемиологического благополучия населения, согласованных с территориальным органом федерального органа исполнительной власти, осуществляющим функции по контролю и надзору в сфере обеспечения санитарно-эпидемиологического благополучия населения. Полномочия субъектов Российской Федерации по защите населения и территорий при чрезвычайных ситуациях также регулируются ст. 3 и 11 Федерального закона от 21 декабря 1994 г. «О защите населения и территорий от чрезвычайных ситуаций природного и техногенного характера» (ред. от 30 декабря 2012 г.) [30, 32]. Федеральный закон от 30 декабря 2020 г. № 492-ФЗ «О биологической безопасности в Российской Федерации» и Указ Президента РФ от 6 июня 2019 г. № 254, утвердивший Стратегию развития здравоохранения в Российской Федерации на период до 2025 г., определили актуальные цели и задачи защиты населения и территорий страны от угроз биологического характера [30].

Новая стратегия биологической защиты, включая опыт пандемии COVID-19, подчеркивает необходимость улучшения законодательства в области санитарно-эпидемиологического благополучия населения нашей страны. Исследование текущих проблем и международного опыта позволит более эффективно определять пути усиления правовой основы.

При обеспечении биологической безопасности следует оценивать вероятность распространения инфекций, учитывая региональные риски. Отдельные случаи заноса, особенно опасных инфекций, не классифицируются как чрезвычайные ситуации при отсутствии условий для их передачи. Оценка заболеваний по уровню риска на местности и в зависимости от времени года, совместно с оперативной диагностикой, позволяет проводить целевые противоэпидемические мероприятия без избыточных действий [5].

В Международных медико-санитарных правилах прописано такое понятие, как чрезвычайная ситуация в области общественного здравоохранения, имеющая международное значение. В нашей стране к категории чрезвычайных ситуаций биологического характера относятся случаи с высоким уровнем социального, экономического и геополитического влияния, которые могут угрожать национальной безопасности. Если такие события оказывают значительное воздействие, они также рассматриваются как чрезвычайные ситуации [22]. Согласно списку 194 стран-членов ВОЗ, опубликованному в Приложении 2 ММСП (2005 г.), самыми опасными считаются 14 болезней. Одной из них является возможная пандемия нового подтипа гриппа. Примером глобальной эпидемии является лихорадка Эбола в Западной Африке в 2013-2016 годах [21].

На территории Российской Федерации список инфекционных болезней, требующих санитарной охраны, состоит из 16 нозологических форм. В странах СНГ этот список расширен до 20, а на территории Таможенного союза – до 24. При этом большинство возбудителей инфекционных болезней из ММСП (2005 г.) находятся в списке патогенов, которые могут быть использованы в качестве биологического оружия и использоваться в том числе при проведении массовых международных мероприятий.

Подводя итог, необходимо отметить, что пандемии представляют собой глобальные проблемы, которые вызывают значительные последствия для здоровья населения, экономики и общественной стабильности, минимизация которых возможна только лишь при условии применения комплексного подхода к борьбе с ними. При разработке такого подхода особое внимание необходимо обратить на следующие компоненты.

1. Совершенствование научных исследований:

- разработка и тестирование новых лекарственных препаратов, вакцин и терапевтических методов;
- изучение механизмов распространения и предотвращения болезни;
- проведение фундаментальных исследований для понимания структуры патогена и механизмов его деятельности.

2. Развитие медицинских решений:

- создание инфраструктуры по производству лекарственных препаратов и вакцин;
- обеспечение медицинского обслуживания больных, что может включать строительство новых больниц, оборудование или увеличение вместимости существующих.

3. Совершенствование профилактических мероприятий по всем направлениям.

4. Глобальное сотрудничество между странами:

- обмен информацией и научными знаниями;
- координация международных усилий по распространению вакцин, оказанию медицинской помощи и предоставлению финансовой поддержки;
- создание межгосударственных фондов для борьбы с пандемией.

5.4.3. Развитие системы противодействия ЧС биологического характера в Российской Федерации

Ключевая функция государства и общества – обеспечение безопасности и комфортного существования граждан как в мирное время, так и в период войны. Территория нашей страны подвержена комплексному воздействию более чем 30 опасных природных явлений, из которых наиболее разрушительными являются землетрясения, наводнения, цунами, оползни, ураганы. Не являются исключением и ЧС биологического характера: инфекционные заболевания людей, массовые болезни сельскохозяйственных животных, поражение сельскохозяйственных растений [1, 7].

Санитарно-противоэпидемическое обеспечение при ЧС включает комплекс организационных, правовых, медицинских, гигиенических и противоэпидемических мероприятий, направленных на предупреждение возникновения и ликвидацию инфекционных заболеваний, соблюдения санитарных правил и норм при резком ухудшении санитарно-эпидемического состояния, сохранения здоровья населения и поддержания его трудоспособности и входит в единую государственную систему предупреждения и ликвидации чрезвычайных ситуаций (РСЧС).

Основными принципами организации санитарно-противоэпидемического обеспечения населения в ЧС являются [3]:

- государственный и приоритетный характер санитарно-эпидемиологической службы, постоянная готовность ее сил и средств, их высокая мобильность, четкое функциональное предназначение и формирование с учетом региональных особенностей;
- единый подход в организации санитарно-противоэпидемических мероприятий;

- соответствие содержания и объема мероприятий санитарно-эпидемиологической обстановке, характеру деятельности и возможностям учреждений и формирований службы;

- дифференциальный подход к формированию сил и средств с учетом региональных особенностей, уровня и характера потенциальной опасности территорий;

- взаимодействия санитарно-эпидемиологической службы с органами и учреждениями других ведомств.

В соответствии с этими принципами в настоящее время в Российской Федерации действует ряд систем реагирования на ЧС санитарно-эпидемиологического характера [3].

Во всех субъектах Российской Федерации осуществляют деятельность санитарно-противоэпидемические комиссии (СПЭК), обеспечивающие контроль проведения противоэпидемических мероприятий, направленных на локализацию и ликвидацию очагов инфекционных заболеваний. Также СПЭК регулирует межведомственное взаимодействие, в рамках своей деятельности разрабатывают и реализуют комплексные планы по санитарной охране территории, предусматривающие готовность разных структур к чрезвычайным ситуациям, в том числе проведению профилактических мероприятий [36].

Санитарно-карантинный контроль на границах России осуществляется в 200 пунктах, где обеспечивается мониторинг рисков заноса инфекций как случайных, так и преднамеренных. Совершенствование системы реагирования на чрезвычайные ситуации санитарно-эпидемиологического характера способствовало созданию Единой информационно-аналитической системы Роспотребнадзора. Эта система включает модули «Лабораторное обеспечение», «Контрольно-надзорная деятельность» и «Эпидемиологический надзор и мониторинг». Она позволяет собирать, хранить и быстро анализировать данные о санитарно-эпидемиологической ситуации как на всей территории страны, так и в её регионах. Автоматизированная информационная система «Периметр» в настоящее время используется для координации работы санитарно-карантинных пунктов пропуска через государственную границу Российской Федерации. Эта система собирает и структурирует данные об эпидемиологической ситуации в различных странах, что помогает специалистам Роспотребнадзора своевременно получать информацию о потенциальных угрозах при контроле за пассажирскими перевозками. Такое внедрение повышает эффективность мер по защите территории нашей страны от заноса опасных инфекционных заболеваний, обеспечивая оперативность и точность действий [10].

Биологическая безопасность и санитарно-эпидемиологическое благополучие населения в контексте «ближайшего соседства» на территории стран СНГ представляет собой значимую межгосударственную задачу, которая требует создания единой системы для отслеживания и реагирования на чрезвычайные ситуации эпидемиологического характера.

Учитывая наличие трансграничных природных очагов особо опасных инфекционных болезней, их расширение, появление устойчивых к антибиотикам микроорганизмов и увеличивающиеся миграционные связи, возникла необходимость разработки совместной Концепции реагирования на биологические угрозы, включающей взаимодействие на региональном и национальном уровнях, оперативный обмен данными, использование совместных технологических ресурсов с целью эффективного противодействия возможным биологическим угрозам [10]. Так, Указом Президента Российской Федерации от 20.04.2014 № 259 была утверждена Концепция государственной политики Российской Федерации в сфере международного развития, главный акцент в которой делается на укрепление систем здравоохранения стран СНГ. В свою очередь, Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека разрабатывает программы для усиления методологического, технологического и кадрового потенциала этих стран. Таким образом, общий вектор усилия направлен на повышение готовности государственных партнеров к реагированию на эпидемиологические чрезвычайные ситуации, что ведет к формированию единого эпидемиологического пространства и создает систему оперативного мониторинга.

В рамках модернизации здравоохранения СНГ с 2015 года по настоящее время шести странам СНГ было передано 30 мобильных лабораторий, технический потенциал которых используется в эпидемиологическом надзоре за природно-очаговыми инфекциями. Также с начала 2020 года эти лаборатории активно задействуются для диагностики COVID-19 как в рамках укрепления существующих лабораторий, так и для проведения исследований в отдаленных районах [26].

Для укрепления защиты от эпидемий в 2021 году Роспотребнадзор внедряет стратегию «Санитарный щит», включающую четыре компонента: предотвращение, раннее обнаружение, быстрая реакция и безопасная среда. Стратегия фокусируется на современных технологиях разработки тест-систем за 4 дня и вакцин за 4 месяца. Стратегия создает трехуровневую систему защиты: национальный уровень, Евразийский периметр и международное сотрудничество.

Продолжается активная работа по созданию нормативно-методических документов регламентирующих единую систему мониторинга и реагирования на эпидемиологические чрезвычайные ситуации в регионе СНГ, в рамках которой разработаны и утверждены ключевые соглашения о сотрудничестве в области санитарной охраны территорий, положения об информационном обмене и совместных действиях в случае чрезвычайных ситуаций.

Таким образом, программы международного сотрудничества, запущенные с 2005 года для улучшения борьбы с инфекционными болезнями, основанные ММСП, привели к значительному развитию методологических, технологических и человеческих ресурсов стран СНГ. Это позволило значительно

повысить их способность противостоять инфекциям и справляться с чрезвычайными ситуациями биологического характера. На данный момент в регионе действует единая система мониторинга, объединяющая более 15 ключевых учреждений из восьми стран СНГ, целью которой является оперативное реагирование на подобные ситуации [10].

5.4.4. Роль специализированных противоэпидемических бригад Роспотребнадзора (СПЭБ) в ликвидации последствий ЧС

Международные медико-санитарные правила определяют «чрезвычайную ситуацию в области общественного здравоохранения с международным значением» как событие, угрожающее здоровью за пределами страны из-за распространения инфекций или массовых неинфекционных заболеваний. Это могут быть известные заболевания, новые инфекции и болезни, вызванные токсинами, химическими веществами и радиацией. События могут проявляться в виде локальных вспышек, эпидемий или пандемий как самостоятельно, так и в результате стихийных бедствий или применения биологического оружия [20]. Чрезвычайные ситуации в сфере здравоохранения управляются двумя типами организаций: учреждениями санитарно-эпидемиологического и лечебно-профилактического направления, которые функционируют на территориальной основе в рамках определенных административных границ, а также мобильными формированиями, работающими вне зависимости от них [31].

Мобильные противоэпидемические бригады (СПЭБ), созданные в 1963 году, выполняют задачи по обнаружению бактериальных средств поражения и контролю за окружающей средой на предмет возбудителей инфекций. Они действовали в составе медицинской службы Гражданской обороны и были активны с 1963 по 2006 год, ликвидируя последствия эпидемий и стихийных бедствий. В 2004 году СПЭБ сыграли ключевую роль в борьбе с холерой в Дагестане. Модернизация бригад, начатая в 2007–2010 годах по инициативе «Группы восьми» и распоряжением Правительства РФ № 642-р, улучшила их эффективность. В результате бригады стали более мобильными и оснащенными современным оборудованием. Согласно приказу Роспотребнадзора от 2015 года, СПЭБ функционируют автономно, применяют передовые диагностические технологии и обладают квалифицированным персоналом [17, 23].

Основные принципы функционирования СПЭБ Роспотребнадзора – мобильность, автономность, многопрофильность, высокая технологичность, реализация модульного принципа укомплектования, соблюдение требований биологической безопасности и универсальность подготовки специалистов. СПЭБ предназначена для предупреждения возникновения и ликвидации ЧС, обусловленных как эпидемическими проявлениями инфекционных болезней, так и санитарно-эпидемиологическими последствиями стихийных бедствий и

техногенных катастроф, а также обеспечения санитарно-эпидемиологического благополучия при проведении массовых, в том числе спортивных мероприятий на территории РФ и зарубежных государств. Основные задачи СПЭБ Роспотребнадзора:

- участие в организации и проведении в зоне ЧС профилактических и противоэпидемических мероприятий, направленных на предупреждение и снижение инфекционной заболеваемости населения, а также в оценке и прогнозировании санитарно-эпидемической обстановки при ликвидации последствий стихийных бедствий, катастроф и социальных потрясений;

- участие в организации и проведении экстренных противоэпидемических мероприятий по выявлению, локализации и ликвидации очагов опасных инфекционных болезней бактериальной и вирусной этиологии, возникших вследствие их заноса, а также активизации природных очагов инфекций;

- участие в организации и проведении профилактических и противоэпидемических мероприятий при ликвидации очагов опасных инфекционных болезней, последствий стихийных бедствий, катастроф и гуманитарных кризисов на территории зарубежных государств;

- лабораторная диагностика возбудителей заболеваний неясной этиологии при тяжелом или атипичном течении болезни и индикация ПБА в объектах окружающей среды;

- лабораторная диагностика возбудителей инфекционных болезней в материале от людей;

- оценка санитарно-гигиенической (токсикологической) обстановки и проведение в случае необходимости санитарно-гигиенических и токсикологических исследований;

- оказание консультативно-методической и практической помощи органам, осуществляющим федеральный государственный санитарно-эпидемиологический надзор, и медицинским организациям в субъектах РФ в организации и проведении профилактических и противоэпидемических мероприятий в зонах ЧС или при угрозе их возникновения.

Ярким примером работы СПЭБ в зоне ЧС можно считать деятельность мобильных формирований ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора в ходе вооруженного конфликта в Южной Осетии в августе 2008 года, где они активно участвовали в обеспечении санитарно-эпидемиологического благополучия населения, несмотря на дезорганизацию местной системы здравоохранения и отсутствие необходимых ресурсов: устаревшее оборудование, недостаток транспорта и кадров (менее 30%). СПЭБ смогли эффективно восстановить систему водоснабжения, обеспечить электроэнергией и оказать медицинскую помощь, используя современные технологии и высококвалифицированный персонал.

СПЭБ работала в составе оперативной группировки МЧС, что давало возможность решить вопросы пищевого довольствия, обеспечения горюче-сма-

зочными материалами, охраны групп специалистов при решении ими текущих задач.

Основное направление работы по предотвращению эпидемий заключалось в проведении санитарно-эпидемиологической разведки, осуществляемой непрерывно практически в течение всего времени пребывания СПЭБ в г. Цхинвал. На основании её результатов принимались организационные решения и делалась корректировка текущих мероприятий.

На первом этапе работы бригады было установлено, что обеспечение населения чистой питьевой водой является приоритетной задачей, требующей срочных мер. Специалисты СПЭБ эффективно справились с этой проблемой в первый день работы, предотвратив ухудшение эпидемиологической ситуации, связанной с инфекциями, передающимися через воду, такими как острые кишечные инфекции и гепатит А.

Следует отметить, что решением Федерального оперативного штаба по ликвидации последствий вооруженного конфликта на территории Южной Осетии именно Роспотребнадзору было поручено проведение работ по подаче пригодной к употреблению воды на всей территории г. Цхинвала. При этом специалистами СПЭБ были решены задачи не только обеззараживания воды и контроля ее качества, но и принятия ряда технических решений по запуску системы централизованного водоснабжения и оптимизации подачи хлорированной воды в город.

В рамках мероприятий по обеспечению безопасности пищевых продуктов постоянно осуществлялся контроль за питанием населения и военных, а также проверка качества гуманитарной помощи. Проводились регулярные обследования магазинов и рынков с целью выявления нарушений в хранении скоропортящихся товаров и их реализации, обеспечивая тем самым безопасность потребляемых продуктов.

В результате проведенной работы, в том числе и мероприятий в очагах инфекционных заболеваний, удалось достаточно эффективно локализовать и ликвидировать возникшие единичные и не связанные друг с другом эпидемические очаги дизентерии, а также предотвратить возможное в сложившихся условиях дальнейшее распространение острых кишечных инфекций.

Также специализированные противоэпидемические бригады сосредоточились на выполнении комплекса организационных мероприятий для восстановления функционирования Комитета Юго-Осетинского Роспотребнадзора. В этом процессе был учтен успешный опыт восстановления санитарно-эпидемиологической службы в Чеченской Республике, который имел место в 1995 и 1999–2000 годах. Важным направлением было создание условий для привлечения специалистов Комитета к выполнению мероприятий, проводимых СПЭБ. Фактором, способствовавшим выходу сотрудников Комитета ЮгОсетпотребнадзора на работу, стало обеспечение их гуманитарной помощью на

рабочих местах, правительственное решение об этом было принято при содействии специалистов СПЭБ [16].

В 2008 году СПЭБ Роспотребнадзора получили ценный опыт применения своих возможностей за пределами России, приняв участие в расследовании вспышки инфекционного заболевания неясной этиологии и происхождения в Республики Таджикистан (Файзабадский район). За счет скоординированных действий Российской и Таджикской сторон удалось установить этиологию и происхождение патогена [14].

В Западной Африке (Гвинея) мобильные лаборатории осуществляли лабораторную диагностику материала с подозрением на заражение лихорадкой Эбола и ряда других инфекций, а также оказывали консультативно-методическую и практическую помощь при реализации противоэпидемических мероприятий. Отдельным направлением работы было обучение местных специалистов по вопросам соблюдения требований биологической безопасности.

Широкий спектр работ СПЭБ проводили в период обеспечения санитарно-эпидемиологического благополучия при наводнении в Приморском, Хабаровском краях и Еврейской автономной области (2013 г.), а также при осуществлении мероприятий по недопущению распространения COVID-19 в Москве и Республике Дагестан в 2020 году. Мобильные лаборатории приняли непосредственное участие в обеспечении эпидемиологического благополучия в новых регионах России с 2022 по 2025 год. Особенная роль СПЭБ была отведена в период подготовки и проведения мероприятий с международным участием: XXVII Всемирной летней универсиады 2013 г. в Казани, XXII Олимпийских и XI Паралимпийских зимних игр 2014 г. в Сочи, Чемпионата мира по водным видам спорта 2015 г. в Казани, Чемпионата Мира по футболу в г. Сочи и Саммита стран ШОС и государств БРИКС в Уфе [19].

Таким образом, на сегодняшний день специализированные противоэпидемические бригады Роспотребнадзора представляют собой передовые мобильные противоэпидемические комплексы, функционирующие по принципу экстренной мобилизации и способные действовать автономно. Эти комплексы разработаны для предотвращения биологических чрезвычайных ситуаций как на территории России, так и за её пределами.

Заключение

Чрезвычайные ситуации биологического характера представляют серьёзную угрозу для общественного здравоохранения и экономической стабильности. Пандемии и эпидемии требуют комплексного подхода к их предотвращению и ликвидации, включающего научные исследования, медицинские решения, профилактические меры и международное сотрудничество.

Российская Федерация активно работает над укреплением своей системы противодействия биологическим угрозам, которая включает в себя много-

уровневую структуру, состоящую из федеральных, региональных и местных органов власти, а также систему международного сотрудничества. Важным аспектом является внедрение современных технологий, таких как анализ больших данных и искусственный интеллект, для мониторинга и прогнозирования эпидемиологических тенденций.

Специализированные противоэпидемические бригады Роспотребнадзора, оснащенные современными технологиями и компетентным персоналом, также играют ключевую роль в обеспечении санитарно-эпидемиологического благополучия как в стране, так и за ее пределами. Их опыт, включая участие в ликвидации последствий вооруженного конфликта в Южной Осетии и борьбу с лихорадкой Эбола в Западной Африке, демонстрирует высокую эффективность и адаптивность.

Опыт борьбы с пандемией COVID-19 показал необходимость совершенствования законодательной базы и стратегий реагирования, а также важность международного сотрудничества в области биологической безопасности. Несмотря на достигнутые успехи, продолжается работа по модернизации и совершенствованию систем реагирования на биологические угрозы, что включает в себя разработку новых вакцин, лекарственных препаратов и методов диагностики, а также укрепление международного сотрудничества для эффективного противодействия потенциальным угрозам.

Обеспечение биологической безопасности и санитарно-эпидемиологического благополучия населения является приоритетной задачей, требующей постоянного совершенствования и адаптации к новым вызовам и угрозам. Внедрение инновационных технологий, укрепление международного сотрудничества и повышение готовности специализированных формирований, таких как СПЭБ, играют ключевую роль в эффективной борьбе с биологическими угрозами и защите населения.

Список литературы

1. Андреев, Ю.Н. (2009). Становление и развитие системы органов противодействия чрезвычайным ситуациям в Российской Федерации. Вестник Российского университета кооперации, (1), 113-119.
2. Варламова Н.В. Пандемия COVID-19 как вызов конституционному правопорядку / Н. В. Варламова // Сравнительное конституционное обозрение. – 2020. – № 6. – С. 17-30. – DOI: 10.21128/1812-7126-2020-6-17-30
3. Головки В.В. Основные направления совершенствования законодательства о санитарно-эпидемиологическом благополучии населения Российской Федерации / В.В. Головки, А.И. Сахно // Правоприменение. – 2023. – Т. 7, № 2. – С. 96-104. – DOI: 10.52468/2542-1514.2023.7(2).96-104.
4. Гуцин В.А., Мануйлов В.А., Макаров В.В., Ткачук А.П. Надлежащая организация системы биобезопасности как средство снижения уязвимости общества, экономики и государства перед биогенными угрозами // Вестник РГМУ №4 2018 С 5-22. DOI: 10.24075/brsmu.2018.054

5. Ефременко Д.В., Василенко Н.Ф., Ефременко В.И. Биологическая безопасность массовых мероприятий: оценка внешней эпидемиологической угрозы // Журн. микробиол., 2019, № 2, С. 76–82
6. Зайцева Н.В., Клейн С.В., Глухих М.В. Пространственно-динамическая неоднородность течения эпидемического процесса COVID-19 в субъектах Российской Федерации (2020–2023 гг.) /Анализ риска здоровью. 2023. № 2 с 4-17, DOI: 10.21668/health.risk/2023.2.01
7. Защита населения и территорий в чрезвычайных ситуациях / под ред. В.В. Тарасова. – М., 2004. – С. 16
8. Карпенко М.С. Трансформация российско-казахстанского пограничья в постсоветский период: институциональное и экономическое измерения / М.С. Карпенко, В.А. Колосов, А. Б. Себенцов // Проблемы национальной стратегии. – 2021. – № 5. – С. 25-39. – DOI: 10.52311/2079-3359_2021_5_25
9. Кузнецов Д.А., Коновалов И.С. Всемирная организация здравоохранения в условиях пандемии COVID-19: оценка эффективности глобального управления. Право и управление. XXI век. 2020;16(3):3-16. <https://doi.org/10.24833/2073-8420-2020-3-56-3-16>
10. Кутырев В.В., Щербакова С.А., Карнаухов И.Г., Касьян Ж.А., Шиянова А.Е., Горбунов В.А., Красько А.Г., Лешкевич А.Л., Федорович Е.В., Семижон П.А., Рустамова Л.М., Петкевич А.С., Ерубаяев Т.К., Аязбаев Т.З., Турегелдиева Д.А., Ковалева Г.Г., Бердиев С.К., Усенбаев Н.Т., Казыбаева Ж.С. Система мониторинга и реагирования на чрезвычайные ситуации в области общественного здравоохранения санитарно эпидемиологического характера в странах СНГ. Проблемы особо опасных инфекций. 2022; 3:95–106. DOI: 10.21055/0370-1069-2022-3-95-106
11. Лобзин Ю.В., Белозеров Е.С., Беляева Т.В, Волжанин В.М. Вирусные болезни человека. СПб.: СпецЛит; 2015. 400 с.
12. Месрбян Н.Х. Эпидемиология [электронный ресурс] https://efaidnbmnnnibpcajpcglc.lefindmkaj/https://dstu.ru/sveden/files/UP_Epidemiologiya.pdf (дата обращения: 11.04.2025)
13. Онищенко Г.Г., Попова А.Ю., Топорков В.П., Смоленский В.Ю., Щербакова С.А., Кутырев В. В. Современные угрозы и вызовы в области биологической безопасности и стратегия противодействия. Проблемы особо опасных инфекций. 2015; (3): 5-9
14. Онищенко Г.Г., Топорков А.В., Пяташина М.А., Удовиченко С.К., Топорков В.П., Кутырев В.В. Предупреждение и контроль чрезвычайных ситуаций биологического характера в условиях массовых международных мероприятий // ИНФЕКЦИОННЫЕ БОЛЕЗНИ: новости, мнения, обучение №1 2016 С 81-97.
15. Онищенко Г.Г., Кривуля С.Д., Федоров Ю.М. и др. Санитарно-противоэпидемическое обеспечение населения в чрезвычайных ситуациях. Руководство. – М.: МП «Гигиена», 2006. – 544 с.
16. Онищенко Г.Г., Куличенко А.Н., Грижебовский Г.М. Противоэпидемическое обеспечение населения Республики Южной Осетии в период ликвидации последствий вооруженного конфликта: монография – Ставрополь, ООО «Ставропольбланкиздат», 2009. – 196 с.
17. Онищенко Г.Г., Кутырев В.В. Специализированные противоэпидемические бригады (СПЭБ): эволюция научной концепции и практического применения. Саратов : Буква, 2014.
18. Онищенко Г.Г., Кутырев В.В., Кривуля С.Д., Федоров Ю.М., Топорков В.П. Стратегия борьбы с инфекционными болезнями и санитарная охрана территорий в современных условиях // Проблемы особо опасных инфекций, вып. 92, 2006. – С. 5-10.
19. Онищенко Г.Г., Кутырев В.В., Топорков А.В., Куличенко А.Н. и др. Специализированные противоэпидемические бригады (СПЭБ): опыт работы и тактика применения в современных условиях // Probl. Особо опасных инфекций. 2008. № 4 (98). С. 5-14.
20. Онищенко Г.Г., Кутырев В.В., Топорков В.П., Карнаухов И.Г., Куличенко А.Н., Балахонов С.В., Топорков А.В. Современные мобильные противоэпидемические комплексы при

предупреждении и оперативном реагировании на чрезвычайные ситуации биологического характера // ИНФЕКЦИОННЫЕ БОЛЕЗНИ: новости, мнения, обучение №1 2016. с. 93-102.

21. Онищенко Г.Г., Сандахчиев Л.С., Нетесов С.В., Мартынюк Р.А. Биотерроризм: национальная и глобальная угроза // Вестн. РАН. 2003. № 3 (73). С. 195-204

22. Онищенко Г.Г., Смоленский В.Ю., Ежлова Е.Б., Демина Ю.В. и др. Актуальные проблемы биологической безопасности в современных условиях. Ч. 2. Понятийная, терминологическая и определительная база биологической безопасности // Вестн. РАМН. 2013. № 11. С. 4-11.

23. Онищенко Г.Г., Смоленский В.Ю., Ежлова Е.Б., Пакскина Н.Д. и др. Специализированные противоэпидемические бригады Роспотребнадзора: прошлое, настоящее и будущее // Пробл. особо опасных инфекций. 2014. № 2. С. 5-12.

24. Онищенко Г.Г., Топорков А.В., Липницкий А.В., Викторов Д.В. Проблемы противодействия биологическому терроризму на современном этапе // ИНФЕКЦИОННЫЕ БОЛЕЗНИ: новости, мнения, обучение №1 2016 С 24-31.

25. Отчет ВОЗ о результатах работы в 2020-2021 г [https://www.who.int/about/accountability/results/who-results-report-2020-2021/the-work-of-who-in-emergencies-\(outbreak-crisis-and-response\)](https://www.who.int/about/accountability/results/who-results-report-2020-2021/the-work-of-who-in-emergencies-(outbreak-crisis-and-response))

26. Попова А.Ю., Ежлова Е.Б., Демина Ю.В., Куличенко А.Н., Малецкая О.В., Рязанова А.Г., Кузнецова И.В., Гнусарева О.А., Михайлова М.Е., Сирица Ю.В., Манин Е.А., Портенко С.А., Красовская Т.Ю., Куклев В.Е., Казакова Е.С., Данилевская М.М., Сафонова М.В., Тельнова Н.В., Иванова С.М., Лопатин А.А. Мобильные комплексы СПЭБ Роспотребнадзора как действенный инструмент при реализации мероприятий по противодействию новой коронавирусной инфекции COVID-19. Проблемы особо опасных инфекций. 2020;4:92–8. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-4-92-98

27. Попова А.Ю., Топорков В.П., Смоленский В.Ю., Пакскина Н.Д., Удовиченко С.К., Карнаухов И.Г., Шиянова А.Е., Щербакова С.А., Кутырев В.В. Эффективность Международных медико-санитарных правил при предупреждении и контроле чрезвычайных ситуаций санитарно-эпидемиологического и биологического характера // Пробл. особо опасных инф. 2017; 2:5–8. DOI: 10.21055/0370-1069-2017-2-5-8

28. Санитарно-противоэпидемическое обеспечение населения в чрезвычайных ситуациях: Руководство / под ред. Г.Г. Онищенко. – М.: ЗАО «МП Гигиена», 2006. – 550 с.

29. Смирнов Е.Н. «Мировая экономика коронавируса»: поиск оптимальных путей преодоления последствий кризиса // Вестник МГИМО-Университета. 2020. 13(3). С. 243-266 DOI 10.24833/2071-8160-2020-3-72-243-266

30. Стратегия предупреждения распространения антимикробной резистентности в Российской Федерации на период до 2030 года, утвержденная Правительством РФ 25 сентября 2017 г. № 2045-р.

31. Топорков А.В., Топорков В.П., Шиянова А.Е., Кутырев В.В. Чрезвычайная ситуация в области санитарно-эпидемиологического благополучия населения как унифицированный объект надзора и оперативного реагирования в рамках современной стратегии борьбы с инфекционными заболеваниями // Проблемы особо опасных инфекций Саратов, 2009. Вып. 2(100)- С. 5-10.

32. Указ Президента РФ от 11 марта 2019 г. № 97 «Об Основах государственной политики Российской Федерации в области обеспечения химической и биологической безопасности на период до 2025 года и дальнейшую перспективу» <https://www.garant.ru/products/ipo/prime/doc/72092478/>

33. Чепурнов А.Д.: вирусолог прокомментировал выводы ВОЗ по лекарству от COVID-19 / Стопкоронавирус. рф, 2020. URL: <https://стопкоронавирус.рф/news/20200704-1841.htm>

34. Черкасский Б.Л. Глобальная эпидемиология. – М: Практическая медицина, 2008. – 447 С.
35. Черногор Н. Н. Метаморфозы права и вызовы юридической науке в условиях пандемии коронавируса / Н. Н. Черногор, М. В. Залоило // Журнал российского права. – 2020. – № 7. – С. 5–26. – DOI: 10.127.37/jrl.2020.077.
36. Шиянова А.Е., Топорков В.П., Дмитриева Л.Н., Кабаев С.Ю. Правовые основы санитарно-эпидемиологических правил «санитарная охрана территории российской Федерации» (2008 г.) (материалы к разделам I–IV сп 3.4.2318-08). Проблемы особо опасных инфекций. 2009; 2:38–43. DOI: 10.21055/0370-1069-2009-2(100)-38-43
37. Bloom D.E., Cadarette D., Sevilla J.P. 2018. Epidemics and Economics, Finance and Development. 55 (2). P. 46-49.
38. Ding G., Li X., Li X., Zhang B., Jiang B., Li D. et al. A time-trend ecological study for identifying flood-sensitive infectious diseases in Guangxi, China from 2005 to 2012. Environ Res. 2019 Sep;176:108577.
39. Du W., Fitzgerald G.J., Clark M., Hou X.Y. Health impacts of floods. Vol. 25, Prehospital and Disaster Medicine. Cambridge University Press; 2010 . p. 265-72.
40. Enbale W., Ayalew A. Investigation of a Scabies Outbreak in Drought-Affected Areas in Ethiopia. Trop Med Infect Dis. 2018 Oct;3(4).
41. Gao L., Zhang Y., Ding G., Liu Q., Jiang B. Identifying Flood-Related Infectious Diseases in Anhui Province, China: A Spatial and Temporal Analysis. Am J Trop Med Hyg. 2016 Apr;94(4):741-9.
42. Grandesso F., Allan M., Jean-Simon P.S.J., Boncy J., Blak A., Pierre R. et al. Risk factors for cholera transmission in Haiti during inter-peak periods: Insights to improve current control strategies from two case-control studies. Epidemiol Infect. 2014;142(8):1625-35.
43. Importance of collecting data on socioeconomic determinants from the early stage of the COVID-19 outbreak onwards / S. Khalatbari-Soltani, R.C. Cumming, C. Delpierre, M. Kelly-Irving // J. Epidemiol. Community Health. – 2020. – Vol. 74, № 8. – P. 620–623. DOI: 10.1136/jech-2020-214297
44. Jones K.E., Patel N.G., Levy M.A., Storeygard A., Balk D., Gittleman J.L. et al. Global trends in emerging infectious diseases. Nature. 2008 Feb 21 [Cited 2021 June 30];451(7181):990-3.
45. Kouadio I.K., Aljunid S., Kamigaki T., Hammad K., Oshitani H. Infectious diseases following natural disasters: Prevention and control measures. Vol. 10, Expert Review of Anti-Infective Therapy. Taylor & Francis; 2012 [Cited 2021 June 11]. p. 95-104.
46. Lau C.L., Watson C.H., Lowry J.H., David M.C., Craig S.B., Wynwood S.J., et al. Human Leptospirosis Infection in Fiji: An Eco-epidemiological Approach to Identifying Risk Factors and Environmental Drivers for Transmission. PLoS Negl Trop Dis. 2016 Jan;10(1):e0004405.
47. Liu X., Liu Z., Zhang Y., Jiang B. Quantitative analysis of burden of bacillary dysentery associated with floods in Hunan, China. Sci Total Environ. 2016 Mar;547:190-6.
48. McKibbin W., Roshen F. 2020. The Global Macroeconomic Impacts of COVID-19: Seven Scenarios. CAMA Working Paper 19/2020. Australian National University. 43 p.
49. Mohd Radi, MF, Hashim, JH, Jaafar, MH, Hod, R, Ahmad, N, Mohammed Nawi, A, et al. Leptospirosis Outbreak After the 2014 Major Flooding Event in Kelantan, Malaysia: A Spatial-Temporal Analysis. Am J Trop Med Hyg. 2018 May;98(5):1281-95.
50. Mulder A.C., Pijnacker R., De Man H., Van De Kasstelee J., Van Pelt W., Mughini-Gras L. et al. “sickenin” in the rain” – Increased risk of gastrointestinal and respiratory infections after urban pluvial flooding in a population-based cross-sectional study in the Netherlands.” BMC Infect Dis. 2019;19(1).
51. Rebmann T., Wilson R., Booher A. Infection Prevention and Control for Shelters During Disasters* APIC Emergency Preparedness Committee. 2007.

52. Reina Ortiz M., Le N.K., Sharma V., Hoare I., Quizhpe E., Teran E. et al. Post-earthquake Zika virus surge: Disaster and public health threat amid climatic conduciveness. *Sci Rep.* 2017 Nov;7(1):15408.
53. Socioeconomic inequalities in COVID-19 in a European urban area: Two waves, two patterns / M. Marí-Dell'olmo M. Gotsens M.I. Pasarín M. Rodríguez-Sanz, L. Artazcoz, P. Garcia de Olalla, C. Rius, C. Borrell // *Int. J. Environ. Res. Public Health.* – 2021. – Vol. 18, № 3. – P. 1256. DOI: 10.3390/ijerph18031256
54. Sy K.T.L., White L.F., Nichols B.E. Population density and basic reproductive number of COVID-19 across United States counties // *PLoS One.* – 2021. – Vol. 16, № 4. – P. e0249271. DOI: 10.1371/journal.pone.0249271
55. The Emergency Events Database. Université catholique de Louvain (UCL) – CRED, D. Guha-Sapir – www.emdat.be, Brussels, Belgium. Classification | EM-DAT. Cited June 9, 2021. <https://www.emdat.be/classification>
56. Walika M., Moitinho De Almeida M., Castro Delgado R., Arcos González P. Outbreaks Following Natural Disasters: A Review of the Literature. *Disaster Medicine and Public Health Preparedness.* 2023;17:e444. doi:10.1017/

Глава 6. БИОТЕРРОРИЗМ И БИОЛОГИЧЕСКАЯ БЕЗОПАСНОСТЬ

6.1. Биологический терроризм – угрозы и риски

Сложная геополитическая обстановка в мире определяет задачу по противодействию биологическим угрозам, в том числе связанных с преднамеренным созданием и применением средств поражения на основе существующих или модифицированных микробных патогенов или токсинов.

Текущий мировой контекст локальных и международных конфликтов, а также тенденции в эволюции обществ и человеческого поведения представляют собой благодатную почву для развития рисков более высокого уровня. Тревожные тенденции усугубляются быстрым ростом населения в регионах со слабыми системами здравоохранения, урбанизацией, глобализацией, изменением климата, гражданскими конфликтами и изменением характера передачи патогенов между людьми и животными. Анализ глобальных рисков развития человеческой цивилизации ставит на одно из первых мест именно биологические угрозы и риски, связанные с изменением экологической ситуации [1].

Благодаря прогрессу в медицине, экономике и социальной жизни, произошло значительное увеличение продолжительности жизни, в том числе и благодаря снижению смертности от инфекционных заболеваний. Однако при этом количество инфекций, представляющих опасность для людей, растет – так за последние пятьдесят лет их численность возросла от 1000 до 1200, при этом была полностью ликвидирована лишь оспа. Среди последних вызовов человечеству – мировая пандемия ВИЧ, туберкулеза, малярии, SARS-CoV-2, растущая резистентность к противомикробным препаратам. В настоящий момент известно более 3 тысяч патогенные микроорганизмов и вирусов, вызывающих инфекционные заболевания у людей, сельскохозяйственных животных или агрокультур. Часть этих патогенов, несомненно, может рассматриваться в качестве возможных агентов биотерроризма [4].

Биотерроризм (БТ) является одной из форм терроризма и предполагает осуществление преднамеренного, целенаправленного и сознательного ис-

пользования патогенных микроорганизмов с целью нанесения вреда здоровью определенной группы людей. Само понятия «биотерроризм» со временем менялось. В 1990-х годах основное внимание уделялось бактериальному или вирусному биологическому оружию и его потенциальному использованию государствами, а также негосударственными субъектами (например, террористами). Более поздние определения биотерроризма включают в себя как более широкий спектр потенциальных биологических агентов, так и более разнообразные группы потенциальных целей и последствия применения биологического оружия. Спенсер Р. С дает следующее определение: «Биотерроризм лучше всего описать как использование микроорганизмов (патогенов) или продуктов жизнедеятельности живых организмов (токсинов) для нанесения вреда более широкому кругу населения, включая животных и сельскохозяйственные культуры» [55]. Другие исследователи еще больше расширяют определение, включив в него не только микроорганизмы и биотоксины, но и более крупные организмы, в частности насекомых [44].

Существует принципиальное различие понятий биологического терроризма (БТ) и биологической войны (БВ). Биологическая война представляет собой преднамеренное и широкомасштабное использование патогенных микроорганизмов или токсинов для нанесения урона населению или отдельным его группам. Основная цель масштабного применения биооружия – нарушить функционирование экономики и системы здравоохранения дезорганизовать систему управления войсками и вызвать панику среди гражданского населения.

В отличие от БВ, акты биотерроризма, как правило, носят локальный характер, затрагивают относительно небольшие группы людей, но при этом вызывают значительный общественный резонанс, вызывая панику далеко за пределами очага поражения [9]. Один из первых актов биотерроризма, широко освещаемых в прессе, произошел в 1984 г, когда в штате Орегон (США) от умышленного заражения ресторанной еды сальмонеллами пострадало 753 человека. Наиболее известным в новейшей истории является акт биотерроризма, связанный с почтовой рассылкой спор сибирской язвы в США в 2001 г.

В XX веке разработка средств преднамеренного биологического поражения стала возможна благодаря нескольким ключевым моментам:

- становление медицинской микробиологии как самостоятельной научной дисциплины;
- углубление понимания инфекционной природы многих опасных заболеваний;
- совершенствование методической и приборной базы для масштабного культивирования микроорганизмов;
- необходимость разработки новых видов наступательного оружия в условиях обострения международной политической обстановки в Европе в период между мировыми войнами;

- развитие информационных технологий (телеграф, радио, широкая доступность газет), которые позволяли доносить факты массовых заболеваний до широкой общественности, вызывая массовую панику и падение морального духа.

В настоящее время следует учитывать значительный прогресс, достигнутый за последнее десятилетие в области синтетической биологии, что теоретически может позволить даже небольшим группам людей совершить масштабный акт биотерроризма, затрагивающий жизни тысяч людей.

Вероятность совершения БТ наиболее высока в местах массового скопления людей с высокой пропускной способностью, что позволит распространить последствия биотеррористической атаки на максимально большую территорию [12]. Таким условиям идеально соответствуют аэропорты, особенно международные, крупные спортивные, политические и развлекательные мероприятия – олимпиады, форумы, фестивали.

Так как акты биотерроризма несут большую опасность как физическому здоровью людей, подвергшихся атаке и контактировавшим с ними, так и психоэмоциональному состоянию большого количества людей, способствуя развитию паники, то предотвращение актов БТ, безусловно, является приоритетом для любого государства, а также одним из важнейших аспектов международного взаимодействия и сотрудничества.

Среди особенностей биологических агентов, которые могут использоваться при актах биотерроризма, можно выделить следующие: возможность скрытого воздействия на объект применения, длительность действия поражающих факторов, особенности распространения, в том числе перемещение людей в инкубационный период.

Критерии классификации патогенов, которые могут являться наиболее эффективными поражающими агентами в случае актов биотерроризма, включают 10–15 основных показателей, а их перечни, с точки зрения вероятности применения, приводятся во многих публикациях [9, 16, 22, 57].

В США используется рейтинг патогенных микроорганизмов, разработанный Центром по контролю и профилактике заболеваний (CDC), который делит патогены на группы А, В и С [52]. К агентам категории А относятся *Bacillus anthracis* (сибирская язва), *Clostridium botulinum* (ботулизм), *Yersinia pestis* (чума), *Variola major* (оспа), *Francisella tularensis* (туляремия) и вирусы, вызывающие геморрагическую лихорадку (вирус Эбола, вирус Марбург, вирус Ласса). К агентам категории В относятся виды *Brucella* (бруцеллёз), *Chlamydia psittaci* (орнитоз), *Coxiella burnetii* (кы-лихорадка), *пицин* (из *Ricinus communis*), кишечные патогены (*Salmonella*, *Escherichia coli* O157:H7, шигеллы), стафилококковый энтеротоксин В и вирусы, вызывающие энцефалит. К агентам категории С относятся новые патогены, такие как вирус Нипах и хантавирус [48]. Однако в работе [50] приводится справедливое замечание о том, что важно не заикливаться исключительно на агентах из списка Центра по контролю и

профилактике заболеваний, поскольку они в основном были созданы в рамках прошлых военных программ и не включают агентов, которые не представляли особого интереса или значимости в прошлом, но могут стать таковыми в будущем с развитием технологий.

Аналогичная система, основанная на количественной оценке вероятности применения микроорганизмов в качестве агентов биотерроризма, существует в Российской Федерации. Согласно этой классификации, патогены делятся на «реальные» и «вероятные» агенты и объекты, требующие дополнительного исследования и оценки [9]. В настоящее время большинство потенциальных агентов биотерроризма имеют вирусную природу, из бактерий требуют особого внимания возбудители сибирской язвы, чумы, туляремии [53].

Помимо биологических агентов категории А (возбудители чумы, сибирской язвы, вирусных геморрагических лихорадок), в связи с отсутствием четких алгоритмов диагностики и эффективных схем лечения и профилактики значительную опасность представляют новые и возвращающиеся инфекции [40]. Так же на первый план выходит угроза преднамеренного конструирования опасных микроорганизмов и вирусов с использованием современных омиксных технологий и достижений синтетической биологии. В последние годы отмечается появление «атипичных» штаммов *B. cereus*, которые имеют функциональные генетические детерминанты, вызывающее заболевание, по клинической картине, тяжести течения и летальности сопоставимые с сибирской язвой. Но полногеномный анализ подтверждает принадлежность этих штаммов именно к *B. cereus* [34]. Нельзя исключить, что подобные штаммы могли быть результатом лабораторных генно-инженерных манипуляций [7].

При обсуждении биологических рисков крайне важно помнить о вероятных угрозах, которые несут в себе биотехнологии двойного назначения. [47]. Примерами подобных технологий являются разработка методов, повышающих жизнестойкость биологических агентов в окружающей среде, формирование устойчивости возбудителей инфекций к существующим лекарствам (антибиотикам, противовирусным препаратам), генная инженерия, меняющая патогены таким образом, чтобы существующие средства профилактики были менее эффективными; наделение безвредных для человека микроорганизмов способностью вызывать заболевания; увеличение вирулентности и изменение способов передачи патогенов; повышение устойчивости патогенов к условиям окружающей среды; изменение участков генома, которые являются мишенями генодиагностических тестов. В качестве примера можно привести создание рекомбинантного штамма вируса оспы мышей с инсерцией гена интерлейкина ИЛ-4, что позволяет вирусу обходить иммунную защиту у животных, устойчивых к этому патогену; конструирование химерных структур, которые производят иммуносупрессорные белки вируса натуральной оспы; разработка методов реконструкции генома вируса гриппа, вызвавшего пандемию 1918-1919

годов; генетические модификации вируса гриппа H5N1, дающие возможность его передачи млекопитающим [56].

Антропогенная нагрузка на природные сообщества влияет на локальные экосистемы разного уровня, изменение климата меняет пути и сроки миграции птиц и животных, создавая угрозу всплеск новых или возвращающихся инфекционных заболеваний [10, 13, 60, 61]. В 2016 г. ВОЗ опубликовала список приоритетных инфекций с неясным эпидемическим потенциалом, требующих изучения. В этот список вошли в основном вирусные лихорадки: ККГЛ, Эбола, Зика, Марбург [62]. Основными критериями для включения возбудителей в этот перечень была тяжесть заболевания, возможность передачи от человека человеку, текущий уровень смертности, наличие профилактических средств и эффективных схем лечения, готовность системы здравоохранения и потенциальное влияние на общество.

При разработке мер противодействия для отнесения микроорганизма к категории потенциального агента биотерроризма необходимо учитывать ряд специальных требований к ним [29]:

- 1) высокая поражающая способность, обеспечивающая значительное снижение работоспособности (инкапсация) или летальность;
- 2) низкая инфицирующая доза, необходимая для заражения;
- 3) инкубационный (скрытый) период заболевания должен иметь предсказуемую продолжительность;
- 4) должен вызывать заболевания, характеризующиеся широким распространением;
- 5) в зависимости от цели, должен быть высокозаразным или обладать высокой токсичностью;
- 6) имеет возможность инфицирования различными путями, предпочтительно через дыхательные пути (аспирационный путь);
- 7) отсутствие эффективных, доступных средств лечения и профилактики (иммунные сыворотки, вакцины, антибиотики);
- 8) сложность индикации и диагностики заболевания;
- 9) устойчивость микроорганизма в процессе производства, хранения и транспортировки;
- 10) стабильность и эффективность при распространении и применении, сохранение жизнеспособности и поражающих свойств.

Вместе с тем специалисты отмечали ряд особенностей использования патогенов для совершения террористического акта, делающих этот процесс достаточно сложным и зависящим от ряда факторов [8, 39]. Среди них:

- сложность получения высоковирулентного штамма микроорганизма или вируса. Коллекции штаммов ПБА I-II групп патогенности во всех странах находятся в ограниченном числе специализированных учреждений и подлежат строгому учету и контролю; выделение природного высоковирулентного изо-

лята требует наличия квалифицированных специалистов, лабораторного оборудования для проведения работ и защиты работающего персонала;

- сложности при определении и соблюдении условий для осуществления биологической атаки, обусловленные местом, временем, состоянием атмосферы, движением воздушных потоков внутри зданий и сооружений;

- отсроченное появление симптоматики, обусловленное длительностью инкубационного периода, характерного для вызываемой инфекции. Так, при легочной форме сибирской язвы инкубационный период может составлять от 2-3 недель до 2 месяцев, при туляремии – до 3 недель [43]. Отсроченность проявления эффекта снижает устрашающий эффект от биотеррористической атаки, поскольку в течение инкубационного периода люди могут активно перемещаться на большие расстояния и даже в другие страны, что может привести к незапланированным эффектам, в то же время, подобная мобильность может помочь добиться большего поражающего эффекта, особенно в том случае, если в качестве поражающего эффекта используется патоген, способный передаваться от человека человеку;

- некоторые возбудители, например, споровая форма *Bacillus anthracis*, обладают высокой устойчивостью к воздействию неблагоприятных факторов внешней среды, что позволяет им сохраняться в жизнеспособном виде десятки лет и делает пораженную территорию непригодной для дальнейшего использования [24].

Эпидемический очаг, возникший в результате биотеррористической атаки, обладает рядом клинико-биологических особенностей [11]:

- возникновение опасных инфекционных заболеваний, нетипичных для данного географического региона;

- одновременное и масштабное заражение населения с формированием множественных очагов инфекции, обусловленное активацией различных механизмов передачи возбудителя;

- существенная продолжительность заразного воздействия источников инфекции, вызванная вовлечением дополнительных путей распространения патогена в эпидемический процесс;

- сокращение длительности инкубационного периода до минимальных значений при заражении большими дозами возбудителя;

- выявление заболевания у иммунных лиц, обусловленное большой заражающей дозой и/или механизмом заражения;

- наличие разнообразных клинических проявлений инфекции и несвоевременное выявление и диагностика значительного количества тяжелых форм заболевания.

Для прогнозирования и моделирования реагирования на биотеррористическую атаку успешно применяются Байесовские методы и сети, которые позволяют быстро оценить масштабы и время биологической атаки, а также спрогнозировать количество пострадавших и объемы медицинской помо-

щи. Алгоритм What's Strange About Recent Events (WSARE) выявляет аномальные закономерности на основе данных о времени, местоположении и группе риска, чтобы составить профиль риска вспышки [41]. Модели «доза-эффект» позволяют оценить размер и время воздействия возбудителя инфекции, передающейся воздушно-капельным путем, с использованием данных о людях, окружающей среде и патогенах для оценки риска заражения.

В специализированных научных изданиях и в правовой сфере термин «биологическая безопасность» рассматривается достаточно широко [35], чаще всего с акцентом на медико-биологический компонент. Биологическая безопасность подразумевает непрерывную защиту населения от социально значимых и представляющих угрозу инфекционных заболеваний. Это определение охватывает изучение влияния патогенов на организм человека, а также анализ вопросов профилактики и борьбы с инфекционными патологиями [15]. Однако на данный момент наблюдается трансформация взглядов на биологическую безопасность, и ее содержание перманентно расширяется, и формируется комплексное понятие, включающее знания из разных областей наук: медицины, биологии, в том числе синтетической биологии, экологии, генной инженерии, сельского хозяйства, информатики и биоинформатики. В правовом аспекте регулирование в области биологической безопасности охватывает взаимоотношения, связанные с предупреждением распространения инфекционных заболеваний, а также профилактикой аварий и/или диверсий на объектах, представляющих биологическую опасность [26, 17].

За прошедшие три десятилетия зафиксировано более сотни подтвержденных фактов незаконного использования биологических агентов, из которых больше десятка классифицируются как террористические акты; подавляющее большинство таких попыток не увенчались успехом, и лишь в отдельных случаях это привело к жертвам среди гражданского населения [38]. Анализ обрывков, проведенный после биотеррористической атаки с использованием спор *Bacillus anthracis* в США в 2001 году, выявил, что во всех отправлениях содержался один из вариантов хорошо известного штамма *B. anthracis* Ames, применявшийся в экспериментальных работах в ряде лабораторий Великобритании, США, Канады и Израиля. Согласно информации Центра по контролю и профилактике заболеваний (CDC), высокое качество препарата и степень его очистки указывают на целенаправленное создание его в специализированной высокотехнологичной лаборатории, которые имеются только в крупных научно-исследовательских центрах [51].

После 2001 года, когда Соединенные Штаты Америки стали объектом биотеррористической атаки с применением спор сибирской язвы, повлекшей за собой гибель людей и панику мирового масштаба, произошел перелом в осознании реальности угрозы биологического терроризма, его потенциально-го размаха и вероятных последствий

Таким образом, вопрос о разработке технологий максимально быстрого обнаружения и идентификации патогенов стал одним из приоритетных для национальной политики в области безопасности.

6.2. Международные системы противодействия биотерроризму

При рассмотрении международного (глобального) реагирования на биотеррористические атаки следует учитывать политическую проблему, связанную с отсутствием надёжных механизмов стимулирования международного сотрудничества в разработке новых биомедицинских контрмер. Производителям из стран с высоким уровнем дохода иногда приходится обращаться к странам с низким и средним уровнем дохода за биологическими образцами, необходимыми для исследований и разработок, но у стран с низким и средним уровнем дохода есть обоснованные опасения, что они могут не получить справедливую долю выгод от своего вклада, включая доступ к вакцинам, лекарствам и другим продуктам. Нагойский протокол, вступивший в силу в 92 странах в 2010 году, был призван решить эту проблему путём создания эффективной системы, обеспечивающей совместное использование выгод, полученных в результате исследований, основанных на генетических ресурсах, которыми обмениваются страны [31]. Помимо демографических, социальных и экономических проблем, мир сталкивается с рядом организационных проблем, которые влияют на его способность противостоять угрозам, связанным с инфекционными заболеваниями.

Глобальная система мониторинга, профилактики и реагирования на инфекционные заболевания чрезвычайно сложна. Ключевыми элементами этой системы являются местные и национальные правительства, наднациональные правительственные организации (например Организация Объединённых Наций и ВОЗ), международные правовые соглашения (Международные медико-санитарные правила и Нагойский протокол), международные коалиции и альянсы, финансовые учреждения (Фонд экстренного финансирования пандемии) и неправительственные организации (например, Гави, Альянс по вакцинам, Красный Крест, «Врачи без границ») [30].

В условиях расширения спектра угроз биологического характера и повышения, связанных с ними рисков, особое значение приобретает необходимость формирования комплексной системы обеспечения биологической безопасности. Данная система рассматривается как новая область правового регулирования как на международном, так и на национальном уровнях. Обращаясь к опыту двух последних крупных вспышек инфекционных заболеваний – лихорадке Эбола в Западной Африке в 2014-16 году и пандемии COVID-19, одним из наиболее очевидных фактов была неспособность остановить распространение инфекции, несмотря на меры, предпринимаемые правительствами всех стран. В сфере международного права и национального законодательства наблюда-

ется серьезный недостаток в нормативно-правовом регулировании вопросов борьбы с пандемиями, такими как COVID-19. Действия национальных институтов здравоохранения носили изолированный и несогласованный характер, в результате чего инфекция в течение нескольких месяцев распространилась по всему миру. Эти случаи наглядно показали дисбаланс между предполагаемыми функциями ВОЗ и её реальной эффективностью в качестве куратора глобальной безопасности в сфере здравоохранения, а также более общие недостатки в глобальной системе здравоохранения [58]. В многочисленных отчётах о кризисе, составленных по итогам расследования, прямо говорится о необходимости создания в рамках ВОЗ нового Центра по обеспечению готовности к чрезвычайным ситуациям в области здравоохранения и реагированию на них, чтобы организация могла эффективнее управлять рисками, связанными с эпидемиями [45]. В ответ на эти призывы в 2016 году ВОЗ учредила новую Программу по чрезвычайным ситуациям в области здравоохранения, чтобы оптимизировать свою деятельность в чрезвычайных ситуациях в области здравоохранения и улучшить внутреннюю координацию. Помимо улучшения взаимодействия, крайне важна организационная поддержка для финансирования исследований и разработок в области технологий, позволяющих бороться с инфекционными заболеваниями. Такую функцию в мировом масштабе выполняет Коалиция за инновации в области обеспечения готовности к эпидемиям (CEPI), в принципе заполняет важный пробел, поддерживая разработку вакцин от заболеваний с эпидемическим потенциалом. Однако учитывая огромные риски, связанные с инфекционными заболеваниями, для здоровья людей и других форм социального и экономического благополучия, необходимы дополнительные ресурсы и активные реформы. Нынешняя глобальная система, которая формировалась постепенно, в некоторой степени спонтанно на протяжении более чем полувека, не отличается целостностью. Недостаточная координация между организациями, представляющими интересы заинтересованных сторон, приводит к неэффективности и упущенным возможностям.

В сфере международного права вопрос биологической безопасности имеет давнюю историю. После Первой мировой войны, отмеченной фактами применения химического оружия, было предпринято несколько инициатив, чтобы остановить гонку химических вооружений и ограничить химическую войну, «Версальский договор» 1919, «Вашингтонский договор» (1922). Наиболее успешными были переговоры в Женеве в 1925 году, завершившиеся подписанием «Протокола о запрещении применения на войне удушливых, ядовитых или других подобных газов и бактериологических средств войны», обычно называемого Женевским протоколом (1925). Это было первое международное соглашение, включавшее биологическое оружие в качестве отдельной категории вооружений. Однако было запрещено только использование, а не разработка или обладание химическим и биологическим оружием. Лишь в 1972 году с принятием «Конвенции о запрещении разработки, производства и на-

копления запасов бактериологического (биологического) и токсинного оружия и об их уничтожении» (широко известной как «Конвенция о биологическом оружии» или КБТО), была запрещена разработка, производство, хранение или иное приобретение или сохранение биологических агентов и токсинов, а также связанного с ними биологического оружия или оборудования. Исключением является проведение исследований, направленных на улучшение эффективности средств специфической профилактики, включая использование генно-модифицированных штаммов возбудителей инфекционных заболеваний, создание синтетических биологических токсинов, изучение устойчивости различных биологических аэрозолей и прочих продуктов и технологий двойного назначения. (КБТО, 1972) [6, 59]. На текущий момент КБТО подписана и ратифицирована 184 государствами. Соблюдение КБТО обеспечивается совокупностью мер, в том числе ежегодными декларациями стран-участниц о деятельности, связанной с патогенными биологическими агентами, а также шагами по укреплению национальных законодательств, касающихся запрета работ, не разрешенных конвенцией, и предотвращения нелегального экспорта опасных патогенов и токсинов. Очевидно, что при отсутствии эффективных контрольных процедур принимаемые меры не могут в полной мере гарантировать соблюдение КБТО всеми государствами-участниками, что было отмечено в ходе 7-й обзорной конференции государств – участников КБТО в 2011 году.

Большим недостатком действующей системы является фокус внимания на государственных предприятиях, в то время как многие коммерческие организации в настоящее время являются лидерами в области разработки новых биотехнологий. Также из области регулирования КБТО полностью исключены вопросы, касающихся биооружия нового поколения, разнообразностью которого, в том числе, является генетическое оружие [5].

Вопросы контроля за генно-модифицированными объектами и живыми организмами рассмотрены в Конвенции о биологическом разнообразии, и Картахенском протоколе по биобезопасности [36]. Присоединение Российской Федерации к Картахенскому протоколу по биобезопасности согласно распоряжению Правительства РФ № 1906-р от 28.08.2019 [35] планировалось на 2023 г., однако в настоящее время в связи с осложнением международной политической обстановки отложено на неопределенный срок. В 2016 году Советом коллективной безопасности ОДКБ был одобрен документ, известный как Стратегия коллективной безопасности ОДКБ, рассчитанный на период до 2025 года. Этот документ включает в себя положения, нацеленные на укрепление режима КБТО, и устанавливает цели для стран-участниц в части обеспечения прозрачности биологической деятельности за пределами их национальных границ [25].

КБТО была создана в первую очередь для борьбы с веществами, предназначенными или способными оказать пагубное воздействие на противника. Последние тенденции и направления развития глобальных исследований и

разработок, а также продолжающаяся демократизация биотехнологий, в рамках которой негосударственные субъекты приобретают биотехнологические возможности, побуждают к более широкой классификации биологических агентов и связанных с ними проблем международной безопасности. В сложившихся условиях первостепенное значение приобретает укрепление и оперативная адаптация действующего режима запрещения биологического оружия к изменяющимся реалиям [16].

Ответственность за риски, возникающие при использовании генетических ресурсов, прописана в «Нагойском протоколе регулирования доступа к генетическим ресурсам...» (SCBD, 2011). Хотя в принципе этот документ не связан с биобезопасностью, он подразумевает, что сохраняется полная прослеживаемость того, когда и где определенный генетический ресурс (т. е. биологический материал или, в некоторых случаях, возможно, даже цифровая информация о последовательностях) был впервые доступен, а также того, как он впоследствии использовался. Четкое указание идентификационных данных биологического материала и обеспечение отслеживания также являются ключевым элементом управления биорисками.

Одним из важных международно-правовых шагов по борьбе с биологическим терроризмом и противодействию ему должно стать определение биологического терроризма в международных правовых актах, что несомненно будет способствовать консолидации усилий мирового сообщества в направлении его профилактики [5].

За рубежом в последние десятилетия развитие системы детекции ПБА происходит по двум направлениям:

- неспецифическая индикация ПБА, когда возможно установить сам факт наличия потенциального патогена без определения видовой принадлежности;
- специфическая индикация (идентификация) микроорганизма.

Индикация ПБА ориентирована на выявление базовых биомолекул – белков, ДНК или конкретных продуктов жизнедеятельности (в т.ч. токсинов или их компонентов) микроорганизмов. Все оборудование для этих целей можно разделить на 2 группы. Первая – это стационарные, высокотехнологичные и чувствительные приборы, позволяющие проводить индикацию и идентификацию патогенов с высокой достоверностью и максимальной чувствительностью. Сюда относятся секвенирование, масс-спектрометрия, хроматография, электрофорез и иммунохимические методы. Однако такие приборы требуют определенных условий для корректной работы и высоко квалифицированного персонала и характеризуются высокой стоимостью. Поэтому важное место в современных разработках лабораторного оборудования приобретают простые мобильные устройства, пригодные для использования в полевых условиях, в небольших мобильных лабораториях. Одним из наиболее простых и легко реализуемых в мобильных приборах является способ колориметрического анализа белка. В настоящее время этот метод реализован как в отече-

ственных средствах для анализа проб из объектов окружающей среды (КСАП), так и в зарубежных аналогах – The Indipro Test Kits (Германия).

Особое значение имеет дистанционный мониторинг окружающей среды, в режиме реального времени отслеживающий появление возможных загрязнителей, в том числе микробных аэрозолей и токсинов. Для такого мониторинга используют подход, сочетающий двойную детекцию, например, биолоидары. Эти приборы основаны на совместном применении методов активной и пассивной лазерной локации и регистрации изменения электромагнитного излучения при наличии в воздухе бактериальных клеток или любых других аэрозолей, содержащих белковые молекулы в определенной концентрации [18].

Для анализа продуктов метаболизма микроорганизмов, в первую очередь токсинов, успешно применяют различные варианты биосенсоров. Биосенсоры – это аналитические устройства, которые объединяют физико-химический преобразователь и элемент биораспознавания. Биосенсорные аналитические устройства прошли путь от простых детекторов, содержащих простые ферменты, такие как глюкозооксидаза, до сложных систем, в которых используются специально подготовленные молекулы биологического происхождения, наноматериалы и передовые технологии. Одной из разновидностей биосенсоров являются иммуносенсоры, в которых антитело играет роль элемента биораспознавания, а антиген – аналита. Также в качестве биосенсоров успешно используют аптамеры, представляющие искусственные молекулы на основе полинуклеотидов, полидезоксинуклеотидов и др. [54]. В качестве успешных вариантов адаптации иммуносенсоров для анализа биологических агентов, включая токсины, можно привести анализатор Raptor компании Research International (США), который представляет собой автоматическую портативную флуориметрическую систему для мониторинга до четырёх токсинов, вирусов, бактерий, спор, грибов и других разнообразных объектов. Устройство Raptor может анализировать широкий класс биологических агентов, в зависимости от используемых реагентов. Токсины могут быть обнаружены с довольно низкими пределами обнаружения: до 0,1 нг/мл для стафилококкового энтеротоксина В, 5 нг/мл для рицина и до 1 нг/мл для ботулинического токсина [46]. Измерение флуоресценции также использует другой иммуносенсор для анализа биологических боевых агентов: Biosensor 220R от MSA (США). Этот иммуносенсор работает автоматически и использует магнитные микросферы со специфическими антителами и флуоресцентную метку со специфическими антителами [49].

Биоаэрозоли можно детектировать прямым путем, измеряя аэродинамический диаметр частиц, рассеянных в воздухе в режиме реального времени. Этот принцип реализован в спектрометре UV-APSTM (TSI Inc., США) – ультрафиолетовом аэродинамическом анализаторе на основе двух гелий-неоновых лазеров с длиной волны 633 нм. Биологическая природа анализируемых частиц устанавливается путем измерения эмиссионного флуоресцентного излучения в диапазоне 420-575 нм [37]. Серьезным недостатком подобных устройств

является получение ложноположительных результатов, связанных главным образом с тем, что воздух является сложной смесью и может содержать белковые контаминанты немикробной природы. Для устранения этого ограничения были внедрены комплексные подходы, опирающиеся на одновременное выявление белковых структур и маркеров их метаболической активности посредством многоволновой спектроскопии, охватывающей ультрафиолетовый, видимый и ближний инфракрасный диапазоны (UV-VIS-NIR спектроскопия) [32]. Также при индикации и идентификации патогенов используются методы иммунохроматографии, флуориметрические методы определения концентрации ДНК, реакции хеми- и биолюминисценции. Создание сети автономно работающих станций для детекции патогенов является перспективной целью для многих стран мира, так, в США прообразом подобной системы стала программа BioWatch. Необходимость длительной автономной работы приборов в автоматическом режиме с сохранением точности результатов исследований очерчивает рамки применяемых методов. При разработке автоматизированных систем обнаружения патогенов критично учитывать целый ряд параметров: скорость анализа, чувствительность и специфичность, возможность определения концентрации патогенов в воздухе в количественном выражении, экономические факторы (цена устройства, расходных материалов и обслуживания), количество одновременно детектируемых патогенов, а также ассортимент доступных тест-систем [14, 33].

6.3. Противодействие угрозе биотерроризма в Российской Федерации

Правовой основой противодействия терроризму в Российской Федерации являются Конституция Российской Федерации, а также ряд международных правовых актов, включая Конвенцию о запрещении химического и бактериологического оружия [27].

Нормативно-правовая база по порядку обеспечения биологической безопасности в Российской Федерации представлена, прежде всего, Указом Президента РФ от 11 марта 2019 г. № 97 «Об Основах государственной политики Российской Федерации в области обеспечения химической и биологической безопасности на период до 2025 года и дальнейшую перспективу» [36]. В Указе прописана государственная политика в области обеспечения химической и биологической безопасности, являющаяся частью системы государственного управления в сфере национальной безопасности Российской Федерации и представляющая собой совокупность правовых, медико-биологических, санитарно-эпидемиологических, ветеринарно-санитарных, фитосанитарных, административно-организационных, военных, финансовых, коммуникационных, информационных и других мер, направленных на защиту населения и окружающей среды от негативного воздействия опасных химических и биологических факторов, предотвращение химических и биологических угроз, создание

и развитие системы мониторинга химических и биологических рисков, а также на осуществление межгосударственного и международного сотрудничества в области химической и биологической безопасности. В Указе определены основные биологические угрозы:

1) модификация свойств и форм патогенных биологических агентов, свойств их переносчиков, изменение мест обитания переносчиков в связи с изменением климата и в результате природных катастроф;

2) возможность преодоления микроорганизмами межвидовых барьеров в сочетании с возникающими под воздействием внешней среды изменениями генотипа и фенотипа организма человека, животных и растений;

3) появление новых инфекций, вызываемых неизвестными патогенами, занос редких или ранее не встречавшихся на территории Российской Федерации инфекционных и паразитарных заболеваний, возникновение и распространение природно-очаговых инфекций, спонтанная зараженность возбудителями инфекций, возврат исчезнувших инфекций;

4) проектирование и создание патогенов с помощью технологий синтетической биологии;

5) нарушение нормальной микробиоты человека, сельскохозяйственных животных и растений, влекущее за собой возникновение заболеваний и их распространение;

6) отсутствие специфического иммунитета к отдельным инфекциям, управляемым с помощью средств специфической профилактики;

7) распространение антимикробной резистентности, рост эпидемиологической значимости условно-патогенных микроорганизмов, увеличение частоты заболеваний, вызываемых инфекциями, у лиц с иммунодефицитными состояниями, распространение инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи;

8) аварии на объектах, на которых находятся источники биологической опасности и (или) проводятся работы с патогенными биологическими агентами, а также диверсии и (или) террористические акты на этих объектах;

9) террористические акты, связанные с использованием опасных биологических веществ;

10) применение биологических и иных смежных технологий для разработки, производства и использования потенциально опасных биологических агентов в качестве биологического оружия в целях совершения диверсий и (или) террористических актов;

11) бесконтрольное осуществление опасной техногенной деятельности, в том числе с использованием генно-инженерных технологий и технологий синтетической биологии.

В числе первостепенных задач выделяется обширный перечень мероприятий, сфокусированных на улучшении и развитии государственной стратегии в сфере биологической безопасности на различных уровнях взаимодей-

ствия, начиная от регионального и заканчивая межгосударственным. В данную сферу входит, прежде всего, оптимизация нормативно-правовой базы, регулирующей трансграничное перемещение генетически модифицированных организмов, присоединение Российской Федерации к Картахенскому протоколу по биобезопасности, к Конвенции о биологическом разнообразии, к Нагойскому протоколу регулирования доступа к генетическим ресурсам и совместного использования на справедливой и равной основе выгод от их применения к Конвенции о биологическом разнообразии, а также к Нагойско-Куала-Лумпурскому дополнительному протоколу, к Картахенскому протоколу по биобезопасности об ответственности и возмещении за ущерб [36].

Федеральный закон № 492-ФЗ от 30 декабря 2020 года «О биологической безопасности в Российской Федерации» устанавливает правовые рамки обеспечения биологической безопасности на территории РФ.

В законе прописан четкий понятийный аппарат, определяющий основы деятельности для обеспечения биобезопасности населения. В соответствии с п. 1 ст. 1, биологическая безопасность – состояние защищённости населения и окружающей среды от воздействия опасных биологических факторов, при котором обеспечивается допустимый уровень биологического риска [27]. В законе № 492-ФЗ также даны правовые определения понятий «биологическая угроза», «биологический фактор», «биологический риск» и прописан комплекс мер, направленных на защиту населения и охрану окружающей среды от воздействия опасных биологических факторов, на предотвращение биологических угроз (опасностей), создание и развитие системы мониторинга биологических рисков. Закон комплексно подходит к вопросу обеспечения биобезопасности, затрагивая такие аспекты, как охрана здоровья и санитарно-эпидемиологическое благополучие населения, противодействие возникновению биологических угроз, а также ликвидацию последствий воздействия опасных биологических факторов, защита животных и растений, охрана окружающей среды.

Таким образом, законодательные акты, принятые или пересмотренные в последнее время в Российской Федерации, охватывают практически полный спектр вопросов, связанных с биобезопасностью [26].

На данный момент в Российской Федерации на государственном уровне внедрена система сбора данных эпидемического и эпидемиологического характера, использование которых направлено на решение широкого спектра задач, связанных с общим мониторингом инфекционных заболеваний [20, 21]. Оценивая организацию национальной системы биобезопасности, следует подчеркнуть, что функционирующие в РФ на сегодняшний день системы мониторинга биологических угроз в целом характеризуются высоким уровнем развития и эффективности. Однако пока не до конца устранены проблемы ведомственной разобщенности на местах, что требует рассмотрения этого вопроса и принятие соответствующих мер [3].

Важную роль в системе мониторинга биологических угроз играют научно-исследовательские институты Роспотребнадзора и Министерства Здравоохранения, в том числе сеть противочумных институтов и противочумных станций. В настоящее время в стране, в соответствии с приказом Роспотребнадзора от 01.12.2017 №1116 «О совершенствовании системы мониторинга, лабораторной диагностики инфекционных и паразитарных болезней и индикации ПБА в Российской Федерации», сформирована развитая, иерархически согласованная сеть, состоящая из Центров индикации возбудителей инфекционных болезней I-II групп патогенности и обеспечения противоэпидемической готовности, созданных на базе противочумных учреждений, Опорных баз Центров, созданных на базе ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии», научно-методических центров по мониторингу за возбудителями инфекционных и паразитарных болезней II-IV групп патогенности с прикрепленными субъектами Российской Федерации.

Постоянно нарастающая угроза бактериологического терроризма ставит перед государствами ряд первоочередных задач, требующих максимально быстрого и эффективного решения [19]:

- укрепление существующей лабораторной инфраструктуры для выявления и идентификации патогенных микроорганизмов и вирусов, в особенности возбудителей опасных и особо опасных инфекций, внедрение передовых методов индикации;

- совершенствование системы подготовки специалистов, обладающих навыками работы с микроорганизмами I-II групп патогенности, и владеющих передовыми диагностическими технологиями, которые могут в случае необходимости работать в условиях чрезвычайных ситуаций и/или в очагах эпидемий;

- непрерывное развитие технологий ускоренного создания новых вакцин против потенциально опасных биологических агентов, разработка и апробация новых методик массовой иммунизации населения, создание новых эффективных антимикробных и противовирусных препаратов, включая терапевтические средства на основе специфических антител;

- постоянное совершенствование оснащения специальных противоэпидемических бригад (СПЭБ) всем необходимым для работы в очагах биологического поражения.

В качестве ответа на вызовы современных биологических угроз в Российской Федерации реализуется стратегический проект «Санитарный щит страны – безопасность для здоровья (предупреждение, выявление, реагирование)», направленный на формирование устойчивой системы защиты населения от биологических и санитарно-эпидемиологических угроз [23]. Цель проекта – создать эффективный барьер для эпидемических угроз на основе трехуровневой системы контроля: внутри страны, в ближнем и дальнем зарубежье. Проект базируется на внедрении последних достижений в области молекулярно-генетических технологий, лабораторной диагностики, цифровизации, коммуникаций и включает четыре основных блока [2]:

- защита от угроз безопасности здоровью 24/7;
- лабораторная инфраструктура XXI в.;
- разработка тест-систем для выявления новых инфекционных болезней за четыре дня, вакцин – за четыре месяца;
- новая модель санитарно-эпидемиологического поведения.

В рамках реализации данного направления специалистами Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека разработана и с 2022 года внедрена в практику Автоматизированная система оценки рисков, связанных с завозом опасных инфекционных болезней (АИС «Периметр») во всех санитарно-карантинных пунктах (СКП) страны [19]. Эта работа выполняется в рамках федеральной целевой программы (ФЦП) «Санитарный Щит» и направлена на существенное повышение эффективности и стандартизацию всех процедур, направленных на минимизацию рисков ввоза и дальнейшего распространения опасных инфекционных заболеваний из-за границы. Помимо санитарно-эпидемиологического контроля границ Российской Федерации, АИС «Периметр» позволяет в режиме реального времени получать и использовать информацию о текущей эпидемиологической обстановке в странах мира, а также отслеживать ситуацию на федеральном уровне и принимать обоснованные решения о необходимости проведения комплекса мероприятий в рамках осуществления санитарно-карантинного контроля. Кроме того, функционал системы способствует оптимизации работы специалистов по выполнению стандартных операционных действий, значительно снижая объемы рутинных процедур, позволяя сконцентрировать внимание на осуществлении профилактических мероприятий. [28]. В рамках реализации проекта «Санитарный щит» в 18 научно-исследовательских организациях Роспотребнадзора функционируют 46 Референс-Центров по мониторингу за возбудителями инфекций, что является основой многоуровневой системы борьбы с эпидемиологическими угрозами и рисками [23]. На базе научно-исследовательских и практических организаций Роспотребнадзора оборудованы 54 центра секвенирования, ставших базой для внедрения и развития парадигмы геномного эпидемиологического надзора. Для реализации трёхуровневой международной системы противоэпидемической защиты с участием НИО Роспотребнадзора созданы научно-исследовательские центры в Венесуэле, Вьетнаме, Гвинее, Конго.

Заключение

Следует признать, что проблема биологической безопасности не ограничивается рамками одного государства, являясь важным вопросом для мирового сообщества в целом. Текущая геополитическая и демографическая ситуация в мире, также развитие генетической инженерии и системной биологии позволяют считать биологический терроризм одной из основных угроз человеческой цивилизации на данном этапе. Существующие системы надзора за особо опас-

ными патогенами бактериальной и вирусной природы в значительной мере устарели и не учитывают реалии сегодняшнего дня, в том числе риски новых и возвращающихся инфекций. Тем не менее, несмотря на существующие сложности в международных отношениях, требуется настойчиво искать возможности для сближения и расширения взаимодействия со всеми государствами. Первостепенное значение имеет обновление и практическое применение международных договоров, направленных на недопущение использования оружия, способного нанести массовый урон. Однако уже случившиеся акты биотерроризма выводят на первый план развитие систем раннего обнаружения патогенов. В Российской Федерации существует развитая нормативно-правовая база, охватывающая значительный спектр вопросов, связанных с биобезопасностью, но требуется дальнейшая работа по созданию единой межведомственной структуры. Особая роль для реализации этого направления в Российской Федерации отводится реализации стратегического проекта «Санитарный щит страны – безопасность для здоровья (предупреждение, выявление, реагирование)», направленного на формирование устойчивой системы защиты населения от биологических и санитарно-эпидемиологических угроз.

Список литературы

1. Воробьев А.А. Оценка вероятности использования биоагентов в качестве биологического оружия. Эпидемиология и инфекционные болезни. 2001; 6: 54-56.
2. Встреча Михаила Мишустина с руководителем Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека Анной Поповой 24 апреля 2024 [Электронный ресурс]. URL: <http://government.ru/news/51442/>
3. Гуцин В.А., Мануйлов В.А., Макаров В.В., Ткачук А.П. Надлежащая организация системы биобезопасности как средство снижения уязвимости общества, экономики и государства перед биогенными угрозами // Вестник РГМУ №4 2018 С 5-22. DOI: 10.24075/brsmu.2018.054
4. Жаворонкова Н.Г., Агафонов В.Б. Экологическая, биологическая, социальная безопасность: организационно-правовой аспект // Lex Russica. 2020. № 7. С. 43-49.
5. Кобец П.Н. Особенности феномена биотерроризма в условиях XXI столетия и меры противодействия // Научный портал МВД России. 2021. № 1 (53). С. 25-33.
6. Конвенция о запрещении разработки, производства и накопления запасов бактериологического (биологического) и токсинного оружия и об их уничтожении. 10 апреля 1972 г. Пальцев М.А., Гинцбург А.Л., Белушкина Н.Н. Биологическая безопасность. Глоссарий. М.: «Русский врач»; 2006: 408-15.
7. Липницкий А.В., Баркова И.А., Антонов В.А., Барков А.М. и др. К вопросу об эволюции сибиреязвенного микроба // Эпидемиология и инфекц. бол. 2013. № 5. С. 49-55.
8. Лобзин Ю.В., Лукин Е.П., Лукин П.Е., Усков А.Н. Биотерроризм в ряду биологических угроз: прошлое и настоящее. Медицина экстремальных ситуаций. 2018; 20(1): 8-21
9. Лобзин Ю.В., Лукин Е.П., Усков А.Н. Некоторые аспекты биотерроризма. Медицинский академический журнал. 2001; 1(3) 3-11.
10. Львов Д.К., Ковтунов А.И., Яшулов К.Б. и др. Проблемы безопасности при новых и вновь возникающих инфекциях. Вестник РАМН. 2004; 5: 20-5
11. Меараго Ш.Л., Дзюцов Н.К. Медико-тактическая характеристика биологических террористических актов // Медицина катастроф 2010 С 102-108.

12. Неробеев В.Д. Реальная опасность биотерроризма в международном аспекте при проведении научных исследований двойного назначения // *Новости медицины и фармации*. 2014. № 15 (509). С. 14-16

13. Нетесов С.В. Инфекции: новые угрозы в XXI веке // *Молекулярная медицина*. 2004. № 4. С. 41-49. 70. Нетесов С.В. Инфекции: новые угрозы в XXI веке. *Молекулярная медицина*. 2004; 4: 41-4.

14. Онищенко Г. Г., Кузькин Б.П., Демина Ю.В. и др. Обеспечение готовности и организация работы СПЭБ ФКУЗ «Ставропольский противочумный институт» Роспотребнадзора в период проведения XXII Олимпийских и XI Паралимпийских зимних игр в Сочи. Проблемы особо опасных инфекций. 2015; (1): 58-62.

15. Онищенко Г.Г., Смоленский В.Ю., Ежлова Е.Б. Концептуальные основы биологической безопасности. Ч. 1 // *Вестник Российской академии медицинских наук*. 2013. № 10. С. 11–18

16. Онищенко Г.Г., Топорков А.В., Липницкий А.В., Викторов Д.В. Проблемы противодействия биологическому терроризму на современном этапе. *Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение* №1 2016 С 24-32.

17. Онищенко Г.Г., Сандахчиев Л.С., Нетесов С.В., Мартынюк Р.А. Биотерроризм: национальная и глобальная угроза // *Вестн. РАН*. 2003. Т. 73, № 3. С. 195-204.

18. Палатов Ю.А., Антохин А.М., Втюрин С.А., Казанцев В.И., Князев Н.А. Радиолокатор бокового обзора для экологического мониторинга из космоса. Современные проблемы дистанционного зондирования Земли из космоса. 2010; 7(4):249-253.

19. Попова А.Ю., Ежлова Е.Б., Смоленский В.Ю., Летюшев А.Н., Трескин А.А., Иванова А.В., Сафронов В.А., Зубова А.А., Карнаухов И.Г., Топорков В.П., Щербакова С.А., Кутырев В.В. Автоматизированная информационная система «Периметр» – инструмент для модернизации информационного и технического обеспечения санитарно-карантинного контроля. Проблемы особо опасных инфекций. 2023; 3:6–14. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-3-6-14

20. Постановление Правительства РФ от 30 июня 2004 г. N 322 «Об утверждении Положения о Федеральной службе по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека» (в ред. от 24 января 2017 г.). Доступно по ссылке: <http://base.garant.ru/12136005/>

21. Приказ Федеральной службы государственной статистики от 28 января 2014 г. N 52 «Об утверждении статистического инструментария для организации Федеральной службой по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека федерального статистического наблюдения за заболеваемостью населения инфекционными и паразитарными болезнями и профилактическими прививками». Доступно по ссылке: <http://www.garant.ru/products/ipo/prime/doc/70479106/>

22. Противодействие биологическому терроризму. Практическое руководство по противоэпидемическому обеспечению. Под ред. академика РАМН Г.Г. Онищенко. М.: «Петит-А»; 2003: 301.

23. Санитарный щит страны – безопасность для здоровья [Электронный ресурс]. URL : <https://санщит.рус/sliders/chto-takoe-sanitarnyy-shchit#obyasnyаем-prostymi-slovami20>

24. Сибирская язва: актуальные проблемы разработки и внедрения медицинских средств защиты: руководство для врачей / под редакцией Г.Г. Онищенко [и др.; Г.Г. Онищенко и др.]. – 2-е изд., испр. и доп. – Сергиев Посад: [б. и.], 2018. – 591 с.: ил.; 25 см. – Библиогр.: с. 568-591 (256 назв.). – 1000 экз.. - ISBN 978-5-00028-214-4

25. Стратегия коллективной безопасности Организации Договора о коллективной безопасности на период до 2025 года (утв. Решением Совета коллективной безопасности ОДКБ от 14.10.2016) [Электронный ресурс]. URL:https://odkbcsto.org/documents/statements/strategiya_kollektivnoy_bezopasnosti_organizatsii_dogovora_o_kollektivnoy_bezopasnosti_na_period_do

26. Умнова-Конюхова И.А. Биологическая безопасность в международном праве и российском праве как новая сфера правового регулирования // *Вестник Московского го-*

сударственного областного университета. Серия: Юриспруденция. 2023. № 2. С. 7–19. DOI: 10.18384/2310-6794-2023-2-7-19

27. Федеральный закон от 30.12.2020 № 492-ФЗ (последняя редакция) «О биологической безопасности в Российской Федерации» // СПС Консультант Плюс: [сайт]. URL: https://www.consultant.ru/document/cons_doc_LAW_372659/?ysclid=Ihjeibnao859394451

28. Шабельников М.П., Михайлов В.Г., Комратов А.В., Макейкин Е.В., Канаев К.А. К вопросу о биотерроризме в современных условиях. Военно-медицинский журнал. 2018; 339:124-29

29. Шперлинг И.А., Коновалов П.П., Арсентьев О.В., Буянов А.Л., Денисов Л.Н., Романова Е.В. К вопросу об обеспечении национальной безопасности при несанкционированном применении биологических средств // Национальные приоритеты России. 2015. № 1 (15). С 40-48.

30. Bloom D.E. and Cadarette D. (2019) Infectious Disease Threats in the Twenty-First Century: Strengthening the Global Response. Front. Immunol. 10:549. doi: 10.3389/fimmu.2019.00549

31. Cressey D. Biopiracy ban stirs red-tape fears. Nature. (2014) 514:14–5. doi: 10.1038/514014a

32. Farsund Ø., Rustad G., Skogan G. Standoff detection of biological agents using laser induced fluorescence – a comparison of 294 nm and 355 nm excitation wavelengths. Biomed. Opt. Express. 2012; 3(11):2964–75. DOI: 10.1364/BOE.3.002964.

33. GAO-14-267T BIOSURVEILLANCE: Observations on the#Cancellation of BioWatch Gen-3 and Future Considerations for#the Program. GAO. Statement of Chris Currie, Acting Director,#Homeland Security and Justice. Washington, D.C.: 2014.

34. Hoffmaster A., Hill K., Gee J., Marston C. et al. Characterization of Bacillus anthracis isolates associated with fatal pneumonias: strains are closely related to Bacillus anthracis and harbor B. anthracis virulence genes // J. Clin. Microbiol. 2006. Vol. 44, N 9. P. 3352– 3360.

35. <http://publication.pravo.gov.ru/Document/View/0001201909040021?rangeSize=1&index=1>

36. <https://www.garant.ru/products/ipo/prime/doc/72092478/#review>

37. Huffman J.A., Treutlein B., Poschl U. Fluorescent biological aerosol particle concentrations and size distributions measured with an Ultraviolet Aerodynamic Particle Sizer (UV-APS) in Central Europe. Atmos. Chem. Phys. 2010; 10(7):3215–33. DOI: 10.5194/acp-10-3215-2010.

38. Jansen H., Breeveld F., Stijns C., Grobusch M. Biological warfare, bioterrorism, and biocrime // Clin. Microbiol. Infect. 2014. Vol. 20. P. 488–496

39. Le Claire R.D., Pitt M.L.M. Biological Weapons Defense. Effect Levels. Biological Weapons Defense: Infectious Diseases and Counter bioterrorism. Ed. by L.E. Lindler, F.J. Lebeda, and G.W. Korch. Totowa, New Jersey: «Humana Press», 2004: 41–61.

40. Lev O., Rager-Zisman B. Protecting public health in the age of emerging infections // Isr. Med. Assoc. J. 2014. Vol. 16, N 11. P. 677– 682.

41. Li J., Li Y., Mei Z., Liu Z., Zou G., Cao C. Mathematical models and analysis tools for risk assessment of unnatural epidemics: a scoping review. Front Public Health. 2024 May 2;12:1381328. doi: 10.3389/fpubh.2024.1381328. PMID: 38799686; PMCID: PMC11122901.

42. Lipsitch M., Galvani A.P. Ethical alternatives to experiments with novel potential pandemic pathogens. PLoS Med. (2014) 11:e1001646. doi: 10.1371/journal.pmed.1001646

43. Meltzer M.I., Damon I., LeDuc J.W. et al. Modeling Potential Responses to Smallpox as a Bioterrorist Weapon. Emerging Infectious Diseases. 2001; 7(6): 959–9.

44. Monthei D., Mueller S., Lockwood J. Entomological terrorism: a tactic in asymmetrical warfare. US Army Med Dep J. 2010:11–21.

45. Moon S., Sridhar D., Pate M.A., Jha A.K., Clinton C., Delaunay S. et al. Will Ebola change the game? ten essential reforms before the next pandemic. The report of the Harvard-LSHTM

Independent Panel on the Global Response to Ebola. *Lancet*. (2015) 386:2204–21. doi: 10.1016/S0140-6736(15)00946-0

46. Narang U., Anderson G.P., Ligler F.S., Burans J. Fiber optic-based biosensor for ricin. *Biosens. Bioelectron.* 1997;12:937–945. doi: 10.1016/S0956-5663(97)00027-4.

47. Nightingale S. Scientific publication and global security. *JAMA*.#2011; Vol. 306 (5): 545–6

48. Oliveira M., Mason-Buck G., Ballard D., Branicki W., Amorim A. Biowarfare, bioterrorism and biocrime: A historical overview on microbial harmful applications. *Forensic Sci Int.* 2020 Sep;314:110366.

49. Pohanka M. Current trends in the biosensors for biological warfare agents assay. *Materials*. 2019;12:2303. doi: 10.3390/ma12142303.

50. Relman D.A. Bioterrorism—preparing to fight the next war. *N Engl J Med*. 2006;354(2):113–115. doi: 10.1056/NEJMp058078.

51. Review of the scientific approaches used during the FBI's investigation of the 2001 Anthrax Letters / Committee on review of the scientific approaches used during the FBI's investigation of the 2001 *Bacillus anthracis* mailings; National Research Council. Washington, DC : National Academic Press, 2011

52. Rotz L.D., Khan A.S., Lillibridge S.R. et al. Public Health Assessment of Potential Biological Terrorism Agents . *Emerging Infectious Diseases*. 2002; 8(2): 225– 30

53. Schmaljohn A., Hevey M. Medical Countermeasures for Filoviruses and Other Viral Agents. *Biological Weapons Defense: Infectious Diseases and Counterbioterrorism* . Ed. by L.E. Lindler, F.J. Lebeda, and G.W. Korch. Totowa, New Jersey: «Humana Press». 2004: 239–53.

54. Song S.P., Wang L.H., Li J., Zhao J.L., Fan C.H. Aptamer-based biosensors. *Trac-Trends Anal. Chem.* 2008;27:108–117. doi: 10.1016/j.trac.2007.12.004

55. Spencer R.C. Potential bio-terror agents. *J Hosp Infect.* 2007;65(Suppl 2):19–22. doi: 10.1016/S0195-6701(07)60008-5.

56. Suk G., Zmorzynska A., Hunger I., Biederbick W. et al. Dual-use#research and technological diffusion: reconsidering the bioterrorism threat#spectrum. *PLoS Pathog.* 2011; Vol. 7 (1): e1001253. doi: 10.1371/journal.ppat.1001253

57. Tucker J.B. Historical Trends Related to Bioterrorism: An Empirical Analysis. *Emerging Infectious Diseases*. 1999; 5(4): 498–504.

58. United Nations General Assembly. Protecting Humanity From Future Health Crises: Report of the High-Level Panel on the Global Response to Health Crises. United Nations General Assembly (2016).

59. Wheelis M. Investigating Disease Outbreaks under a Protocol to the Biological and Toxin Weapons Convention . *Emerging Infectious Diseases*. 2000; 6(6):595–600.

60. Whence New Plagues? A Prediction of the Places from Which New Illnesses Are Likely to Emerge. *The Economist*. 2017, June 24 (available 15.11.2017: <https://www.economist.com/news/science-andtechnology/21723819-prediction-places-which-newillnesses-are-likely-emerge-whence>).

61. Woolhouse M.E.J., Gowtage-Sequeria S. Host Range and Emerging and Reemerging Pathogens. *Emerging Infectious Diseases*. 2005; 11(12): 1842–7.

62. World Health Organization. An R& D Blueprint for Action to Prevent Epidemics: Plan of Action. va: WHO Press (2016). Available online at: https://www.who.int/blueprint/about/r_d_blueprint_plan_of_action.pdf

Глава 7. COVID-19 КАК ЗЕРКАЛО МИРОВОЙ СИСТЕМЫ РЕАГИРОВАНИЯ НА ИНФЕКЦИИ

7.1. Пандемия COVID-19

Проблема возникновения эпидемий и пандемий инфекционных заболеваний и разработка мер по их предотвращению никогда не потеряют свою актуальность [1]. Рубеж 2019-2020 гг. вошел в историю как период чрезвычайной ситуации, представляющей угрозу национальной и международной безопасности, обусловленной появлением новой респираторной болезни и её стремительным распространением по всему миру [2].

Первый случай новой респираторной инфекционной болезни неизвестной этиологии был зарегистрирован 17 ноября 2019 г. у мужчины 55 лет в г. Ухань провинции Хубей Китайской Народной Республики (КНР). В конце декабря 2019 года на территории КНР было выявлено 267 человек с этим заболеванием и 31 декабря 2019 года Китайская народная республика (КНР) проинформировала Всемирную организацию здравоохранения (ВОЗ) о появлении на своей территории случаев этой инфекционной болезни [3,4].

В начале января 2020 года был установлен возбудитель новой болезни и проведена его классификация. Им оказался ранее неописанный вирус из семейства коронавирусов, который был назван SARS-CoV-2 (второй коронавирус тяжёлого острого респираторного синдрома). Несмотря на беспрецедентные меры, предпринятые Китаем для борьбы с распространением данного вируса, к концу января случаи заражения начали фиксироваться в различных странах, преимущественно в Европе и США. Это привело к объявлению чрезвычайной ситуации в области общественного здравоохранения на международном уровне, о чём было сообщено Всемирной организацией здравоохранения 30 января 2020 года [4, 7-10].

11 февраля 2020 года ВОЗ присвоила этой болезни официальное название COroNaVirus Disease 2019 (COVID-19). Быстрое распространение болезни по всему миру, сопровождаемое значительным числом смертей и ущербом здоровью людей, стало причиной объявления 11 марта 2020 года генеральным директором Всемирной организации здравоохранения о начале панде-

мии COVID-19. Эта инфекция имеет воздушно-капельный механизм передачи, отличается длительным инкубационным периодом и высокой плотностью населения в регионах, где она имела наибольшее распространение [2].

Пандемия оказала глубокое воздействие на общество, затронув здоровье миллионов и вызвав глобальные экономические и социальные изменения. Важно отметить, что миграционная активность населения в зонах с высоким уровнем заболеваемости способствовала быстрому распространению вируса.

На территории стран Европейского союза (ЕС) первые случаи COVID-19 были выявлены уже в конце января 2020 года. Практически одновременно были зафиксированы заносные случаи COVID-19 в Франции, Германии, Финляндии, а также в России [12]. Вслед за этим было отмечено появление и стремительный рост числа случаев новой коронавирусной инфекции в Италии, где в течение марта 2020 года зарегистрировали 62 % случаев COVID-19 от общего числа инфицированных в Европе. В начале апреля 2020 года в Испании регистрировали 21 % случаев от всех зарегистрированных в Европейском регионе, в Италии – 20 %, в Германии – 15 %, во Франции – 11 % случаев. [13]. С середины марта 2020 года рост числа инфицированных в европейских странах уже не был связан с заносом инфекции из КНР. В связи с тем, что на территории ЕС число зарегистрированных случаев заболевания и смерти от новой инфекции превысило совокупное количество инфицированных и умерших в мире (кроме КНР), 13 марта 2020 года ВОЗ объявила Европу эпицентром пандемии COVID-19.

Ключевыми факторами, способствующими быстрому распространению нового коронавируса в мире, очевидно, явились урбанизация и рост уровня международной миграции, отмеченные в течение последних двух десятилетий. Применяемые ранее противоэпидемические меры, в период распространения MERS и SARS оказались малоэффективными для борьбы с распространением SARS-CoV-2 и были необходимы более решительные действия [14]. Кроме того, стало известно, что SARS-CoV-2 обладает более высокой контагиозностью и вирулентностью, чем другие коронавирусы, а источником инфекции при COVID-19 могут служить инфицированные на ранней стадии заболевания, в том числе бессимптомные [15, 16], поэтому изоляция пациентов с симптомами является относительно малоэффективной мерой предотвращения передачи вируса [14,17].

7.2. Стратегии реагирования на появление COVID-19 за рубежом и в Российской Федерации

Основываясь на опыте борьбы с различными эпидемиями и пандемиями, учитывая ряд особенностей возбудителя нового коронавируса и инфраструктуру здравоохранения каждой страны, в отдельных государствах были

адаптированы или разработаны собственные стратегии борьбы с распространением COVID-19.

Основными проблемами были: задержка реализации противоэпидемических мер; их недостаточная строгость; неэффективность контроля за исполнением рекомендуемых мероприятий. Так, в течение трех недель после регистрации первых случаев пневмонии неясного генеза у жителей города Ухань **Китайской Народной Республики** властями не были инициированы необходимые профилактические и противоэпидемические меры. В результате традиционного массового банкета в одном из городских районов SARS-CoV-2 было инфицировано более половины присутствующих (28 тыс. человек из 40 тыс.), а 560 человек позже скончались от COVID-19. Более того, за несколько дней до введения карантина на территории Ухани более 5 млн человек выехали за его пределы для участия в традиционном Весеннем фестивале, что привело к массовому распространению возбудителя новой инфекции на территории других провинций КНР и за границу.

С 23 января 2020 года на территории провинции Хубей, в Пекине и Шанхае был введен «локдаун» – режим строгой самоизоляции (с запретом покидать жилье чаще чем 1 раз в 2 дня и не более чем на 30 мин), запрет на проведение массовых мероприятий, въезд и выезд автомобилей в карантинную зону и за ее границы. Местоположения жителей отслеживались по средствам мобильных приложений [18-20]. В городах КНР, в которых подобные меры были приняты, заранее (в первую неделю) регистрировали на треть меньше случаев COVID-19, чем в местностях, где мероприятия вводили позже [21]. По данным ряда исследователей (Китай, Италии, США), введение карантина в Ухане незначительно повлиял на эпидситуацию на территории материкового Китая (замедлил распространение вируса на 3-5 дней), однако показал свою высокую эффективность в международном масштабе – экспорт случаев COVID-19 сократился почти на 80 % [22].

Использование «китайской» стратегии в других странах оказалось сложной задачей, так как введенный на территории КНР «локдаун» превзошёл по строгости «классические» карантинные мероприятия [19].

Стабилизации эпидемической ситуации в короткие сроки добились в **Сингапуре, Тайвани, Гонконге и Южной Корее** за счет организации массового тестирования, выявления и своевременной изоляции инфицированных и введения карантина для контактных лиц. Сразу после появления информации о выявлении случаев неизвестного заболевания в Ухани в аэропортах Сингапура была организована дистанционная термометрия, а путешественникам, прибывшим из КНР, рекомендован режим самоизоляции. По мере ухудшения эпидемической ситуации в мире власти Сингапура поощряли самоизоляцию граждан выплатами пособий (100 \$ в сутки), контролировали строгость использования средств индивидуальной защиты (масок и перчаток) и социального дистанцирования [23]. Кроме того, использование средств индивидуальной

защиты стало обязательным в медицинских учреждениях, организована сортировка пациентов с признаками респираторного заболевания и/или пневмонией в отдельные госпитали, наложены ограничения на передвижения пациентов и медицинских работников между медицинскими организациями. Все пациенты, обращающиеся с жалобами, не исключаящими COVID-19, подвергались тестированию [18, 24].

В Тайвани, Гонконге и Южной Корее также вводился режим самоизоляции, был введен запрет на проведение массовых мероприятий и ограничения на трансграничные поездки. За счет увеличения охвата тестированием (до 18 тысяч исследований в сутки) инфицированных SARS-CoV-2 своевременно выявляли и изолировали. Контактных определяли при помощи систем видеонаблюдения и отслеживания транзакций по кредитным картам [18].

Страны Европы – **Италия, Испания, Великобритания, Франция** и т.д. оказались наиболее пострадавшими в период заноса и распространения COVID-19 на своих территориях ввиду позднего введения карантинных мер. В Италии SARS-CoV-2 циркулировал как минимум месяц до официальной регистрации первых случаев новой коронавирусной инфекции [25]. Молниеносное увеличение числа пациентов с диагнозом «пневмония», значительная часть которых находилась в критическом состоянии, привело к колоссальной перегрузке системы здравоохранения Италии. Несмотря на нарастающую угрозу, социальные ограничительные мероприятия ввели с существенной задержкой. Был наложен запрет на мероприятия, сопровождающиеся массовым скоплением людей, однако запрета на поездки по стране и за ее пределы, а также на работу предприятий общественного питания (бары/рестораны) не вводили до 10 марта, когда объявили общенациональный локдаун. Еще один факт, способствующий распространению вируса в Италии – несогласованность в организации противоэпидемических мер в связи с децентрализованной системой здравоохранения.

Несвоевременная реакция на эпидситуацию в мире привела к взрывному росту числа больных в Испании, Франции и Великобритании. Проведение матчей Лиги чемпионов в Бергамо, Милане, Валенсии и Ливерпуле, ряда других спортивных и политических мероприятий, конференций и массовой демонстрации, приуроченной к празднованию Международного женского дня, привело к дестабилизации эпидемиологической ситуации по COVID-19. Закрытие образовательных учреждений в Мадриде привело к скоплению людей в барах, ресторанах, парках и на пляжах [26].

Несогласованность и позднее введение ограничительных мероприятий привели к резкому всплеску числа случаев новой коронавирусной инфекции в Испании еще до введения карантина, а снижение числа случаев заболевания COVID-19 зафиксировано лишь через 6-8 недель от его начала.

Для снятия нагрузки на государственную систему здравоохранения Испании, улучшения качества оказываемой помощи и увеличения числа пациентов,

получивших медицинскую помощь, прибегли к переводу под государственный контроль частных медицинских учреждений с перепрофилированием их для оказания помощи пациентам с COVID-19.

Ввиду нехватки тест-систем для выявления SARS-CoV-2, специфическую диагностику решено было проводить только пациентам, нуждающимся в госпитализации, находящимся в тяжелом состоянии, а также медицинским работникам, работающим в специализированных отделениях.

Власти **Великобритании** избрали стратегию «пассивной защиты», или «коллективного иммунитета», реализовать которую пытались за счет формирования иммунной прослойки в популяции за счет заражения лиц, не входящих в группу риска (иммунокомпроментированные лица, с сопутствующей патологией и пожилые), а режим самоизоляции был официально рекомендован для лиц пожилого возраста. Это повлекло за собой увеличение числа случаев новой инфекции, тяжелых форм COVID-19 и рост летальности [27].

Ограничительные меры в **Германии** также вводились постепенно. С начала регистрации случаев новой коронавирусной инфекции пациентам с симптомами рекомендовали самоизолироваться, что не повлияло на продолжающийся рост числа больных COVID-19 [28-30]. Следующей мерой явилось отмена всех массовых мероприятий, закрытие мест возможного скопления людей, школ и университетов [31]. Однако только массовое тестирование населения, строгие социальные ограничения в виде закрытия границ и социального дистанцирования привели к стабилизации эпидемической ситуации COVID-19 в Германии [32].

Отсутствие координации и согласованности во введении профилактических и противоэпидемических мер, неоднозначная позиция президента **США** (Д. Трампа) и расхождение информации о COVID-19 из ведущих учреждений здравоохранения и науки штатов привели к усугублению эпидемической ситуации. Только лишь 17 марта в большинстве штатов и округов был введен режим самоизоляции, однако строгость данных мер на каждой конкретной территории определялась индивидуально – от строгого карантина в одних регионах до введения только комендантского часа в других [33]. Однако несмотря на отсутствие жестких ограничительных мероприятий, особое внимание уделялось социальному дистанцированию и самоизоляции [26]. Кроме того, система здравоохранения США столкнулась с нехваткой специфических тест-систем, средств индивидуальной защиты, ограничением доступности оборудования для поддержания витальных функций, что несомненно привело к росту числа инфицированных, тяжелых форм и летальных случаев.

В Российской Федерации с начала вспышки COVID-19 в Китае был взят курс на реализацию стратегии «опережающего реагирования». Данная стратегия включала в себя мониторинг эпидемиологической ситуации, который стартовал уже 31 декабря 2019 года. В связи с ухудшением глобальной эпидемиологической ситуации в России начали вводиться различные ограничения

на въезд, включая полное прекращение выдачи виз для иностранных граждан. Эти действия помогли замедлить рост числа заболевших, прибывших из других стран.

Кроме того, для предотвращения распространения вируса внутри страны были введены дополнительные меры, такие как масочный режим, период «нерабочих дней», режим самоизоляции, а также запрет на массовые мероприятия. Переход на дистанционное обучение и работу также стал частью стратегии реагирования. Все эти меры были реализованы поэтапно, с учетом развития эпидемической ситуации в различных регионах России [2, 66].

Одним из ключевых аспектов в борьбе с распространением COVID-19 стало оперативное создание отечественных средств диагностики. Это подразумевало не только их разработку, но и массовое производство для обеспечения необходимого объема исследований, а также расширение сети лабораторий.

Вскоре после публикации первой нуклеотидной последовательности нового коронавируса специалисты Государственного научного центра вирусологии и биотехнологии «Вектор», входящего в структуру Роспотребнадзора, разработали два диагностических комплекта всего за одну неделю. К январю уже началась их поставка в лаборатории Роспотребнадзора, где проводились исследования образцов от пациентов с подозрением на COVID-19.

Следующей важнейшей задачей стало обучение специалистов для эффективной работы в условиях угрозы распространения новой инфекции. Это включало разработку и отработку четких инструкций для медицинских работников, оказывающих помощь пациентам с подозрением на COVID-19, и сотрудникам лабораторий, работающих с клиническим материалом от лиц с подозрением на новую инфекцию. Важными аспектами этого процесса были соблюдение норм инфекционной безопасности и реализация мероприятий, направленных на предотвращение внутрибольничного и внутрилабораторного распространения инфекции [34].

В Российской Федерации были реализованы профилактические и противоэпидемические меры, основанные на проактивном «опережающем» подходе к реагированию, что позволило контролировать распространения COVID-19. Благодаря этому удалось создать так называемое «окно возможностей», которое дало шанс для оптимизации работы медицинской инфраструктуры. Это, в свою очередь, способствовало организации надлежащего медицинского обслуживания для населения и обеспечению целенаправленной защиты наиболее уязвимых групп [33].

В условиях отсутствия специфических методов профилактики и лечения противоэпидемические мероприятия, направленные на ограничение распространения новой инфекции, становятся особенно актуальными. Главным аспектом их эффективности является предотвращение заноса инфекции в здоровую популяцию.

К числу таких мероприятий относится введение карантина для людей, прибывающих из регионов с неблагоприятной эпидемиологической ситуацией. Это включает в себя 14-дневную самоизоляцию и медицинское наблюдение за данными лицами. Кроме того, важными мерами являются: использование средств индивидуальной защиты и соблюдение социального дистанцирования, что также способствует снижению риска распространения инфекции (в т.ч. отмена массовых мероприятий, переход на дистанционный режим работы и учебы); своевременное выявление инфицированных лиц, реализуемое за счет массового скрининга подозрительных/контактных лиц с последующим разобщением больных и здоровых лиц; социально-экономические ограничения – закрытие общественных мест, предприятий общепита, торгово-развлекательных площадок, спорт-клубов и т.д.; оптимизация алгоритмов оказания медицинской помощи пациентам с COVID-19 и другими неинфекционными патологиями (в т.ч. плановая медпомощь).

7.3. Принципы организации лабораторной диагностики COVID-19 за рубежом и в Российской Федерации

В разных странах подходы к исследованиям, направленным на диагностику новой коронавирусной инфекции, отличались. Некоторые государства применяли сплошной лабораторный скрининг, охватывающий широкие слои населения, в то время как другие предпочитали выборочный метод. Последний предполагал тестирование лиц с подозрением на заболевание или лиц из групп риска.

Подход Южной Кореи к тестированию на новый коронавирус показал свою высокую эффективность благодаря внедрению системы «квазислучайного массового тестирования». В рамках этого подхода была организована обширная сеть мобильных центров, где граждане могли пройти бесплатное тестирование с использованием метода ПЦР.

Для осуществления тестирования применялись мобильные скрининговые лаборатории, которые делились на два типа. Первые – диагностические кабины, известные как «Walk-thru», которые позволяли людям проходить тестирование, не выходя из своего автомобиля. Вторые – с использованием специальных пунктов «drive-through», где также можно было сдать образцы, не покидая автомобиль [35, 36].

В Китае была успешно реализована стратегия массового тестирования населения. Процедура отбора проб охватывала не только лиц с симптомами заболевания, не исключаящими новую коронавирусную инфекцию, но и всех, кто мог быть подвержен риску заражения, даже в минимальной степени.

Проводимые ПЦР-тесты повторялись через каждые два-три дня, что позволяло контролировать ситуацию вплоть до завершения двухнедельного инкубационного периода.

Помимо ПЦР-методов, в стране также были протестированы и получили одобрение несколько экспресс-тестов, предназначенных для выявления антител IgM и IgG к коронавирусу в образцах крови. Это расширило возможности диагностики и мониторинга инфекции среди населения [37, 38].

Система здравоохранения Германии была подготовлена к масштабному лабораторному скринингу на COVID-19, и всех лиц с симптомами, которые могли свидетельствовать о наличии вируса, обследовали методом ПЦР.

Для повышения эффективности и снижения затрат на диагностику применялись методы группового тестирования. Суть такого подхода заключалась в том, что образцы мазков от десяти человек исследовались одновременно в одном анализе. При получении положительного результата проводился индивидуальный тест для каждого из участников группы [39, 40].

В начале пандемии COVID-19 (февраль 2020 года) в Соединенных Штатах Америки ПЦР-тестирование проводили тем, кто прибыл из города Ухань, или лицам, имевшим прямой контакт с зараженными. Однако в марте того же года произошли изменения в критериях для тестирования и анализа на SARS-CoV-2 начали проводить всем пациентам, находящимся в стационаре, медикам, людям старше 65 лет, а также лицам с симптомами заболевания и заболевшим легкой формой. При этом граждане без симптомов тестированию не подвергались [35]. Таким образом, низкий уровень охвата тестированием, задержка с началом массовой диагностики вместе с недостаточными мерами по борьбе с эпидемией и профилактике способствовали тому, что США вышли на первое место в мире по количеству случаев заболеваний и летальности от COVID-19.

В Великобритании, которая изначально следовала по пути формирования «коллективного иммунитета», наблюдались низкие объемы тестирования. Тесты проводились лишь пациентам, находившимся в тяжелом состоянии – с пневмониями, острым респираторным дистресс-синдром, а также с симптомами поражения респираторного тракта, нуждающимся в стационарном лечении. Дополнительно диагностика проводилась в случае вспышек COVID-19 в специализированных и медицинских учреждениях.

В апреле 2020 года был выделен перечень приоритетных профессий представители, которых имели возможность пройти тестирование в первую очередь при наличии соответствующих симптомов. В этот список вошли сотрудники служб экстренной помощи, медицинские работники, полицейские и социальные работники. Остальные граждане могли рассчитывать на диагностику только во вторую очередь.

В начале пандемии во Франции лабораторные исследования на COVID-19 проводились исключительно для представителей определённых групп риска. Это касалось, в первую очередь, госпитализированных пациентов с подозрением на новую коронавирусную инфекцию, медицинских работников, а также людей, имеющих серьезные сопутствующие заболевания, и беременных женщин.

Только к середине мая 2020 года произошли изменения в этих подходах. Список критериев для тестирования был значительно расширен, что позволило проводить обследование на SARS-CoV-2 для всех лиц, у которых возникли подозрения на COVID-19, а также тех, кто имел контакт с инфицированными [41].

В Италии на начальном этапе тестирование на COVID-19 осуществлялось ограниченно. Его проводили только для пациентов, страдающих от серьезных респираторных заболеваний, а также для тех, у кого наблюдались симптомы, потенциально указывающие на наличие вируса. Кроме того, тесты проводились для лиц, вернувшихся из зон с высоким уровнем заболеваемости или имевших контакт с инфицированными. Такой подход не обеспечил необходимую оперативность в принятии мер по контролю за распространением COVID-19, что негативно сказалось на ситуации в стране.

Следовательно, подход к борьбе с коронавирусом, который основывался на выборочной диагностике, продемонстрировал меньшую эффективность. В отличие от него, массовое тестирование в сочетании с комплексом строгих мер противодействия эпидемии способствовало улучшению эпидемиологической обстановки. Это подчеркивает важность широкомасштабной диагностики и строгих профилактических мероприятий в борьбе с инфекцией.

7.4. Организация молекулярно-генетического мониторинга геновариантов коронавируса SARS-CoV-2 в Российской Федерации

В год начала пандемии COVID-19 каких-либо существенных мутаций данного вируса возбудителя данной инфекции не зафиксировали. Впоследствии интенсивность развития эпидемического процесса новой инфекции в мире была обусловлена последовательным вовлечением в эпидемический процесс различных групп восприимчивого населения с отличающимся иммунным статусом, сопровождалось генетической изменчивостью вируса SARS-CoV-2, и формированию его новых вариантов. Вероятно, уникальные генетические свойства SARS-CoV-2, характеризующиеся высокой изменчивостью, являются одной из причин пандемического распространения новой коронавирусной инфекции [42].

С целью оптимизации глобального мониторинга и принятия своевременных противоэпидемических мер эксперты ВОЗ с 2020 года выделяли следующие группы штаммов SARS-CoV-2 в структуре циркулирующих геновариантов вируса: 1) вызывающие беспокойство (VOC): Alfa B.1.1.7 «Великобритания»; Beta B.1.1351 «ЮАР»; Gamma B.1.1.248 «Бразилия»; Delta B.1.617.2 «Индия»; Omicron B.1.1.529; 2) вызывающие интерес (VOI): Lambda C.37 «Перу»; 3) требующие мониторинга и дальнейшего изучения (Alerts for Further Monitoring): B.1.427, B.1.429, R.1, B.1.466.2, B.1.621, B.1.621.1, B.1.1.318, B.1.1.519, C.36.3, C.36.3.1, B.1.214.2, B.1.1.523, B.1.619, B.1.619.1, B.1.620); 4) «прочие» штаммы

SARS-CoV-2, не относящиеся к вышеупомянутым группам – Eta B.1.525; Iota B.1.526 «США»; Карра B.1.617.1 «Индия»; Кластер 5.

На ранних стадиях пандемии в России начали проводить генетические исследования, направленные на анализ циркуляции геномных вариантов SARS-CoV-2. Эти исследования играют ключевую роль в эпидемиологическом мониторинге, позволяя оценить уровень контагиозности, вирулентности и антигенные свойства новых штаммов вируса.

Таким образом, своевременная информация об эволюции вируса стала основой для принятия необходимых и эффективных решений. Полученные данные необходимы для разработки эффективных профилактических мер, диагностических тестов и терапевтических схем [43].

Для оперативного обнаружения новых вариантов вируса SARS-CoV-2 в России была создана единая межведомственная база данных, содержащая результаты секвенирования. Согласно приказу Роспотребнадзора, изданному 19 февраля 2021 года, был установлен порядок отбора и транспортировки образцов. В соответствии с постановлением Правительства Российской Федерации от 23 марта 2021 года, было утверждено временное положение о предоставлении данных по расшифровке генома возбудителя COVID-19. В результате Роспотребнадзор создал национальную базу генетических последовательностей.

Эффективная система секвенирования позволила незамедлительно идентифицировать вариант «Омикрон» и его сублинии, которые начали распространяться с ноября 2021 года. Это дало возможность своевременно принять необходимые меры для сдерживания распространения вируса на этапах его заноса, а также оптимизировать стратегии реагирования на его дальнейшее распространение. Важным акцентом стало усиление работы амбулаторной медицинской помощи в период циркуляции данного варианта.

Мониторинг изменений генома вируса сыграл ключевую роль в обеспечении быстрого реагирования на появление новых, потенциально угрожающих генетических вариантов. Это позволило адаптировать противоэпидемические меры в зависимости от ситуации. [44].

7.5. Специфическая профилактика новой коронавирусной инфекции

В мае 2020 года на 73-й сессии Всемирной ассамблеи здравоохранения была принята резолюция, в которой подчеркивалась важность массовой вакцинации от COVID-19 как ключевого элемента глобальной стратегии в направленной на борьбу с распространением вируса SARS-CoV-2 [45-47].

Темпы разработки и производства вакцин против COVID-19 оказались беспрецедентными. Всего через 10 недель после получения результатов секвенирования и публикации генетической последовательности SARS-CoV-2 первая вакцина-кандидат вошла в 1 фазу клинических испытаний [48, 49]. В декабре 2020 года две мРНК-вакцины были одобрены и внедрены в США, далее по

всему миру были разработаны и использованы вакцины на основе нуклеиновых кислот (мРНК- и ДНК-вакцины), реплицирующиеся и нереплицирующиеся векторные, на основе вирусоподобных частиц, белковые субъединичные, инактивированные вакцины [50, 51].

По данным ВОЗ (на 08.08.2023) в мире 199 вакцин находилось на стадии доклинических исследований, 183 вакцины – на стадии клинических испытаний и 44 вакцины одобрены как минимум в одной стране [52, 53].

Россия и Китай стали первыми государствами, которые начали масштабную вакцинацию населения. В России этот процесс стартовал в январе 2021 года и проводился на бесплатной основе.

Для успешного проведения массовой вакцинации были созданы необходимые условия, включая развитие производственных мощностей и установление эффективных алгоритмов работы прививочных пунктов. Министерство здравоохранения России разработало стандартные операционные процедуры, которые регламентируют процесс вакцинации, а также определило логистические маршруты для доставки вакцин в различные регионы страны.

В Российской Федерации разработаны и производятся следующие вакцины «Гам-КОВИД-Вак», «Гам-КОВИД-Вак» (капли назальные), «Гам-КОВИД-Вак-М», «ЭпиВакКорона», «Спутник Лайт», «Салнавак», «Гам-КОВИД-Вак-Лио», «КовиВак», «АВРОРАКоВ», «Конвасэл» [55].

На базе НМИЦ терапии и профилактической медицины Минздрава России был учрежден Федеральный дистанционный консультационный центр по вопросам вакцинации против коронавирусной инфекции COVID-19. Данный центр активно проводил онлайн-семинары и предоставлял информацию населению через горячую линию, отвечая на запросы о вакцинации. Дополнительно в рамках этой инициативы были созданы методические рекомендации «Порядок проведения вакцинации против COVID-19», содержащие указания по организации процесса вакцинации как в стационарных прививочных кабинетах, так и с участием мобильных медицинских бригад [55, 56]. В стране на плановой основе проводился масштабный мониторинг уровня иммунной прослойки населения к новой коронавирусной инфекции, что позволило вывести специфическую профилактику болезни на новый качественный уровень.

Заключение

COVID-19 стал существенным катализатором в процессе оптимизации мировой системы реагирования на инфекции в мире, а опыт борьбы с пандемией подчеркивает важность совместных усилий мирового сообщества в вопросах противодействия распространения новых инфекций. Глобальное сотрудничество необходимо в вопросах изучения новых инфекционных агентов, обмена информацией и ресурсами, разработки диагностических препаратов

и вакцин, а также для совместной поддержки более уязвимых стран с ограниченными ресурсами.

В речи Генерального директора ВОЗ на Петербургском международном экономическом форуме в 2021 году содержался важнейший тезис – «никто не может быть в безопасности, пока не защищены все», обозначающий необходимость обеспечить рациональное распределение вакцины во всем мире [57, 58]. Однако охват вакцинацией в некоторых странах выявил существенное неравенство. Так, к концу 2022 года на африканском континенте двумя дозами было вакцинировано лишь 17 % населения, что говорит о серьезном влиянии социально-экономического неравенства на проведение глобальных противоэпидемических мероприятий в условиях распространения инфекции [59].

В случаях нехватки вакцинных препаратов положительный опыт продемонстрировала стратегия распределения вакцин для приоритетных групп граждан – с учетом возраста и наличия сопутствующей патологии, а также наличия высокого риска профессионального заражения (прежде всего пожилые люди и медицинские работники) [60, 61].

Опыт борьбы с пандемией COVID-19 указывает на то, что равномерное распределения вакцин между странами с различным уровнем экономического развития является выгодным с глобальной точки зрения, т.к. в перспективе это снижает затраты на массовый мониторинг, тестирование, на лечение пациентов, а также снижает риск эволюции вируса [62].

При этом, несмотря на доказанную эффективность и безопасность используемых вакцин, обеспечить широкий охват вакцинацией было затруднено из-за медийной активности пропагандистов-антиваксеров и потока дезинформации [63-65].

Растущая плотность населения и урбанизация, активные миграционные потоки являются первостепенными рисками пандемического распространения новых и возвращающихся инфекций, что указывает на необходимость инвестирования в системы здравоохранения и исследований в области общественного здоровья и подчеркивает роль науки и медицины в современном мире.

Список литературы

1. Асатрян М.Н., Герасимук Э.Р., Логунов Д.Ю., Семененко Т.А., Гинцбург А.Л. Прогнозирование динамики заболеваемости COVID-19 и планирование мероприятий по вакцинопрофилактике населения Москвы на основе математического моделирования. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2020; 97(4): 289–302. DOI: <https://doi.org/10.36233/0372-9311-2020-97-4-1>
2. Брико Н.И., Каграманян И.Н., Никифоров В.В. и др. Пандемия COVID-19. Меры борьбы с ее распространением в Российской Федерации. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2020; 19 (2): 4-12. DOI: 10.31631/2073- 3046-2020-192-4-12.

3. WHO Statement regarding cluster of pneumonia cases in Wuhan, China – URL: <https://www.who.int/china/news/detail/09-01-2020-who-statement-regarding-cluster-of-pneumonia-cases-in-wuhan-china> (дата обращения: 10.09.2023).
4. Акимкин В.Г., Кузин С.Н., Семененко Т.А., Шипулина О.Ю., Яцышина С.Б., Тиванова Е.В., Каленская А.В., Соловьёва И.В., Вершинина М.А., Квасова О.А., Плоскирева А.А., Мамошина М.В., Елькина М.А., Клушнина В.В., Андреева Е.Е., Иваненко А.В. Закономерности эпидемического распространения SARS-CoV-2 в условиях мегаполиса. Вопросы вирусологии. 2020; 65(4): 203-211. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-2020-65-4-203-211>
5. WHO. Naming the Coronavirus disease (COVID-19) and the virus that causes it/ [https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/technical-guidance/naming-the-coronavirus-disease-\(covid-2019\)-and-the-virus-that-causes-it](https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/technical-guidance/naming-the-coronavirus-disease-(covid-2019)-and-the-virus-that-causes-it).
6. Антонец Д.В., Плоскирева А.А., Поспелов М.В., Смоленский В.Ю. 2020. Комплексный анализ и прогноз развития эпидемиологической ситуации по COVID- 19 в Российской Федерации. COVID19-PREPRINTS.MICROBE.RU. <https://doi.org/10.21055/preprints-3111803>
7. Romagnani P., Gnone G., Guzzi F., Negrini S., Guastalla A., Annunziato F. et al. The COVID-19 infection: lessons from the Italian experience. J. Public Health Policy. 2020; 41(3): 238-44. DOI: <http://doi.org/10.1057/s41271-020-00229-y>
8. Sebastiani G., Massa M., Riboli E. Covid-19 epidemic in Italy: evolution, projections and impact of government measures. Eur. J. Epidemiol. 2020; 35(4): 341-5. DOI: <http://doi.org/10.1007/s10654-020-00631-6>
9. Petzold, M.B., Bendau A., Plag, J. et al. 2020, Risk, resilience, psychological distress, and anxiety at the beginning of the COVID-19 pandemic in Germany, Brain and Behavior, vol. 10, №9. doi: <https://doi.org/10.1002/brb3.1745>.
10. Holshue M.L., DeBolt C., Lindquist S., Lofy K.H., Wiesman J., Bruce H. et al. First case of 2019 novel coronavirus in the United States. N. Engl. J. Med. 2020; 382(10): 929-36. DOI: <http://doi.org/10.1056/NEJMoa2001191>.
11. (WHO Director-General’s opening remarks at the media briefing on COVID-19 – 3 March 2020. World Health Organization, March 3, 2020 (cited 1 Apr 2020). [Internet]. Available from: <https://www.who.int/dg/speeches/detail/who-director-general-s-openingremarks-at-the-media-briefing-on-covid-19---3-march-2020>. 2. Virtual press conference on COVID-19.
12. 11 March 2020 (cited 1 Apr 2020). [Internet]. Available from: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/transcripts/who-audio-emergencies-coronavirus-press-conference-full-and-final-11mar2020.pdf?sfvrsn=cb432bb3_2.
13. Bsg.ox.ac.uk. World’S first COVID-19 government response tracker launched Today, 2020. Available: <https://www.bsg.ox.ac.uk/news/worlds-first-covid-19-government-response-tracker-launched-today>
14. Gabutti G., d’Anchera E., De Motoli F., Savio M., Stefanati A. The Epidemiological Characteristics of the COVID-19 Pandemic in Europe: Focus on Italy. Int. J. Environ. Res. Public Health 2021, 18, 2942. <https://doi.org/10.3390/ijerph18062942>.
15. Svoboda T., Henry B., Shulman L. et al. Public health measures to control the spread of the severe acute respiratory syndrome during the outbreak in Toronto. N Engl J Med. 2004;350:2352–2361. doi: 10.1056/NEJMoa032111.
16. Wilder Smith A., Telesman M.D., Heng B.H., Earnest A., Ling A.E., Leo Y.S. Asymptomatic SARS coronavirus infection among healthcare workers, Singapore. Emerg Infect Dis 2005;11:1142-5.
17. Rothe C., Schunk M., Sothmann P., Bretzel G., Froeschl G., Wallrauch C. et al. Transmission of 2019 nCoV infection from an asymptomatic contact in Germany. N Engl J Med 2020;382:970-1.
18. Quilty B.J., Clifford S., Flasche S., Eggo R.M. Effectiveness of airport screening at detecting travellers infected with novel coronavirus (2019 nCoV). Euro Surveillance 2020;25. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2020.25.5.2000080.

19. Tanne J.H., Hayasaki E., Zastrow M., Pulla P., Smith P., Rada A.G. Covid 19: How doctors and healthcare systems are tackling coronavirus worldwide. *BMJ* 2020;368:m1090.
20. Lau H., Khosrawipour V., Kocbach P., Mikolajczyk A., Schubert J., Bania J. et al. The positive impact of lockdown in Wuhan on containing the COVID 19 outbreak in China. *J Travel Med* 2020. doi: 10.1093/jtm/taaa037.
21. Cyranoski D. What China's coronavirus response can teach the rest of the world. *Nature* 2020;579:479 80.
22. Tian H., Liu Y., Li Y., Wu C., Chen B., Kraemer M.U.G. et al. The impact of transmission control measures during the first 50 days of the COVID 19 epidemic in China. *medRxiv* 2020. doi: 10.1101/2020.01.30.20019844.
23. Chinazzi M., Davis J.T., Ajelli M., Gioannini C., Litvinova M., Merler S. et al. The effect of travel restrictions on the spread of the 2019 novel coronavirus (COVID 19) outbreak. *Science*. 2020. doi: 10.1126/science.aba9757.
24. Wong J.E.L., Leo Y.S., Tan C.C. COVID 19 in Singapore current experience: Critical global issues that require attention and action. *JAMA* 2020. doi: 10.1001/jama. 2020.2467
25. Lee V.J., Chiew C.J., Khong W.X. Interrupting transmission of COVID 19: Lessons from containment efforts in Singapore. *J Travel Med* 2020. doi: 10.1093/jtm/taaa039.
26. Available from: <https://www.who.int/emergencies/diseases/ novel coronavirus 2019>. [Last accessed on 2020 Mar 31].
27. Oliver N., Barber X., Roomp K., Roomp K. Assessing the Impact of the COVID-19 Pandemic in Spain: Large-Scale, Online, Self-Reported Population Survey. *J Med Internet Res*. 2020 Sep 10;22(9):e21319. doi: 10.2196/21319. PMID: 32870159; PMCID: PMC7485997.
28. Cheng S., Zhao Y., Kaminga A.C., Wang X., Zhang X., Xu H. COVID-19 Containment: Comparisons and Suggestions for Global Response. *Inquiry*. 2022 Jan-Dec;59:469580221086142. doi: 10.1177/00469580221086142. PMID: 35584986; PMCID: PMC9127540.
29. Mitze T., Kosfeld R., Rode J., Wälde K. Face Masks considerably reduce Covid-19 cases in Germany, 2020. Available at <https://www.wsj.com/articles/italy-plans-large-scale-lockdown-in-countrys-north-to-fight-coronavirus-11583613874> [accessed July 2020].
30. Hartl T., Wälde K., Weber E. Measuring the impact of the German public shutdown on the spread of COVID-19. *Voxeu CEPR*, 2020. Available at <https://voxeu.org/article/measuring-impact-german-public-shutdown-spread-covid-19> [accessed July 2020].
31. Current situation report of the RKI on COVID-19 . The Robert Koch Institute, 2020. Available at https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Situationsberichte/Gesamt.html [accessed July 2020].
32. Germany to shut most schools to slow coronavirus spread. *Reuters*, 2020. Available at <https://www.reuters.com/article/us-health-coronavirus-germany-schools-idUSKBN2100SA> [accessed July 2020].
33. Al-Salem W., Moraga P., Ghazi H., Madad S., Hotez P.J. The emergence and transmission of COVID-19 in European countries, 2019-2020: a comprehensive review of timelines, cases and containment. *Int Health*. 2021 Sep 3;13(5):383-398. doi: 10.1093/inthealth/ihab037. PMID: 34333650; PMCID: PMC8385807.
34. Gostin L., Wiley L. Governmental public health powers during the COVID 19 pandemic: Stay at home orders, business closures, and travel restrictions. *JAMA* 2020. doi: 10.1001/jama. 2020.5460
35. Брико Н.И., Каграманян И.Н., Никифоров В.В., Суранова Т.Г., Чернявская О.П., Полежаева Н.А. Пандемия COVID-19. Меры борьбы с ее распространением в Российской Федерации. *Эпидемиология и Вакцинопрофилактика*. 2020;19(2):4-12. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2020-19-2-4-12>

36. Коммуникационный центр при Правительстве Российской Федерации. Обзор мирового опыта по борьбе с коронавирусом. 16 апреля 2020. Available from: <http://www.gobogdanovich.ru/images/static/koronavirus/obzor-mirovogo-opyta-po-borbe-s-koronavirusom-16042020.pdf>
37. The Government of the Republic of Korea. Flattening the curve on COVID-19: How Korea responded to a pandemic using ICT. 15 April 2020. Available from: http://overseas.mofa.go.kr/gr-en/brd/m_6940/view.do?seq=761548
38. Tu H., Tu S., Gao S., Shao A., Sheng J. Current epidemiological and clinical features of COVID-19; a global perspective from China. *J Infect.* 2020; 81(1):1-9. DOI: 10.1016/j.jinf.2020.04.011
39. Liu N.N., Tan J.C., Li J., Li S., Cai Y., Wang H. COVID-19 Pandemic: Experiences in China and implications for its prevention and treatment worldwide. *Curr Cancer Drug Targets.* 2020; 20(6): 410-416. DOI: 10.2174/1568009620666200414151419
40. Sterrett A. On the Detection of Defective Members of Large Populations. *Ann Math Statist.* 1957; 28(4): 1033–1036. Available from: <https://projecteuclid.org/euclid.aoms/1177706807>
41. Verdun C.M., Fuchs T., Harar P., Elbrächter D., Fischer D.S., Berner J. et al. Group testing for SARS-CoV-2 allows for up to 10-fold efficiency increase across realistic scenarios and testing strategies. *MedRxiv.* 2020. DOI: <https://doi.org/10.1101/2020.04.30.20085290>
42. Pullano G., Domenico L.D., Sabbatini C.E., Valdano E., Turbelin C., Debin M. Underdetection of COVID-19 cases in France in the exit phase following lockdown. *MedRxiv.* 2020. DOI: <https://doi.org/10.1101/2020.08.10.20171744>
43. Сперанская А.С., Каптелова В.В., Самойлов А.Е., Бухарина А.Ю., Шипулина О.Ю., Корнеев Е.В., Акимкин В.Г. Генетическая вариабельность SARS-CoV -2 в биологических образцах от пациентов г. Москвы // Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2020. №6. URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/geneticheskaya-variabelnost-sars-cov-2-v-biologicheskikh-obraztsakh-ot-patsientov-g-moskvy> (дата обращения: 13.08.2023).
44. Капуста А.А. Молекулярно-генетические особенности коронавирусной инфекции COVID-19 (литературный обзор) // Новые импульсы развития: вопросы научных исследований. 2021. №1. URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/molekulyarno-geneticheskie-osobennosti-koronavirusnoy-infektsii-covid-19-literaturnyy-obzor> (дата обращения: 13.08.2023).
45. COVID-19 в Ростовской области: монография / под ред. Главного государственного санитарного врача по Ростовской области Е.В. Ковалева. – Ростов-на-Дону, 2022 – 442 с.
46. Brüssow H. COVID-19: vaccination problems. *Environmental Microbiology.* 2021;23(6):2878–90. doi: 10.1111/1462-2920.15549
47. Machingaidze S, Wiysonge CS. Understanding COVID-19 vaccine hesitancy. A new study unpacks the complexities of COVID-19 vaccine hesitancy and acceptance across low-, middle- and high-income countries. *Nature Medicine.* 2021;27(8):1338–9.doi: 10.1038/s41591-021-01459-7
48. Mondal P, Sinharoy A., Su L. Sociodemographic predictors of COVID-19 vaccine acceptance: a nationwide US-based survey study. *Public Health.* 2021;198:252–9.doi: 10.1016/j.puhe.2021.07.028
49. Abdulla Z.A., Al-Bashir S.M., Al-Salih N.S. et al. A Summary of the SARS-CoV-2 Vaccines and Technologies Available or under Development. *Pathogens.* 2021;10(7):788. doi: 10.3390/pathogens10070788
50. Yin F., Wu Z., Xia X. et al. Unfolding the Determinants of COVID-19 Vaccine Acceptance in China. *Journal of Medical Internet Research.* 2021;23(1):e26089. doi: 10.2196/26089.
51. CDC Museum COVID-19 timeline. Centers for disease control and prevention. 2022. Available at: <https://www.cdc.gov/museum/timeline/covid19.html>. Accessed May 13, 2022
52. COVID-19 clinical resources | COVID-19 resource center. American college of chest physicians. Available at: <https://www.chestnet.org/topic-collections/covid-19/clinical-resources>. Accessed May 13, 2022.

53. WHO Covid-19 Vaccines /<https://www.who.int/publications/m/item/draft-landscape-of-covid-19-candidate-vaccines>

54. WHO Overview The COVID-19 vaccine tracker and landscape compiles detailed information of each COVID-19 vaccine candidate in development by closely monitoring their progress through the pipeline/ <https://www.who.int/teams/regulation-prequalification/eul/covid-19>.

55. Zhao J., Zhao S., Ou J. et al. COVID-19: Coronavirus Vaccine Development Updates. *Front Immunol.* 2020; 11: 602256. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2020.602256> PMID:33424848

56. ВМР «Порядок проведения вакцинации против новой коронавирусной инфекции (COVID-19)», Москва 2022 -80 стр.

57. Мурашко М.А., Драпкина О.М. Организационные аспекты вакцинации против новой коронавирусной инфекции. *Национальное здравоохранение.* 2021; 2 (1): 5–11. <https://doi.org/10.47093/2713-069X.2021.2.1.5-11>

58. Covax. Available at: <https://www.who.int/initiatives/act-accelerator/covax>. Accessed May 13, 2022.

59. Deployment of COVID-19 vaccines. In: Wikipedia.2022. Available at: https://en.wikipedia.org/w/index.php?title=Deployment_of_COVID-19_vaccines&oldid=51084870211. Accessed May 13,2022

60. Sharma K., Zhang Y. and Liu Y. COVID-19 vaccine misinformation campaigns and social media narratives, 2022. arXiv:2106.08423

61. Muric G., Wu Y., Ferrara E. Недоверие к вакцине от COVID-19 в социальных сетях: создание общедоступного набора данных Twitter об антипрививочном контенте, дезинформации о вакцинах и теориях заговора. *JMIR Public Health Surveill* 2021;7(11):e30642 doi: 10.2196/30642Fitzpatrick MC, Galvani A.P. Optimizing agespecific vaccination. *Science* 2021;371(6532):890–1.

62. Vaccine nationalism and the dynamics and control of SARS-CoV-2. Available at: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.abj7364>. Accessed May 13, 2022.

63. Jin Q, Raza SH, Yousaf M, et al. Can communication strategies combat COVID-19 vaccine hesitancy with trade-off between public service messages and public skepticism? *Experimental Evidence from Pakistan. Vaccines.* 2021;9(7):757 doi:10.3390/vaccines9070757

64. Babicki M, Mastalerz-Migas A. Attitudes toward Vaccination against COVID-19 in Poland. A Longitudinal Study Performed before and Two Months after the Commencement of the Population Vaccination Programme in Poland. *Vaccines.* 2021;9(5):503. doi: 10.3390/vaccines9050503

65. Cascini F, Pantovic A, Al-Ajlouni Y, et al. Attitudes, acceptance and hesitancy among the general population worldwide to receive the COVID-19 vaccines and their contributing factors: A systematic review. *EClinicalMedicine.* 2021;40:101113. doi: 10.1016/j.eclinm.2021.101113

66. Кутырев В.В., Попова А.Ю., Смоленский В.Ю., Ежлова Е.Б., Демина Ю.В., Сафронов В.А., Карнаухов И.Г., Иванова А.В., Щербакова С.А. Эпидемиологические особенности новой коронавирусной инфекции (COVID-19). Сообщение 1: Модели реализации профилактических и противоэпидемических мероприятий. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2020; 1:6–13. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-1-6-13.

Глава 8. НОВЫЕ ПОДХОДЫ К РЕАГИРОВАНИЮ НА БИОЛОГИЧЕСКИЕ УГРОЗЫ. ПРИМЕНЕНИЕ МЕТОДОВ МОЛЕКУЛЯРНОГО АНАЛИЗА В ЭПИДЕМИОЛОГИИ

В настоящее время инструменты молекулярно-генетического анализа являются неотъемлемой частью эпидемиологической работы, позволяя выявлять источник инфекции, пути ее распространения, а также механизмы эволюции и адаптации патогенов. Методы типирования и субтипирования ДНК используются для выявления, идентификации и измерения молекулярной структуры генома, которая может быть типичной, измененной или поврежденной вследствие естественных процессов или целенаправленного воздействия [15, 20]. В широком смысле молекулярный анализ в эпидемиологии обеспечивает более точную и быструю диагностику инфекционных заболеваний, а также помогает разрабатывать стратегии их контроля и профилактики.

Актуальность проблемы противодействия биотерроризму, отслеживание новых и «возвращающихся» инфекций, оценка их генетической изменчивости также требует использования инструментов молекулярного типирования (MLST, RAPD, PFGE, SNP-анализ, секвенирование и т.д.). Кроме того, анализ генетического материала (ДНК или РНК) определяет генетическое разнообразие и отношения между изолятами, позволяет «выстраивать» филогению патогенов.

Многочисленные примеры свидетельствуют об эффективности этих подходов. Например, в расследовании вспышек сальмонеллеза было показано, что молекулярное типирование позволяет определить источник заражения и связать случаи заболевания людей между собой. Так, в США в 2008 году результаты фрагментарного анализа генома (MLST и PFGE) изолятов *Salmonella enterica* указывали на распространение инфекции из общего источника (заражённой продукции и/или воды), что позволило своевременно принять противоэпидемические меры [40, 59].

Метод полногеномного секвенирования позволяет детально изучить генетическую структуру патогенов. Этот подход широко применяется в исследо-

ваниях вирусов, таких как ВИЧ, гепатиты, полиовирусы, хантавирусы, вирусы гриппа и коронавирусы [37]. В частности секвенирование позволяет понять эволюционные изменения и мутации, влияющие на патогенность и устойчивость к антибиотическим препаратам.

В условиях необходимости быстрого реагирования на биологические угрозы, связанные с появлением нового или атипичного варианта патогена, доказал свою эффективность метагеномный анализ – метод секвенирования всех ДНК или РНК образца без предварительной культивации. Так, при исследовании «загадочной пневмонии» в Китае в 2019 году использовали метагеномное секвенирование для обнаружения нового коронавируса (позже названного SARS-CoV-2). Этот подход позволил быстро идентифицировать возбудителя и начать разработку диагностических тестов [69].

Опережающий прогресс современных биомедицинских наук, включая геномные, постгеномные направления и биоинформатику, способствовали активному внедрению методов молекулярного анализа в эпидемиологии. Инструменты глубокого анализа генома используются для точного определения геноварианта патогенных микроорганизмов и, таким образом, для выявления его отличительных особенностей, в том числе в аспекте микроэволюции [7, 15, 20]. Примером может служить историческая реконструкция возможных путей распространения штаммов *Yersinia pestis* биовара *mediaevalis* по территории очагов чумы Кавказа. В результате проведенных исследований было показано, что распространение возбудителя чумы по этой территории происходило в несколько этапов. Предковыми генетическими вариантами в каждом периоде являются штаммы, циркулировавшие на территории Среднеазиатского пустынного очага чумы [21]. Использование инструментов филогенетического анализа позволило выявить основные пути распространения вируса Эбола в Западной Африке в 2014 году между регионами и определить источники новых вспышек, а при эпидемии гриппа или ВИЧ-инфекции такие подходы помогают понять динамику распространения и эволюцию вирусов [35].

Молекулярные технологии широко применяются при расследовании вспышек особо опасных инфекций. С помощью инструментов фрагментарного генетического анализа дана молекулярно-эпидемиологическая характеристика вспышки туляремии в Ставропольском крае в 2017 г. В результате показано, что исследуемые штаммы *Francisella tularensis* относились к 8 MLVA-генотипам, отличавшимся по числу tandemных повторов (VNTR) в локусах FT-M3, FT-M6, FT-M10, FT-M20 и FT-M24, что указывает на генетические различия между штаммами, выделенными в пробах воды из источника водоснабжения и взятыми из разводящей сети водопровода, что в конечном итоге подтверждает предположение о множественных источниках инфицирования воды [17].

Фрагментарные методы анализа генома, такие как MLVA, MLST, InDEL, рестрикционный анализ и др., позволяют провести первичную идентификацию патогена и с высокой долей вероятности определить его происхождение. Так,

с помощью генетического анализа определена клональность штаммов *Brucella abortus*, выделенных из очагов в Липецкой (2017), Самарской (2018), Пензенской (2021), Смоленской (2022, 2023), Брянской (2023–2024), Астраханской (2024) областях и неблагоприятных по бруцеллезу территорий Южного и Северо-Кавказского федеральных округов (2012) [3].

При расследовании вспышки сибирской язвы в Республике Тыва (2021) по результатам молекулярного анализа выделенных штаммов установлено, что они генетически наиболее близки к штаммам, выделенным на территории Российской Федерации в Республике Бурятия, Омской области, а также к штамму, изолированному в Южной Корее. Это позволяет считать, что данные штаммы происходят от общего предшественника и может отражать исторические пути распространения *Bacillus anthracis* по территории Сибири и Дальнего Востока [4].

Молекулярные методы анализа в эпидемиологии показали свою эффективность и для исследований вирусных инфекций. В качестве примера можно привести работы по изучению структуры популяции вируса Крымской-Конго геморрагической лихорадки на юге России. В результате секвенирования фрагментов генома РНК-изолятов вируса ККГЛ установлено, что в 2017 г. в Республике Крым одновременно циркулировали изоляты вируса ККГЛ генотипа «Европа-1», принадлежащие к субтипам Va «Ставрополь–Ростов–Астрахань» и Vd «Крым». В 2015 г. в Крыму были выявлены только штаммы субтипа Vd. Субтип Vd «Крым» является эндемичным генетическим вариантом вируса ККГЛ для Крымского полуострова. РНК-изоляты вируса ККГЛ субтипа Va «Ставрополь–Ростов–Астрахань» ранее на территории Республики Крым не выявляли. Появление в 2017 г. на территории Крыма штаммов вируса ККГЛ субтипа Va, возможно, связано с заносом инфицированных вирусом ККГЛ клещей при транспортировке крупного и мелкого рогатого скота в Крым с территории субъектов юга России, энзоотичных по КГЛ. Для оценки генетической гетерогенности популяции вируса КК в Республике Крым и выявления закономерностей распределения генетических вариантов, определения эпидемического потенциала в настоящее время проводится мониторинг на основе молекулярно-генетических исследований штаммов и РНК-изолятов вируса ККГЛ, выявляемых на территории Республики Крым [16].

Для возбудителей чумы, сибирской язвы, бруцеллеза, Крымской-Конго геморрагической лихорадки и других опасных инфекций специалистами Роспотребнадзора разработаны алгоритмы (протоколы) генетической идентификации патогенов, результаты реализации которых используются эпидемиологами для организации комплекса мер по предупреждению распространения инфекции. При этом с помощью разных инструментов молекулярно-генетического анализа определяется вирулентность и эпидемический потенциал возбудителя инфекции, что позволяет своевременно и эффективно проводить противоэпидемические мероприятия.

За рубежом в 1973 г. в научной литературе появился новый термин «молекулярная эпидемиология», который впервые упомянут Эдвином Д. Килбурном в статье «Молекулярная эпидемиология гриппа» [44, 45, 49]. Затем за прошедшие пятьдесят лет в понятии о применении методов молекулярного анализа в эпидемиологии, дополняя друг друга, последовательно сменилось четыре периода.

80-90-е годы XX века приходятся на первый период развития молекулярного анализа возбудителей инфекционных болезней – «генотипический». В это время активно осваивалась методология молекулярного маркирования патогенов и генов предрасположенности к инфекции или ее отдаленным последствиям (например онкогенезу). Разрабатывались подходы к стратегиям парирования рисков (создание актуальных вакцин, система борьбы с антибиотикорезистентностью и др.) [8, 14].

В этот период происходило активное накопление знаний вследствие большого количества значимых открытий, таких как обнаружение и идентификация новых эпидемически-значимых клонов возбудителя туберкулеза (*Mycobacterium tuberculosis*) [56, 57]; идентификация эпидемически-значимых клонов коринебактерий [27, 63], вызвавших эпидемию дифтерии в 90-х гг. XX века; открытие явления генетической рекомбинации у вируса гепатита С (*Hepacivirus* C) [9, 52, 60]; доказательства микроэволюции генома вируса гепатита А (*Hepatovirus* A) [65]; генетическая характеристика международной популяции коксииелл Бернета (возбудителя Ку-лихорадки – *Coxiella burnetii*) [13]; обнаружение нового генетического профиля антибиотикорезистентности у возбудителя хеликобактериоза (*Helicobacter pylori*) [22]; доказательство генерации вакциннородственных полиовирусов при массовой иммунизации детей оральной полиовакциной в России [23, 24]; обнаружение генетического дрейфа у возбудителя коклюша (*Bordetella pertussis*) [5]; генетического дрейфа вируса краснухи (*Rubella virus*) под прессом вакцинации [10, 18]; генетический анализ энтерогеморрагических эшерихий (*Escherichia coli* O145) [12], мультирезистентных штаммов сальмонелл (*Salmonella typhimurium* DT 104 [33, 40, 59], *Salmonella enterica* serotype Newport [68], *Salmonella enterica* serovar Virchow и др.) [55, 67].

В первое десятилетие XXI века начался второй период – «геномный». В теории и практике молекулярного маркирования патогенов от единичных маркеров (например отдельных генов) до полного генома, быстро закрепились новые понятия: «коровый геном», «пангеном», «мобилеом», «резистом», «вирулом» и другие, занявшие место в анализе эпидемического процесса при многих инфекциях. Существенно расширился спектр методов молекулярного анализа на стыке дисциплин – эпидемиологии, микробиологии и вирусологии. В этот период начался переход от «детекторного», или структурного, маркирования патогенов к «функциональному» подходу, который учитывает функцию и роль генов в патологии.

В числе крупных, особенно значимых достижений этого периода – первые шаги в изучении генетической основы проявления эмергентности инфекций. Стали накапливаться знания о генетических механизмах (событиях), ведущих к возникновению и глобальной диссеминации новых патогенов [8, 14, 55, 61].

Современная филодинамика активно использует данные секвенирования полного генома целевого патогена (этиологического агента болезни) для понимания путей распространения, эволюционных изменений и адаптивных процессов у патогенных агентов. Эти знания помогают разрабатывать более эффективные меры профилактики, диагностики и лечения инфекционных заболеваний, а также позволяют понять, как генетические изменения в вирусах, бактериях или других микроорганизмах связаны с их распространением, адаптацией и возникновением новых штаммов. Так, например, во время пандемии COVID-19 секвенирование полного генома вируса SARS-CoV-2 стало ключевым инструментом для отслеживания мутаций и появления новых вариантов (в частности, альфа-, бета-, дельта-, омикрон-варианты) [54].

С накоплением данных и анализом полных геномов в этот период появляется новая область исследований – филодинамика, которая связывает собой генетические, эволюционные и эпидемиологические аспекты.

С начала второго десятилетия XXI века «набирает» обороты третий период развития молекулярной эпидемиологии – метагеномный, который продолжается и в наши дни.

Теоретической основой II и III периодов выступают три концепции, которые непосредственно влияют на разработку проблем эпидемиологии: концепция биоразнообразия и многообразия микроорганизмов, концепция потока генов и изменчивости микроорганизмов, концепция микробиома [8, 14].

Начало этого периода связано с интенсивным потоком разнопрофильных данных, отраженных в научных публикациях этих лет. Филодинамика, уже как самостоятельная научная отрасль, получает свое развитие и доказательную базу – отслеживается эволюция и инволюция патогенов, определяется их ареал и пути распространения. Также происходит модификация традиционной парадигмы диагностики и надзора за инфекционными болезнями: вместо поиска отдельных (целевых) патогенов – предполагаемых этиологических агентов – появилась возможность открыть в любом образце биологического материала или в пробе из внешней среды весь многовидовой спектр генетического материала (метагеном) с последующей его идентификацией по видам, субтипам, генетическим линиям. Все это достигается без культивирования бактерий и вирусов, благодаря приемам многократного копирования генетического материала (амплификации) и тотального секвенирования всего метагенома [8, 14, 19]. В силу того что метагеномный подход подразумевает наличие (открытие) большого числа некультивируемых и ранее неизвестных видов микроорганизмов, возможным следствием будет расширение рамок инфекционной моно-

патологии, когда потребуется новая номенклатура патогенов, основанная, в том числе, на анализе ассоциаций микроорганизмов. В связи с этим тривиальная диагностика для клинических целей получит полную расшифровку этиологически еще неподтверждаемых болезней: ОРЗ, ОКИ, «воспалительных» заболеваний и т.д. С изучением метагенома в эпидемиологическом надзоре будет реализован всеобъемлющий мониторинг всех известных и вновь появляющихся патогенов с построением и ведением метагеномных паспортов среды обитания человека. Возникает новая задача: сочетаемость этой новой стратегии с существующими методами идентификации и эпидемиологического надзора [8, 14, 48].

С началом третьего десятилетия XXI века молекулярный анализ в эпидемиологии, вслед за общими тенденциями молекулярной биологии, вступил в четвертый период – постгеномный, который подразумевает возможность анализировать первичные структуры геномов, экспрессию генов в них, выявлять различные уровни регуляции и взаимосвязи между ними, тем самым открывает возможность проводить на уровне клеточного взаимодействия моделирование эпидемического процесса при «включении» генов патогена, определение вирулентности и чувствительности к антибиотикам конкретного изолята и вероятность включения его в эпидемический процесс. Основным техническим инструментом этого периода выступают «омиксные» технологии.

«Омиксные методы» в экспериментальной биологии усилили акцент на анализ функциональных особенностей геномов. В рамках новых экспериментальных направлений появились методические подходы, называемые «-omics» (или «омиксные» технологии) по одинаковому окончанию: геномика, протеомика, транскриптомика, метаболомика и др. [45]. Фактически произошел переход к так называемому высокопроизводительному полногеномному секвенированию. Таким образом, исследуется весь набор ДНК, содержащийся в отдельной клетке, клеточных популяциях или сообществах организмов и анализируется работа всех генов одновременно [46]. Новые экспериментальные технологии позволяют получить огромные объемы данных, анализировать которые можно только методами биоинформатики, в основе которой лежит синтез биологических и математических знаний. В свою очередь, преломление молекулярных изменений на уровне клетки через математическое моделирование и биоинформатику позволяет моделировать как инфекционный процесс в организме, так и эпидемический процесс на уровне популяции.

На стыке дисциплин при интеграции различных баз данных, содержащих генетические характеристики того или иного патогена, геоданные о месте изоляции патогена, появляется возможность осуществлять мониторинг ситуации в режиме реального времени, определять границы распространения или миграции патогенов, обнаружить и среагировать на угрозы биотерроризма, определить эндемичность возбудителей инфекций, определить профиль патогенов, характерных для территории отдельного региона или всего государства.

На стыке информационных технологий и медицины важными инструментами выступают машинное обучение и возможность работы с реальными данными (real world data, RWD) с использованием искусственного интеллекта, такие как ранжирование территорий, прогнозирование и управление рисками, что, в свою очередь, обеспечивает научно обоснованное планирование профилактических мероприятий с совершенствованием надзора за потенциальным распространением и «миграцией» возбудителей инфекционных заболеваний [7]. Кроме того, новые методы требуют проверки применения в различных условиях, а также стандартизации. Тем не менее разрабатываемые подходы позволяют ускорить процесс сбора и обработки биомедицинских данных, проверку новых научных гипотез.

Для слаженной работы эпидемиологов по всему миру были созданы центры, сотрудничающие с ВОЗ, в которые стекается вся информация о вспышках различных заболеваний. В международной клинической практике пользуется популярностью онлайн-система HealthMap (<https://www.healthmap.org/ru/>), в которой с 2006 г. аккумулируются данные о вспышках заболеваний из открытых веб-ресурсов [26]. В 2008 г. стартовал проект веб-системы эпиднадзора за гриппом Influenzanet [40, 50]. Позднее А. Chatzidimitriou с соавт. создали базу данных по клиническим случаям хронического лимфолейкоза (The eric CLL database), в наполнении которой участвуют более 90 центров из 30 стран. [28]. На сегодняшний день самой пополняемой и доступной всемирной базой данных по заболеваемости людей, где с научной точки зрения описаны клинические случаи, собраны публикации ведущих ученых в области медицины и генетики, функционирует еженедельный справочник по инфекционной заболеваемости в мире, является PubMed Central (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>), чья коллекция ежегодно пополняется более чем на 5 000 000 рецензируемых статей.

В рамках программ генетического мониторинга за циркуляцией возбудителей инфекционных болезней, реализуемых на опорных базах центров в США и Канаде с 2019 г., проводится геномный мониторинг в режиме реального времени за возбудителями инфекций с фекально-оральным механизмом передачи (*Campylobacter*, *STEC*, *Salmonella*, *Vibrio*, *Listeria*) [64]. В странах ЕС осуществляется мониторинг за энтеробактериями, устойчивыми к карбопенему, вирусом Западного Нила, *Salmonella enteritidis* и др [34]. К патогенам, включенным в перечень для осуществления геномного эпидемиологического надзора в отдельных регионах мира, относятся также вирусы денге, Зика, Крымской-Конго геморрагической лихорадки, возбудители туляремии, лихорадки Ку [30, 31, 36, 39, 53].

Под эгидой ВОЗ мониторинг инфекционных заболеваний рассматривается как важнейшая составляющая системы общественного здравоохранения, направленная на своевременное выявление, отслеживание и контроль распространения инфекций. Он включает сбор, анализ и интерпретацию данных

о заболеваемости с целью предупреждения эпидемий и минимизации их последствий. Кроме основных задач, таких как ранняя диагностика, обнаружение вспышек, отслеживание динамики распространения инфекционных агентов, выявление групп риска и источников инфицирования, оценка эффективности профилактических мероприятий (включая вакцинацию и санитарно-гигиенические меры), ведущим компонентом глобального эпиднадзора выступает молекулярный мониторинг – использование генетических методов для отслеживания изменений возбудителей, выявления новых штаммов и форм устойчивости к препаратам [32, 41, 43].

На современном этапе ВОЗ выделяет группу методических подходов в мониторинге, где ведущая роль отводится:

- эпиднадзору (surveillance) – систематическому сбору данных о заболеваемости, который может быть пассивным (автоматическое поступление данных от медучреждений) или активным (активный поиск случаев);

- молекулярной эпидемиологии, включающей методы ПЦР, секвенирования и генотипирования, позволяющем углубить понимание трансмиссии инфекции на уровне штаммов и выявить пути передачи в конкретных популяциях;

- использованию информационных технологий, включая базы данных и системы интегрированного мониторинга, позволяющим оптимизировать сбор и анализ информации [41-43, 51, 55].

Известным примером является мониторинг и контроль пандемии COVID-19, где непрерывное отслеживание заболеваемости совмещалось с молекулярным анализом штаммов SARS-CoV-2, что помогло определить новые варианты вируса и своевременно адаптировать мировое здравоохранение [43].

Начиная с 2021 года, при пересмотре Международных медико-санитарных правил, акцент внимания сосредоточился на наращивании возможностей для выполнения секвенирования в глобальном масштабе, призыве к оперативному обмену информацией, в том числе метаданными, и требованию к ВОЗ по оказанию активной поддержки странам в реализации мер, направленных на усиление систематического геномного эпиднадзора [11].

С 2021 года и в настоящее время в Российской Федерации реализуется Федеральная программа «Санитарный щит страны. Текущие и будущие угрозы», служащая ориентиром для управления рисками распространения инфекций. Созданный Национальный каталог патогенов является обширной базой данных, содержащей как генетическую характеристику конкретного изолята, так и всю эпидемиологически значимую информацию – дата, место, источник выделения и др. На основе такой информационной системы современные средства биоинформатической обработки данных молекулярно-биологических и эпидемиологических исследований позволяют отслеживать микроэволюционные изменения патогенов, проводить поиск естественных и приобре-

тенных генетических маркеров резистентности к антимикробным препаратам и т.д. Кроме этого в 2021 на базе ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора функционирует система агрегирования результатов расшифровок генома возбудителей инфекционных и паразитарных заболеваний «VGARus», куда собираются все сведения санитарно-эпидемиологического характера и данные расшифровки геномов возбудителей инфекционных и паразитарных заболеваний (реализация Постановлений Правительства РФ №448 от 23.03.2021 и № 2178 от 02.12.2021 г.). Платформа «VGARus» в полной мере обеспечивает передачу, хранение, депонирование и классификацию геномов инфекционных и паразитарных заболеваний.

Вследствие внедрения научных достижений в литературе закрепилось понятие «геномный эпидемиологический надзор», представляющее собой комплексную систему мониторинга и анализа генетической информации патогенов с целью отслеживания их распространения, мутаций и эволюции в популяциях.

Центры секвенирования, созданные на базе учреждений Роспотребнадзора, ежедневно расшифровывают десятки и сотни геномов патогенных микроорганизмов и депонируют их в отечественные – «VGARus» и «Национальный каталог патогенов». Так, 75 организаций к 2025 г. на платформу VGARus загрузили около полумиллиона последовательностей геномов SARS-CoV-2, вирусов гриппа А и В, гепатитов А, В, С, D, E, энтеровирусов А, В, С, D, вируса кори, норовирусов, цитомегаловируса, папилломавируса, сальмонелл, вируса ветряной оспы и др. Кроме того, на платформе VGARus реализована возможность загрузки геномов по 80 различным патогенам со скоростью 6 000 последовательностей за сутки [2].

За счет интеграции имеющихся и создаваемых баз данных и согласно постулатам Глобальной стратегии геномного эпиднадзора за возбудителями болезней, обладающих пандемическим и эпидемическим потенциалом (2022–2032), к 2032 году все 194 государства-участника ВОЗ будут иметь собственную инфраструктуру и/или доступ к инфраструктуре для своевременного выполнения геномного секвенирования возбудителей заболеваний с пандемическим и эпидемическим потенциалом [6].

Образно говоря, реализация такого надзора позволяет выявлять новые штаммы, оценивать их опасность, а также разрабатывать эффективные меры профилактики и контроля инфекций. В основе геномного эпидемиологического надзора лежит секвенирование геномов патогенов и последующий анализ полученных данных для получения информации о путях распространения и изменениях возбудителей инфекционных болезней.

Академик РАН В.Г. Акимкин [2] выделяет следующие основные направления геномного эпидемиологического надзора:

- проведение оперативного и ретроспективного анализа изменений генетических свойств циркулирующих и возникающих вариантов патогенов, позволяющего динамически отслеживать смену доминирующих геновариантов;
- оценка влияния структуры циркулирующих возбудителей (с учетом особенностей их территориального распространения) на характеристики эпидемиологического процесса;
- выявление предикторов неблагоприятного развития эпидемической ситуации на основе молекулярно-генетического мониторинга;
- прогнозирование развития эпидемического процесса инфекционных болезней с использованием инновационных платформенных решений и применения цифровых технологий;
- обеспечение оперативного реагирования на инфекции, вызываемые патогенами с пандемическим и эпидемическим потенциалом;
- управление эпидемическим процессом путем осуществления и корректировки профилактических и противоэпидемических мероприятий.

Исходя из этого, является гарантом безопасности здоровья, формируемым за счет предупреждения, выявления и оперативного реагирования.

На современном этапе развития молекулярной эпидемиологии непрерывный мониторинг позволяет охарактеризовать патогены, циркулирующие в отдельных регионах, тем самым определить «генетический паспорт» патогенов территорий. Совокупные данные такого мониторинга и широкого спектра молекулярно-биологических исследований ведут к совершенствованию эпидемиологического надзора за особо опасными и социально значимыми инфекциями, особенно респираторными (в частности, распространением вируса SARS-CoV-2) и инфекциями с фекально-оральным механизмом передачи. Кроме того, анализ данных молекулярно-генетического мониторинга за возбудителями инфекционных заболеваний позволяет предупредить угрозы распространения устойчивости к противомикробным препаратам, во многом обусловленной широким и часто нерациональным использованием противомикробных средств.

Современные методы секвенирования позволяют быстро определить наличие мутаций в геномах патогенов, которые связаны с устойчивостью к лекарствам. Это важно для своевременного реагирования на появление устойчивых штаммов и корректировки терапевтических стратегий. Например, секвенирование полного генома *Mycobacterium tuberculosis* применяется для выявления мутаций в генах, ответственных за устойчивость к рифампицину и изониазиду. Такой подход позволяет быстро определить устойчивость штаммов и снизить время диагностики по сравнению с традиционными методами [66].

Кроме систематического геномного мониторинга, для эпидемиологов чрезвычайно важны профилактические меры борьбы с различными инфекционными агентами. Методы обратной генетики позволяют получать кандидаты в вакцины [47], способствуя предупреждению вакциноуправляемых, новых и

«возвращающихся» инфекций. Молекулярные методы позволяют отслеживать появление мутаций в вирусных геномах, которые могут снижать эффективность вакцин или лекарственных препаратов. Это важно для своевременного обновления вакцин и профилактических мер. Так, например, при распространении гриппозных вирусов ежегодно проводится секвенирование их геномов для выявления новых штаммов и мутаций в гемагглютанине (HA) и нейраминидазе (NA). Эти данные используются для обновления состава вакцин [38].

Современные молекулярные инструменты, такие как системы на базе CRISPR, позволяют быстро и точно обнаруживать патогены в образцах, что важно для быстрого реагирования на вспышки. Например, разработаны тест-системы на базе CRISPR-Cas12 и Cas13 для обнаружения вирусов Зика, ВИЧ, SARS-CoV-2 с высокой чувствительностью и специфичностью [29].

Изучение эпигенетических изменений (например, метилирование ДНК или модификации гистонов) помогает понять, как патогены адаптируются к хозяину или как они вызывают болезнь. Так, исследования ВИЧ-инфекции показали, что латентные вирусные формы могут сохраняться в клетках благодаря эпигенетическим механизмам, что усложняет лечение и требует разработки новых терапевтических стратегий [25].

Исходя из вышесказанного, «молекулярная эпидемиология» сегодня – это многопрофильный инструмент анализа, который объединяет достижения генетики, микробиологии, эпидемиологии и биоинформатики. Интенсивное накопление разнопрофильных данных требует их систематизации и автоматической обработки, тем самым стимулирует интеграцию разных отраслей наук в единую систему [1].

Таким образом, геномный эпидемиологический надзор в нашей стране выступает ведущим направлением в системе глобальной защиты от биологических угроз, внедрение методов молекулярного анализа в эпидемиологию позволяет определять генетический профиль патогена, его вирулентность и эпидемический потенциал, выявлять атипичные формы, отслеживать филогеографию патогенов, проводить историческую реконструкцию эпидемий, что в конечном итоге способствует совершенствованию мониторинга за инфекционными агентами и эффективному планированию противоэпидемических мероприятий.

Заключение

Внедрение методов молекулярного анализа в эпидемиологическую практику значительно трансформировало подходы к диагностике, анализу и контролю инфекционных заболеваний. Благодаря высокой чувствительности и точности, эти методы позволяют выявлять генетические особенности патогенов, отслеживать их распространение, определять этиологию вспышек и пути

передачи инфекции, существенно повышают эффективность противоэпидемических и профилактических мер.

С использованием «омиксных» технологий и секвенирования полного генома, полимеразной цепной реакции (ПЦР), генетического профилирования (типизации) и других молекулярных подходов стало возможным быстро обнаруживать источники инфекций, выявлять новые штаммы, их адаптацию и мутации, связанные с изменением вирулентности или устойчивостью к лекарственным препаратам. Это особенно важно в условиях глобализации, разработки стратегий противодействия биотерроризму и увеличения мобильности населения, когда своевременное реагирование на вспышки заболеваний становится критически важным. Молекулярные методы позволяют не только значительно ускорить диагностику, но и повысить ее точность, что способствует более эффективному применению профилактических мер и снижению масштабов эпидемий.

Появление онлайн-систем для накопления, хранения, обработки, интеграции и анализа эпидемиологически значимых данных влечет за собой увеличение потоков для биоинформационной обработки, что, в свою очередь, требует проверки эффективности и необходимости стандартизации. Тем не менее разрабатываемые подходы использования искусственного интеллекта для систематизации мировых баз данных позволяют значительно ускорить сбор и анализ биомедицинских данных. На сегодняшний день достигнуты успехи в молекулярно-эпидемиологическом надзоре за особо опасные инфекции и природно-очаговыми инфекциями, такими как чума, сибирская язва, бруцеллез, туляремия, Крымско-Конгская геморрагическая лихорадка, возбудителями острых вирусных респираторных и других актуальных инфекционных заболеваний

В целом интеграция молекулярных технологий в эпидемиологический надзор обеспечивает более глубокое понимание механизмов распространения инфекций и позволяет предсказать возможные эволюционные изменения патогенов, тем самым помогает разрабатывать стратегии их профилактики и контроля на национальном и международном уровнях. В будущем развитие этих методов обещает еще большую эффективность в борьбе с новыми и существующими инфекционными угрозами.

Молекулярный анализ способствует улучшению эпидемиологического надзора, позволяет отслеживать динамику инфекций в реальном времени и прогнозировать возможные вспышки. Развитие технологий молекулярного анализа продолжит играть важную роль в готовности к новым вызовам в области инфекционных заболеваний, обеспечивая более точное и быстрое реагирование на эпидемические ситуации.

Список литературы

1. Автоматизированная информационная система «Периметр» – инструмент для модернизации информационного и технического обеспечения санитарно-карантинного контроля. / Попова А.Ю., Ежлова Е.Б., Смоленский В.Ю., Летюшев А.Н., Трескин А.А., Иванова А.В., Сафонов В.А., Зубова А.А., Карнаухов И.Г., Топорков В.П., Щербакова С.А., Кутырев В.В. // Проблемы особо опасных инфекций. 2023;(3):6-14. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2023-3-6-14>
2. Акимкин В.Г. Эволюция эпидемиологии. Эпидемиол. инфекц. болезни. Актуал. вопр. 2025; 15(2): 6-15 DOI: <https://dx.doi.org/10.18565/epidem.2025.15.2.6-15>
3. Анализ заболеваемости бруцеллезом и молекулярно-генетическая характеристика популяции бруцелл на территории Российской Федерации / Д.Г. Пономаренко, А.А. Хачатурова, Д.А. Ковалёв, О.Н. Скударева, Д.Е. Лукашевич, И.В. Жаринова, А.В. Даурова, А.Н. Германова, О.В. Логвиненко, Е.Л. Ракитина, М.В. Костюченко, И.В. Кузнецова, Н.А. Шапаков, О.В. Бобрышева, С.В. Писаренко, Е.А. Манин, О.В. Малецкая, А.Н. Куличенко // Проблемы особо опасных инфекций. – 2023. – № 2. – С. 61-74.
4. Бобрышева О.В., Писаренко С.В., Ковалев Д.А., Рязанова А.Г., Семенова О.В., Еременко Е.И., Куличенко А.Н. Филогенетический анализ штаммов *Bacillus anthracis*, выделенных во время вспышки сибирской язвы в республике Тыва в 2021 году . // Материалы региональной научно-практической конференции с международным участием «Проблемы особо опасных инфекций на Северном Кавказе» Ставрополь, 2022, с.148.
5. Борисова И.Э., Селезнева Т.С. Антигенный дрейф коклюшного микроба // Эпидемиология и вакцинопрофилактика. 2008. №1. URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/antigennyy-dreyf-koklyush>
6. Глобальная стратегия геномного эпиднадзора за возбудителями болезней, обладающих пандемическим и эпидемическим потенциалом, 2022–2032 гг. [Global genomic surveillance strategy for pathogens with pandemic and epidemic potential, 2022-2032]. Женева: Всемирная организация здравоохранения; 2022 г. Лицензия: CC BY-NC-SA 3.0 IGO.
7. Денисов Н.С., Каменских Е.М., Федорова О.С. «Тренды популяционных исследований: молекулярная и цифровая эпидемиология (обзор)». Современные технологии в медицине. Т. 14, № 4 (2022). <http://www.stm-journal.ru/ru/numbers/2022/4/1791/html>
8. Жебрун А.Б. Инфекция и иммунитет 2013, Т. 3, № 2, с. 105-106 Страница главного редактора: Молекулярная, геномная, метагеномная эпидемиология: перспективы.
9. Жебрун А.Б., Калинина О.В. Вирусный гепатит С: эволюция эпидемического процесса, эволюция вируса // Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2016. №1. URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/virusnyy-gepatit-s-evolyutsiya>
10. Жебрун А.Б., Мукомолов С.Л., Нарвская О.В. Разнообразие и изменчивость популяций патогенных микроорганизмов на современном этапе. / А.Б. Жебрун, С.Л. Мукомолов, О.В. Нарвская, И.В. Мокроусов, Г.Я. Ценева, Л.А. Кафтырева, Н.И. Романенкова, О.В. Калинина // Материалы X съезда ВНПОЭМП, Москва, 12-13 апреля 2012 г. С. – 82.
11. Заявление о работе седьмого совещания Комитета Международных медико-санитарных правил (2005 г.) по чрезвычайной ситуации в связи с пандемией коронавирусной инфекции (COVID-19). Geneva: Всемирная организация здравоохранения; 19 апреля 2021 г. ([https://www.who.int/news/item/19-04-2021-statement-on-the-seventh-meeting-of-the-international-health-regulations-\(2005\)-emergency-committee-regarding-the-coronavirus-disease-\(covid-19\)-pandemic](https://www.who.int/news/item/19-04-2021-statement-on-the-seventh-meeting-of-the-international-health-regulations-(2005)-emergency-committee-regarding-the-coronavirus-disease-(covid-19)-pandemic), accessed 9 March 2022).
12. Кафтырева Л.А., Егорова С.А., Макарова М.А., Забровская А.В., Матвеева З.Н., Сужаева Л.В., Артамонова Ю.А. Характеристика биологических свойств *E. coli* O104:H4 возбудителя крупной пищевой вспышки, возникшей в Германии в мае 2011 г. // Клиническая лаборатор-

ная диагностика. 2012. №1. URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/harakteristika-biologicheskikh-svoystv-e-coli>

13. Лукин Е.П., Мищенко О.А., Борисевич С.В. Лихорадка Ку в XXI в.: материал для подготовки лекции // Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение. 2019. Т. 8, № 4. С. 62-77. doi: 10.24411/2305-3496-2019-14009

14. Материалы международной конференции «Молекулярная эпидемиология актуальных инфекций», Санкт-Петербург, 5-7 июня 2013 года. Приложение к журналу: Инфекция и иммунитет. – ISSN 2220-7619. – 2013. – Т. 3, № 2

15. Молекулярная эпидемиология вирусных и прионных инфекций, А.Ф. Фролов, В.И. Задорожная, 2010, 280 с. ISBN: 978-966-8311-77-2

16. Молекулярно-генетическая характеристика вариантов вируса Крымской-Конго геморрагической лихорадки, выделенных на территории Республики Крым в 2015-2017 гг. / А.С. Волынкина, Е.С. Котенев, Я.В. Лисицкая, С.Н. Тихонов, А.Н. Куличенко // Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение. – 2018. – № 3. – С. 41-48.

17. Молекулярно-эпидемиологический анализ вспышки туляремии в Ставропольском крае в 2017 г. / О.А. Гнусарева, Е.С. Котенев, А.С. Волынкина, Т.И. Чишенюк, А.Н. Куличенко // Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение. – 2018. – № 3. – С. 57-61.

18. Морозова М. И. Возбудители острых респираторных вирусных инфекций : учеб. пособие / М. И. Морозова, В. Л. Мельников, Н. Н. Митрофанова. – Пенза: Изд-во ПГУ, 2015. – 80 с.

19. Применение молекулярно-генетического анализа и геномного профилирования возбудителей инфекционных болезней региона Сочи в период подготовки и проведения чемпионата мира по футболу FIFA-2018 / А.Ю. Попова, А.Н. Куличенко, А.С. Волынкина, И.В. Кузнецова, А.Т. Подколзин, Е.В. Чехвалова, В.Г. Оробей // Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. – 2019. – № 3. – С. 54-59.

20. Савилов Е.Д. Общая эпидемиология: Курс лекций / Е.Д. Савилов. – Москва: ООО «Издательство «Медицинское информационное агентство», 2020. – 432 с.: ил. ISBN 978-5-9986-0404-1

21. Филогеографический анализ возможных путей распространения штаммов *Yersinia pestis* биовара *mediaevalis* по территории Кавказских очагов чумы / Е.С. Котенев, Е.А. Котенева, В.М. Дубянский, Н.В. Жаринова, Л.А. Кот, А.С. Волынкина, Н.С. Царева, А.В. Калинин, О.В. Семенко, С.В. Писаренко // Актуальные проблемы болезней, общих для человека и животных: матер. III Всеросс. науч.-практ. конф. с международным участием (24-25 апр. 2019 г.) / [под ред. А.Н. Куличенко]. – Ставрополь: Экспо-Медиа, 2019. – С. 168-169.

22. Циммерман Я. С. (2013). Проблема растущей резистентности микроорганизмов к антибактериальной терапии и перспективы эрадикации *Helicobacter pylori*. Клиническая медицина, 91 (6), 14-20.

23. Чумаков К. М., Ишмухаметов А.А. Вакцины против полиомиелита: настоящее и будущее // Эпидемиология и вакцинопрофилактика. 2018. №3 (100). URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/vaktsiny-protiv-poliomielita-nas>.

24. Шакарян А.К., Зверева Н.Н., Салимзянов Д.Ф. Паралитическая форма полиовирусной инфекции у реципиента оральной полиовакцины / А.К. Шакарян, Н.Н. Зверева, Д.Ф. Салимзянов, Т.В. Кириченко, С.В. Шахильдян, И.М. Терлоев, К.Ю. Рахманина, П.И. Михалаки // Педиатрия. 2019; 98 (1): 139-144.

25. Blazkova J. et al. (2012). «DNA methylation profiles of HIV-1 proviruses in latently infected cells.» PLoS Pathogens, 8(9), e1002735. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1002735>

26. Brownstein J.S., Freifeld C.C., Reis B.Y., Mandl K.D. Surveillance Sans Frontières: internet-based emerging infectious disease intelligence and the HealthMap project. PLoS Med 2008; 5(7): e151, <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.0050151>.

27. Camello T.C.F., Mattos-Guaraldi A.L., Formiga L.C.D., Marques E.A. Nondiphtherial *Corynebacterium* species isolated from clinical specimens of patients in a university hospital. *Braz. J. Microbiol.* 2003; 34: 39-44.
28. Chatzidimitriou A., Minga E., Chatzikonstantinou T., Moreno C., Stamatopoulos K., Ghia P. Challenges and solutions for collecting and analyzing real world data: the Eric CLL database as an illustrative example. *Hemasphere* 2020; 4(5): e425, <https://doi.org/10.1097/hs9.0000000000000425>.
29. Chen, J.S. et al. (2018). «CRISPR-Cas12a target binding unleashes indiscriminate single-stranded DNase activity.» *Science*, 360(6387), 436–439. <https://doi.org/10.1126/science.aap9331>
30. Chinikar S., Ghiasi S.M., Moradi M., Goya M.M., Shirzadi M.R., Zeinali M., Meshkat M., & Bouloy M. (2010). Geographical distribution and surveillance of Crimean-Congo hemorrhagic fever in Iran. *Vector borne and zoonotic diseases* (Larchmont, N.Y.), 10(7), 705-708. <https://doi.org/10.1089/vbz.2009.0247>
31. de Jesus A.C.P., Fonseca P.L.C., Alves H.J., Bonfim D.M., Dutra J.V.R., Moreira F.R.R., ... & Aguiar R.S. (2024). Retrospective epidemiologic and genomic surveillance of arboviruses in 2023 in Brazil reveals high co-circulation of chikungunya and dengue viruses. *BMC medicine*, 22(1), 546.
32. Didelot X. et al. (2017). Within-host evolution and transmission of bacterial pathogens. *Nature Reviews Microbiology*, 15(9), 556-566. *Nat Rev Microbiol.* 2016 Mar;14(3):150-62. <https://doi.org/10.1038/nrmicro.2015.13>.
33. E. John Threlfall, Epidemic *Salmonella typhimurium* DT 104-a truly international multiresistant clone, *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, Volume 46, Issue 1, July 2000, Pages 7–10, <https://doi.org/10.1093/jac/46.1.7>
34. European Centre for Disease Prevention and Control. ECDC strategic framework for the integration of molecular and genomic typing into European surveillance and multi-country outbreak investigations – 2019-2021. Stockholm: ECDC; 2019.
35. Faria, N. R., et al. (2014). «Genomic and epidemiological analysis of the 2014 Ebola virus outbreak in West Africa. *Science*, 346(6205), 1378–1383.
36. Fasemore A.M., Helbich A., Walter M.C., Dandekar T., Vergnaud G., Förstner K.U., & Frangoulidis D. (2021). CoxBase: an Online Platform for Epidemiological Surveillance, Visualization, Analysis, and Typing of *Coxiella burnetii* Genomic Sequences. *mSystems*, 6(6), e0040321. <https://doi.org/10.1128/mSystems.00403-21>
37. Forbes B.A. et al. (2017). Macroscopic and Molecular Methods for Identification and Characterization of Pathogens. In: *Antimicrobials: Probing the Limits*. Springer. https://doi.org/10.1007/978-981-10-6178-3_2
38. Gao R. et al. (2013). «Human infection with a novel avian-origin Influenza A H7N9 virus. *New England Journal of Medicine*, 368(20), 1888–1897. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa1304453>
39. Giovanetti M., Faria N.R., Lourenço J., Goes de Jesus J., Xavier J., Claro I.M., Kraemer, M.U.G., Fonseca V., Dellicour S., Théze J., da Silva Salles F., Gräf T., Silveira P.P., do Nascimento V.A., Costa de Souza V., de Melo Iani F.C., Castilho-Martins E.A., Cruz L.N., Wallau G., Fabri A., ... Alcantara L.C. (2020). Genomic and Epidemiological Surveillance of Zika Virus in the Amazon Region. *Cell reports*, 30(7), 2275–2283.e7. <https://doi.org/10.1016/j.celrep.2020.01.085>
40. Gordon M.A. et al. (2008). «Molecular typing of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium isolates from humans and animals in the United States.» *Epidemiology and Infection*, 136(4), 529–538.
41. Greninger A.L. The challenge of diagnostic metagenomics. *Expert Rev Mol Diagn.* 2018 Jul;18(7):605-615. <https://doi.org/10.1080/14737159.2018.1487292> .
42. Heymann D.L. (2015). *Control of Communicable Diseases Manual*. 20th Edition. American Public Health Association. https://www.ncid.sg/Health-Professionals/Diseases-and-Conditions/Documents/The%20Communicable%20Diseases%20Control%20Handbook_2020%20Version.pdf

43. Hodcroft E.B., Emma B. (2021). CoVariants: SARS-CoV-2 Mutations and Variants of Interest. <https://covariants.org/> <https://doi.org/10.3390/v14092009>
44. Hollenbeck J.E. An Avian Connection as a Catalyst to the 1918-1919 Influenza Pandemic. *Int J Med Sci* 2005; 2(2):87-90. doi:10.7150/ijms.2.87. <https://www.medsci.org/v02p0087.htm>
45. http://www.biometrika.tomsk.ru/lib/books/epid_dict.pdf – Эпидемиологический словарь под ред. Джона М. Ласта
46. <https://kpfu.ru/biology-medicine/struktura-instituta/openlab/omiksnnye-tehnologii>
47. https://www.influenza.spb.ru/struktura_instituta/departament_of_molecular_virology/laboratory_of_molecular_virology_and_gene_engineering/
48. <https://www.pasteurorg.ru/> – официальный сайт Санкт-Петербургского НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Пастера
49. Kilbourne E.D. The molecular epidemiology of influenza. *J Infect Dis.* 1973 Apr;127(4):478-87. <https://doi.org/10.1093/infdis/127.4.478> . PMID: 4121053.
50. Land-Zandstra A.M., van Beusekom M., Koppeschaar C., van den Broek J. Motivation and learning impact of Dutch flu-trackers. *J Sci Commun* 2016; 15(1): A04, <https://doi.org/10.22323/2.15010204>.
51. Lau E.H.Y., Cowling B.J., & Thomas M.K. (2018). Big data and infectious disease monitoring: technology perspective. *Current Opinion in Infectious Diseases*, 31(4), 408-414. <https://doi.org/10.1016/j.imed.2023.01.002>.
52. Li C., Cao H., Lu L., Murphy D. Full-length sequences of 11 hepatitis C virus genotype 2 isolates representing five subtypes and six unclassified lineages with unique geographical distributions and genetic variation patterns. *J. Gen. Virol.* 2012, 93 (6): 1173-1184.
53. Linde J., Homeier-Bachmann T., Dangel A., Riehm J.M., Sundell D., Öhrman C., Forsman M., Tomaso H. Genotyping of *Francisella tularensis* subsp. *holarctica* from Hares in Germany. *Microorganisms*. 2020; 8(12):1932. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8121932>
54. Mavian C. et al. (2020). «Genomic epidemiology of SARS-CoV-2 in Brazil.» *Nature Communications*. <https://www.nature.com/articles/s41467-020-18884-4>
55. McMichael A.J. «Molecular Epidemiology»: New pathway or new traveling companion? *Am J Epidemiol*, 1994; 140:1-11.
56. Merker M., Blin C., Mona S. et al. Evolutionary history and global spread of the *Mycobacterium tuberculosis* Beijing lineage. *Nat. Genet.* 2015, 47 (3): 242-249.
57. Mokrousov I., Narvskaya O., Vyazovaya A. et al. Russian «successful» clone B0/W148 of *Mycobacterium tuberculosis* Beijing genotype: a multiplex PCR assay for rapid detection and global screening. *J. Clinical Microbiology*. 2012, 50 (11): 3757-3759.
58. Paolotti D., Carnahan A., Colizza V., Eames K., Edmunds J., Gomes G., Koppeschaar C., Rehn M., Smallegange R., Turbelin C., Van Noort S., Vespignani A. Web-based participatory surveillance of infectious diseases: the InfluenzaNet participatory surveillance experience. *Clin Microbiol Infect* 2014; 20(1): 17–21, <https://doi.org/10.1111/1469-0691.12477>.
59. Poppe C., Smart N., Khakhria R., Johnson W., Spika J., & Prescott J. (1998). *Salmonella typhimurium* DT104: a virulent and drug-resistant pathogen. *The Canadian veterinary journal / La revue veterinaire canadienne*, 39 (9), 559-565.
60. Pybus O.G., Barnes E., Taggart R. et al. Genetic history of hepatitis C virus in East Asia. *J. Virol.* 2009, 83 (2): 1071-1082.
61. Schulte P.A., Perera F.P. *Molecular Epidemiology; Principles and Practices*. Orlando, FL. Academic Press, 1993.
62. Sims N., Kasprzyk-Hordern B. Future perspectives of wastewater-based epidemiology: Monitoring infectious disease spread and resistance to the community level. *Environ Int.* 2020 Jun;139:105689. PMID: 32283358; PMCID: PMC7128895. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2020.105689>

63. Souza C., Faria Y.V., Sant'Anna L.O., Viana V.G., Seabra S.H., Souza M.C. et al. Biofilm production by multi-resistant *Corynebacterium striatum* associated with nosocomial outbreak. Mem. Inst. Oswaldo Cruz. 2015; 110: 242-8.

64. Struelens M. J., Ludden C., Werner G., Sintchenko V., Jokelainen P. & Ip, M. (2024). Real-time genomic surveillance for enhanced control of infectious diseases and antimicrobial resistance. Frontiers in Science, 2, 1298248.

65. Suntsova M., Garazha A., Ivanova A., Kaminsky D., Zhavoronkov A., Buzdin A. Molecular functions of human endogenous retroviruses in health and disease. // Cell. Mol. Life Sci. 2015. Vol. 72, P. 3653–3675. DOI 10.1007/s00018-015-1947-6.

66. Walker T.M. et al. (2015). «Whole-genome sequencing for prediction of *Mycobacterium tuberculosis* drug susceptibility and resistance: a retrospective cohort study. The Lancet Infectious Diseases, 15(10), 1193–1202. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(15\)00062-6](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(15)00062-6)

67. Weinberger M., Solnik-Isaac H., Shachar D., Reisfeld A., Valinsky L., Andorn N., Agmon V., Yishai R., Bassal R., Fraser A., Yaron S. & Cohen D. (2006). *Salmonella enterica* serotype Virchow: epidemiology, resistance patterns and molecular characterisation of an invasive *Salmonella* serotype in Israel. Clinical microbiology and infection: the official publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases, 12(10), 999-1005. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2006.01466.x>

68. Zhao S., Qiayumi S., Friedman S., Singh R., Foley S.L., White D.G., McDermott P.F., Donkar T., Bolin C., Munro S., Baron, E.J. & Walker R.D. (2003). Characterization of *Salmonella enterica* serotype newport isolated from humans and food animals. Journal of clinical microbiology, 41(12), 5366–5371. <https://doi.org/10.1128/JCM.41.12.5366-5371.2003>

69. Zhu N. et al. (2020). «A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019». New England Journal of Medicine, 382(8), 727–733. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa2001017>

Глава 9. СИСТЕМЫ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО НАДЗОРА ЗА РУБЕЖОМ. СОВРЕМЕННОЕ СОСТОЯНИЕ ПРОБЛЕМЫ

9.1. История становления системы эпидемиологического надзора за рубежом

Начало становления эпидемиологического надзора за рубежом как системы непрерывного наблюдения за динамикой проявлений эпидемического процесса опасных инфекционных болезней относится к XIX в.

Первым шагом на пути его формирования стала регулярная регистрация и оценка причин смертности населения Англии в Главном регистрационном управлении с последующей ежегодной публикацией результатов в государственных отчётах (Reports of the Registrar General). Анализ проводился с применением статистических методов на основе специальных таблиц, разработанных Уильямом Фарром (рисунок 6). Имя этого британского эпидемиолога неразрывно связано с развитием и внедрением в практику официальной медицинской статистики [1].

Так, им для последующего сравнения диагнозов умерших лиц, причин летальных исходов и определения коэффициентов смертности в различных профессиональных группах была создана классификация нозологических форм. Предлагаемая структура состояла из пяти групп:

- эпидемические болезни;
- конституциональные или общие болезни;
- местные болезни, сгруппированные по анатомической локализации;
- болезни, связанные с развитием;
- травмы.

Важность использования общепринятой номенклатуры У. Фарр подчёркивал в своем первом отчёте: «Номинал так же важен в этом отделе исследований, как меры и веса в физических науках, и он должен быть осуществлен безотлагательно» [40]. Эта классификация получила дальнейшее развитие и послужила в дальнейшем основой для создания Международной статистиче-

ской классификации болезней и проблем, связанных со здоровьем десятого пересмотра (МКБ-10).



Рисунок 6 – Уильям Фарр (Farr) (1807-1883) [1]

Другим важным направлением этого периода можно считать начало использования математических методов для изучения эпидемий. В Ежегодном отчете 1840 г. У. Фарр писал: «Если скрытая причина эпидемий не может быть обнаружена, может быть исследован способ, в котором она действует. Законы его действия могут быть определены наблюдением, а также обстоятельствами, при которых возникают эпидемии или с помощью которых их можно контролировать». Так, на примере натуральной оспы было установлено, что течение эпидемий инфекционных болезней имеет вид колоколообразной кривой

и включает периоды подъема и спада заболеваемости (с ускорением темпа снижения смертности на этом этапе). Эта закономерность в дальнейшем получила название «закон эпидемий Фарра».

В дальнейшем на основе анализа материалов эпидемии гриппа в 1847 г. был выявлен «феномен избыточной смертности», заключающийся в значительном увеличении смертности от других болезней, превышающим смертность от гриппа [43]. Интерес также представляла работа по изучению развития эпизотического процесса чумы крупного рогатого скота на основе использования математической модели прогнозирования этой инфекции.

Вместе с тем главным достижением того времени в области развития системы эпиднадзора можно считать создание национальной системы статистики естественного движения населения, результаты которой в дальнейшем использовались не только для оперативного и ретроспективного анализа заболеваемости, но и планирования профилактических мероприятий [30]. Особое внимание стало уделяться сбору эпидемиологических данных, их систематизации и последующему распространению результатов анализа среди представителей органов государственной власти и широкой общественности [42]. При непосредственном участии У. Фарра были систематизированы данные исследований по холере (проводившихся в 1850-х и 1860-х гг.) и изучения эффективности вакцинации против оспы, ставшие научной основой организации деятельности британского здравоохранения на многие годы.

Подобная система отчетности также начала активно внедряться в США. Так, в 1878 г. Конгресс постановил, чтобы главный хирург Службы морских госпиталей (ныне – Служба общественного здравоохранения) внедрил систему национальной отчетности о происшествиях в области здоровья населения [14]. «Бюллетени № 1» стали первыми из серии еженедельных изданий, служивших записью о случаях (чаще вспышках или эпидемиях) инфекционных заболеваний. Государственные департаменты здравоохранения сочли эти отчеты чрезвычайно полезными для дальнейшей практической деятельности, и в 1897 г. Служба общественного здравоохранения начала публиковать эту информацию в своем еженедельном журнале Public Health Reports. К 1925 г. уже все штаты регулярно сообщали в Службу общественного здравоохранения о возникновении случаев пеллагры и других инфекционных болезней [69]. Так, до 1942 г. отдел санитарных отчетов и статистики собирал, систематизировал и публиковал эти статистические данные о заболеваемости. Затем эти функции были переданы Отделу методов общественного здравоохранения. В 1950 г. Public Health Reports отказался от контроля над системой отчетности по заболеваемости, и Еженедельный отчет о заболеваемости стал издаваться Национальным управлением статистики естественного движения населения. Это еженедельное издание в 1952 г. было переименовано в Еженедельный отчет о заболеваемости и смертности (Morbidity and Mortality Weekly Report – MMWR) (рисунок 7).

Morbidity and Mortality Weekly Report

FEDERAL SECURITY AGENCY Public Health Service
NATIONAL OFFICE OF VITAL STATISTICS

Vol. 1, No. 39 Washington 25, D. C. October 3, 1952

Provisional Statistics for Specified Notifiable Diseases in the United States for Week Ended September 27, 1952

The number of poliomyelitis cases reported for the current week is 16 percent below the 4,191 (corrected figure) cases reported last week. The decrease this week probably marks the turning point of the incidence this year. Decreases were noted in all regions of the country. Although the largest relative decreases were in the South Central States, the largest numerical decrease was in the East North Central States where the largest number of cases have occurred. During the last 25 years, for which weekly figures have been received, the peak incidence has been reached 9 times on the second week of September, 2 times on the third week in September, and only twice, later than the third week in September. In four instances the peak was reached earlier than the last week in August, once in 1949 when it was reached the second week in August. The cumulative total for the "disease year", which began about the first of April, is 37,826 compared with 32,106 and 19,207 for 1949 and 1951, respectively.

In Hawaii there were no poliomyelitis cases reported for the current week. This is the first week in about 5 months that Hawaii has not experienced at least 1 case. Since the first of January through September 23 a total of 135 cases, with 13 deaths, have been reported. Cases began to appear late in February and the incidence reached its peak in June when 44 cases were reported for the month. As of this week only 2 cases have been reported for September.

For the current week 27 cases of infectious encephalitis were reported in California. The total to September 20 was 630 cases, with 45 deaths. Of that total, the onsets of 531 were in July and August. During the period May 1 to September 23, a total of 359 cases have been reported in horses.

EPIDEMIOLOGICAL REPORTS

Typhoid fever

Dr. D. S. Fleming, Minnesota Department of Health, reports 7 cases of typhoid fever, which occurred following a neighborhood picnic where a "pot luck" supper was served to 28 persons. Two children and 5 adults became ill 12 to 26 days after the picnic. Four cases were confirmed bacteriologically and 2 were mild and were not hospitalized. The probable source was a 73-year-old woman, a previously unidentified carrier, who furnished sandwiches and creamed potatoes. The latter was considered the probable vehicle of the infection. The creamed potatoes were prepared about 2½ hours before the picnic by slicing warm potatoes and adding a cream sauce made from condensed milk, flour, butter, and seasoning. The suspected carrier denied a past history of typhoid fever. However, a history of illness last year, diagnosed as atypical pneumonia, was obtained. *S. typhi* was isolated from 2 feces specimens from the suspected carrier. These organisms as well as those isolated from 4 patients were all phage type A.

Rabies in man

Dr. R. H. Hutcheson, Commissioner, Tennessee Department of Public Health, reports that on Saturday, August 23, a 28-year-old white man became ill with characteristic symptoms of rabies. He died 3 days later in a hospital in Knoxville. The brain was examined by a pathologist at the hospital. Negri bodies were

found on examination of smears and sections taken from the brain. (Animal inoculation was not reported.) Three weeks previous to his death the victim was bitten by a dog, and the dog is still alive. There is no other history of a dog bite.

Diarrhea

Dr. John R. Pate, District of Columbia Department of Health, has reported an outbreak of diarrhea in which 5 premature infants were involved. Seven full-term infants were also exposed but have not developed any symptoms. The infection may have had its origin in an adult who had diarrhea, or in 2 nurses who were known to have had hemolytic streptococcal infections of the throat. Dr. Pate has also reported an outbreak in which staff members of an institution developed dysentery. Stool cultures from all of those ill revealed that 15 of the 25 had a shigella type of infection. The remaining 10 showed no pathogenic organisms. Since none of the patients in the institution were ill, investigation of the menus was confined to that of the staff. Ham or some uncooked food appeared to be likely vehicles of infection, but no food was available for examination. The laboratory examination of the food handlers has not been completed.

Infectious hepatitis

Dr. W. L. Halverson, Director, California Department of Public Health, reports that the outbreak of infectious hepatitis in an institution, reported last week, is still under investigation. Three new cases were reported, including another employee in the laundry. Another outbreak of 48 cases occurred in another institution of 2,000 inmates. The investigation of this outbreak is not complete. Five cases of infectious hepatitis were reported in friends and relatives. The first case occurred when 2 visitors from another county were present. The other 2 cases developed in the household of the first case.

Dr. R. H. Hutcheson, Tennessee Commissioner of Health, reports that the investigation of the infectious hepatitis outbreak in a camp in Tennessee is still in progress. The latest finding is of interest. A fluorescent dye was placed in the commodes in three cabins located above a spring which is the source of the water supply for the camp. The dye appeared in the spring one hour and a half after being placed in the commodes. Undoubtedly a camper with a mild case of infectious hepatitis or a carrier of the virus was living in one of the cabins.

Dr. H. M. Erickson, Oregon State Board of Health, reports an outbreak of gastro-enteritis among 350 persons in an institution. It was estimated that not more than 40 inmates actually became ill from 7 to 15 hours after a noon meal. It was reported that this was a *Salmonella typhimurium* type of infection. As a matter of routine an inspection of the kitchen was ordered. The report was essentially negative. On the day of the outbreak a new operator was assigned to the dishwashing machine. It was functioning properly but the dishes were not rinsed thoroughly because of carelessness or lack of knowledge of operating the machine. The meal in question consisted of coffee, tea, and creamed beef on toast. The meat was cooked thoroughly at a moderately oven temperature for about 2 hours and added to the cream sauce shortly before serving time. The procedure at this institution is to cook exclusively for one meal and the food is not held for any appreciable time after it has been prepared. Food is not saved

Рисунок 7 – Еженедельный отчет о заболеваемости и смертности (Morbidity and Mortality Weekly Report – MMWR) <https://stacks.cdc.gov/view/cdc/414>

Дальнейшее совершенствование системы эпидемиологического надзора происходило уже в середине XX в., когда после периода относительной неизвестности, связанного со смещением фокуса исследований в сторону изучения хронических соматических заболеваний, начался новый этап в эпидемиологии инфекционных болезней [38].

Так, в течение нескольких десятилетий в странах с высоким уровнем дохода на фоне улучшения условий жизни и внедрения многочисленных антибактериальных и вакцинных препаратов неинфекционные болезни по уровню

заболеваемости и смертности во многом превосходили патологические состояния инфекционной этиологии. Однако серьёзной угрозой для здоровья и жизни детского населения в Европе и США по-прежнему оставался полиомиелит. После первой эпидемии 1916 г., когда было зарегистрировано более 27 тыс. случаев (в том числе 6 тыс. летальных, из которых 1499 – дети до 5 лет), вспышки этой опасной инфекции повторялись ежегодно. С разработкой в 1950-х гг. сначала живой аттенуированной вакцины, а затем инактивированной начала проводиться специфическая профилактика этого заболевания. Однако в 1955 г. после введения вакцинного препарата производства фармацевтической компании Cutter Laboratories (США) у 40 тысяч привитых детей была выявлена abortивная форма полиомиелита, у 56 – паралитическая (из них 5 случаев с летальным исходом) [52, 53]. Выявить причину возникшей эпидемии позволили подготовка ежедневных эпидемиологических отчётов CDC на основе сведений департаментов здравоохранения штатов с последующим оперативным анализом данных [51, 52]. Важная роль в непосредственной организации этого процесса принадлежала главному эпидемиологу Центра инфекционных заболеваний (ныне – Центр по контролю и профилактике заболеваний Centers for Disease Control and Prevention (CDC)) Александру Дункану Ленгмюру, принципы совершенствования системы эпидемиологического надзора которого базировались на идеях У. Фарра (рисунок 8).



Рисунок 8 – Александр Дункан Ленгмюр (1910–1993)

Так, в результате эпидемиологического расследования было установлено, что инактивированная вакцина была контаминирована живым полиовирусом, что привело к возникновению случаев полиомиелита. Были идентифицированы две партии вакцины, послужившие источником инфицирования, и после уничтожения всех партий вакцинация была возобновлена.

Так, своевременное использование данных на этом примере сформировало концептуальную основу для дальнейшего применения эпиднадзора за полиомиелитом (и другими инфекционными заболеваниями) в CDC на всей территории Соединенных Штатов и, в конечном итоге, в других странах. Организация систематического рутинного национального эпиднадзора за полиомиелитом в дальнейшем позволила выявить случай вакциноассоциированного заболевания, возникшего вскоре после лицензирования живой вакцины в 1961 г., и внести изменения в рекомендации по проведению специфической профилактики этой инфекции [67].

Другой областью совершенствования эпиднадзора за инфекционными болезнями стал грипп. С появлением азиатского штамма вируса в 1957 г. возникла необходимость внедрения системного мониторинга за этим заболеванием по аналогии с ранее разработанным для полиомиелита [39]. Для решения этой задачи в CDC было организовано составление еженедельных отчетов на основе сведений свидетельств о смерти из 108 (позднее 122) городов США [17, 64, 68]. С начала эпидемического сезона по гриппу график смертности от этой инфекции и пневмоний в динамике еженедельно публиковался в отчётах по анализу заболеваемости. Такое наглядное представление данных сделало эту информацию легкодоступной для средств массовой информации, а впоследствии и для общественности [34]. Эта доступность сведений повысила осведомленность общественности о гриппе и его разрушительных последствиях для здоровья населения. Подробный анализ и широкое практическое использование этих данных о смертности в начале 1960-х гг. привело к тому, что Консультативный комитет главного хирурга по борьбе с гриппом рекомендовал введение противогриппозной вакцины группам высокого риска, включая пожилых людей и лиц с хроническими заболеваниями. Информация о заболеваемости, полученная в ходе Национального опроса CDC о состоянии здоровья, и лабораторные данные от департаментов здравоохранения штатов и сотрудничающих центров Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ), дополнили сведения о смертности и привели к созданию всеобъемлющей системы эпиднадзора за гриппом.

Таким образом, концепция эпиднадзора этого периода (основоположником которой считается А.Д. Ленгмюр) базировалась на трёх основных элементах – сбор, анализ и распространения информации с последующим использованием полученных результатов для принятия научно-обоснованных управленческих решений. Сам термин «эпиднадзор» трактовался «как непрерывный систематический сбор, изучение и интерпретация данных о конкретных исходах, тесно связанных со своевременным распространением этих све-

дений среди лиц, ответственных за контроль и профилактику заболеваний» [65]. Кроме того, стали четко разграничиваться понятия «надзор» и мероприятия по борьбе с болезнями («контроль»). Это позволило устранить путаницу в определениях, вызванную повсеместным использованием термина «эпидемиологический надзор» при описании деятельности общественного здравоохранения [61].

На основе этих принципов в дальнейшем были разработаны программы надзора за малярией, оспой, желтой лихорадкой и другими опасными болезнями в эндемичных районах США, а также другими инфекционными заболеваниями (гепатитом и сальмонеллёзом).

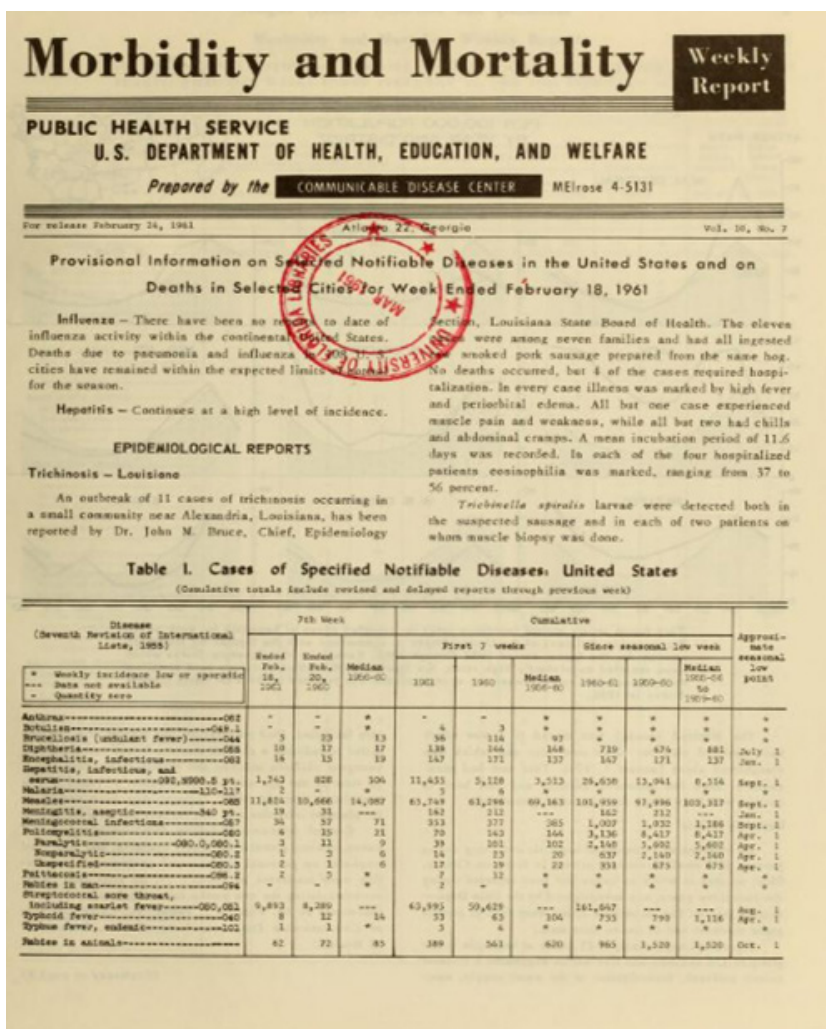


Рисунок 9 – Ежедневный отчет о заболеваемости и смертности (Morbidity and Mortality Weekly Report – MMWR) 1961 г. после передачи в CDC. <https://archive.org/details/morbiditymortality1007unit>

При этом важнейшую роль для успешного решения задач эпиднадзора придавалось составлению еженедельных отчётов о заболеваемости и смертности (Morbidity and Mortality Weekly Report – MMWR) и их дальнейшему использованию на практике. Однако за исключением уникальных систем отчетности, связанных с возникновением эпидемий полиомиелита и гриппа, данные о заболеваемости другими инфекционными заболеваниями в CDC регулярно не подавались. Поэтому было принято решение о передаче функции составления MMWR из Национального управления статистики естественного движения населения в отдел эпидемиологии CDC. После ряда сложных переговоров в CDC в январе 1961 был опубликован первый отчет (рисунок 9).

После этого регулярные отчёты о заболеваниях, подлежащих регистрации, стали неотъемлемой частью MMWR, а сам документ – важнейшим коммуникационным механизмом информирования для CDC и других ведомств. В составлении и редактировании публикаций отчёта стали принимать участие не только сотрудники CDC, но и специалисты различных уровней государственных и местных департаментов здравоохранения с обязательным включением в список авторов их имён и должностей.

Кроме того, в целях усиления межведомственного сотрудничества в 1955 г. было создано Собрание (ныне – Государственный и территориальный совет) эпидемиологов (Council of State and Territorial Epidemiologists). Эта организация на сегодняшний день по-прежнему работает в сфере реализации задач политики общественного здравоохранения, повышении квалификации эпидемиологов и совершенствования методов и программ надзора за инфекционными болезнями.

В 1968 г. была проведена Всемирная ассамблея здравоохранения, посвященная национальному и глобальному эпиднадзору за инфекционными заболеваниями. В ней приняли участие представители здравоохранения более 100 стран, и в итоге была впервые сформулирована четкая глобальная программа эпиднадзора за инфекционными болезнями. Эта работа легла в основу международного понимания концепций надзора и подчеркнула необходимость постоянной надзорной деятельности за болезнями в рамках ВОЗ [70].

Таким образом, система надзорной деятельности за инфекционными болезнями вышла за рамки архивной функции, а составление отчетов приобрело статус «ядра национальных усилий» по эпиднадзору.

На сегодняшний день основные положения этой концепции по-прежнему актуальны и продолжают развиваться. Каждую неделю департаменты здравоохранения штатов анализируют данные о количестве случаев около 50 инфекционных заболеваний. Процессы сбора данных автоматизируются, совершенствуются статистические методы изучения информации [66]. В структуру MMWR были добавлены новые таблицы, содержащие сведения о преждевременной смерти и потерянных лет потенциальной жизни, а сам документ, остающийся важнейшим инструментом распространения эпидемиологически

значимых данных, с 1995 г. размещается также в электронном виде в открытом доступе [2].

Кроме того, CDC разработал и распространил критерии оценки систем эпиднадзора с целью оптимизации использованию ресурсов общественного здравоохранения, состоящие из нескольких этапов [9].

Так, согласно этому документу, в первую очередь рекомендуется провести анализ эпидемиологической ситуации по инфекционной болезни, подлежащей надзору:

- изучить общее количество больных (в абсолютных значениях), относительные показатели заболеваемости и территориальную распространенность эпидемического процесса;

- проанализировать показатели тяжести инфекционного процесса, такие как уровень смертности и коэффициент летальности;

- оценить – возможно ли было предотвратить возникновение наблюдаемого ухудшения эпидемиологической обстановки своевременным проведением профилактических мероприятий.

Затем следует описать непосредственно оцениваемую систему:

- основные цели;
- данные, подлежащие мониторингу с указанием определения случая заболевания;

- наглядно изобразить блок-схему основных составных элементов.

После чего необходимо проанализировать исходные сведения для системы и алгоритм её функционирования:

- группы населения, подлежащие мониторингу;
- период времени сбора данных;
- тип собираемых сведений;
- кем предоставляются данные наблюдения;
- пути передачи информации;
- хранение информации;
- кем анализируются данные;
- способ и частота анализа сведений;
- кем составляются отчеты и кому рассылаются, периодичность, алгоритм и способы их написания и распространения.

При оценке полезности системы эпиднадзора целесообразно учесть, предполагает ли её функционирование решение следующих вопросов:

- своевременно определить тенденции изменения интенсивности эпидемического процесса;

- обнаружить факторы риска, связанные с возникновением случаев заболевания;

- оценить уровни заболеваемости инфекционной болезнью, подлежащей надзору, и смертности от неё;

- использовать результаты мониторинга при планировании профилактических и противоэпидемических мероприятий;

- провести оценку эффективности проведенных контрольных мер.

Затем следует представить характеристику системы по следующим параметрам:

- простота (как структуры, так и алгоритма функционирования);

- гибкость (возможность адаптации с небольшими дополнительными затратами времени, персонала или выделенных средств при изменении условий работы или потребностей в предоставлении данных);

- приемлемость (готовность отдельных лиц и организаций участвовать в деятельности системы эпиднадзора с распределением их обязанностей);

- чувствительность (способность к своевременному выявлению как спорадических случаев заболевания, так и вспышек или эпидемий);

- положительное прогностическое значение (раннее выявление случаев заболеваний или с подозрением на него среди населения групп риска при проведении мониторинга без чрезмерного расходования ресурсов). При этом следует учитывать деятельность системы на различных уровнях (например, в некоторых штатах Америки каждый зарегистрированный случай гепатита типа А незамедлительно расследуется медицинской сестрой, а члены семьи, входящие в группу риска, направляются на профилактическое лечение иммуноглобулином);

- репрезентативность (сравнительный анализ и характеристика возникновения и распространения заболевания во времени, по территории и среди определенных групп лиц);

- своевременность (отражение скорости или задержки между этапами в системе наблюдения как для немедленных противоэпидемических мер, так и для долгосрочного планирования программы профилактики).

При этом для оценки некоторых параметров следует провести ретроспективный анализ деятельности системы. Так, например, когда в 1981 г. впервые был выявлен синдром приобретенного иммунодефицита (СПИД), для сообщений о случаях заболевания использовалась существующая система уведомлений и отчетности департаментов здравоохранения штатов, а эпиднадзор адаптировался к быстрому расширению знаний о болезни, ее диагностике и факторах риска. Другим примером является способность системы эпиднадзора за гонореей отдельно проводить надзор за *Neisseria gonorrhoeae*, продуцирующей пенициллиназу.

После этого необходимо дать описание ресурсов, используемых для работы системы. К ним относятся прямые затраты – персонал и финансовые ресурсы, необходимые для сбора, обработки, анализа и распространения данных и косвенные – для последующих лабораторных анализов или лечения после результатов наблюдения. При этом также важно учесть предотвращенные расходы (выгоды) в результате проведения мероприятий эпиднадзора. Так,

например, результаты анализа включения расходов на своевременные информирование и опрос медицинским персоналом населения на примере штата Кентукки свидетельствуют, что этот подход позволил выявить на 9 случаев гепатита больше, чем могло бы быть обнаружено с помощью системы пассивного мониторинга, и ещё 7 случаев заболевания были предотвращены благодаря проведению профилактики контактным с этими заболевшими.

В заключении следует сделать выводы и дать рекомендации. Указать выполняет ли система свои задачи, целесообразно ли продолжение её функционирования или требуется внесений изменений.

9.2. Современная структура эпидемиологического надзора за рубежом

Санитарно-эпидемиологические службы в разных странах, несмотря на общность реализации международных принципов эпидемиологического надзора, характеризуются значительными отличиями их структурно-функциональной организации.

Проведение мероприятий эпидемиологического мониторинга и контроля за рубежом находится в ведении государственных органов общественного здоровья (Public Health), созданных для предотвращения возникновения и распространения как инфекционных, так и неинфекционных заболеваний на уровне популяции в целом.

В 2020 г. Центры по контролю и профилактике заболеваний (CDC) обновили перечень ключевых функций этих служб (Essential Public Health Services), разместив актуализированную информацию на своем веб-сайте. Таким образом, основными задачами служб на сегодняшний день являются:

1. анализ и отслеживание показателей здоровья населения, а также идентификация потенциальных угроз и факторов риска;
2. выявление существующих проблем в сфере общественного здоровья и разработка стратегий и методов для их эффективного устранения;
3. оперативное предоставление населению актуальной и достоверной информации, касающейся вопросов поддержания и укрепления здоровья;
4. планирование и реализация комплекса мер, направленных на защиту и улучшение общественного здоровья как на уровне регионов, так и на уровне муниципалитетов;
5. создание и внедрение комплексных планов и специализированных программ для профилактики различных патологических состояний;
6. разработка и подготовка правовых актов, включая законы и нормативные документы с целью обеспечения правовой базы;
7. обеспечение согласованного взаимодействия между различными службами общественного здоровья и медицинскими учреждениями;
8. обучение и подготовка специалистов, а также организация систематического повышения их профессиональной квалификации;

9. оценка доступности и качества предоставляемых медицинских услуг;
10. развитие научно-исследовательской деятельности и внедрение передовых технологий во все области, связанные с охраной здоровья населения.

Кроме того структура, функции и организация деятельности санитарно-эпидемиологических служб в разных странах за рубежом характеризуются своими особенностями.

Так, например, в Германии решением задач эпидемиологического надзора занимается Институт Роберта Коха (Robert Koch Institute). Институт был основан в 1891 г. и на сегодняшний день, являясь одним из центральных научно-исследовательских учреждений мирового уровня, по-прежнему стоит на страже эпидемиологического благополучия граждан своей страны. «Наши задачи не изменились со времен Коха: исследовать риски, определять контрмеры, охранять здоровье», – говорит преемник Роберта Коха, нынешний руководитель профессор Лотар Вилер (Lothar Wieler).



Рисунок 10 – Институт Роберта Коха (Германия, Берлин) <https://www.mk.ru/tags/gripp/142/>

Структура института включают отдел инфекционных заболеваний, эпидемиологии и мониторинга здоровья, инфекционной эпидемиологии, центры биологической безопасности и геномной технологии, а также проектные группы инфекционной биологии и эпидемиологии.

В настоящее время институт находится в непосредственном подчинении Федерального министерства здравоохранения (Federal Ministry of Health) и в своей деятельности выполняет следующие основные функции:

- сбор и систематизацию различных показателей общественного здоровья;
- эпидемиологический мониторинг, выявление факторов риска, способствующих возникновению вспышек инфекционных заболеваний;
- реализацию комплексных научных проектов, ориентированных на исследование характеристик патогенных микроорганизмов;
- противодействие угрозам, связанным с преднамеренным распространением опасных биологических агентов.

В Германии контроль за качеством продовольственной продукции возложен на специализированное учреждение – Федеральное ведомство по защите прав потребителей и обеспечению безопасности пищевых продуктов (Federal Office of Consumer Protection and Food Safety). Данная организация находится в прямом подчинении Министерства пищевой промышленности и сельского хозяйства.

В США с 1946 г. санитарно-эпидемиологическое благополучие населения обеспечивает Центр по контролю и профилактике заболеваний (Center of Disease Control and Prevention), подведомственный Министерству здравоохранения и социальных служб (United States Department of Health and Human Services). Центр обладает широкими полномочиями и помимо решения проблем, связанных с инфекционными болезнями, занимается вопросами хронических соматических заболеваний, инвалидизации, патологических состояний, связанных с профессиональной деятельностью и загрязнением окружающей среды, а также противодействия биотерроризму. Структура организации включает несколько Координационных центров с входящими в их состав многочисленными Национальными центрами и агентствами, а также Национальный институт по промышленной безопасности и здоровью (NIOSH).

Контроль за соответствием пищевых продуктов и медикаментов установленным стандартам осуществляет Управление по надзору за качеством пищевых продуктов и лекарств (Food and Drug Administration). Данная организация находится в прямом подчинении Министерству здравоохранения.

Ответственность за обеспечение общественного здоровья в Норвегии возложена на Норвежский директорат по здравоохранению, который находится в ведении Министерства здравоохранения и социального обеспечения. Ключевые сферы деятельности данного директората включают в себя:

- систематическое наблюдение за уровнем и динамикой инфекционных заболеваний;
- обеспечение мер по предотвращению и ликвидации последствий чрезвычайных ситуаций инфекционного генеза;
- организацию мероприятий по вакцинопрофилактике;
- формирование стратегического плана развития системы здравоохранения и разработка стандартов медицинской помощи при различных заболеваниях.

Контроль за безопасностью и качеством продуктов питания и медикаментов осуществляет Норвежское Управление по безопасности пищевых продуктов (Norwegian Food Safety Authority), находящееся в ведении Министерства пищевой промышленности и сельского хозяйства.

Эпидемиологический надзор в Китае возложен на Китайский Центр по контролю и предупреждению заболеваний (Chinese Center for Diseases Control and Prevention), который находится под управлением Министерства здравоохранения страны. В сферу ответственности центра входит:

- осуществление систематического сбора и изучения данных, отражающих состояние здоровья граждан;
- планирование мер, направленных на недопущение и сдерживание распространения инфекционных болезней;
- минимизация рисков для здоровья населения, связанных с продуктами питания, медицинскими изделиями, радиацией и загрязнением окружающей среды;
- деятельность в области охраны материнства и детства;
- осуществление комплекса мер, направленных на повышение осведомленности населения о факторах, влияющих на здоровье, и популяризацию здорового образа жизни.

В Тайване за обеспечение санитарно-эпидемиологического благополучия отвечает Тайваньский Центр по контролю над заболеваниями (Taiwan Centers for Diseases Control), подчиняется непосредственно Министерству здравоохранения. Основные задачи Центра включают:

- планирование и осуществление мероприятий по снижению смертности населения, вызванной социально значимыми заболеваниями;
- отслеживание распространения инфекционных болезней и принятие мер по их профилактике и лечению;
- модернизацию лабораторной базы;
- усиление санитарно-эпидемиологического контроля на границе;
- организация и проведение прививочной кампании.

Контроль за соблюдением санитарных норм в отношении пищевой продукции и лекарственных средств осуществляет Управление по надзору за качеством пищевых продуктов и лекарств (Taiwan Food and Drug Administration), являющееся самостоятельным учреждением, подотчетным Министерству здравоохранения.

Функция обеспечения эпидемиологического надзора в Южной Корее возложена на Центр по контролю и предотвращению заболеваний (Korean Center for Disease Control and Prevention). Данное учреждение находится в подчинении Министерства здравоохранения и социального благополучия (Ministry of Health and Welfare). Ключевыми направлениями деятельности центра являются:

- осуществление мониторинга эпидемиологической ситуации и состояния здоровья населения;

- научно-исследовательская деятельность в направлении разработки и оценки эффективности профилактических мероприятий, нацеленных на снижение заболеваемости инфекционными болезнями;
- совершенствование системы образования и повышения квалификации медицинских работников;
- реализация проектов, нацеленных на уменьшение распространения болезней и снижение смертности от них;
- повышение осведомленности населения о принципах ведения здорового образа жизни.

Контроль за качеством и безопасностью пищевых продуктов и лекарственных средств в Южной Корее возложен на Управление по надзору за качеством пищевых продуктов и лекарств (Food and Drug Administration), подчиняющееся Министерству здравоохранения.

В Великобритании за поддержание санитарно-эпидемиологического благополучия населения отвечает Служба общественного здоровья (Public Health England). Данная организация подотчетна Министерству здравоохранения и социальной защиты (Department of Health and Social Care) и решает следующие основные задачи:

- оценка и интерпретация данных о здоровье населения;
- организация работы по профилактике заболеваний;
- предотвращение и ликвидация вспышек инфекционных заболеваний;
- планирование и реализация программ вакцинации;
- выявление факторов, негативно влияющих на здоровье населения;
- формирование культуры здорового образа жизни;
- осуществление научно-исследовательской деятельности.

За качеством продуктов питания в Великобритании следит Агентство по стандартам продуктов питания (Food Standards Agency), которое напрямую подотчетно правительству страны.

Таким образом, главными отличиями организации деятельности эпидемиологического надзора за инфекционными болезнями за рубежом, по сравнению с Российской Федерацией, являются:

- отсутствие единой санитарно-эпидемиологической службы как органа исполнительной власти, осуществляющего функции по выработке и реализации государственной политики и нормативно-правовому регулированию в сфере защиты прав потребителей, разработке и утверждению государственных санитарно-эпидемиологических правил, а также по организации и осуществлению федерального государственного санитарно-эпидемиологического надзора;
- задачи по отслеживанию распространения инфекционных заболеваний и поддержанию санитарно-эпидемиологической безопасности населения возложены на различные ведомства, подотчетные Министерству здравоохранения;

- деятельность этих организаций не ограничивается борьбой с инфекционными болезнями, а также включает мероприятия по профилактике соматической патологии, обучению населения принципам здорового образа жизни, проведению биомедицинских исследований и разработке стратегий для улучшения системы здравоохранения.

9.3. Системы и алгоритмы реализации эпидемиологического надзора за рубежом

Несмотря на различия в организационных структурах служб, занимающихся поддержанием санитарно-эпидемиологического благополучия за рубежом, надзор осуществляется с использованием двух основных методов: мониторинга на основе индикаторов (indicator-based surveillance, IBS) и выявления сигнальных событий (Event-Based Surveillance, EBS). Эти принципы составляют основу национальной системы эпидемиологического надзора (рисунок 11) [78].



Рисунок 11 – Структура единой национальной системы эпиднадзора [78]

Эпиднадзор на основе индикаторов (ЭОИ) – это система, предназначенная для мониторинга и анализа состояния здоровья населения путем систематического сбора и анализа структурированных данных (индикаторов) из определенных формальных источников.

Эпиднадзор на основе сигнальных событий (ЭОС) представляет собой систематический сбор и анализ разрозненных, часто неструктурированных

данных, поступающих в режиме реального времени, для выявления и оценки событий или рисков, представляющих непосредственную опасность для здоровья населения.

Краткая сравнительная характеристика этих основных подходов к проведению надзорных мероприятий представлена в таблице 9.

Таблица 9 – Сравнительная характеристика принципов эпиднадзора на основе индикаторов и сигнальных событий

Параметр	ЭОС	ЭОИ
Анализируемое явление	Широкий спектр различных событий (например, групповые случаи летальных исходов от неизвестной причины в одном населённом пункте за один и тот же период времени)	Болезни и синдромы, имеющие соответствующее определение случая (один или несколько критериев): - клинические; - эпидемиологические; - лабораторные
Периодичность информирования	Немедленно	В установленные сроки (еженедельно, ежемесячно, определенные дни недели или месяца). Допускается наличие временного интервала в электронной отчётности между регистрацией случая и передачей сведений в систему медицинским учреждением (особенно при наличии обязательных лабораторных критериев диагноза)
Структура отчетности	Не регламентировано, допускается произвольная форма с возможностью последующей сортировки и анализа данных	Чётко структурирована, в случае отсутствия случаев – обязательна нулевая отчетность
Подотчетные единицы	Не регламентировано (допускается участие различных учреждений, в том числе широкой общественности)	Определенные подразделения и учреждения, закрытая отчётность
События для начала мероприятий	Любая подтвержденная информация, который оценена как потенциальный риск для здоровья населения	Регламентированные пороги
Оперативность анализа	Быстрая оценка риска	Регламентированные временные интервалы (еженедельно, ежемесячно)
Скорость ответа	Немедленная	Предусмотрен временной интервал для сбора и анализ данных

Источниками данных для ЭОС служат не только лечебно-профилактические организации и государственные учреждения, но и различные национальные и международные веб-сайты (Таблица 10).

Таблица 10 – Интернет-источники информации для ЭОС

Наименование	Адрес
Веб-сайты ВОЗ	
Сайт информации о событиях (EIS)	Защищенная платформа, ограниченный доступ
Глобальная сеть предупреждения о вспышках болезней и ответных действий (GOARN)	Коммуникационная платформа для членов GOARN
Региональное бюро для стран Африки	http://www.afro.who.int/en/clusters-a-programmes/dpc/epidemic-a-pandemic-alert-and-response/outbreak-news.htm
Региональное бюро для стран Восточного Средиземноморья	http://www.emro.who.int/surveillance-forecasting-response/outbreaks/
Региональное бюро для стран Юго-Восточной Азии	http://www.searo.who.int/entity/emerging_disease/en/index.html
Региональное бюро для Западной части Тихого океана	http://www.wpro.who.int/emerging_diseases/en/index.html
Сайты других международных учреждений	
Продовольственная и сельскохозяйственная организация Объединенных Наций (ФАО)	http://www.fao.org/home/ru/
Всемирная организация охраны здоровья животных (ВОЖ, Международное эпизоотическое бюро – МЭБ)	http://www.oie.int
Международная сеть органов контроля за безопасностью пищевых продуктов (ИНФОСАН)	http://www.who.int/foodsafety/areas_work/infosan/en/
Международное агентство по атомной энергии (МАГАТЭ)	http://www.iaea.org/
Некоторые международные сайты по проблемам отдельных болезней	
Глобальная сеть эпиднадзора и ответных действий по гриппу	http://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/en/
Проект по вакцинам против менингита (MVP), страны Африки к югу от Сахары	http://www.meningvax.org/mission.php
Инициатива по ликвидации полиомиелита	http://www.polioeradication.org/
Птичий грипп А/Н5N1, Региональное бюро ВОЗ для стран Западной части Тихого океана	http://www.wpro.who.int/emerging_diseases/AvianInfluenza/en/
Лихорадка Западного Нила, ECDC	http://www.ecdc.europa.eu/en/healthtopics/west_nile_fever/west-nile-fever-maps/pages/index.aspx

Продолжение таблицы 10

Корпоративные веб-сайты с рекомендациями в отношении поездок и здоровья	
Сайт ВОЗ о международных поездках и здоровье	http://www.who.int/ith/en/
Центры по профилактике и контролю заболеваний (CDC, США)	http://wwwnc.cdc.gov/travel/
Национальная сеть и центр по вопросам поездок и здоровья (NaTHNaC, Соединенное Королевство)	http://www.nathnac.org/travel/
Департамент здравоохранения, САР Гонконг, Китай	http://www.travelhealth.gov.hk/eindex.html
Поездки и здоровье, Агентство общественного здравоохранения Канады	http://www.phac-aspc.gc.ca/tmp-pmv/
Министерство иностранных дел Франции	http://www.diplomatie.gouv.fr/fr/conseils-aux-voyageurs/
Министерство иностранных дел и торговли Австралии	http://www.smartraveller.gov.au/
Наднациональные и региональные веб-сайты по раннему предупреждению и ответным мерам (РПОМ)	
Европейский центр профилактики и контроля заболеваний (ECDC)	http://www.ecdc.europa.eu/en/press/epidemiological_updates/
Карибское агентство общественного здравоохранения (CARPHA)	http://carpha.org/
Тихоокеанская сеть эпиднадзора в области общественного здравоохранения (PPHSN)	http://www.spc.int/phs/PPHSN/
EpiSouth (Средиземноморские и Балканские страны)	http://www.episouth.org/
EpiNorth (Северо-Восточная Европа)	http://www.epinorth.org/
Сеть эпиднадзора за болезнями бассейна р. Меконг	http://www.mbdsoffice.com/

Кроме того, следует отметить такие открытые источники данных о вспышках инфекционных болезней, как программы мониторинга ProMED-mail и HealthMap (рисунки 12, 13).



Рисунок 12 – Главная страница ресурса ProMED-mail (<https://promedmail.org/>)



Рисунок 13 – Главная страница ресурса HealthMap (<https://www.healthmap.org/ru/>)

Эти ресурсы открытые, бесплатные и свободные от политических ограничений. Сбор информации проводится в Интернете, из печатных средств массовой информации, а также различных официальных (министерств здравоохра-

нения, федеральных, государственных и местных департаментов здравоохранения и международных организаций и т.д.) и неофициальных веб-сайтов. Затем все сведения группой экспертов-модераторов, включающей специалистов по антропонозным и зоонозным заболеваниям вирусной и бактериальной этиологии, ветеринарных работников, эпидемиологов, медицинских энтомологов, тщательно проверяются на достоверность и помещаются в соответствующий контекст с помощью комментариев и ссылок.

Помимо использования в качестве системы раннего предупреждения, ProMED-mail стала сетью связи, которая позволила на раннем этапе сотрудничать лабораториям, работавшим над обнаружением этиологического агента атипичной пневмонии, по всему миру [79]. Вирусологи в Гонконге, Германии и Канаде использовали почту ProMED, чтобы сообщить о своих первых результатах до того, как удалось создать лабораторную сеть ВОЗ по SARS. ProMED-mail также выступал в качестве доверенного посредника информации между сторонами, не имевшими официальных каналов связи, такими как правительство Тайваня и ВОЗ.

HealthMap, основанный на автоматизированной классификации и визуализации отчётов, данных интернета и СМИ относится к числу картографических приложений (интерактивная географическая карта) и предусматривает доступ не только с персональных компьютеров, но и с любых мобильных устройств [5, 27].

Однако вопрос принятия ответных мер на получаемые этими ресурсами данные в качестве индикаторов активности вспышек инфекционных болезней на практике остаётся дискуссионным [4, 31, 62]. Основной проблемой является преодоление предвзятости в отчетах, поскольку наблюдения могут быть слишком неспецифичными, чтобы различать значимые и ложные сигналы в условиях с высокими технологическими возможностями, а также быть нечувствительными даже к событиям с высоким риском в условиях с ограниченными ресурсами [6, 11]. Хотя нетрадиционные источники данных в некоторых приложениях подтверждают выводы о динамике эпидемии, ограниченная информация о случаях остается препятствием для их дальнейшего применения. Например, модели, построенные на основе новостных сообщений о вспышках кори и эпидемического паротита, дали значительно заниженные оценки охвата вакцинацией, что подчеркивает необходимость продолжения решения вопроса [16, 41, 45, 46]. Вместе с тем практическую пользу данных, получаемых из этих открытых источников, также не следует полностью отрицать [5, 27].

Применение на практике эпиднадзора на основе индикаторов, в свою очередь, также часто затруднено при необходимости решения оперативных задач (своевременного обнаружения вспышек, возникновения случаев опасных редких или новых инфекций). Поэтому принцип ЭОС служит необходимым дополнением ЭОИ и значительно повышает эффективность системы эпиднадзора в целом (рисунок 14).



Рисунок 14 – ЭОИ и ЭОС в системе эпиднадзора

Функционирование обоих принципов эпиднадзора включает следующие этапы [78]:

- сбор первичных данных (ЭОИ) или источников информации (ЭОС);
- сортировка сведений;
- верификация (проверка, подтверждение) данных;
- оценка риска, связанного с событием;
- передача информации согласно установленному регламенту.

Вместе с тем несмотря на наличие общепринятой структуры программ эпиднадзора, научно-обоснованной этапности и двух основных подходов к его проведению, практическая реализация надзорных мероприятий на сегодняшний день имеет свои особенности и зачастую сопряжена с определёнными

трудностями, во многом обусловленными проблемами взаимодействия учреждений здравоохранения, наличия подготовленных кадров и уровня экономического развития страны в целом.

Так, например, в функционировании надзора на основе событий в США участвуют пять основных групп организаций: клиническая (частная) система здравоохранения, местные/государственные органы и департаменты здравоохранения, федеральные агентства, академические/профессиональные учреждения и сотрудничающие с правительством юрисдикции. Алгоритм их взаимодействия представлен на рисунке 15.

Сбор первичных данных преимущественно происходит на уровне частных и государственных учреждений. Так, врачи клиник сообщают органам общественного здравоохранения о случаях заболеваний, требующих немедленных профилактических и противоэпидемических мер (например корь), о групповых случаях заболеваний или атипичных клинических проявлениях известных инфекций, что закреплено законодательно. Передача информации может осуществляться разными способами (по телефону, факсу, почте и т.д. в бумажном или электронном виде). В конечном итоге все данные отправляются в CDC через Национальную систему электронных телекоммуникаций для наблюдения (NETSS), где они агрегируются, анализируются и официально хранятся.

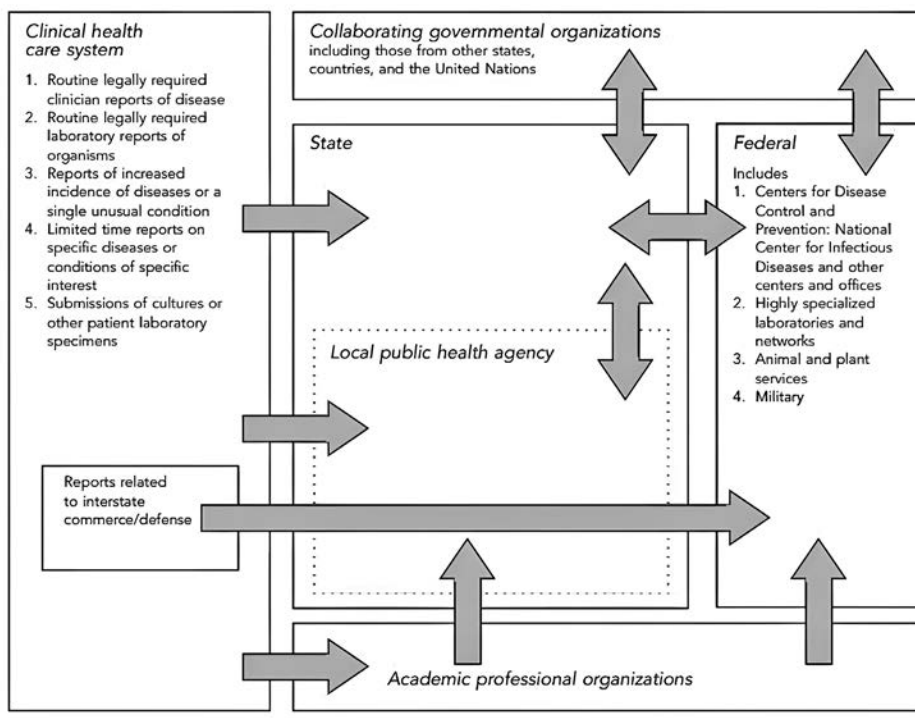


Рисунок 15 – Алгоритм взаимодействия учреждений при проведении эпиднадзора на основе событий в США [19].

Среди академических учреждений следует отметить ранее упоминавшееся Международное общество по инфекционным заболеваниям (ProMED), Индианаполисскую сеть по уходу за пациентами (Indianapolis Network for Patient Care) Института Регенстриф (Regenstrief Institute for Health Care) и Систему эпиднадзора за вспышками и заболеваниями в режиме реального времени (Real-time Outbreak and Disease Surveillance System) Питтсбургского университета (University of Pittsburgh) [47, 71, 74].

К сотрудничающим правительственным юрисдикциям относятся местные или государственные департаменты здравоохранения, агентства общественного здравоохранения других стран, ВОЗ, а также специализированное агентство ООН по вопросам здравоохранения, специалисты которых сообщают о возникающих местных вспышках и случаях заболевания у туристов. Такая межгосударственная коммуникация сотрудников очень важна, так как инфекционные болезни не имеют государственных границ. Кроме того, для обмена эпидемиологически значимой информацией между странами существуют и специализированные сети связи – Глобальная сеть оповещения о вспышках болезней и ответных мер (Global Outbreak Alert and Response Network), WHONET (информационная система для мониторинга устойчивости к противомикробным препаратам), сотрудничающие с ВОЗ лаборатории и Глобальная информационная сеть общественного здравоохранения (Global Public Health Information Network) [47, 71, 74].

Так, к примеру, уведомления национальных агентств общественного здравоохранения в нескольких европейских странах о случаях менингококковой инфекции серогруппы W-135 среди паломников, вернувшихся из хаджа в Мекку, и их близких контактах позволили местным департаментам здравоохранения своевременно выявить больных и провести необходимые противоэпидемические и профилактические мероприятия [13].

Роль федерального правительства особенно важна при необходимости централизации усилий всех задействованных организаций при возникновении актов биотерроризма или случаев вспышек кишечных инфекций. К федеральным системам выявления вспышек относятся Система эпиднадзора за вспышками болезней пищевого происхождения (Foodborne Disease Outbreak Surveillance System), Проект по эпиднадзору за необъяснимыми случаями смерти и критическими заболеваниями CDC (CDC Unexplained Deaths and Critical Illness Surveillance Project) и Национальная лаборатория CDC по эпиднадзору и справочной информации о ботулизме (CDC National Botulism Surveillance and Reference Laboratory) [10, 12, 54, 58].

Вместе с тем решение вопроса по алгоритму взаимодействия всех организаций, участвующих в реализации надзорных мероприятий, но в настоящее время относительно слабо связанных между собой, требует продолжения.

Организация надзорной деятельности во многих развивающихся странах, особенно актуальной в связи с напряженной эпидемиологической ситуацией по

целому ряду инфекционных болезней, на сегодняшний день по-прежнему не-удовлетворительна и связана со значительными сложностями. Так, например, результаты исследования методом анкетирования, проведённого в Нигерии, свидетельствует о низкой осведомлённости персонала организаций здравоохранения по применению системы ЭОС (17 %) [73]. Несмотря на наличие базовой инфраструктуры и средств связи для её осуществления, практическая реализация также находится на низком уровне. Общий уровень доступности структуры отчё-тности составил всего лишь 28,2 %, что является недостаточным (рисунок 16).

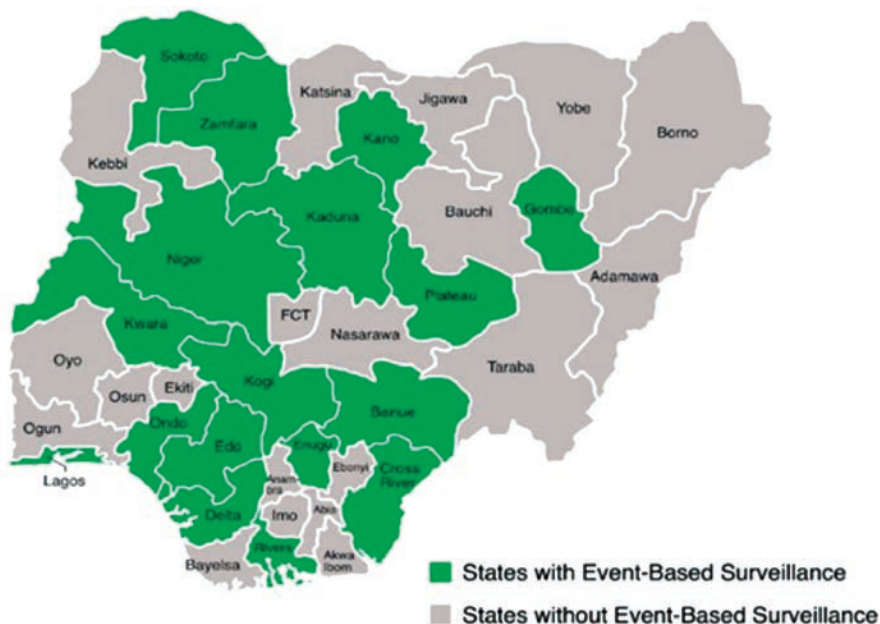


Рисунок 16 – Штаты Нигерии, реализующие принципы ЭОС в надзорной деятельности [73].

Группы аварийной готовности и реагирования на возникновение случаев инфекционных болезней имелись лишь в 12 (32,4 %) штатах, из них в 10 были достаточно оснащены медикаментами, средствами индивидуальной защиты, информационными средствами и связью. Только в одной трети штатов страны организованы комитеты, отвечающие за координацию и мобилизацию ресурсов во время вспышек, при этом ни в одном штате нет чрезвычайных фондов, которые можно было бы мобилизовать в течение 24 часов для проведения исследований и борьбы с возникшей вспышкой.

Вместе с тем в настоящее время в ряде штатов уже организованы специальные колл-центры, функционирующие в круглосуточном режиме, для сообщений в органы здравоохранения о необычных событиях в области здоровья населения [55]. Кроме того, Университетом Мэриленда в Балтиморе (University of Maryland Baltimore) в партнерстве с Нигерийским центром по контролю за заболеваниями (Nigeria Center for Disease Control) было запущено приложение

сбора и анализа данных «Tatafo» для поиска сведений в интернете помощью настроенных ключевых слов [3].

Таким образом, основными задачами для повышения эффективности организации и проведении эпиднадзора как в Нигерии, так и в других развивающихся странах являются:

- организация обучения персонала системы здравоохранения с целью повышения осведомленности по вопросам ЭОС;
- разработка круглосуточной системы приема отчетов о чрезвычайных ситуациях в области здравоохранения от местных органов власти, используя телефон, факс или электронную почту;
- предоставление финансовой поддержки и кадрового потенциала для обеспечения устойчивости системы EBS.

На сегодняшний день проведение эпиднадзора как в экономически развитых, так и развивающихся странах уже немыслимо без применения различных лабораторных исследований. Особое значение это имеет при организации надзорных мероприятий в отношении новых патогенов и активно поддерживается на государственных уровнях. Ярким примером служат крупномасштабные исследования по выявлению микроорганизмов, которые могут передаваться от животных к человеку, в рамках программы Агентства США по международному развитию по новым угрозам пандемии (US Agency for International Development Emerging Pandemic Threats program) [57, 72]. Также следует отметить проект Global Virome Project, созданный в 2018 г., с целью в течение 10 лет охарактеризовать все 1,6 миллионов существующих вирусов [7].

Также важны при изучении и проведении мониторинга новых, опасных для человека возбудителей инфекционных болезней серологические исследования [33, 49]. Обнаружение антител в пробах сывороток крови населения свидетельствует о произошедшем контакте с возбудителем и возможности инфицирования как от животных, так и человека, что важно при расследовании вспышек и проведении эпиднадзора на основе индикаторов. Кроме того, серологические исследования имели значительную ценность при определении географического диапазона и клинического спектра инфекций, вызванных вирусами Эбола, Зика и денге [18, 25, 26, 37, 50, 59, 60, 63, 75].

Значительную популярность в настоящее время приобретает направление по разработке новых комплексных инструментов эпиднадзора (в том числе для оперативного расследования вспышек) на основе сочетания геномной диагностики и эпидемиологии с инновационными цифровыми платформами [28].

Это особенно важно при изучении передачи известных и новых возбудителей инфекционных болезней от животных к человеку и обеспечения готовности к своевременному реагированию на возникающие угрозы с конечной целью создания в будущем глобальной системы эпиднадзора за патогенами в режиме реального времени, основанной на «синдромном» подходе, данных геномики и современных информационных технологий (рисунок 17) [28].

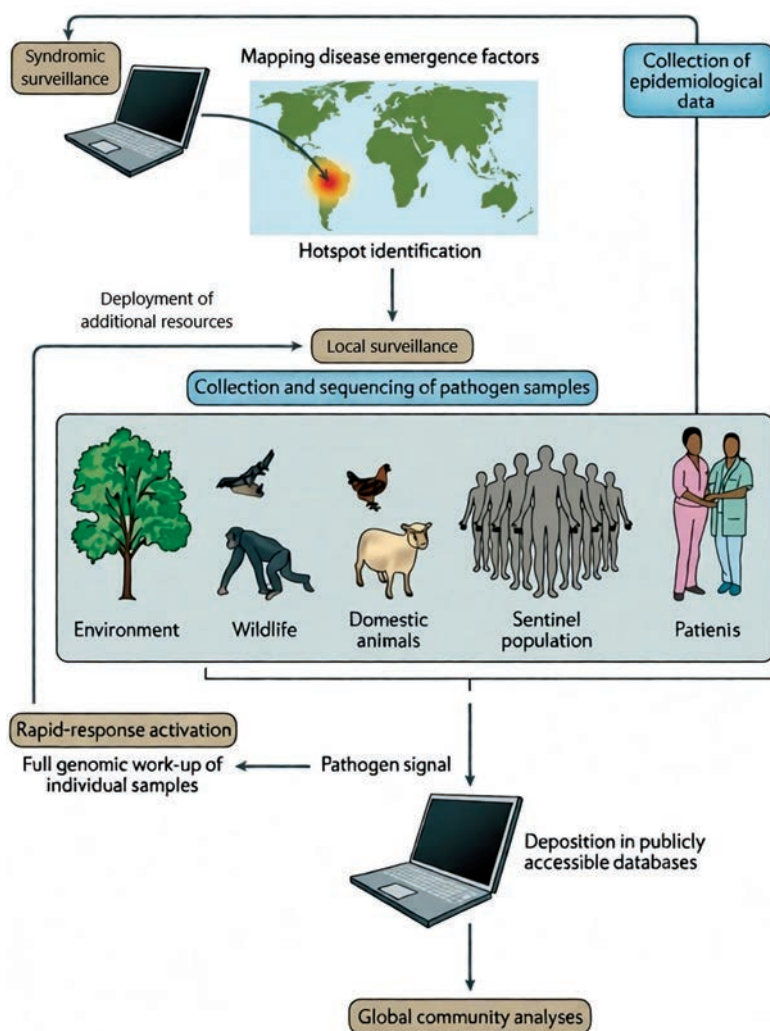


Рисунок 17 – Будущая модель эпиднадзора и раннего реагирования на вспышки [28]

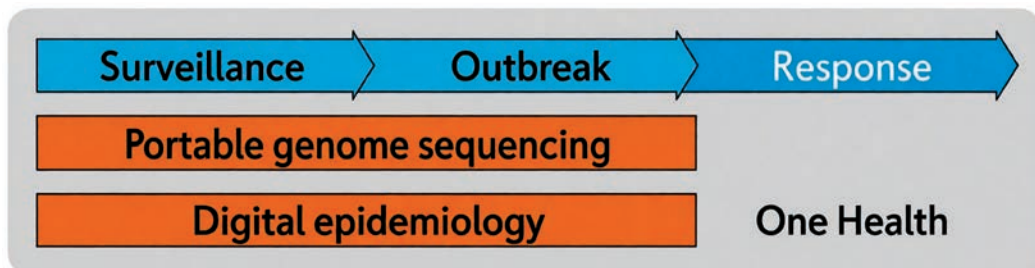


Рисунок 18 – Объединение геномики и цифровых данных в проекте «Единое здоровье» (One Health) [28]

Первым шагом на пути построения такой системы стала реализация проекта «Единое здоровье» (One Health) (Рисунок 18). Эта комплексная интегрированная система была запущена с 2004 г. в рамках проекта PREDICT, являющегося частью программы «Новые угрозы пандемии» (Emerging Pandemic Threats) Агентства США по международному развитию (US Agency for International Development) с целью разработать системные междисциплинарные подходы к эпиднадзору, контролю и профилактике зоонозных инфекций [14, 28].

В рамках проекта PREDICT проводятся исследования по распространению отдельных вирусных зоонозов от определенных таксонов диких животных, разрабатываются неинвазивные методы отбора проб клинического материала от них и выполняется оценка широты вирусного разнообразия среди млекопитающих для последующего составления прогноза эпидемиологической ситуации [29, 32, 35, 56].

Хотя основная цель использования интегрированной информации для эпидемиологического прогнозирования еще не достигнута, One Health уже использует цифровые приложения и методы геномной эпидемиологии для изучения текущих вспышек. Объединение геномных данных с потоками информационных сведений, полученных с усовершенствованных платформ эпиднадзора, дает возможность обнаруживать увеличение популяции патогенов и/или межвидовые передачи, которые могут предшествовать возникновению случаев заболевания у людей. Например, изучение последовательностей генома варианта вируса бешенства, выделенного у енотов в сочетании с географической информацией и данными канадских и американских программ вакцинации против бешенства среди диких животных, продемонстрировали, что множественные случаи трансграничной миграции животных привели к заносу возбудителя в Канаду и возникновению вспышек в нескольких провинциях. Полученные данные послужили основой для проведения экстренных профилактических мероприятий со стороны органов здравоохранения. Также результаты One Health широко используются при разработке программ борьбы с бруцеллезом, когда диагностическое тестирование в референс-лабораториях запускает последующее геномное наблюдение для эффективного решения задач эпиднадзора за этой инфекцией.

Однако несмотря на перспективность, такой подход, применяемый в One Health, содержит ряд нерешённых вопросов:

- что является ранним сигналом появления опасного возбудителя по сравнению с фоновым микробным пейзажем?
- какие новые патогены способны преодолевать видовой барьер и вызывать болезни человека?
- какой объем выборки животных требуется исследовать для выявления потенциальных возбудителей?

В конечном счёте более эффективное использование метагеномики на основе подхода One Health при осуществлении эпиднадзора может заключать-

ся в поиске «скачков» заболеваемости зоонозными инфекциями в контрольных популяциях людей и последующих выборочных исследованиях животных с использованием ГИС-данных (карт горячих точек эмерджентных инфекций) и открытых информационных ресурсов, а не в стратегии широкомасштабного тестирования [23, 24, 48]. Комбинируя в дальнейшем результаты геномики с филодинамическими подходами, можно будет получать важные эпидемиологические данные: признаки расширения популяции возбудителей, доказательство передачи внутри и между животными-резервуарами и людьми, а также проводить анализ ранней экспансии патогена.

Таким образом, становление системы эпиднадзора на современном этапе неразрывно связано с комплексным использованием геномных исследований и потоками цифровой эпидемиологии [8, 20, 21, 22]. Однако путь к такой реальности не обходится без препятствий. Помимо технических проблем с внедрением и развертыванием методов быстрого реагирования на вспышки заболеваний, основанных на геномике, сохраняются сложности с реализацией оперативного и беспрепятственного обмена данными. Вспышки инфекций возникают на стыке эпидемиологических рисков, управления, политики и экономики, поэтому борьба с ними требует создания комплексной быстрой реагирующей системы. Так, Лондонская школа гигиены и тропической медицины (London School of Hygiene and Tropical Medicine) и Национальная медицинская академия (National Academy of Medicine) предложили создать единый орган для подготовки и реагирования на пандемии. Они также отметили важность усиления сотрудничества между различными структурами, включая официальные и неофициальные системы мониторинга, эпидемиологические службы, научные сообщества и органы здравоохранения [36, 44, 76, 78].

В заключении этой главы уместно привести слова вирусолога, биолога-эволюциониста Майкла Воробей (Michael Worobey) из Аризонского университета (Arizona State University): «Систематический надзор за патогенными микроорганизмами находится в пределах нашей досягаемости, он все еще недооценен и недостаточно финансируется по сравнению с масштабами угрозы» [7]. Если мы хотим достичь момента, когда потоки информации о патогенах, окружающей среде и цифровых данных интегрируются в глобальную систему наблюдения, нам нужно осознать, что общественное здравоохранение и сопутствующие данные принадлежат обществу и находятся за его пределами. Только открытость и доступность информации позволит нам бороться с патогенами, с которыми мы делим планету».

Заключение

Таким образом, история становления эпидемиологического надзора за рубежом как системы непрерывного наблюдения за опасными инфекционными болезнями прошла долгий путь, начиная от составления первых отчётов о заболеваемости населения, предложенных Уильямом Фарром в XIX в. до формирования (в середине XX и актуальных на сегодняшний день) строгой концепции и основных принципов его реализации, связанных с именем главного эпидемиолога CDC Александра Дункана Ленгмюра. Разработанные программы эпиднадзора позволили эффективно противодействовать распространению опасных инфекций, уносящих тысячи людских жизней – полиомиелиту, гриппу, малярии, оспе и жёлтой лихорадке.

В настоящее время надзорная деятельность на территории большинства зарубежных стран осуществляется с использованием двух основных подходов – индикаторов (IBS) и сигнальных событий (EBS), значительная роль при этом отводится активному межведомственному сотрудничеству и широкому использованию современных информационных технологий.

При этом ряд вопросов в организации системы эпиднадзора за рубежом по-прежнему остается нерешенным. Основной из них связан с необходимостью оптимизации алгоритма взаимодействия организаций различной ведомственной принадлежности (учреждений Министерств здравоохранения, юрисдикций и т.д.), участвующих в практической реализации надзорных мероприятий. Решение этой проблемы в значительной мере осложняется отсутствием за рубежом единой государственной санитарно-эпидемиологической службы. Кроме того, уровень и проведение надзорной деятельности во многих развивающихся странах в настоящее время оцениваются как неудовлетворительные.

На сегодняшний день значительное внимание за рубежом уделяется разработке комплексных инструментов эпиднадзора на основе сочетания геномной диагностики и эпидемиологии с инновационными цифровыми платформами. Решение этой задачи проводится в рамках работы таких проектов как «Единое здоровье» (One Health) и PREDICT. Дальнейшее развитие этого направления позволит не только своевременно реагировать на возникающие угрозы эпидемиологического характера, но способствовать созданию в будущем глобальной системы эпиднадзора за патогенами в режиме реального времени, основанной на «синдромном» подходе, данных геномики и современных информационных технологий. Однако достижение этой цели возможно только в условиях тесного партнёрства, открытости информации, оперативного и беспрепятственного обмена данными на мировом уровне.

Список литературы

1. 200 лет со дня рождения Уильяма Фарра. Электронная версия бюллетеня Население и общество. Институт демографии Государственного университета – Высшей школы экономики. 2007; 307-308. <https://www.demoscope.ru/weekly/2007/0307/nauka01.php> (дата обращения 14.08.2025).
2. Availability of Electronic MMWR on Internet. Morbidity and Mortality Weekly Report. 1995;44(3):48-50. <http://www.jstor.org/stable/23304742>
3. Beebeejaun K., Elston J., Oliver I. et al. Evaluation of National Event-Based Surveillance, Nigeria, 2016-2018. *Emerg Infect Dis.* 2021;27(3):694-702. doi:10.3201/eid2703.200141
4. Brownstein J.S., Freifeld C.C., Madoff L.C. Digital disease detection-harnessing the Web for public health surveillance. *N Engl J Med.* 2009;360(21):2153-2157. doi:10.1056/NEJMp0900702
5. Brownstein J.S., Freifeld C.C., Reis B.Y., Mandl K.D. Surveillance Sans Frontières: Internet-based emerging infectious disease intelligence and the HealthMap project. *PLoS Med.* 2008;5(7):e151. doi:10.1371/journal.pmed.0050151
6. Buckee C.O., Cardenas M.I.E., Corpuz J. et al. Productive disruption: opportunities and challenges for innovation in infectious disease surveillance. *BMJ Glob Health.* 2018;3(1):e000538. Published 2018 Feb 19. doi:10.1136/bmjgh-2017-000538
7. Carroll D., Daszak P., Wolfe N.D. et al. The Global Virome Project. *Science.* 2018;359(6378):872-874. doi:10.1126/science.aap7463
8. Castro-Wallace S.L., Chiu C.Y., John K.K. et al. Nanopore DNA Sequencing and Genome Assembly on the International Space Station. *Sci Rep.* 2017;7(1):18022. Published 2017 Dec 21. doi:10.1038/s41598-017-18364-0
9. Centers for Disease Control (CDC). Guidelines for evaluating surveillance systems. *MMWR Suppl.* 1988;37(5):1-18.
10. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Foodborne botulism from eating home-pickled eggs--Illinois, 1997. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2000;49(34):778-780
11. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Increased antiviral medication sales before the 2005-06 influenza season-New York City. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2006;55(10):277-279.
12. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Introduction to Table V. Premature deaths, monthly mortality, and monthly physician contacts-United States. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 1997;46(24):556-561
13. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Serogroup W-135 meningococcal disease among travelers returning from Saudi Arabia-United States, 2000. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2000;49(16):345-346
14. Centers for Disease Control. Manual of procedures for national morbidity reporting and public health surveillance activities. Atlanta: CDC; 1985. [https://www.ajpmonline.org/article/S0749-3797\(11\)00674-X/abstract](https://www.ajpmonline.org/article/S0749-3797(11)00674-X/abstract) (дата обращения 14.08.2025)
15. Chin C.S., Sorenson J., Harris J.B. et al. The origin of the Haitian cholera outbreak strain. *N Engl J Med.* 2011;364(1):33-42. doi:10.1056/NEJMoa1012928
16. Chunara R., Andrews J.R., Brownstein J.S. Social and news media enable estimation of epidemiological patterns early in the 2010 Haitian cholera outbreak. *Am J Trop Med Hyg.* 2012;86(1):39-45. doi:10.4269/ajtmh.2012.11-0597
17. Collins S.D. Excess mortality from causes other than influenza and pneumonia during influenza epidemics. *Public Health Rep* 1932;47:2159-80.1932;47:2159-80.
18. Crozier I. Mapping a Filoviral Serologic Footprint in the Democratic Republic of the Congo: Who Goes There?. *J Infect Dis.* 2018;217(4):513-515. doi:10.1093/infdis/jix620
19. Dato V., Wagner M.M., Fapohunda A. How outbreaks of infectious disease are detected: a review of surveillance systems and outbreaks. *Public Health Rep.* 2004;119(5):464-471. doi:10.1016/j.phr.2004.07.003

20. Deurenberg R.H., Bathoorn E., Chlebowicz M.A., et al. Application of next generation sequencing in clinical microbiology and infection prevention. *J Biotechnol.* 2017;243:16-24. doi:10.1016/j.jbiotec.2016.12.022
21. Dudas G., Carvalho L.M., Bedford T. et al. Virus genomes reveal factors that spread and sustained the Ebola epidemic. *Nature.* 2017;544(7650):309-315. doi:10.1038/nature22040.
22. Dudas G., Carvalho L.M., Rambaut A., Bedford T. MERS-CoV spillover at the camel-human interface. *Elife.* 2018;7:e31257. Published 2018 Jan 16. doi:10.7554/eLife.31257
23. Edwards A., Soares A., Rassner S.M.E, Green P., Félix J., Mitchell A.C. Deep sequencing: intra-terrestrial metagenomics illustrates the potential of off-grid Nanopore DNA sequencing. 2017. bioRxiv preprint. doi: <https://doi.org/10.1101/133413>.
24. Edwards A., Debbonaire A.R., Sattler B., Mur L.A. & Hodson A.J. Extreme metagenomics using nanopore DNA sequencing: a field report from Svalbard, 78 N. 2016. bioRxiv preprint. doi: <https://doi.org/10.1101/073965>.
25. Faria N.R., Quick J., Claro I.M. et al. Establishment and cryptic transmission of Zika virus in Brazil and the Americas. *Nature.* 2017;546(7658):406-410. doi:10.1038/nature22401
26. Faria N.R., Sabino E.C., Nunes M.R., Alcantara L.C., Loman N.J., Pybus O.G. Mobile real-time surveillance of Zika virus in Brazil. *Genome Med.* 2016;8(1):97. Published 2016 Sep 29. doi:10.1186/s13073-016-0356-2
27. Freifeld C.C., Mandl K.D., Reis B.Y., Brownstein J.S. HealthMap: global infectious disease monitoring through automated classification and visualization of Internet media reports. *J Am Med Inform Assoc.* 2008;15(2):150-157. doi:10.1197/jamia.M2544
28. Gardy J.L., Loman N.J. Towards a genomics-informed, real-time, global pathogen surveillance system. *Nat Rev Genet.* 2018;19(1):9-20. doi:10.1038/nrg.2017.88
29. Gire S.K., Goba A., Andersen K.G. et al. Genomic surveillance elucidates Ebola virus origin and transmission during the 2014 outbreak. *Science.* 2014;345(6202):1369-1372. doi:10.1126/science.1259657
30. Hardy A. 'Death is the cure of all diseases': using the General Register Office cause of death statistics for 1837-1920. *Soc Hist Med.* 1994;7(3):472-492. doi:10.1093/shm/7.3.472
31. Heffernan R., Mostashari F., Das D., Karpati A., Kulldorff M., Weiss D. Syndromic surveillance in public health practice, New York City. *Emerg Infect Dis.* 2004;10(5):858-864. doi:10.3201/eid1005.030646.
32. Hoenen T., Groseth A., Rosenke K. et al. Nanopore Sequencing as a Rapidly Deployable Ebola Outbreak Tool. *Emerg Infect Dis.* 2016;22(2):331-334. doi:10.3201/eid2202.151796
33. Holmes E.C., Rambaut A., Andersen K.G. Pandemics: spend on surveillance, not prediction. *Nature.* 2018;558(7709):180-182.
34. Housworth J., Langmuir A.D. Excess mortality from epidemic influenza, 1957-1966. *Am J Epidemiol.* 1974;100(1):40-48. doi:10.1093/oxfordjournals.aje.a112007
35. Jain M., Olsen H.E., Paten B., Akeson M. The Oxford Nanopore MinION: delivery of nanopore sequencing to the genomics community. *Genome Biol.* 2016;17(1):239. Published 2016 Nov 25. doi:10.1186/s13059-016-1103-0
36. Johnson S.S., Zaikova E., Goerlitz D.S., Bai Y., Tighe S.W. Real-Time DNA Sequencing in the Antarctic Dry Valleys Using the Oxford Nanopore Sequencer. *J Biomol Tech.* 2017;28(1):2-7. doi:10.7171/jbt.17-2801-009
37. Katzelnick L.C., Gresh L., Halloran M.E. et al. Antibody-dependent enhancement of severe dengue disease in humans. *Science.* 2017;358(6365):929-932. doi:10.1126/science.aan6836
38. Kuh D., Ben-Shlomo Y., Lynch J., Hallqvist J., Power C. Life course epidemiology. *J Epidemiol Community Health.* 2003;57(10):778-783. doi:10.1136/jech.57.10.778
39. Langmuir A.D. The surveillance of communicable diseases of national importance. *N Engl J Med.* 1963;268:182-192. doi:10.1056/NEJM196301242680405

40. Langmuir A.D. William Farr: founder of modern concepts of surveillance. *Int J Epidemiol.* 1976;5(1):13-18. doi:10.1093/ije/5.1.13
41. Leung R., Munoz M. Vaccination Compliance and the US Measles Epidemic. *JAMA Pediatr.* 2015;169(9):876-877. doi:10.1001/jamapediatrics.2015.1530
42. Lilienfeld D.E. «The greening of epidemiology»: sanitary physicians and the London Epidemiological Society (1830-1870). *Bull Hist Med.* 1978;52(4):503-528. PMID: 383178
43. Lilienfeld D.E. Celebration: William Farr (1807–1883) – an appreciation on the 200th anniversary of his birth. *Int. J. Epidemiol.* 2007; 36 (5): 985–7. <https://doi.org/10.1093/ije/dym132>
44. Loman N.J., Misra R.V., Dallman T.J. et al. Performance comparison of benchtop high-throughput sequencing platforms. *Nat Biotechnol.* 2012;30(5):434-439. doi:10.1038/nbt.2198
45. Majumder M.S., Cohn E.L., Mekaru S.R., Huston J.E., Brownstein J.S. Substandard vaccination compliance and the 2015 measles outbreak. *JAMA Pediatr.* 2015;169(5):494-495. doi:10.1001/jamapediatrics.2015.0384
46. Majumder M.S., Nguyen C.M., Cohn E.L., Hsuen Y., Mekaru S.R., Brownstein J.S. Vaccine compliance and the 2016 Arkansas mumps outbreak. *Lancet Infect Dis.* 2017;17(4):361-362. doi:10.1016/S1473-3099(17)30122-6
47. McDonald C.J., Overhage J.M., Barnes M. et al. The Indiana network for patient care: a working local health information infrastructure. An example of a working infrastructure collaboration that links data from five health systems and hundreds of millions of entries. *Health Aff (Millwood).* 2005;24(5):1214-1220. doi:10.1377/hlthaff.24.5.1214
48. McIntyre A.B.R., Rizzardi L., Yu A.M. et al. Nanopore sequencing in microgravity. *NPJ Microgravity.* 2016;2:16035. Published 2016 Oct 20. doi:10.1038/npjmgrav.2016.35
49. Metcalf C.J., Farrar J., Cutts F.T. et al. Use of serological surveys to generate key insights into the changing global landscape of infectious disease. *Lancet.* 2016;388(10045):728-730. doi:10.1016/S0140-6736(16)30164-7
50. Metsky H.C., Matranga C.B., Wohl S. et al. Zika virus evolution and spread in the Americas. *Nature.* 2017;546(7658):411-415. doi:10.1038/nature22402
51. Nathanson N., Alexander E.R. Infectious Disease Epidemiology. *Am J Epidemiol.* 1996;144(8 Suppl):S34-S38. doi:10.1093/aje/144.supplement_8.s34
52. Nathanson N., Langmuir A.D. The Cutter incident. Poliomyelitis following formaldehyde-inactivated poliovirus vaccination in the United States during the Spring of 1955. II. Relationship of poliomyelitis to Cutter vaccine. *Am J Hyg.* 1963;78:29-60. doi:10.1093/oxfordjournals.aje.a120328
53. Offit P.A. The Cutter incident, 50 years later. *N Engl J Med.* 2005;352(14):1411-1412. doi:10.1056/NEJMp048180
54. Olsen S.J., MacKinnon L.C., Goulding J.S., Bean N.H., Slutsker L. Surveillance for foodborne-disease outbreaks--United States, 1993-1997. *MMWR CDC Surveill Summ.* 2000;49(1):1-62
55. Otu A., Ameh S., Osifo-Dawodu E., Alade E., Ekuri S., Idris J. An account of the Ebola virus disease outbreak in Nigeria: implications and lessons learnt. *BMC Public Health.* 2017;18(1):3. Published 2017 Jul 10. doi:10.1186/s12889-017-4535-x
56. Ou C.Y., Ciesielski C.A., Myers G. et al. Molecular epidemiology of HIV transmission in a dental practice. *Science.* 1992;256(5060):1165-1171. doi:10.1126/science.256.5060.1165
57. Paez-Espino D., Elie-Fadrosh E.A., Pavlopoulos G.A. et al. Uncovering Earth's virome. *Nature.* 2016;536(7617):425-430. doi:10.1038/nature19094.
58. Perkins B.A., Flood J.M., Danila R. et al. Unexplained deaths due to possibly infectious causes in the United States: defining the problem and designing surveillance and laboratory approaches. The Unexplained Deaths Working Group. *Emerg Infect Dis.* 1996;2(1):47-53. doi:10.3201/eid0201.960106
59. Quick J., Grubaugh N.D., Pullan S.T. et al. Multiplex PCR method for MinION and Illumina sequencing of Zika and other virus genomes directly from clinical samples. *Nat Protoc.* 2017;12(6):1261-1276. doi:10.1038/nprot.2017.066

60. Quick J., Loman N.J., Duraffour S. et al. Real-time, portable genome sequencing for Ebola surveillance. *Nature*. 2016;530(7589):228-232. doi:10.1038/nature16996.
61. Raska K. National and international surveillance of communicable diseases. *WHO Chron*. 1966;20(9):315-321
62. Reingold A. If syndromic surveillance is the answer, what is the question? *Biosecure Bioterror*. 2003;1(2):77-81. doi:10.1089/153871303766275745
63. Scarpino S.V., Iamarino A., Wells C. et al. Epidemiological and viral genomic sequence analysis of the 2014 ebola outbreak reveals clustered transmission. *Clin Infect Dis*. 2015;60(7):1079-1082. doi:10.1093/cid/ciu1131.
64. Serfling R.E. Methods for current statistical analysis of excess pneumonia-influenza deaths. *Public Health Rep* 1963;78: 494-506
65. Stroup D.F., Wharton M., Kafadar K., Dean A.G. Evaluation of a method for detecting aberrations in public health surveillance data. *Am J Epidemiol*. 1993;137(3):373-380. doi:10.1093/oxfordjournals.aje.a116684
66. Stroup D.F., Williamson G.D., Herndon J.L., Karon J.M. Detection of aberrations in the occurrence of notifiable diseases surveillance data. *Stat Med*. 1989;8(3):323-332. doi:10.1002/sim.4780080312
67. Terry L.L. The association of cases of Poliomyelitis with the use of Type III Oral Poliomyelitis Vaccines. Washington, DC: US Department of Health, Education, and Welfare; 1962.
68. Thacker S.B., Gregg M.B. Implementing the concepts of William Farr: the contributions of Alexander D. Langmuir to Public Health Surveillance and Communications. *Am J Epidemiol*. 1996;144(8 Suppl):S23-S28. doi:10.1093/aje/144.supplement_8.s23
69. The Notifiable Diseases: Prevalence during 1924 in States. *Public Health Reports* (1896-1970). 1925;40(51):2741-831. <http://www.jstor.org/stable/4577735>
70. The surveillance of communicable diseases. *WHO Chron*. 1968;22(10):439-444.
71. Tsui F.C., Espino J.U., Dato V.M., Gesteland P.H., Hutman J., Wagner M.M. Technical description of RODS: a real-time public health surveillance system. *J Am Med Inform Assoc*. 2003;10(5):399-408. doi:10.1197/jamia.M1345
72. US Agency for International Development. Emerging Pandemic Threats Program. <https://www.usaid.gov/ept2>. Accessed July 30, 2018 (дата обращения 30.08.2018)
73. Usman R., Bakare L., Akpan U.O. et al. Establishing event-based surveillance system in Nigeria: a complementary information generating platform for improved public health performance, 2016. *Pan Afr Med J*. 2022;42:63. Published 2022 May 24. doi:10.11604/pamj.2022.42.63.29621
74. Wagner M.M., Robinson J.M., Tsui F.C., Espino J.U., Hogan W.R. Design of a national retail data monitor for public health surveillance. *J Am Med Inform Assoc*. 2003;10(5):409-418. doi:10.1197/jamia.M1357
75. Wikan N., Smith D.R. Zika virus: history of a newly emerging arbovirus. *Lancet Infect Dis*. 2016;16(7):e119-e126. doi:10.1016/S1473-3099(16)30010-X
76. Wilson M.R., Naccache S.N., Samayoa E. et al. Actionable diagnosis of neuroleptospirosis by next-generation sequencing. *N Engl J Med*. 2014;370(25):2408-2417. doi:10.1056/NEJMoa1401268
77. Wilson M.R., Shanbhag N.M., Reid M.J. et al. Diagnosing Balamuthia mandrillaris Encephalitis With Metagenomic Deep Sequencing. *Ann Neurol*. 2015;78(5):722-730. doi:10.1002/ana.24499
78. World Health Organization. Western Pacific Region. A guide to establishing eventbased surveillance. 2008. P. 21 <https://www.who.int/publications/i/item/9789290613213> (дата обращения 14.08.2025)
79. Yu V.L., Madoff L.C. ProMED-mail: an early warning system for emerging diseases. *Clin Infect Dis*. 2004;39(2):227-232. doi:10.1086/422003.

Глава 10. ОПЫТ РЕАГИРОВАНИЯ НА ВСПЫШКИ ИНФЕКЦИОННЫХ БОЛЕЗНЕЙ ЗА РУБЕЖОМ

На сегодняшний день, несмотря на величайшие открытия и достигнутый прогресс в области различных медицинских исследований (в том числе разработке многочисленных антибактериальных и вакцинных препаратов), инфекционные заболевания по-прежнему являются глобальной проблемой для мирового здравоохранения. Так, за последние двадцать лет человечество столкнулось с несколькими крупнейшими эпидемиями опасных вирусных инфекций – лихорадки Эбола, атипичной пневмонии (SARS), птичьего и свиного гриппа, Ближневосточного респираторного синдрома (MERS) и новой коронавирусной инфекции (COVID-19).

Помимо непосредственной угрозы жизни и здоровью значительного числа людей, каждая вспышка также влечёт за собой выраженные негативные экономические и социальные последствия [3].

В связи с этим реагирование на каждый случай массового возникновения инфекционных заболеваний людей должно быть немедленным и комплексным. За рубежом одним из основных документов, определяющих проведение противоэпидемических мероприятий, в настоящее время являются Рекомендации Коллегии Евразийской экономической комиссии от 05.04.2022 № 12 «О Санитарно-эпидемиологических рекомендациях, регламентирующих согласованный алгоритм реагирования на вспышки инфекционных заболеваний».

Основную позицию занимает санитарно-эпидемиологический надзор. Его функционирование, кроме мероприятий мониторинга и контроля для предотвращения вспышечной заболеваемости населения, также предусматривает организацию оперативного информирования и выявление людей, контактировавших с заболевшими.

Лабораторный сектор включает в себя:

- оценку возможностей лабораторного тестирования на наличие возбудителя инфекционного заболевания;
- транспортировку и непосредственное проведение лабораторных исследований клинического и других видов материала;

- управление полученными результатами (анализ, хранение, передача и т.д.).

Координация и оперативное реагирование на чрезвычайные ситуации санитарно-эпидемиологического характера предусматривает:

- координацию мер оперативного реагирования;
- развитие и создание резервного потенциала систем логистики органов государственного санитарно-эпидемиологического надзора (контроля) и здравоохранения;
- планирование мероприятий по оперативному реагированию и мобилизацию материальных ресурсов;
- формирование групп быстрого реагирования.

Коммуникация и привлечение общественности включает в себя:

- привлечение средств массовой информации;
- информирование населения о возникших эпидемиологических рисках;
- привлечение общественности к реализации профилактических мер.

Заключительное направление – непосредственное ведение случаев инфекционного заболевания и выполнение профилактических мероприятий включает:

- своевременное обнаружение и лечение заболевших лиц;
- введение ограничительных мероприятий;
- организацию и выполнение мер специфической (вакцинации населения) и неспецифической профилактики;
- уничтожение переносчиков, носителей и резервуаров патогенных микроорганизмов.

Проект «Глобальный индекс безопасности в сфере здравоохранения» (GHS Index) провел первую в своем роде всестороннюю оценку готовности 195 стран, подписавших Международные медико-санитарные правила (ММСП, 2005 г.), к реагированию на угрозы в области здравоохранения [12].

Главной задачей индекса GHS является создание фундаментального ресурса, отражающего финансовые затруднения при проведении мероприятий, обеспечивающих реагирование на глобальные биологические угрозы и готовность к возникновению осложнений эпидемиологической ситуации [15].

Предполагается, что вычисление индекса GHS повысит в будущем не только эффективность мер безопасности в области здравоохранения, но и международные возможности по противодействию опасным инфекционным болезням, способным вызвать пандемии в глобальном масштабе.

Для расчёта индекса GHS используется набор официально опубликованных открытых сведений, определённый Международной консультативной группой экспертов. Исходные сведения были получены из документации Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ), данных Международного эпизоотического бюро, законодательных актов и положений, научных статей и результатов проведенных исследований.

Для проведения вычислений индекса GHS был разработан специальный чек-лист, содержащий 140 вопросов. Материалы опросника разделены на шесть категорий, которые, в свою очередь, охватывают 34 критерия (85 подкритериев). Такая детальная структура повышает объективность анализа возможностей различных стран в области предотвращения и ликвидации вспышек опасных инфекционных болезней (рисунок 19).

140 вопросов индекса GHS распределены по шести категориям:



Рисунок 19 – Классификация вопросов индекса GHS («Global Health Security Index» («Индекс GHS глобальный индекс безопасности в сфере здравоохранения», 2019)

При проведении анализа полученной информации особое внимание уделяется данным, позволяющим оценить не только общий потенциал страны, но и её готовность к реализации эффективных мер по локализации и ликвидации первичного очага инфекционного заболевания [5].

Опросник также содержит блок вопросов, позволяющих проанализировать регулярность и результативность мер. Наглядным примером служит проведение ежегодных учений, максимально имитирующих реальные условия.

Комплексные результаты вычислений (2021 г.) опубликованы на веб-ресурсе www.ghsindex.org в форме картографического отображения с оценочным ранжированием и детализированным описанием (рисунки 20-23).



Рисунок 20 – Стартовая страница сайта «Global Health Security Index» («Индекс GHS глобальный индекс безопасности в сфере здравоохранения») www.ghsindex.org

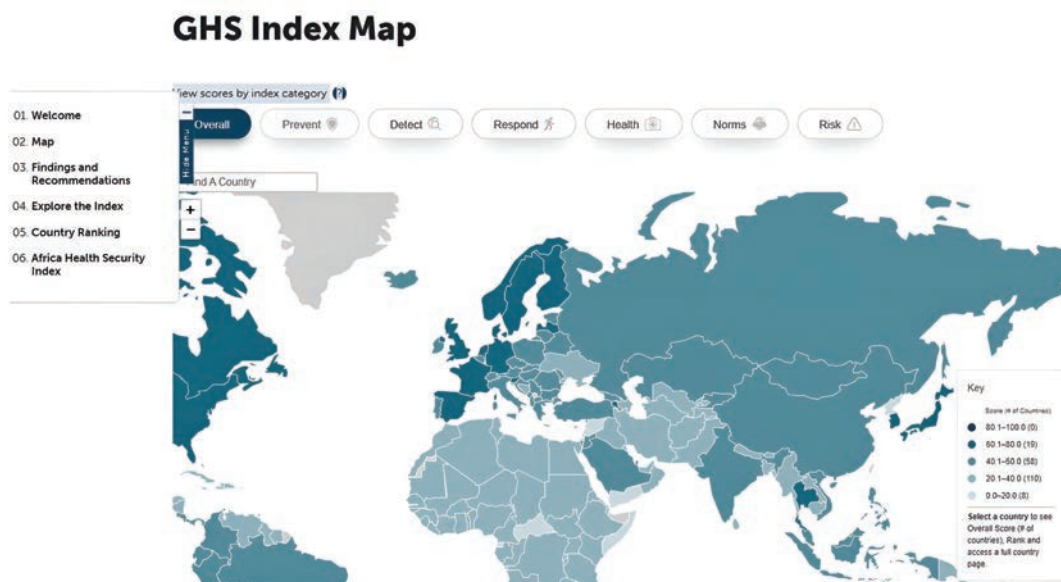


Рисунок 21 – Общая карта ранжирования стран по значениям индекса GHS www.ghsindex.org

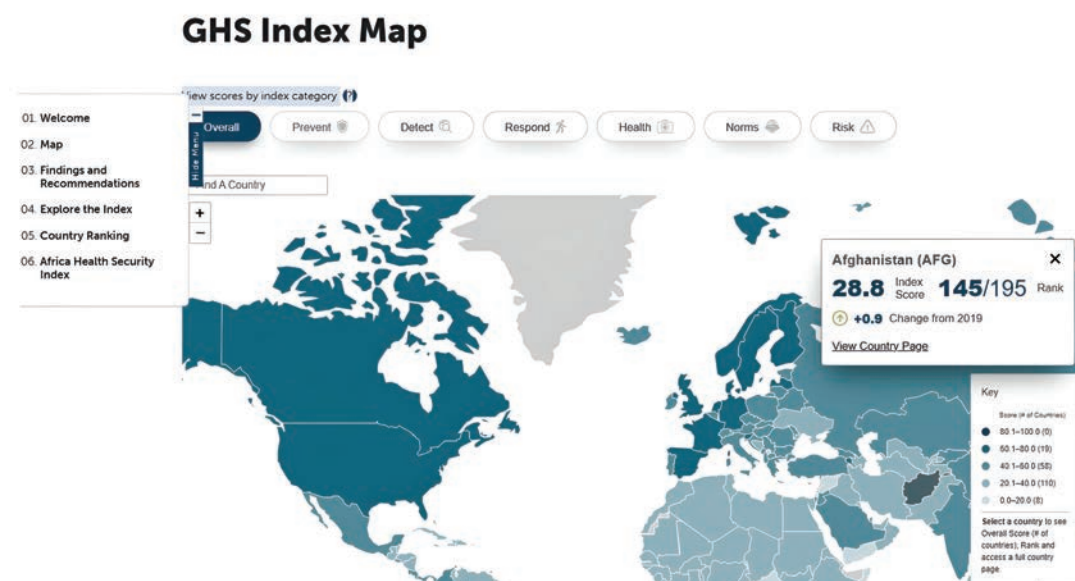


Рисунок 22 – Результаты определения индекса GHS и динамики его изменения для отдельной страны (на примере Афганистана) www.ghsindex.org

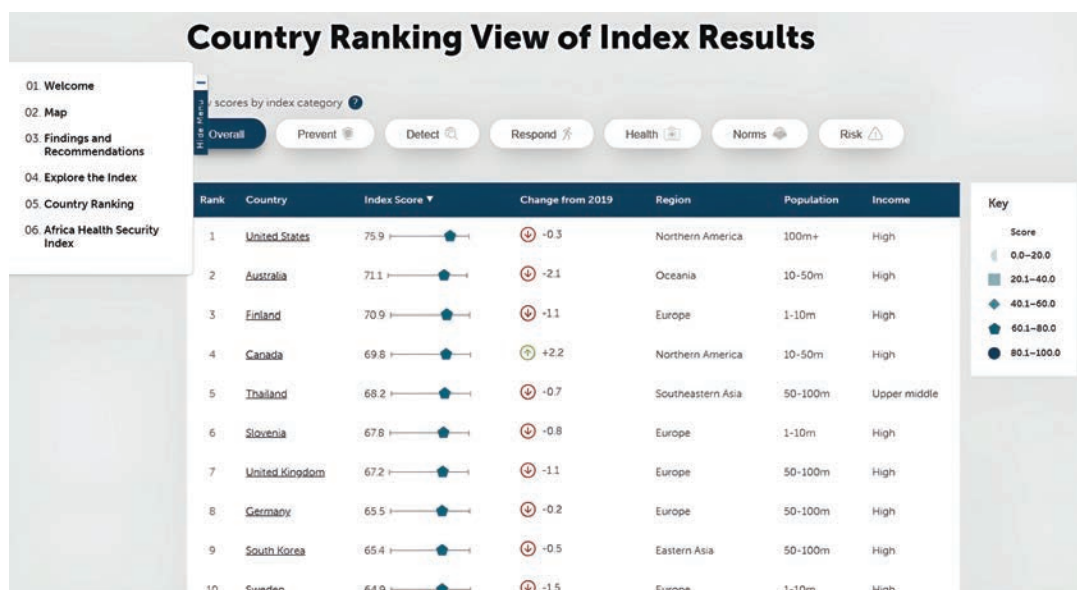


Рисунок 23 – Таблица рейтинга стран по значениям индекса GHS www.ghsindex.org

Согласно результатам исследования, средний показатель индекса GHS для 195 стран составил 40,2 балла. Для 60 стран, характеризующихся высоким уровнем дохода, была получена величина 51,9 балла. Кроме того, индексы 116 стран с высоким и средним уровнем дохода составили 50 баллов и ниже. Таким образом, полученные данные наглядно демонстрируют, что к полноценному противодействию эпидемиям и пандемиям опасных инфекционных болезней не готова ни одна из стран [4, 9, 13, 17].

Актуальны на сегодняшний день также разработка алгоритмов реагирования на изменения эпидемиологической ситуации с использованием цветовых схем, отражающих уровень опасности инфекционной болезни для здоровья населения, и рекомендации по соблюдению профилактических и противоэпидемических мероприятий на уровне отдельных стран. Особый интерес среди них представляет план управления чрезвычайными ситуациями биологического характера в области общественного здравоохранения в Сингапуре «Состояние системы реагирования на вспышки заболеваний» (Disease Outbreak Response System Condition, DORSCON) в виде цветовой маркировки. DORSCON был разработан сотрудниками Министерства здравоохранения в 2003 г. после вспышки SARS [19, 20]. В дальнейшем схема была оптимизирована с включением возможности учёта тяжести течения заболевания и его влияния на общественную деятельность. В настоящее время структура DORSCON состоит из 4 уровней, отражающих результаты ситуационного анализа общественного здравоохранения (Таблица 11).

Таблица 11 – Схема «Состояние системы реагирования на вспышки заболеваний (DORSCON)»

Уровень	Характер заболевания	Нозология	Влияние на повседневную жизнь	Рекомендации для общественности
Зеленый	Течение инфекционной болезни легкое или тяжелое, но ее контагиозность низкая	MERS, H7N9	Минимальное (рекомендации для путешественников, пограничный контроль)	- При появлении симптомов заболевания не покидать место проживания - Обеспечить соблюдение мер личной гигиены - Придерживаться установленных рекомендаций учреждений здравоохранения
Желтый	Инфекционная болезнь характеризуется тяжелым течением и значительной контагиозностью, но встречается за пределами Сингапура, или ее распространение происходит на территории Сингапура при преимущественно легком клиническом течении, сравнимом с сезонным гриппом.	H1N1	Незначительное (введение дополнительных ограничительных мер на пунктах пропуска и в медицинских организациях, а также рост числа пропусков работы и учебы)	Аналогичны желтому уровню

	В ряде случаев, особенно среди контингентов риска или при изоляции, возможно развитие тяжелых форм			
Оранжевый	Инфекционная болезнь высококонтагиозна и протекает преимущественно в тяжелой форме, но характерна для Сингапура и ее распространение сдерживают	SARS, COVID-19	Умеренное (карантин, температурный контроль, ограничения для посетителей в больницах)	- При появлении симптомов заболевания не покидать место проживания - Обеспечить соблюдение мер личной гигиены - Придерживаться установленных рекомендаций учреждений здравоохранения - Соблюдать меры контроля
Красный	Заболевание является тяжелым и широко распространяется		Серьезное (закрытие школ, заказы на работу на дому, значительное число летальных исходов)	- При появлении симптомов заболевания не покидать место проживания - Обеспечить соблюдение мер личной гигиены - Придерживаться установленных рекомендаций учреждений здравоохранения - Соблюдать меры контроля - Соблюдать социальное дистанцирование: избегать мест массового скопления людей

Данная проблема требует глобального подхода и эффективной координации действий на международном уровне, ведущую роль в реализации которых играет Всемирная организация здравоохранения (ВОЗ).

Вместе с тем ни одно государство, даже при наличии высокого экономического потенциала и технического уровня развития, не способно самостоятельно осуществлять борьбу с возникшей эпидемией. Для решения данной задачи в 2000 г. была создана система «Глобальная сеть оповещения и реагирования на вспышки» (Global Outbreak Alert and Response Network, GOARN) .

В ходе так называемых «полевых миссий» GOARN на территории различных стран проводила мероприятия по борьбе со вспышками опасных инфекционных болезней [6, 7, 14, 11, 10]. GOARN представляет собой сеть, состоящую из многочисленных общественных медицинских учреждений, лабораторий, научных и других организаций, деятельность которых направлена на изучение возбудителей инфекционных болезней, анализ рисков, связанных с

каждой нозологической формой, а также на укрепление глобальной мощности реагирования на них. На первоначальном этапе управление GOARN осуществлялось руководящим комитетом, состоящим из 20 представителей партнерских организаций сети и группы оперативной поддержки (Operational Support Team, OST), находящейся в структуре ВОЗ. На сегодняшний день эта система включает более 600 партнеров-учреждений.

С момента начала своей деятельности по настоящее время GOARN участвовала в ликвидации более чем 120 происшествий эпидемиологического характера в 85 странах с привлечением на места более 2300 экспертов

- желтая лихорадка и менингит в Африке (2000-2003 гг.);
- геморрагическая лихорадка Марбург в Анголе (2005 г.);
- холера в Зимбабве.

Следует особо отметить оперативные действия GOARN, направленные на локализацию вспышки SARS в Азии (2003 г.) О возникших в середине февраля первых случая заболевания в Китае GOARN была уведомлена 13 марта. Первая группа специалистов ВОЗ / GOARN прибыла в Гонконг и г. Ханой (Вьетнам) на следующий день. Эксперты в области эпидемиологии, микробиологии / вирусологии и инфекционному контролю работу в г. Пекине начали 25 марта. Сотрудники участвовали в проведении эпидемиологических расследований, в том числе в изучении самых ранних случаев атипичной пневмонии, оказывали практическую помощь медицинскому персоналу на местах. В дальнейшем специалисты GOARN также были задействованы в мероприятиях первоначального реагирования на SARS путем мобилизации полевых групп на территории других стран, а также в оперативной передаче получаемых результатов посредством телеконференций и использования защищенных веб-сайтов для обмена информацией с целью сдерживания эпидемии. В итоге совместных усилий к 5 июля вспышка была локализована, о чём было официально объявлено ВОЗ, а роль GOARN в этом была признана Всемирной ассамблеей здравоохранения на 56-й Ассамблее в резолюции WHA 56.29.

GOARN также приняла активное участие в организации мер по противодействию вспышке гриппа H1N1 в США и Мексике в 2009 г. Специалисты помогали Панамериканской организации здравоохранения (специализированному учреждению Организации Объединенных Наций (ООН), отвечающему за международное сотрудничество в области здравоохранения в Северной и Южной Америке) координировать и обмениваться информацией с Центром по контролю и профилактике заболеваний США (Centers for Disease Control and Prevention, CDC) и Агентством общественного здравоохранения Канады. Кроме того, GOARN оказывала консультативную помощь Региональному бюро ВОЗ для стран Тихого Океана (г. Манила, Филиппины) для организации профилактических мероприятий в Малайзии и Монголии, а также провела курс занятий с Региональным бюро ВОЗ для Восточного Средиземноморья (г. Каир, Египет).

Но особенно важна роль GOARN в борьбе с лихорадкой Эбола, продолжающаяся по настоящее время [16, 18]. Так, после сообщения о первых случаях

заболевания в Гвинее 23 марта 2014 г. Региональным бюро ВОЗ в Африке, оперативная группа уже через пять дней прибыла к месту возникновения вспышки. В дальнейшем эксперты регулярно направлялись в Западную Африку для оказания специализированной помощи, всего было задействовано более 895 человек, включая врачей, средний медицинский персонал, специалистов по лабораторной диагностике и других высококвалифицированных сотрудников.

Международный отдел инфекционного контроля (International Infection Control Branch, IICB) CDC осуществляет аналогичную деятельность, направленную на предотвращение и устранение осложнений эпидемиологической ситуации по опасным инфекционным болезням.

В течение предшествующего десятилетнего периода IICB принимал активное участие в реагировании на возникновение более чем двадцати вспышек заболеваний, представляющих потенциальную угрозу для жизни и здоровья населения:

- 2014-2016: лихорадка Эбола (Республиках Сьерра-Леоне, Либерия и Гвинея);

- 2015: MERS (Республика Корея, Саудовская Аравия);

- 2016: инфекционные заболевания, вызванные устойчивой к колистину и карбапенемам *Klebsiella Pneumoniae* (Индия) [8];

- 2017: лёгочная чума (Мадагаскар);

- 2017: инфекционные заболевания, вызванные *Acinetobacter baumannii* с множественной лекарственной устойчивостью (Республика Фиджи);

- 2018: инфекционные заболевания, ассоциированные со штаммами *Burkholderia cepacia*, характеризующимися устойчивостью ко многим лекарственным препаратам (Индия);

- 2018: лихорадка Ласса (Нигерия);

- 2018-2020: лихорадка Эбола (Демократическая Республика Конго);

- 2019: инфекционные заболевания, вызванные *Candida auris*, *Klebsiella pneumoniae* и *Pantoea agglomerans* (Республика Кения);

- 2020-2023: пандемия COVID-19;

- 2021: лихорадка Эбола (Демократическая Республика Конго, Гвинейская Республика);

- 2021-2022: Мрох (ряд стран);

- 2022: лихорадка Эбола (Республика Уганда).

Так, в 2022 г. специалисты IICB вместе с сотрудниками CDC в Уганде, Министерства здравоохранения и Института инфекционных заболеваний (IDI) при Университете Макерере (г. Кампала) во время вспышки лихорадки Эбола, начавшейся с осени в районе Мубенде, провели ряд профилактических и противоэпидемических мероприятий. Особое внимание при этом уделялось обучению медицинского персонала мерам предупреждения инфицирования от больных при оказании им медицинской помощи. В двухдневном практическом тренинге по применению средств индивидуальной защиты приняли уча-

ствие более 700 медицинских работников по всей республике, затем обучение было продолжено на местах посредством вебинаров.

При этом несмотря на достигнутые успехи, во многих странах отмечались низкая эффективность систем сбора и лабораторных исследований проб, а также применения полученных результатов для принятия управленческих решений, возникновение выраженных трудностей при обмене информацией.

Всемирная организация здравоохранения (ВОЗ) в сентябре 2021 г. инициировала создание Центра оперативно-аналитической информации по пандемиям и эпидемиям (Информационный центр ВОЗ).

С целью поддержания эпидемиологического благополучия на мировом уровне ВОЗ в 2023 г. приняла решение о создании Международной сети эпидемиологического надзора за патогенами (International Pathogen Surveillance Network, IPSN). Местом расположения данного учреждения стал город Берлин. Указанный Центр является составной частью Программы ВОЗ, направленной на реагирование на чрезвычайные ситуации в сфере здравоохранения. Центр продолжает функционировать в настоящее время, объединяя свыше 150 государств и шесть региональных бюро. Его основная задача – разработка эффективных инструментов сбора и анализа информации, а также предоставление оперативного доступа к данным для своевременного выявления, отслеживания и сдерживания угроз здоровью населения [1].

Геномика патогенных микроорганизмов в настоящее время – неотъемлемая часть мониторинга за возбудителями различных инфекционных болезней. Её решающая роль в обеспечении готовности и непосредственной борьбе с угрозами здоровью населения, а также при создании эффективных вакцинных препаратов была ярко продемонстрирована в период пандемии COVID-19. и инновационными идеями на межгосударственном уровне. IPSN в будущем предполагает решить эту проблему путём предоставления платформы для глобального сотрудничества и беспрепятственного доступа каждой страны к получаемым результатам передовых разработок в области геномного секвенирования для последующего создания лекарств и вакцин. Подобный подход, по мнению участников, позволит своевременно выявлять и реагировать на угрозы здоровью населения до того, как они достигнут уровня эпидемии или пандемии, а также оптимизировать эпидемиологический надзор за различными опасными инфекционными заболеваниями (гриппом, туберкулёзом, ВИЧ и т.д.).

IPSN при поддержке Секретариата Пандемического центра ВОЗ объединяет заинтересованные стороны через три ключевых оперативных органа. «Сообщества практиков» (Communities of Practice, COP) представляют собой площадку для коллективной разработки решений, направленных на преодоление общих вызовов. Данный формат способствует объединению усилий и опыта различных специалистов с целью поиска инновационных и эффективных подходов. «Ускоритель расширения масштабов деятельности стран» (Country Scale-Up Accelerator, CSUA) играет роль катализатора сотрудничества и обме-

на опытом между странами Юга. Этот механизм ориентирован на укрепление потенциала этих государств посредством совместных инициатив и передачи знаний. COPs и CSUA создаются с целью объединения организаций из разных секторов, уровней доходов и географических регионов, а также геномных данных. Третий орган – это Форум спонсоров, который призван обеспечивать финансирование деятельности геномного надзора за патогенами, в том числе за счёт предоставления грантов на исследования. Подробная информация по IPSN представлена в соответствующем разделе сайта ВОЗ (рисунок 24).

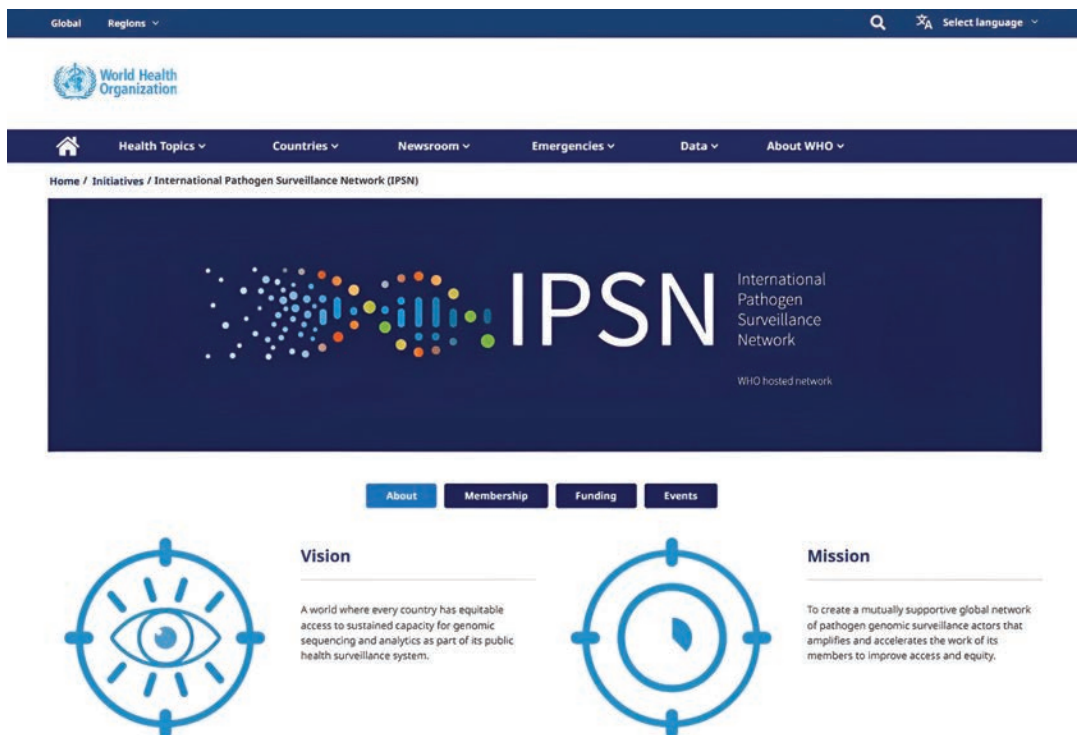


Рисунок 24 – Стартовая страница раздела IPSN сайта ВОЗ
<https://www.who.int/initiatives/international-pathogen-surveillance-network>

Презентация IPSN состоялась 20 мая 2023 г. в кулуарах 76 сессии ВОЗ в Женеве, а первый ежегодный форум глобальных партнеров (GPF) состоялся в октябре 2023 г. в Берлине, Германия.

Анализ систем оперативного реагирования на распространение инфекционных заболеваний в странах СНГ также представляет значительный интерес. Это обусловлено не только их уникальными социокультурными и экономическими условиями, но и тем, что многие из данных государств являются эндемичными по ряду особо опасных инфекционных болезней с природной очаговостью [2].

Мероприятия по борьбе с распространением опасных инфекционных заболеваний в Республике Казахстан регламентируются положениями кодекса «О здоровье народа и системе здравоохранения Республики Казахстан» (2009 г.). Органы Комитета санитарно-эпидемиологического контроля Министерства здравоохранения Республики Казахстан (КСЭК МЗ РК) вместе со своими региональными отделениями обеспечивают санитарный надзор и контрольные функции. В рамках своей деятельности они также реализуют комплекс профилактических мер, опираясь на лабораторную базу Национального центра экспертизы (НЦЭ). Данное взаимодействие позволяет эффективно осуществлять мониторинг санитарно-эпидемиологической обстановки и оперативно реагировать на возникающие угрозы. Научно-практический центр санитарно-эпидемиологической экспертизы и мониторинга (НПЦСЭЭМ) играет ключевую роль в проверке данных и обеспечении эффективного обмена информацией между организациями местного и республиканского уровней [2].

В Республике Казахстан функционируют девять противочумных станций. Референтным центром по мониторингу чумы и холеры является подведомственное Министерству здравоохранения Республиканское государственное предприятие «Национальный научный центр особо опасных инфекций имени Масгута Айкимбаева» (с действующей специализированной противоэпидемической бригадой (СПЭБ), координирующее деятельность противочумных учреждений. Межведомственное взаимодействие обеспечивает Комитет ветеринарного контроля и надзора министерства сельского хозяйства (МСХ), одна из основных функций которого – сбор данных о зарегистрированных случаях зоонозных болезней [2].

Схема оперативного оповещения при обнаружении больного с подозрением на особо опасную инфекцию (ООИ) в Республике Казахстан представлен на рисунке 25 [2].

При появлении потенциальной опасности распространения ООИ формируется межведомственная государственная комиссия по предупреждению и ликвидации возникших осложнений эпидемиологической ситуации и вводятся ограничительные меры, включая карантинные. В кратчайшие сроки создаётся штаб для устранения последствий чрезвычайной ситуации, ответственный за:

- проведение санитарно-противоэпидемических мероприятий;
- поддержание бесперебойной работы лабораторий НЦЭ и ННЦООИ;
- оперативное управление и согласованность работы государственных органов исполнительной власти в центре и на местах.

Кроме того, штаб также взаимодействует со средствами массовой информации для предоставления населению республики достоверных сведений о динамике эпидемиологической ситуации и реализации мероприятий, направленных на её улучшение [2].

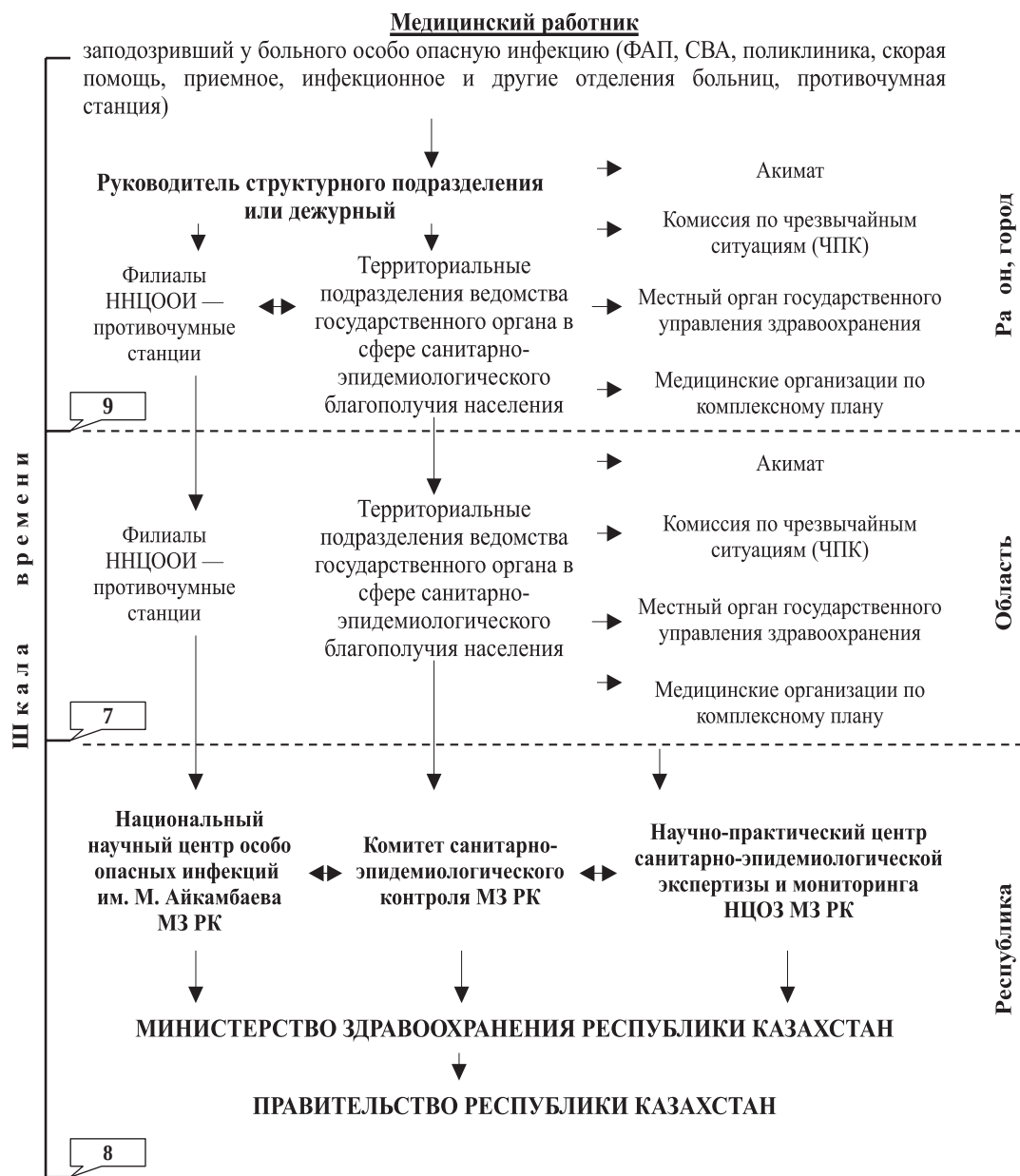


Рисунок 25 – Алгоритм экстренного информирования при обнаружении больного с подозрением на особо опасную инфекцию (ООИ) [2]

В Кыргызской республике обеспечение санитарно-эпидемиологического благополучия населения является задачей Службы общественного здравоохранения при Министерстве здравоохранения. Структура службы включает как республиканские, так и местные подразделения (рисунок 26) [2].

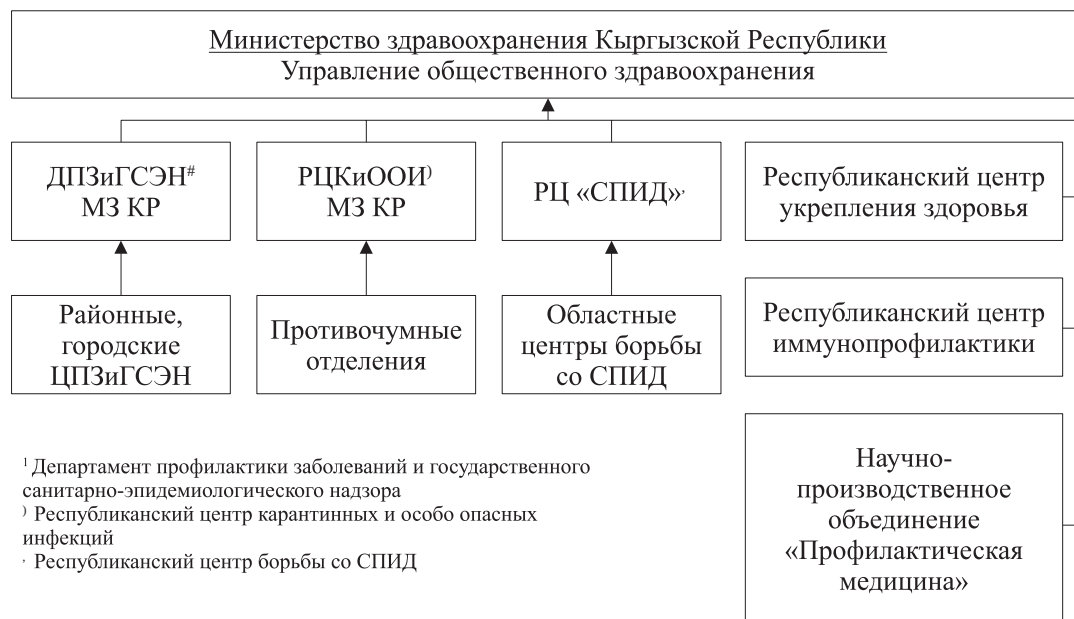


Рисунок 26 – Состав службы общественного здравоохранения Министерства здравоохранения в Кыргызской Республике [2]

Проведение мониторинга эпидемиологической ситуации осуществляется специалистами центров профилактики заболеваний и госсанэпиднадзора (ЦПЗиГСЭН). Информация о каждом случае ООИ оперативно направляется в Департамент профилактики заболеваний и госсанэпиднадзора (ДПЗиГСЭН). Информация о каждом подтвержденном или подозрительном случае опасных зоонозных инфекций оперативно направляется в Республиканский Центр карантинных и особо опасных инфекций (РЦКиООИ). Важным разделом деятельности данного центра также является осуществление систематического эпизоотологического обследования природных очагов чумы, расположенных на территории республики [2].

Кроме того, в Кыргызской республике разработаны и внедрены оперативные планы мероприятий для обеспечения незамедлительного противодействия возникающим вспышкам инфекционных заболеваний. Операционный центр по ЧС в области общественного здравоохранения (ЦЧС), укомплектованный многоотраслевыми бригадами быстрого реагирования, в течение 120 минут (при необходимости) может быть подготовлен для экстренного развёртывания и последующей полноценной работы.

В Республике Беларусь поддержание санитарно-эпидемиологического благополучия населения регламентируется постановлением Совета Министров Республики Беларусь от 10.04.2001 № 495 «О Государственной системе предупреждения и ликвидации чрезвычайных ситуаций» (ред. от 09.01.2023 № 13), а также положениями закона Республики Беларусь от 07.01.2012 № 340-з «О са-

нитарно-эпидемиологическом благополучии населения». Схема согласованной деятельности разных ведомств при чрезвычайных ситуациях и появлении биологической опасности для здоровья населения представлена на рисунке 27 [2].



Рисунок 27 – Состав системы реагирования при подозрении на случай появления больного особо опасной инфекцией в Республике Беларусь [2]

В структуре Министерства здравоохранения Республики Беларусь функционируют особые нештатные формирования оперативного реагирования. Их задача заключается в предоставлении неотложной медицинской помощи и реализации государственного санитарного контроля. Эти формирования включают в себя 149 групп санитарно-эпидемиологической разведки и шесть санитарно-эпидемиологических отрядов. Дополнительно в республиканском подчинении находятся девять специализированных противоэпидемических бригад [2].

Лаборатории на базе центров гигиены, эпидемиологии и общественного здоровья, получившие аккредитацию, проводят комплексные лабораторные анализы, направленные на идентификацию микроорганизмов, относящихся к I и II группам патогенности.

Республиканский научно-практический центр эпидемиологии и микробиологии играет центральную роль в предоставлении экспертной поддержки в области профилактических мер и устранения очагов инфекционных болезней. Благодаря функционированию лабораторий, соответствующих третьему

уровню биологической безопасности (BSL3), центр обладает возможностями для проведения исследовательских работ с возбудителями ООИ.

Контроль транспорта и граждан, пересекающих границу, осуществляется совместно сотрудниками санитарно-карантинных и пограничных служб в 36 пунктах пропуска.

Несмотря на наличие у стран СНГ значительных научных и прикладных ресурсов для противодействия вспышкам ООИ, необходимо дальнейшее расширение межгосударственного взаимодействия, включающего модернизацию оборудования и инфраструктуры, обучение специалистов, а также активизацию совместного выполнения научно-исследовательских проектов и проведения экспедиционных мероприятий [2].

В рамках реализации этой деятельности странам СНГ с 2015 по 2024 г. были переданы 27 мобильных лабораторий различного профиля. Осуществляется профессиональная переподготовка сотрудников специализированных организаций. В рамках международных и межгосударственных учений, группы оперативного реагирования государств-участников СНГ систематически повышают квалификацию и совершенствуют навыки на мобильных комплексах СПЭБ Роспотребнадзора. Обеспечивается оснащение необходимым оборудованием и снабжение реагентами для лабораторных исследований. Выполняются совместные проекты и программы по снижению риска возникновения эпидемических осложнений на территориях природных очагов и борьбе с другими ООИ (ВИЧ, корью и т.д.), а также молекулярно-генетическому мониторингу их возбудителей.

Межгосударственное сотрудничество, проводимое в рамках Координационного совета по проблемам санитарной охраны территорий государств – участников СНГ от завоза и распространения особо опасных инфекционных болезней, фактически позволило сформировать и обеспечить функционирование единой системы мониторинга и оперативного реагирования на ЧС в области общественного здравоохранения санитарно-эпидемиологического характера.

Заключение

Вспышки инфекционных болезней, уносившие жизни тысячи людей с древнейших времен, на сегодняшний день по-прежнему представляют собой глобальную проблему для мирового здравоохранения. Возникновение массовых случаев «возвращающихся» и новых инфекций, таких как лёгочная чума, холера, лихорадки Эбола, Ласса и Марбург, SARS, MERS и COVID-19, а также других чрезвычайных ситуаций санитарно-эпидемиологического характера, требуют немедленного проведения профилактических и противоэпидемических мер по их оперативной ликвидации и предупреждению в дальнейшем. Существующие в настоящее время системы и алгоритмы реагирования на вне-

запные осложнения эпидемиологической ситуации учитывают не только эндемичность территорий, но и глобальные миграционные потоки, транспортные связи, социокультурные и экономические особенности, а также специфический уклад жизни разных зарубежных государств. Согласно данным оценки расчётов GHS Index, отражающих уровень готовности стран к вспышкам инфекционных заболеваний, ни одно государство, включая страны с высоким уровнем экономического развития, не обладает достаточной подготовкой для самостоятельной борьбы с эпидемиями. Это подчёркивает необходимость международного сотрудничества и скоординированных усилий для эффективного противодействия биологическим угрозам. Значительная роль в решении этой задачи принадлежит Международному отделу инфекционного контроля CDC и Глобальной сети оповещения и реагирования на вспышки GOARN. Кроме того, с целью поддержания эпидемиологического благополучия на мировом уровне ведётся активная работа по созданию Международной сети эпидемиологического надзора за патогенами (International Pathogen Surveillance Network, IPSN) – для обеспечения сотрудничества и беспрепятственного доступа каждой страны к получаемым результатам передовых исследований в области геномного секвенирования, разработки лекарств и вакцин. Такой подход позволит своевременно выявлять и реагировать на угрозы здоровью населения до того, как они достигнут уровня эпидемии или пандемии.

Список литературы

1. Котов А.В. Итоги председательства Германии в «Группе семи»: экономический аспект. Научно-аналитический вестник Института Европы РАН. 2023;1(31):135-147. DOI: 10.15211/vestnikieran12023135147.
2. Кутырев В.В., Щербакова С.А., Карнаухов И.Г. и др. Система мониторинга и реагирования на чрезвычайные ситуации в области общественного здравоохранения санитарно-эпидемиологического характера в странах СНГ. Проблемы особо опасных инфекций. 2022;(3):95-106. DOI 10.21055/0370-1069-2022-3-95-106.
3. Холиков И. Распространение эпидемий, пандемий и массовых заболеваний как глобальный вызов современности. Пути к миру и безопасности. 2020;2(59):27-40. DOI: 10.20542/2307-1494-2020-2-27-40
4. Assefa Y., Hill P.S., Gilks C.F. et al. Global health security and universal health coverage: Understanding convergences and divergences for a synergistic response. PLoS One. 2020;15(12):e0244555. Published 2020 Dec 30. doi:10.1371/journal.pone.0244555
5. Boyd M., Baker M.G., Nelson C., Wilson N. The 2021 Global Health Security (GHS) Index: Aotearoa New Zealand's improving capacity to manage biological threats must now be consolidated. N Z Med J. 2022;135(1560):89-98. Published 2022 Aug 19. doi:10.26635/6965.5661
6. Burkle F.M. Jr. Global Health Security Demands a Strong International Health Regulations Treaty and Leadership From a Highly Resourced World Health Organization. Disaster Med Public Health Prep. 2015;9(5):568-580. doi:10.1017/dmp.2015.26
7. Christensen R., Fisher D., Salmon S., Drury P., Effler P. Training for outbreak response through the Global Outbreak Alert and Response Network. BMC Med. 2021;19(1):123. Published 2021 May 14. doi:10.1186/s12916-021-01996-5

8. Collins J., Biaukula V., Faktaufon D. et al. An outbreak investigation of paediatric severe acute respiratory infections requiring admission to intensive care units – Fiji, May 2016. *Western Pac Surveill Response J.* 2018;9(2):4-8. Published 2018 Jun 21. doi:10.5365/wpsar.2017.8.4.009
9. Durmuş V. Does the Public Health Security Capacity Provide Better Preparedness for Health Emergencies? A Cross-Sectional Analysis of 180 Countries During the COVID-19 Outbreak. *Disaster Med Public Health Prep.* 2022;17:e322. Published 2022 Dec 12. doi:10.1017/dmp.2022.292
10. Fisher D.A., Carson G. GOARN Steering Committee. Back to basics: the outbreak response pillars. *Lancet.* 2020;396(10251):598. doi:10.1016/S0140-6736(20)31760-8
11. Formenty P., Roth C., Gonzalez-Martin F., Grein T., Ryan M., Drury P., Kindhauser M.K., Rodier G. Les pathogènes émergents, la veille internationale et le Règlement sanitaire international (2005) [Emergent pathogens, international surveillance and international health regulations (2005)]. *Med Mal Infect.* 2006;36(1):9-15. doi: 10.1016/j.medmal.2005.06.009.
12. GHS Index <https://ghsindex.org/> (дата обращения 14.08.2025).
13. League A., Bangure D., Meyer M.J. et al. Assessing the impact of regional laboratory networks in East and West Africa on national health security capacities. *PLOS Glob Public Health.* 2023;3(5):e0001962. Published 2023 May 24. doi:10.1371/journal.pgph.0001962
14. Mackenzie J.S., Drury P., Arthur R.R. et al. The global outbreak alert and response network. *Glob Public Health.* 2014;9(9):1023-1039. doi:10.1080/17441692.2014.951870
15. Ravi S.J., Warmbrod K.L., Mullen L. et al. The value proposition of the Global Health Security Index. *BMJ Glob Health.* 2020;5(10):e003648. doi:10.1136/bmjgh-2020-003648
16. Reques L., Bolibar I., Chazelle E. et al. Evaluation of contact tracing activities during the Ebola virus disease outbreak in Guinea, 2015. *Int Health.* 2017;9(2):131-133. doi:10.1093/inthealth/ihx004
17. Rose S.M., Pattera M., Isaac C. et al. Analysing COVID-19 outcomes in the context of the 2019 Global Health Security (GHS) Index. *BMJ Glob Health.* 2021;6(12):e007581. doi:10.1136/bmjgh-2021-007581
18. Senga M., Koi A., Moses L. et al. Contact tracing performance during the Ebola virus disease outbreak in Kenema district, Sierra Leone. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 2017;372(1721):20160300. doi:10.1098/rstb.2016.0300
19. Sim W.S., Tan J.V., Zhang V.R., Chong G.S., Ku C.W., Tan K.H., Tan H.K., Yeo G.S., Tagore S. DORSCONorange: An approach to challenges in a busy Antenatal Diagnostic Centre in the midst of a global pandemic. *Ann Acad Med Singap.* 2020;49(9):677-683. doi: 10.47102/annals-acadmedsg.2020175.
20. Tan H.M.J., Tan M.S., Chang Z.Y. et al. The impact of COVID-19 pandemic on the health-seeking behaviour of an Asian population with acute respiratory infections in a densely populated community. *BMC Public Health.* 2021;21(1):1196. Published 2021 Jun 23. doi:10.1186/s12889-021-11200-1

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

На протяжении последних столетий в мире происходят глубокие изменения в возникновении, распространении и проявлении инфекционных заболеваний. В настоящее время главная причина этого – нарастающая глобализация во всех сферах жизни, оказывающая многогранное влияние как на среду обитания человека, так и на его адаптационные возможности.

Эпидемиологический прогноз на первую половину XXI века остается неблагоприятным. Крупные вспышки инфекций последних лет подтвердили концепцию появления новых и возвращающихся инфекционных заболеваний, которые уже привели к существенной трансформации глобальной политики и национальных программ в сфере общественного здравоохранения. Все более актуальным становится известный тезис «Инфекции не имеют границ», что требует тесного сотрудничества между странами и регионами.

Стабильную тенденцию к росту имеют масштабы глобальной миграции, расширяется её география. В докладе Международной организации по миграции (МОМ), опубликованном на официальном сайте 1 декабря 2021 года, говорится уже о 281 миллионе международных мигрантов. Это примерно 3,6 % населения планеты. Именно международная миграция и урбанизация рассматриваются как ключевые факторы, способствующие быстрому распространению нового коронавируса SARS-CoV-2 в мире.

По мере распространения глобализации и разрушения древних экосистем возрастает риск возникновения новых вариантов опасных патогенов, которые возникают у животных, но при определённых условиях (преодоление межвидового барьера, мутации) могут передаваться людям и быстро распространяться в человеческой популяции, создавая чрезвычайные эпидемические ситуации. В последнее время много внимания уделяют «Патогену (болезни) X» – теоретически неизвестному, гипотетическому, новому патогену, который вызовет новую эпидемию или пандемию.

В целом на основании литературных данных можно обозначить основные факторы, способствующие возникновению и распространению эмерджентных инфекций:

- социальные процессы – глобализация, рост численности населения, старение населения, урбанизация, бедность и социальное неравенство, конфликты, миграция, война и голод, а также нарушение реализации мер общественного здравоохранения;

- изменения климата – болезни, передаваемые комарами, клещами, по мере потепления климата все дальше распространяются на север на новые территории;

- экология – меняющиеся экосистемы, более активные контакты людей с носителями (дикие животные) и переносчиками (насекомые) инфекций;

- микробная адаптация – эволюция возбудителей инфекций и изменение патогенности или резистентности микроорганизмов.

Одним из важнейших событий, связанных с появлением новых вирусных заболеваний и возрождением известных, является генетическое изменение возбудителя, которое позволяет ему закрепиться в новом виде-хозяине. Распространение новых патогенов животных на людей включает в себя высокодинамичную комбинацию множества процессов, которые взаимодействуют между собой на разных уровнях. Хотя задействованные механизмы разнообразны, можно выделить главные с точки зрения взаимодействия микробного патогена и клетки-хозяина, которые способствуют передаче зоонозной инфекции, это – появление тропности к клеточным рецепторам и способность вируса животного подавлять врожденные иммунные реакции у людей.

Новые опасные вирусные инфекции, выявленные в течение последних 40 лет: вирус иммунодефицита человека (*HIV*), вирус гриппа птиц А (особенно H5N1), генипавирусы Хендра (*Hendra virus, HeV*) и Нипах (*Nipah virus, NiV*), вирусы семейства *Coronaviridae* – SARS-CoV-1, MERS-CoV, SARS-CoV-2. Последние имеют широкий круг хозяев с потенциалом дальнейшего расширения.

К недавно «возродившимся» инфекциям относятся оспа обезьян, болезнь, вызванная вирусом Марбург, Крымская геморрагическая лихорадка, лихорадка денге, жёлтая лихорадка, туберкулез, геморрагическая лихорадка Ласса, грипп А, скарлатина, дифтерия и многие другие инфекции, которые ранее значительно сократились или не регистрировались, а теперь в силу различных причин возникают вновь. Возрождение туберкулеза во многом связано с пандемией СПИДа, другими иммуносупрессивными состояниями (онкология, трансплантации, тяжелые хронические заболевания, наркозависимость), а также с формированием множественной лекарственной устойчивости у возбудителя. Рост заболеваемости инфекциями, передающимися половым путём (ИППП), может быть связан с изменением образа жизни, притоком мигрантов из неблагополучных по этим инфекциям территорий. Нельзя не упомянуть связанный с ослаблением (прекращением) иммунопрофилактики рост заболеваемости дифтерией в России в конце 80-х – начале 90-х годов; вспышку полиомиелита в Чеченской Республике в 1995 г.

Актуальная проблема – инфекционные патологии, вызываемые условно-патогенными микроорганизмами. В данную группу входят также оппортунистические заболевания, проявляющиеся, в частности, при ВИЧ-инфекции и других состояниях, связанных с ослаблением иммунитета. Исключительно большое значение в настоящее время во всем мире приобрела борьба с внутрибольничными инфекциями. Их основные возбудители (85% от общего числа) – УПМ: грамположительные кокки (эпидермальный и золотистый стафилококк, бета-гемолитический стрептококк, пневмококк, энтерококк) и грамотрицательные палочковидные бактерии (клебсиеллы, эшерихии, энтеробактерии, протей, псевдомонады и др.).

Понимание роли УПМ в патогенезе инфекций, особенно у пациентов группы риска (больные с иммунодефицитом), – ключевой элемент современной инфекционной безопасности и требует междисциплинарного подхода с участием врачей-инфекционистов, микробиологов, эпидемиологов и клинических фармакологов.

Отличительной чертой внутрибольничных инфекций, вызванных УПМ, является их устойчивость к лекарственным препаратам. В контексте сегодняшних вызовов в сфере охраны здоровья, борьба с антибиотикорезистентностью бактерий становится одной из самых важных задач, решение которой видится по нескольким направлениям. Во-первых, это интеграция в клиническую практику инновационных природных антибиотических препаратов и принципиально новых классов антимикробных средств с высокой эффективностью. Во-вторых, перспективным путем является химическая трансформация уже известных антибиотиков, что позволит улучшить их свойства и преодолеть резистентность. В-третьих, разработка ксенобиотиков, веществ, чуждых биологическим системам, что может стать альтернативным подходом. Кроме того, важным аспектом является создание целенаправленных систем доставки лекарств, которые обеспечат адресное воздействие на бактерии.

В последние годы вновь возрос интерес к бактериофагам как потенциальным антимикробным агентам. Однако для масштабного использования этих средств требуется решить вопрос быстрого появления в популяции бактерий резистентных к фагам вариантов.

Одним из ключевых методов изучения антибиотикорезистентности является непрерывный мониторинг. Большинство государств Евросоюза внедрили национальные и международные системы отслеживания устойчивости к антибиотикам. В Российской Федерации принята стратегия предупреждения распространения антимикробной резистентности на период до 2030 г.

Особый интерес сегодня вызывают сочетанные инфекции. Их изучение затруднено в связи с наличием нескольких одновременно протекающих инфекционных процессов. При сочетанных инфекциях организм человека и возбудители инфекций формируют сложную паразитарную систему, в которой

патогенные микроорганизмы взаимодействуют между собой и с макроорганизмом.

В большинстве природных очагов одновременно циркулируют несколько патогенных микроорганизмов. В научных публикациях представлены многочисленные сообщения о наличии сочетанных природных очагов различных инфекций как бактериальной, так и вирусной природы, выявлении маркеров возбудителей на одной территории и коинфекции в организме переносчиков и резервуарных хозяев патогенов. В организме клеща патогенные и эндосимбиотические микроорганизмы, вирусы, риккетсии, бактерии образуют своеобразный микробиоценоз. Антагонизм между разными возбудителями в организме клеща возникает редко.

Несмотря на повышенный интерес к проблеме сочетанности инфекционных болезней, в настоящее время отсутствует комплексный научный подход к изучению данной инфекционной патологии. Существует проблема с регистрацией заболеваемости, что требует стандартизации подходов к их диагностике и учету.

Окружающая внешняя среда представляет собой большую совокупность действующих на организм человека факторов, определяющих состояние его специфической и неспецифической реактивности, общего адаптационного ответа. В условиях интенсивного технологического влияния и ухудшения экологии иммунная, нервная и эндокринная системы играют ключевую роль в поддержании гомеостаза организма, определяя уровень адаптации.

Климатические изменения как в виде глобальных долгосрочных процессов, так и краткосрочных аномальных явлений закономерно вносят свой вклад в изменения в системе взаимодействия человек – патогенный микроорганизм. Это воздействие проявляется по следующим ключевым направлениям:

- эпидемиологическое: действие на численность и жизнедеятельность векторов и резервуаров возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней, их ареалы и заболеваемость населения;

- иммунологическое: нарушений функционирования иммунной системы в ответ на стрессовые факторы, снижение адаптационных возможностей организма;

- социальное: процессы, возникающие вследствие стихийных бедствий.

Современные изменения климата в основном отражают тренд к повышению температуры воздуха на уровне Земного шара. При этом максимальная интенсивность данного процесса наблюдается в нашей стране.

Наиболее отчетливо воздействие климатических факторов на интенсивность проявлений эпидемического процесса проявляется для зоонозных и природно-очаговых инфекций. Результаты многочисленных отечественных и зарубежных исследований подтверждают связь роста заболеваемости КВЭ, КГЛ, ЛЗН и ГЛПС с увеличением температуры воздуха, почвы, а также определяемых ими показателей влажности. Считается, что при потеплении климата

будет увеличиваться распространение таких инфекций как малярия, арбовирусные инфекции, лихорадка денге, жёлтая лихорадка, японский энцефалит и многих других.

Прогнозирование вспышек с использованием сезонных климатических прогнозов может помочь подготовить системы здравоохранения за несколько месяцев до периода повышенного риска вспышек заболеваний.

Санитарно-эпидемиологические службы в разных странах, несмотря на общность реализации международных принципов эпидемиологического надзора, характеризуются значительными отличиями их структурно-функциональной организации.

При этом главными отличиями организации деятельности эпидемиологического надзора за инфекционными болезнями за рубежом, по сравнению с Российской Федерацией, являются:

- отсутствие единой санитарно-эпидемиологической службы как органа исполнительной власти, осуществляющего функции по выработке и реализации государственной политики и нормативно-правовому регулированию в сфере защиты прав потребителей, разработке и утверждению государственных санитарно-эпидемиологических правил, а также по организации и осуществлению федерального государственного санитарно-эпидемиологического надзора;

- несмотря на наличие общепринятой структуры программ эпиднадзора, научно-обоснованной этапности, практическая реализация надзорных мероприятий на сегодняшний день зачастую сопряжена с определёнными трудностями, во многом обусловленными проблемами взаимодействия учреждений здравоохранения, наличия подготовленных кадров и уровня экономического развития страны в целом.

Помимо технических проблем с внедрением и развертыванием методов быстрого реагирования на вспышки заболеваний, основанных на геномике, сохраняются сложности с реализацией оперативного и беспрепятственного обмена данными.

Функционирование системы эпидемиологического надзора за инфекционными болезнями за рубежом с начала его становления (XIX в.) базируется на регулярной отчётности о заболеваемости. Проведение надзорных мероприятий на территории большинства зарубежных стран основано на использовании двух подходов – индикаторов (IBS) и сигнальных событий (EBS). Однако взаимодействие организаций различной ведомственной принадлежности, участвующих в реализации надзорной деятельности, осложняется отсутствием в зарубежном регионе единой государственной санитарно-эпидемиологической службы. Кроме того, осуществление эпидемиологического надзора за опасными инфекциями во многих развивающихся странах по-прежнему находится на неудовлетворительном уровне.

Пандемия COVID-19 вошла в историю как период чрезвычайной ситуации, представляющий угрозу национальной и международной безопасности. Опыт борьбы с её распространением и последствия, нанесенные мировому сообществу, указывают на уязвимость системы мирового реагирования, обусловленные неэффективностью международного сотрудничества – нескоординированной и замедленной реакцией на распространение инфекционного агента, недостаточным финансированием здравоохранения в целом и системы реагирования на распространение инфекций в частности, а также неравномерной доступностью диагностических инструментов, лекарств и вакцин.

В Российской Федерации были реализованы профилактические и противоэпидемические меры, основанные на проактивном «опережающем» подходе к реагированию, что позволило контролировать распространения COVID-19. Благодаря этому удалось создать так называемое «окно возможностей», которое дало шанс для оптимизации работы медицинской инфраструктуры. Это, в свою очередь, способствовало организации надлежащего медицинского обслуживания для населения и обеспечению целенаправленной защиты наиболее уязвимых групп.

На ранних стадиях пандемии в России начали проводить генетические исследования, направленные на анализ циркуляции геномных вариантов SARS-CoV-2. Эти исследования играют ключевую роль в эпидемиологическом мониторинге, позволяя оценить уровень контагиозности, вирулентности и антигенные свойства новых штаммов вируса.

Пандемия COVID-19 продемонстрировала технологическую независимость Российской Федерации в области диагностики возбудителей инфекционных болезней: 95% зарегистрированных ПЦР тест-систем в период пандемии COVID-19 были разработаны отечественными производителями.

Первой преградой на пути заноса и последующего распространения опасных инфекционных заболеваний на территории Российской Федерации является санитарно-карантинный контроль (СКК) на границе России.

В нашей стране разработана научно обоснованная система информатизации и цифровизации СКК – автоматизированная информационная система «Периметр» (АИС «Периметр»), позволяющая оценить риски, связанные с заносом опасных инфекционных болезней на всех санитарно-карантинных пунктах (СКП) страны.

Одним из перспективных подходов является разработка научно обоснованной методики эпидемиологического мониторинга с применением ГИС-технологий, учитывающей комплексную оценку региональных природных, социально-экономических особенностей и эпидемиологическую обстановку каждого региона страны.

С целью обеспечения геномного эпидемиологического надзора и исполнения постановлений Правительства Российской Федерации была создана платформа VGARus (Virus Genome Aggregator of Russia). Являясь Национальной

базой данных геномов возбудителей инфекционных болезней, указанный ресурс обеспечивает централизованный сбор геномных последовательностей вместе с данными эпидемиологического характера, предоставляя инструменты анализа загруженных геномов и выступая в качестве площадки для научно-организационного взаимодействия учреждений, осуществляющих молекулярно-генетический мониторинг возбудителей инфекционных болезней в рамках эпидемиологического надзора. В работе платформы широко используются облачные вычисления, нейронные сети и методы машинного обучения, что позволяет значительно повысить скорость биоинформационной обработки данных и точность анализа геномных и эпидемиологических данных.

Важную роль в системе мониторинга биологических угроз в Российской Федерации играют научно-исследовательские институты Роспотребнадзора и Министерства Здравоохранения, в том числе сеть противочумных институтов и противочумных станций. В настоящее время в стране, в соответствии с приказами Роспотребнадзора №1116 от 01.12.2017 и № 285 от 15.04.2024 г., сформирована развитая, иерархически согласованная сеть, состоящая из Референс-центров по мониторингу за возбудителями инфекционных и паразитарных заболеваний, Центров индикации возбудителей инфекционных болезней I-II групп патогенности, Научно-методических центров по мониторингу за возбудителями инфекционных и паразитарных болезней II-IV групп патогенности, Центров секвенирования для мониторинга изменчивости возбудителей инфекций. Специализированные противоэпидемические бригады Роспотребнадзора, оснащенные современными технологиями и компетентным персоналом, также играют важную роль в обеспечении санитарно-эпидемиологического благополучия как в стране, так и за ее пределами. Их опыт, включая участие в ликвидации последствий вооруженного конфликта в Южной Осетии и борьбу с лихорадкой Эбола в Западной Африке, демонстрирует высокую эффективность и адаптивность формирований.

Опережающий прогресс современных биомедицинских наук, включая геномные, постгеномные направления и биоинформатику, способствовали активному внедрению методов молекулярного анализа в эпидемиологию.

Вследствие внедрения научных достижений в литературе закрепилось понятие «геномный эпидемиологический надзор», представляющий собой комплексную систему мониторинга и анализа генетической информации патогенов с целью отслеживания их распространения, мутаций и эволюции в популяциях. В нашей стране геномный эпидемиологический надзор сегодня выступает ведущим направлением в системе комплексной защиты от биологических угроз. Внедрение методов молекулярного анализа в эпидемиологию позволяет определять генетический профиль патогена, его вирулентность и эпидемический потенциал, выявлять атипичные формы, отслеживать филогеографию патогенов.

В настоящее время вопрос о разработке технологий максимально быстрого обнаружения и идентификации патогенов стал одним из приоритетов национальной политики в области безопасности. С начала второго десятилетия XXI века «набирает» обороты новый период развития молекулярной эпидемиологии – метагеномный, который продолжается и в наши дни. Метагеномные методы исследования позволяют детектировать (идентифицировать нуклеиновые кислоты) все микроорганизмы в анализируемой пробе и проводить их примерный количественный учет.

На стыке дисциплин при интеграции различных баз данных, содержащих генетические характеристики того или иного патогена, геоданные о месте изоляции патогена, появляется возможность осуществлять мониторинг ситуации в режиме реального времени, определять границы распространения или миграции патогенов, обнаружить и реагировать на угрозы биотерроризма, определить эндемичность возбудителей инфекций, определить профиль патогенов, характерных для территории отдельного региона или всего государства. При реализации этих подходов важными инструментами выступают машинное обучение и возможность работы с реальными данными (real world data, RWD) с использованием искусственного интеллекта

Практически все изменения, происходящие в мире, в том числе возникновение и распространение инфекционных болезней, обусловлены деятельностью человека. Поэтому сегодня вопрос номер один – улучшение глобального управления процессами, приводящими к биологической модификации и деградации живых систем.

Основная задача современного этапа развития противодействия возбудителям инфекций – создание глобальной системы надзора за патогенами в режиме реального времени, эффективных систем мониторинга и реагирования, в том числе с применением «синдромного» подхода, использование данных геномных исследований и современных цифровых платформ. Однако успешное достижение этой цели возможно только при обеспечении тесного партнёрства и беспрепятственного оперативного обмена данными на мировом уровне.

Предупреждение и ликвидация возникающих вспышек «новых» опасных инфекционных болезней (в том числе «Болезни X») – приоритетная задача для мирового здравоохранения. Существующие национальные системы реагирования на чрезвычайные ситуации санитарно-эпидемиологического характера недостаточны для самостоятельного противодействия таким эпидемиям на уровне отдельных стран, что требует всестороннего сотрудничества и глобального подхода.

XXI ВЕК ИНФЕКЦИОННЫЕ БОЛЕЗНИ

(эпидемиология, эволюция,
меры противодействия)

Под редакцией
академика РАН Г.Г. Онищенко
академика РАН А.Н. Куличенко

Формат 104x74/₈. Бумага мелованная.
Объем – 43 п.л. Тираж – 300 экз. Гарнитура Calibri.
Заказ № 187 от 05.05.2026 г.

Подготовлено к печати и отпечатано
в типографии ИП Дорофеев В.Ю.
г. Ставрополь, пр-т К. Маркса, 38,
тел.: +7-918-789-44-57