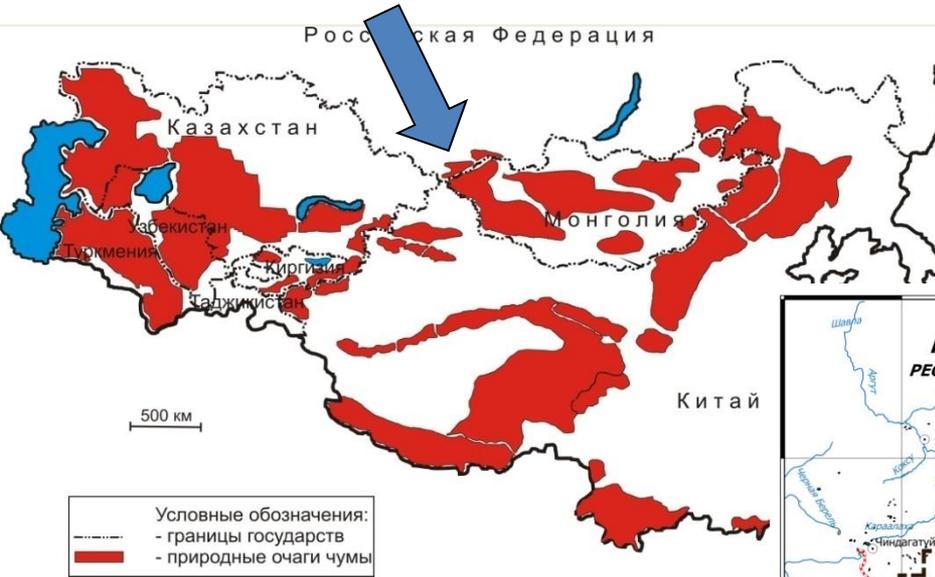


БАЛАХОНОВ С.В., КОРЗУН В.М., ДЕНИСОВ А.В

***АНАЛИЗ И ПРОГНОЗИРОВАНИЕ
ЭПИЗОТИЧЕСКОЙ АКТИВНОСТИ ГОРНО-
АЛТАЙСКОГО ВЫСОКОГОРНОГО ПРИРОДНОГО
ОЧАГА ЧУМЫ***

**ФКУЗ ИРКУТСКИЙ НИПЧИ СИБИРИ И ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА,
ФКУЗ Алтайская ПЧС Роспотребнадзора**

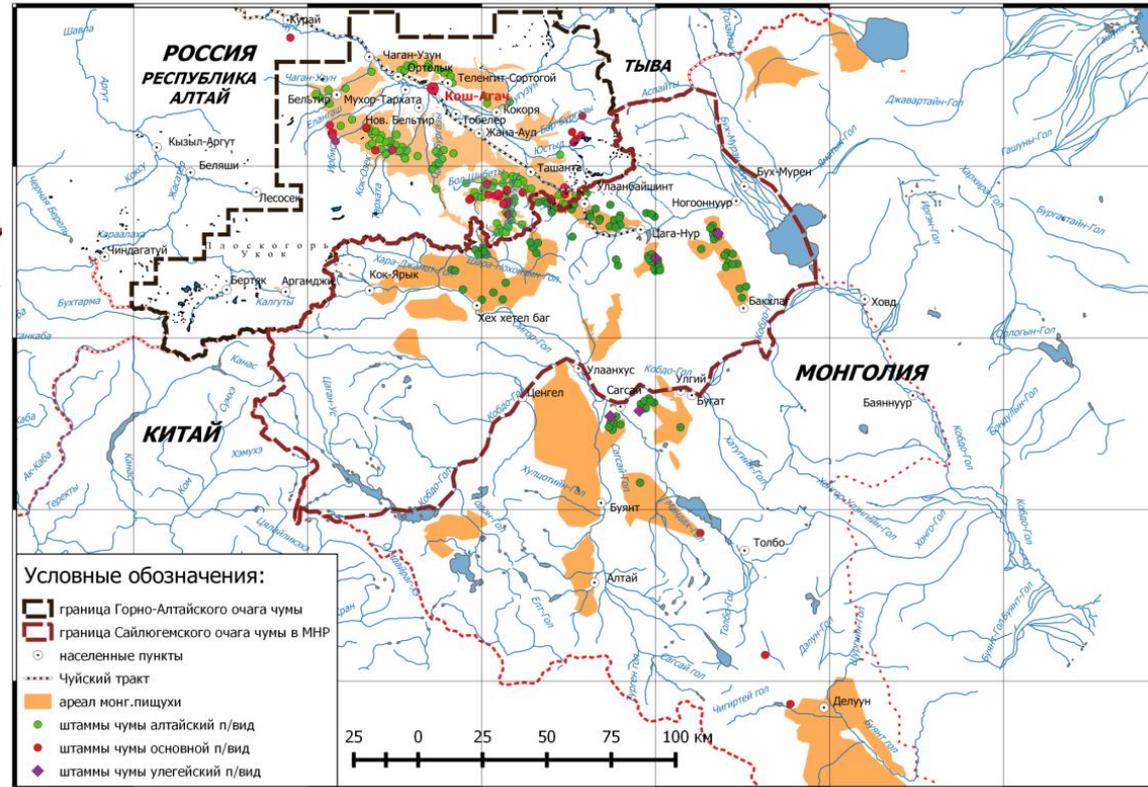
Сайлюгемский трансграничный природный очаг чумы представляет собой северную окраину Центрально-Азиатской зоны природной чумы



Очаг расположен на территории России и Монголии. Северная (российская) часть – **Горно-Алтайский высокогорный природный очаг чумы** – в Юго-Восточной области Горного Алтая (Кош-Агачский район Республики Алтай).

Южная часть – в Северо-Западной Монголии (Цагаануур, Ногооннуур, Улаанхус, Бугат сомоны Баян-Ульгийского аймака).

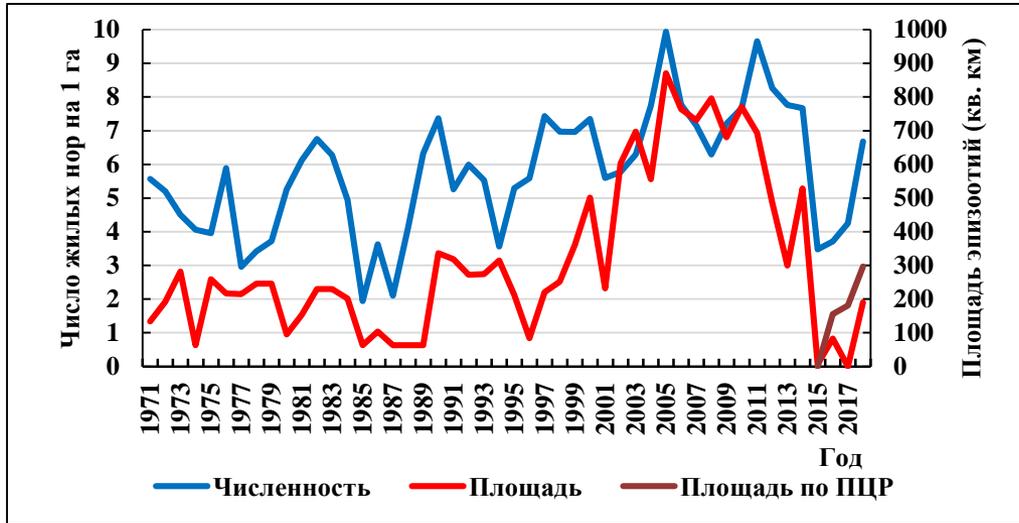
Общая площадь – **28600** кв.км;
российская – **11570** кв.км; монгольская – **17 000** кв.км.



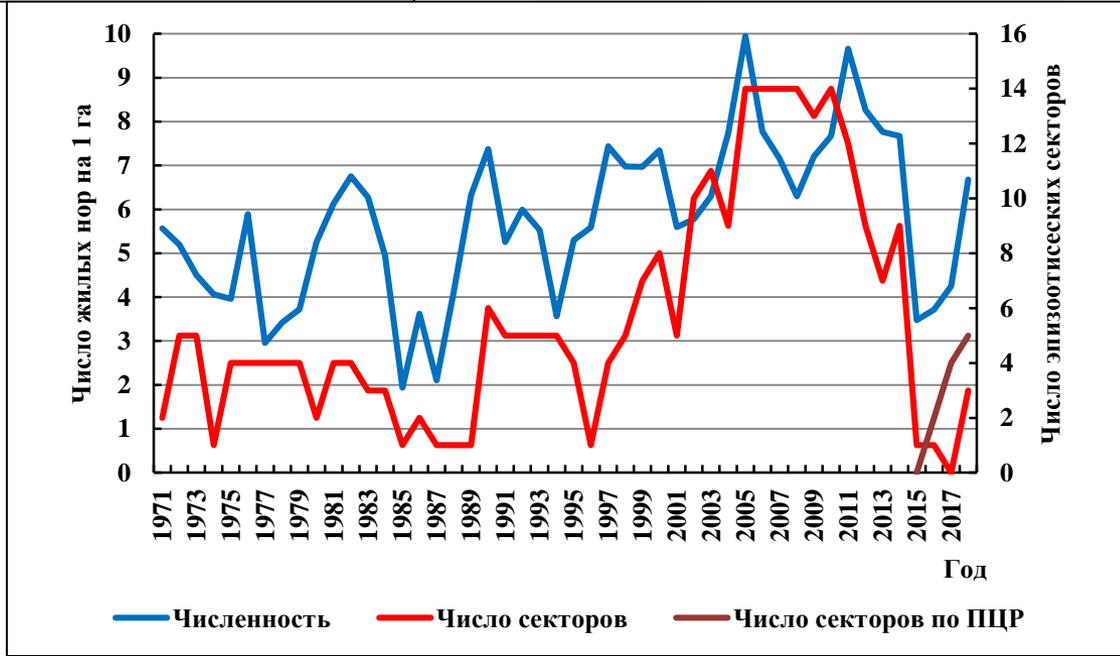
До 2012 г. в Горно-Алтайском природном очаге чумы регистрировали циркуляцию возбудителя только *Yersinia pestis* ssp. *altaica*, основным носителем которого является монгольская пищуха.

Эпизоотическая активность Горно-Алтайского очага при циркуляции возбудителя алтайского подвида

Динамика среднегодовой численности монгольской пищухи и площади эпизоотий

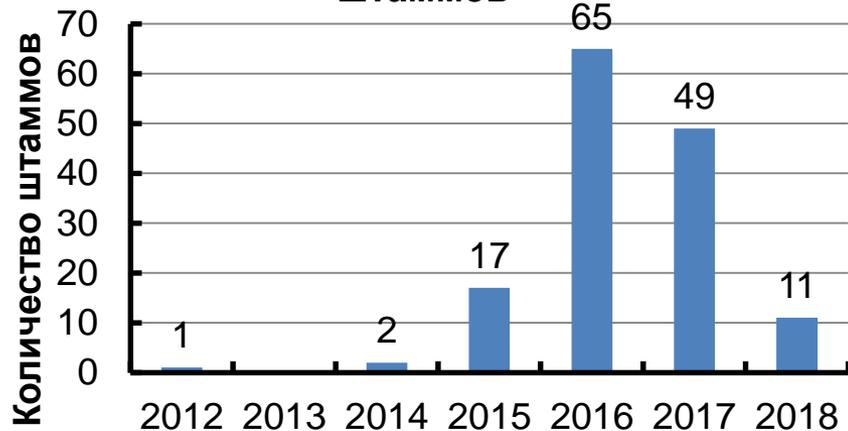


Динамика среднегодовой численность населения монгольской пищухи и количества эпизоотических секторов

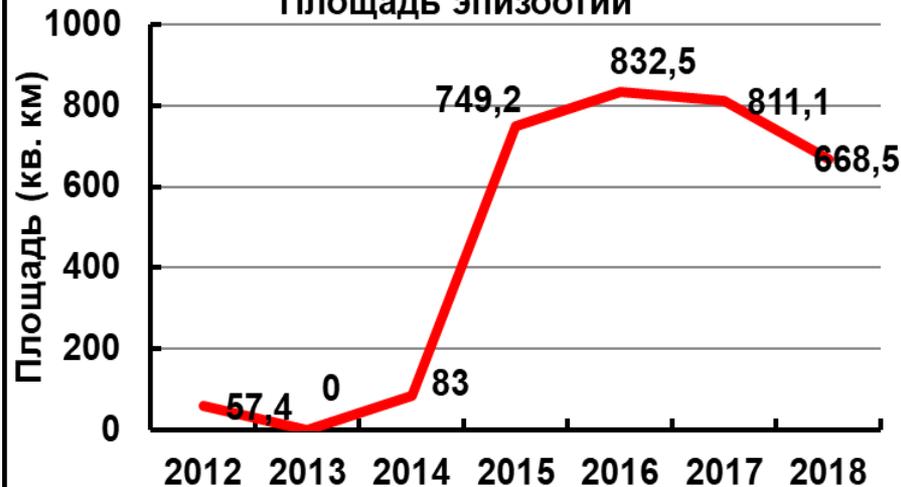


Эпизоотическая активность Горно-Алтайского природного очага при циркуляции возбудителя чумы основного подвида в 2012-2018 годах

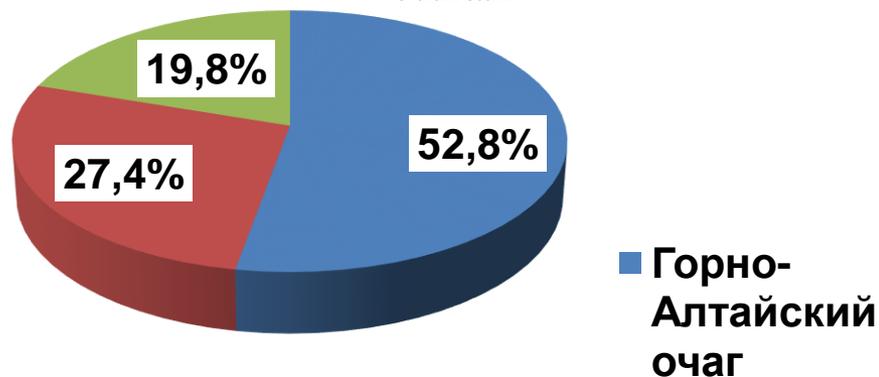
Количество изолированных штаммов



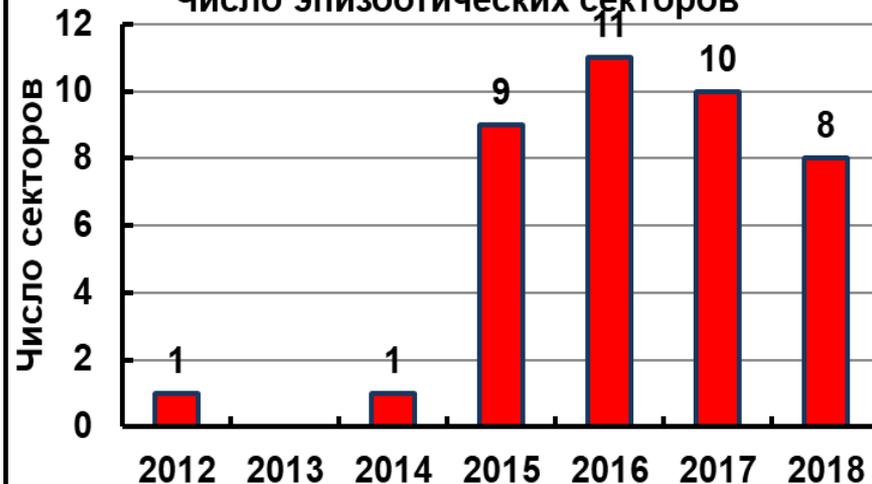
Площадь эпизоотий



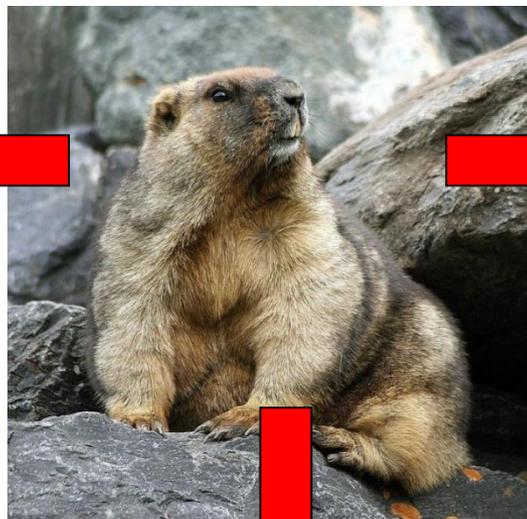
Относительное количество штаммов от их общего количества, выделенных в 2001-2017 годах в природных очагах России



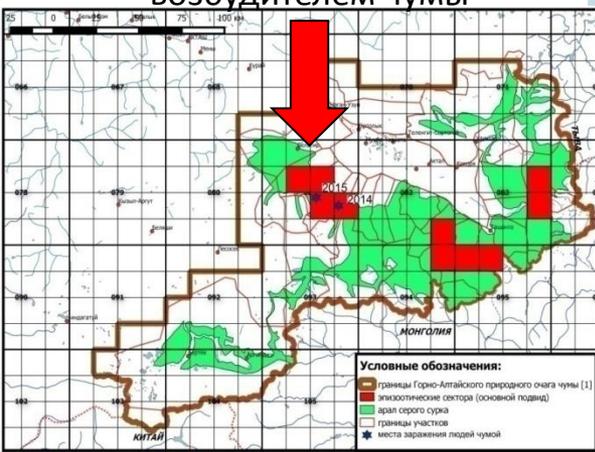
Число эпизоотических секторов



Во всех трех случаях заражение произошло при разделке добытых сурков, через поврежденные кожные покровы с формированием сходной клинической картины

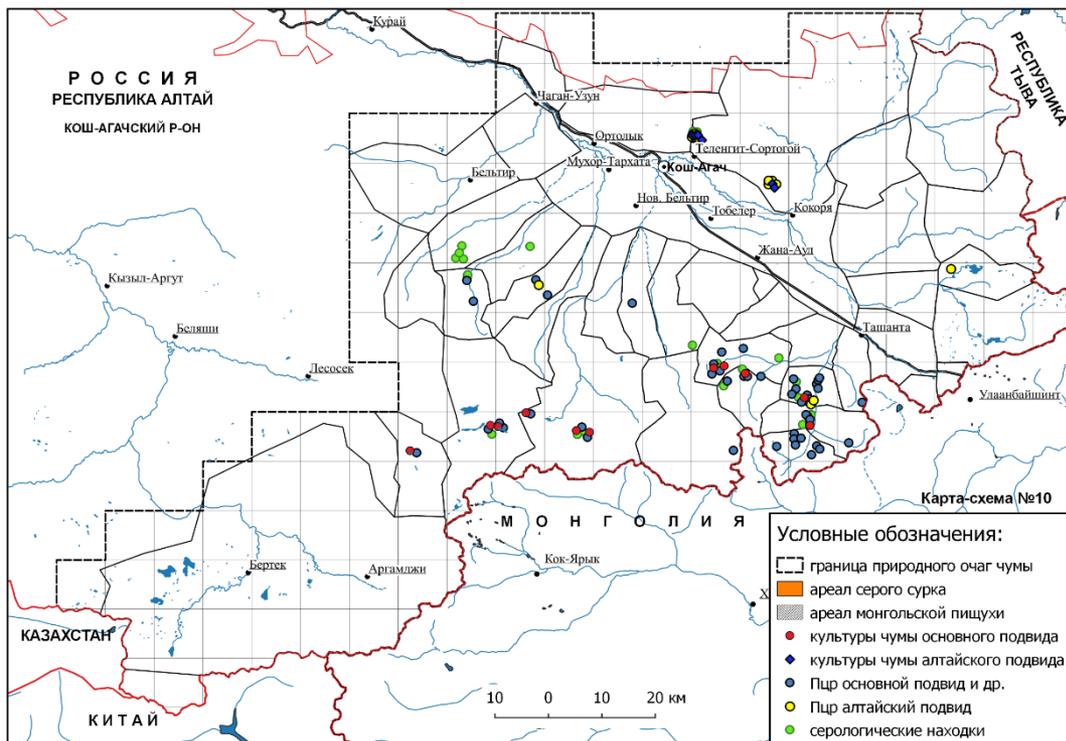


Места заражения людей
возбудителем чумы



Проведенные комплексы организационных, профилактических и противоэпидемических мероприятий позволили в короткие сроки локализовать и ликвидировать все эпидемические очаги чумы, не допустить формирования антропонозного пути распространения этой опасной инфекционной болезни и вывоза ее за пределы энзоотичной территории.

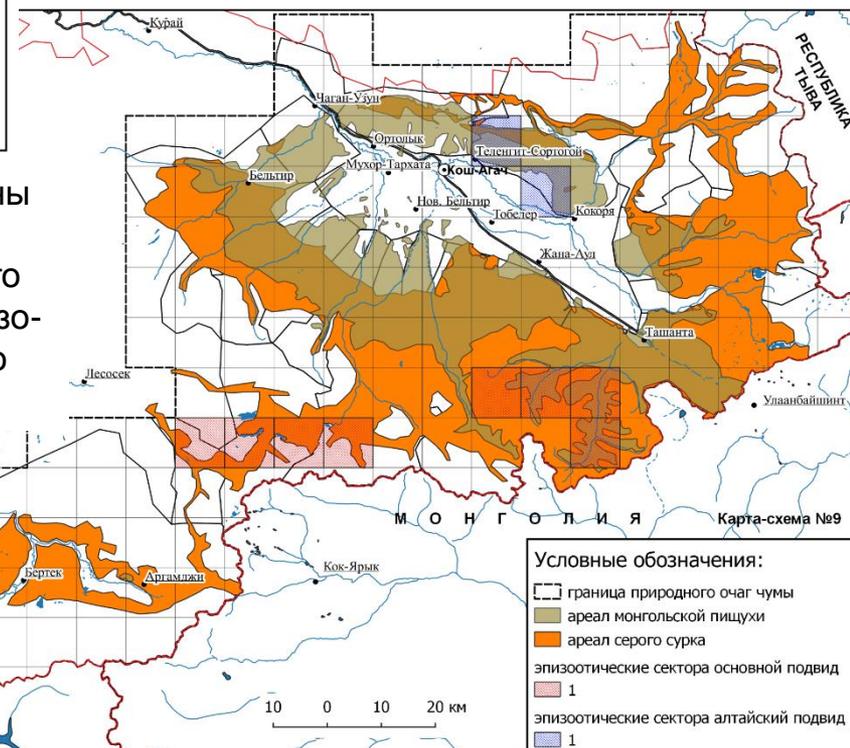
Основные итоги обследования Горно-Алтайского природного очага в 2018 г.



Эпизоотии зарегистрированы на площади **834,2 кв. км**, при циркуляции возбудителя основного подвида – **668,5 кв. км**, алтайского подвида – **165,7 кв. км**. Изолировано **17** штаммов возбудителя чумы, из них **11** – основного и **6** алтайского подвида. Штаммы *Y. pestis pestis* получены от серого сурка (1 от добытого грызуна, 8 от остатков стола хищных птиц, 2 от костных останков), штаммы *Y. pestis altaica* изолированы от монгольской пищухи (1), от блох *Paradoxopsyllus scorodumovi* (2) и *Ctenophyllus hirticus* (1) из входов нор монгольской пищухи, *Paramonopsyllus scalonae* (1) и *P. scorodumovi* (1) с даурской пищухи.

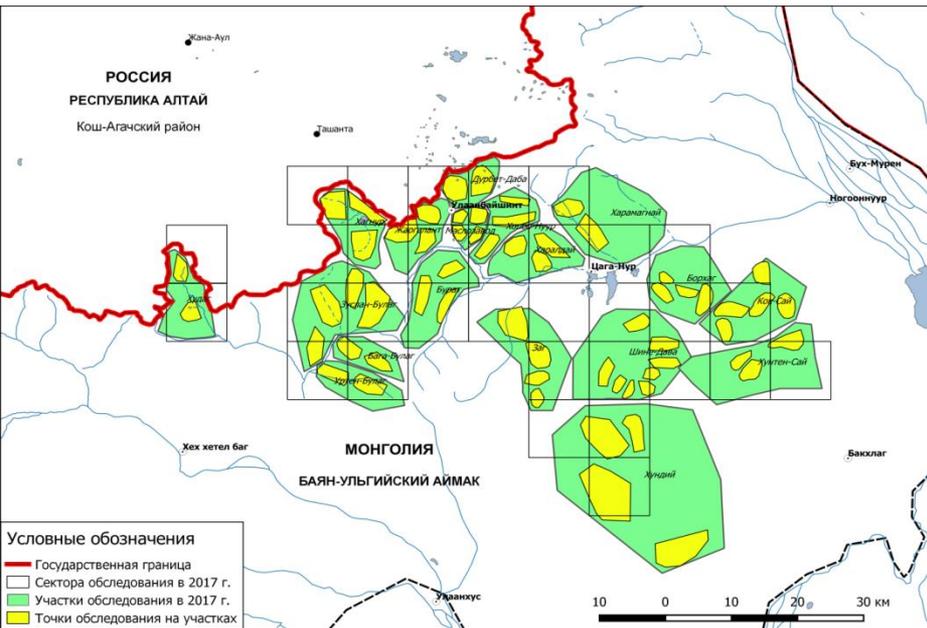
Эпизоотии, подтвержденные изоляцией возбудителя, обнаружены на **9** участках в **10** секторах. Впервые эпизоотия обнаружена на участке Жумалы. Эпизоотии, вызванные возбудителем основного подвида, зарегистрированы в Уландрыкском и Тархатинском мезоочагах. Эпизоотия, обусловленная чумным микробом алтайского подвида в Кырайском мезоочаге.

Получено **16** положительных результатов серологических исследований на антитела, **8** – на наличие капсульного антигена. Получено **67** положительных результатов методом ПЦР. ДНК чумного микроба основного подвида выявлена в **28** пробах, алтайского – в **18**. ДНК чумного микроба алтайского подвида обнаружена в 4 мезоочагах в том числе и Талдуайрском, где возбудитель этого варианта не выделяли.



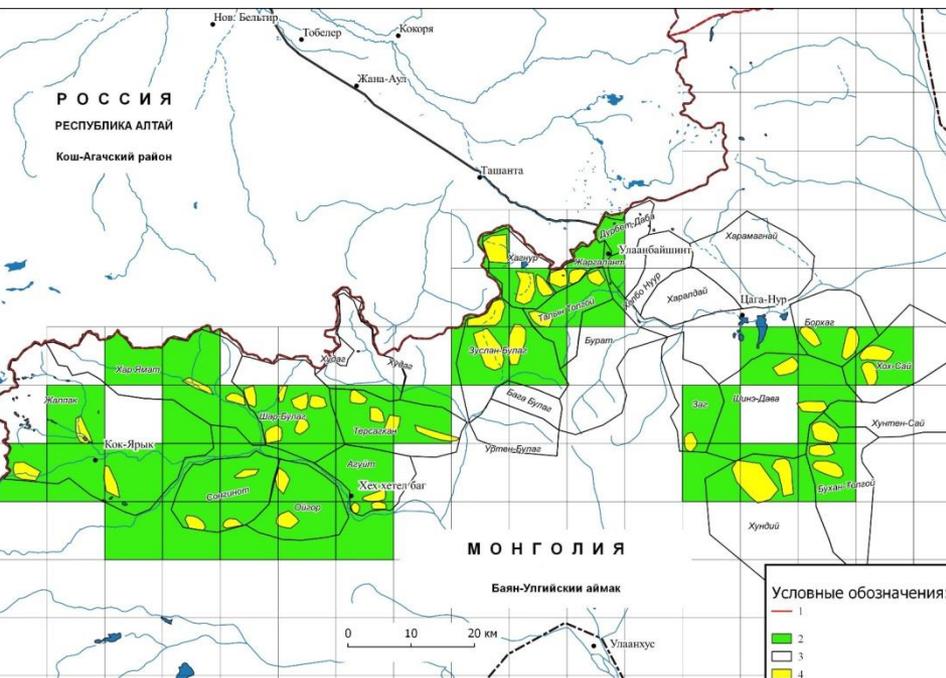
2017 (3.07-2.08)

Эпизоотологическое обследование проведено на площади 2335 кв. км. Обследовано 30 секторов и 52 точки на 18 участках: Шинэ-Дава, Заг, Хагнур, Жаргалант, Дурбет-Даба, Маслозавод, Холбо-Нуур, Харал-дай, Хундий, Зуслан-Булаг, Хараманай, Худаг, Бурат, Уртен-Булаг, Бага-Булаг, Хунтен-Сай, Кок-Сай, Борхаг. Работы выполнялись на протяжении 80 км вдоль государственной границы и 60 км вглубь территории Монголии



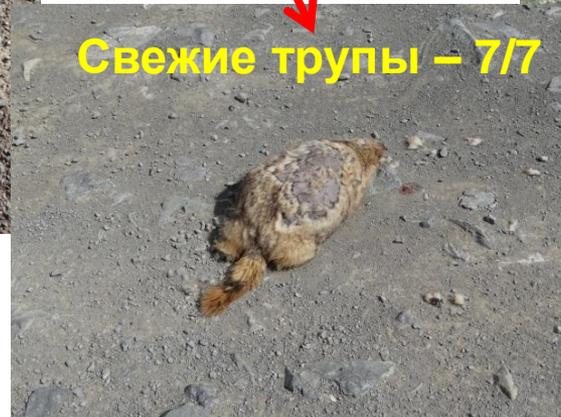
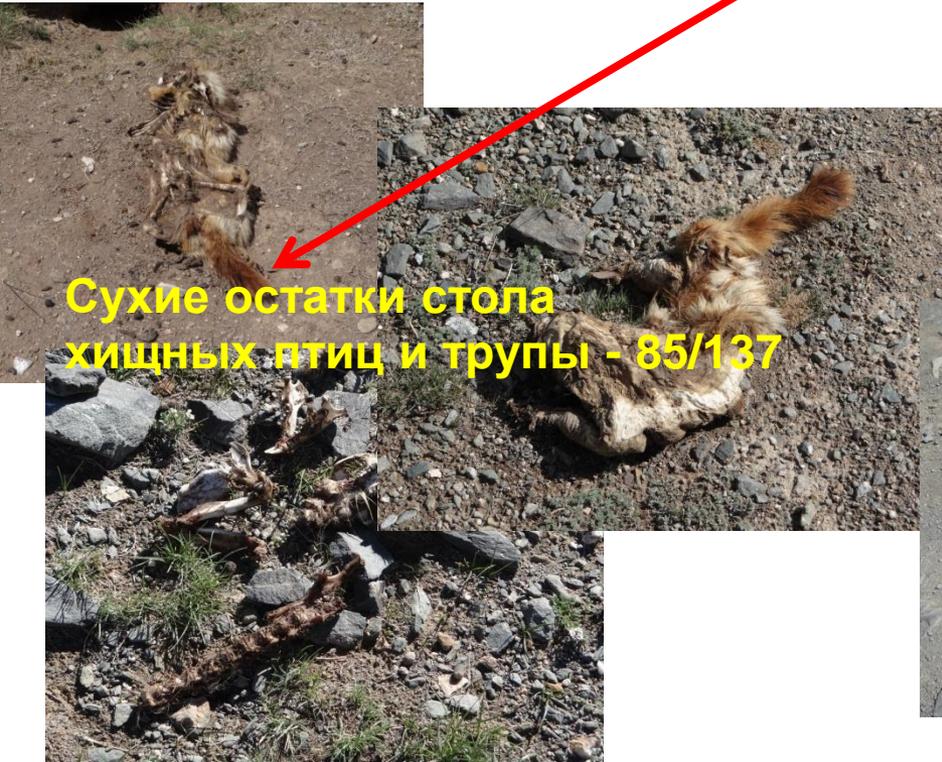
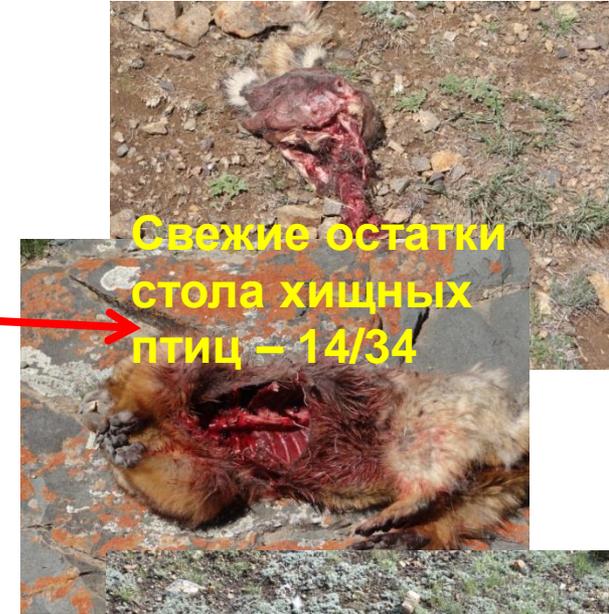
2018 (2.07-1.08)

Эпизоотологическое обследование проведено на площади 2668 кв. км. Обследовано 35 секторов и 44 точки на 18 участках: Агуйт, Сонгынт, Шар-Булаг, Терсаг-кан, Худаг, Ойгор, Хар-Жамат, Жалпак, Талын Толгойн, Зуслан-Булаг, Жар-галант, Хаг-нур, Хундий, Бухан Толгой, Шинэ-Дава, Заг, Кок-Сай, Борхаг. Работы выполнялись на протяжении 100 км вдоль государственной границы и 60 км вглубь территории Монголии



Объем полученного и исследованного на чуму полевого материала в 2017-2018 гг : Млекопитающие – 277/ 282

Серый сурок – 149/197 (54-70 % от всех носителей)



Объем полученного и исследованного на чуму полевого материала в 2017-2018 гг.: Млекопитающие – 277/282

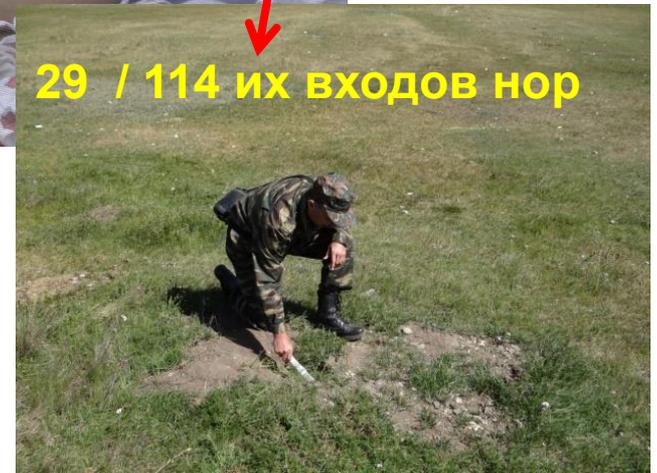
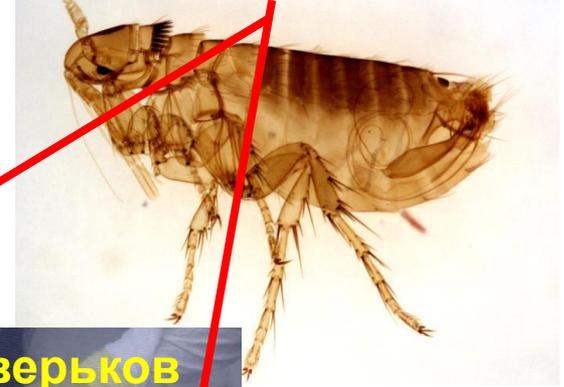


Объем полученного и исследованного на чуму полевого материала в 2017-2018 гг.

Эктопаразитов – 516 / 261

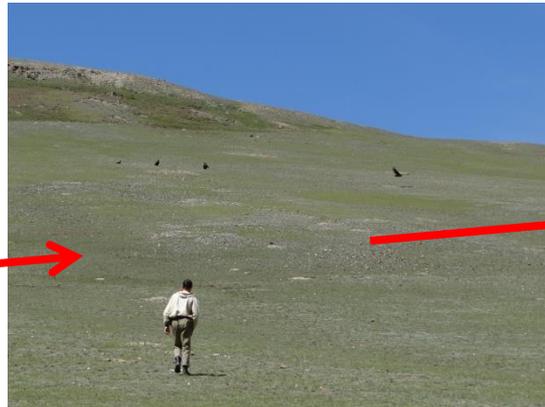


из них 204 / 257 блох



Методы исследования

Основной акцент при сборе полевого материала делался на поиск остатков стола хищных птиц и трупов носителей. Проводился активный поиск эпизоотий при объезде обследуемой территории на автомобиле, включающий **два** методических приема. **Первый** - велось постоянное наблюдение с целью обнаружения скоплений и одиночных крупных пернатых хищников и падальщиков, находящихся на земле. При их встрече территория тщательно обследовалась с целью обнаружения трупов сурков и их остатков.



Методы исследования (2018 г.) Выполнено 29 пеших маршрутов по учету численности носителей Y.pestis общей протяженностью 68,1 км на площади 204,3 га. Проведено 28 визуальных учетов на площадках уровня численности серого сурка на площади 340 га и 14 автомобильных учетов в полосе 200 м протяженностью 73,7 км. Осмотрено 1955 входов нор. На обследованной территории изучены области распространения серого сурка, монгольской пищухи, длиннохвостого суслика, даурской пищухи. При эпизоотологическом обследовании использованы ГИС-инструменты. Все результаты наносились на электронные карты в программе QGIS. Выполнено географическое позиционирование границ участков и точек обследования, ареалов носителей, мест выделения Y.pestis, (+) находок ПЦР, ИХТ и серологических реакций.

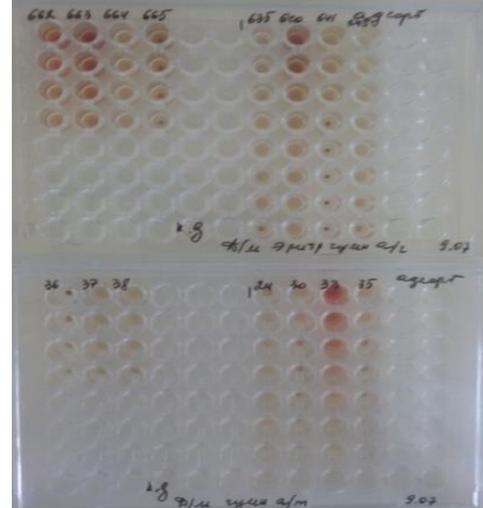


Методы исследования. Лабораторные методы



Первичная пробоподготовка (очес млекопитающих, их вскрытие, разбор трупов и другого полевого материала) проводили в отдельной юрте. Далее исследования с помощью ПЦР и серологических методов выполняли в МЛМД. Свежие и мумифицированные остатки стола хищных птиц и трупы, добытые грызуны и зайцеобразные, блохи, снятые с трупов, подвергали экспресс-диагностике с использованием иммунохромато-графического метода для выявления капсульного антигена (FI) чумного микроба («ИХ тест-система *Yersinia pestis*», ФБУН ГНЦ ПМБ, п. Оболенск).

Пробы, прореагировавшие **положительно** в ПЦР и ИХТ, исследовали далее **бактериологическим** методом.



Численность и область распространения носителей

Серый сурок

Область распространения серого сурка на обследованной в 2017-2018 гг. территории



По результатам работ, проведенных в 2017 и 2018 гг., серый сурок населяет большую часть обследованной территории. Его поселения начинаются на высотах 2180-2200 м над ур. м. и продолжаются до 2900-3000 м над ур. м. до нивальной зоны. Площадь области распространения животных на изученной территории Северо-Западной Монголии составляет 4276 кв. км.

Видовой состав и численность блох

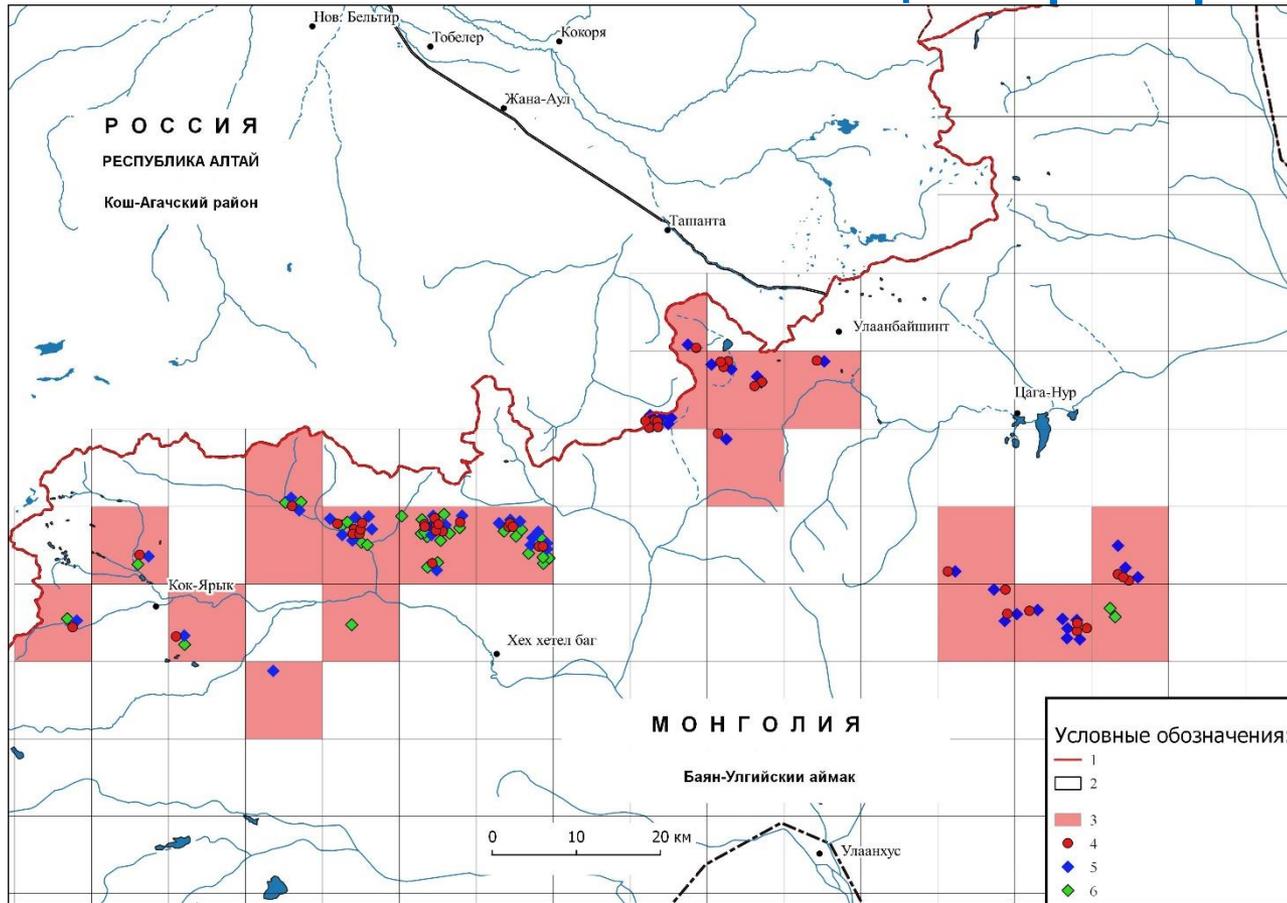


При проведении эпизоотологического обследования обнаружено 8 видов блох на четырех видах млекопитающих и во входах их нор (в 2017 г. 11 видов). Все они типичны для Сайлюгемского природного очага чумы. На сером сурке доминировала специфичная блоха сурков *Oropsylla silantiewi*, индекс доминирования (ИД) равен **100 %**. На монгольской пищухе основное количество блох в сборах представлено *Amphalius runatus* и *Ctenophyllus hirticrus*, ИД составил **52,4** и **34,5 %** соответственно. На длиннохвостом суслике доминировала блоха *Citellophilus tesquorum*, ИД – **84,2 %**. Во входах нор доминировала блоха *C. hirticrus*, ИД – **50,0 %**.

Показатели численности блох на всех видах носителей и во входах их нор низкие, индекс обилия на сером сурке составил **0,23** (n = 22), на монгольской пищухе – **1,4** (n = 60), на длиннохвостом суслике – **2,0** (n = 19), на даурской пищухе – **0,5** (n = 2), во входах нор – **0,074** (n = 1955). Это объясняется тем, что в середине лета, когда проводилось обследование очага, происходит сезонный спад численности блох, связанный со сменой генераций.

Но по сравнению с предыдущим годом численность блох выросла на монгольской пищухе (ИО в 2017 г. – **0,72**), длиннохвостом суслике (ИО в 2017 г. – **1,32**), во входах нор носителей (ИО в 2017 г. – **0,025**).

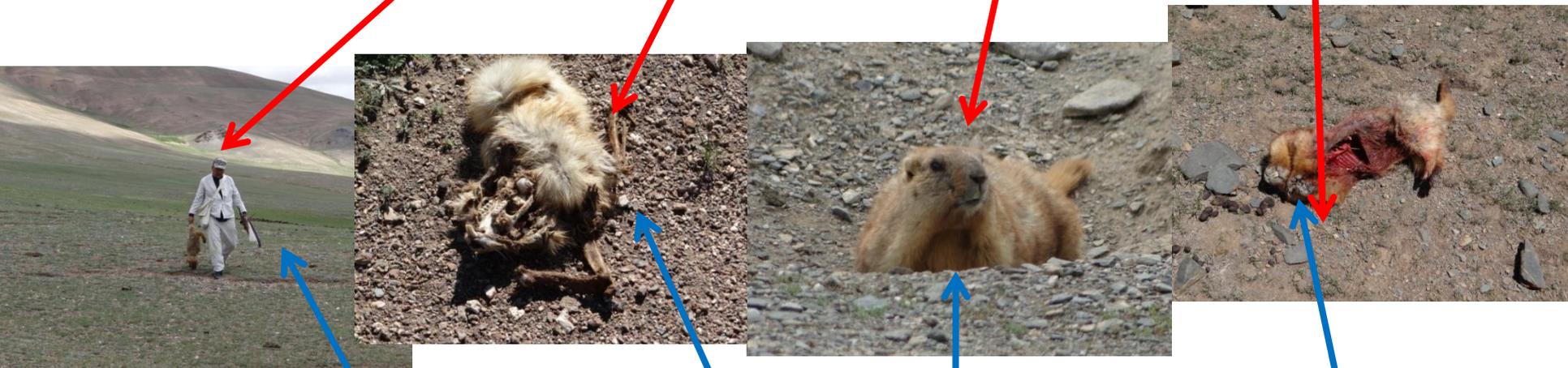
Эпизоотическая активность. Общая характеристика



Эпизоотические проявления, подтвержденные выделением культур возбудителя чумы, обнаружением ДНК чумного микроба, положительными результатами серологических исследований на наличие капсульного антигена и специфических антител к чумному микробу, установлены на площади **1544** кв. км, что составляет **58 %** от обследованной территории. Они выявлены на **12** участках (**67 %** от обследованных), в **20** секторах (**57 %** от обследованных) и на **24** точках (**55 %** от обследованных)

Эпизоотическая активность 2018 г. Зараженность *Y.pestis* млекопитающих

Зараженность чумным микробом основного подвида серых сурков (добытые животные, свежие трупы и остатки стола хищных птиц, мумифицированные трупы и остатки стола хищных птиц, костные останки) составила **20,2 %** (n = 203); добытых животных – **4,5 %** (n = 22); свежих трупов и остатков стола хищных птиц – **63,4 %** (n = 41); мумифицированных трупов и остатков стола хищных птиц, костных останков – **10,0 %** (n = 140).



Частота обнаружения ДНК *Yersinia pestis* в серых сурках (добытые животные, свежие трупы и остатки стола хищных птиц, мумифицированные трупы и остатки стола хищных птиц, костные останки) равна **25,6 %** (n = 203); из них в добытых животных – **4,5 %** (n = 22); в свежих трупах и остатках стола хищных птиц – **68,3 %** (n = 41); мумифицированных трупах и остатках стола хищных птиц, костных останках – **16,4 %** (n = 140).

За время эпизоотологического обследования возбудитель чумы алтайского подвида не выделен, также не обнаружена ДНК *Yersinia pestis ssp. altaica*. Наиболее вероятная причина заключается в том, что, во-первых, в июле происходит сезонный спад эпизоотической активности при циркуляции *Y. pestis ssp. altaica*, во-вторых, численность монгольской пищухи – основного носителя этого варианта возбудителя – на обследованной территории начала только восстанавливаться, а эпизоотическая активность зависит от ее уровня.

Зараженность блох чумным микробом основного подвида составила **30,0 %** (n = 20, все *Oropsylla silantiewi*, снятые с серых сурков)



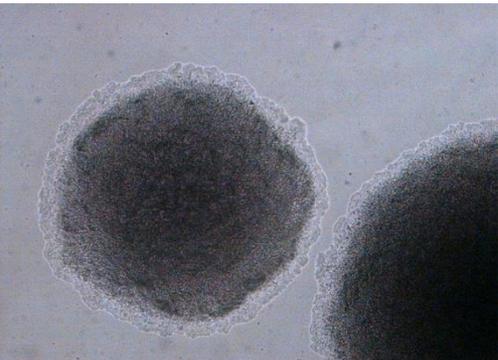
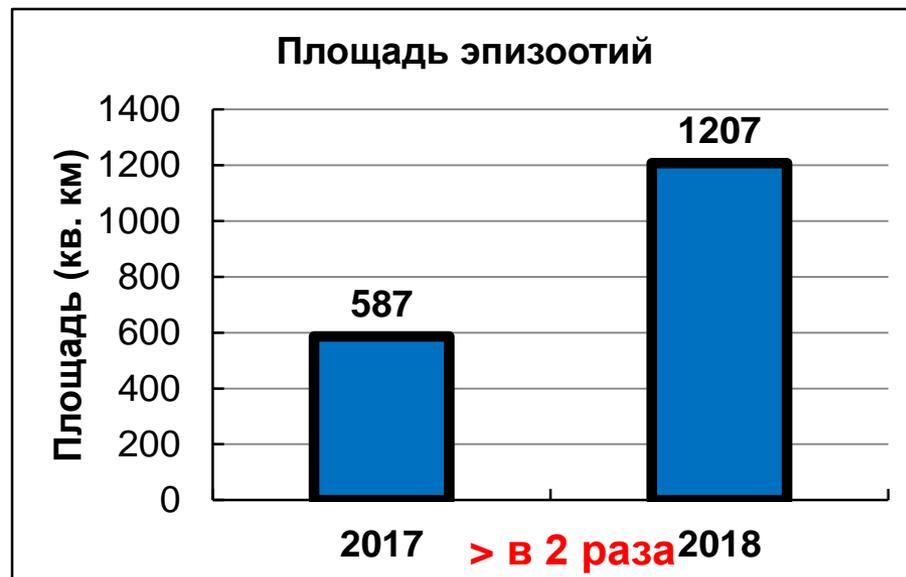
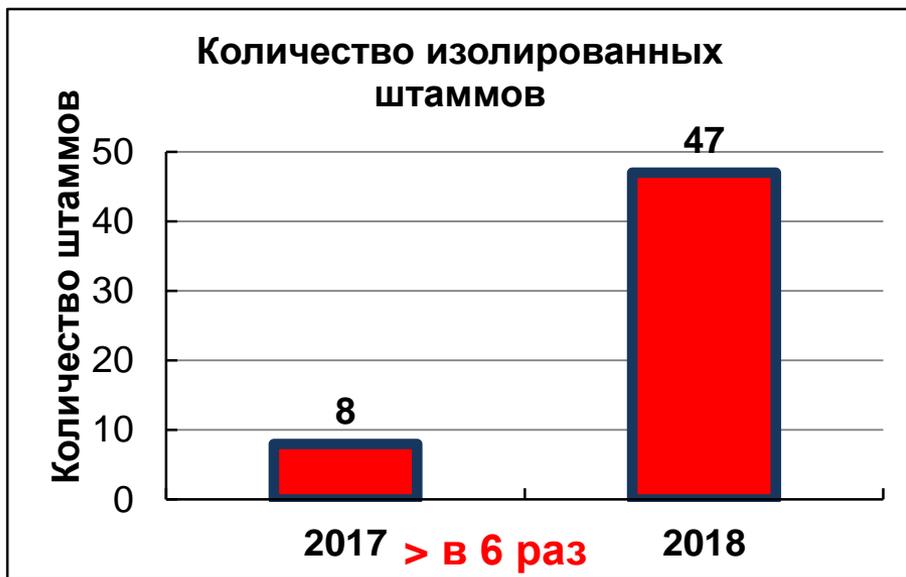
Частота выявления антител к чумному микробу у носителей

Специфические антитела к чумному микробу обнаружены у **27,3 %** серых сурков (n = 22), у **10,5 %** длиннохвостых сусликов (n = 19), у **3,3 %** монгольских пищух (n = 60)



Сравнительный анализ эпизоотической ситуации в 2017 и 2018 годах

Основные показатели активности эпизоотий

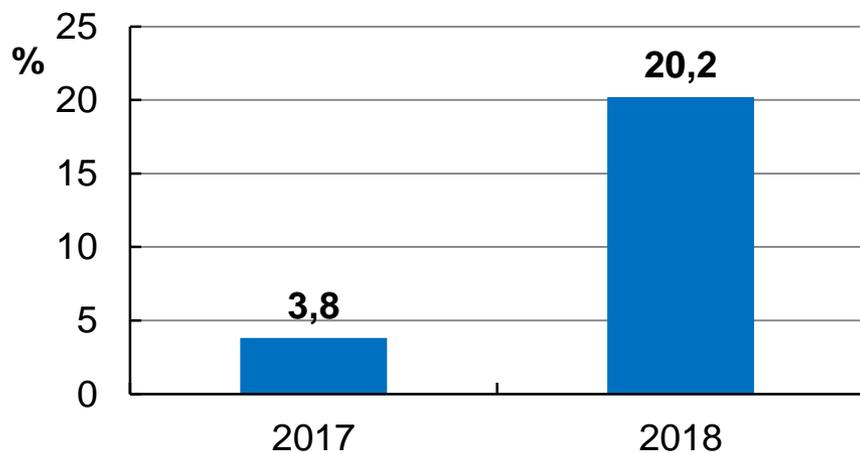


Сравнительный анализ эпизоотической ситуации в 2017 и 2018 годах

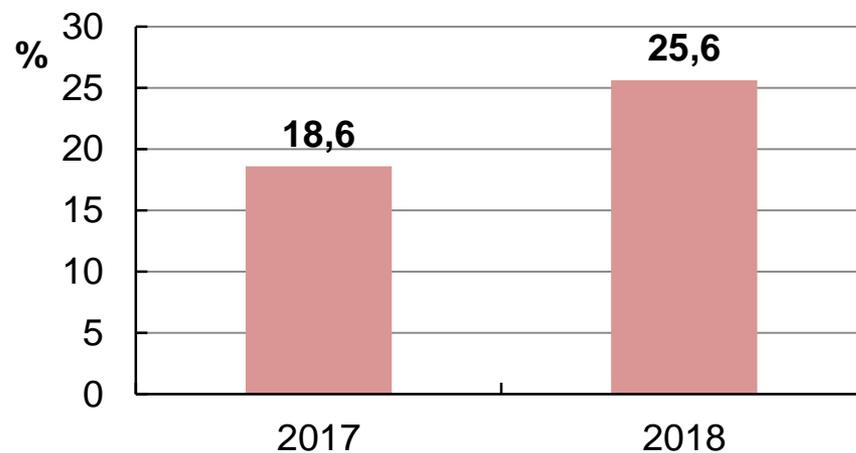
Показатели активности эпизоотий: зараженность возбудителем чумы сурков и частота обнаружения его ДНК



Зараженность всех сурков



ДНК Y.pestis во всех сурках



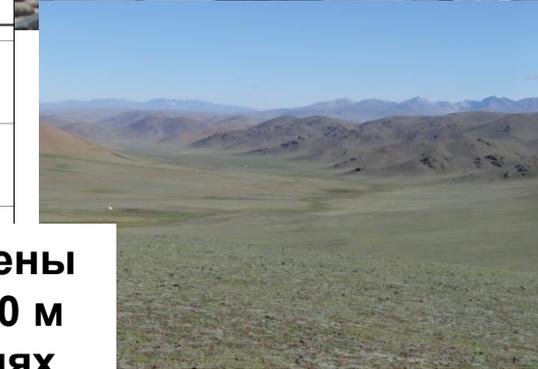
Сравнительный анализ эпизоотической ситуации в 2017 и 2018 годах

Косвенные показатели активности эпизоотий



Заключение.

1. В результате проведенных работ в 2017-2018 гг. установлено, что в монгольской части трансграничного Сайлюгемского очага наблюдается циркуляция эпидемически значимого варианта возбудителя чумы основного подвида.



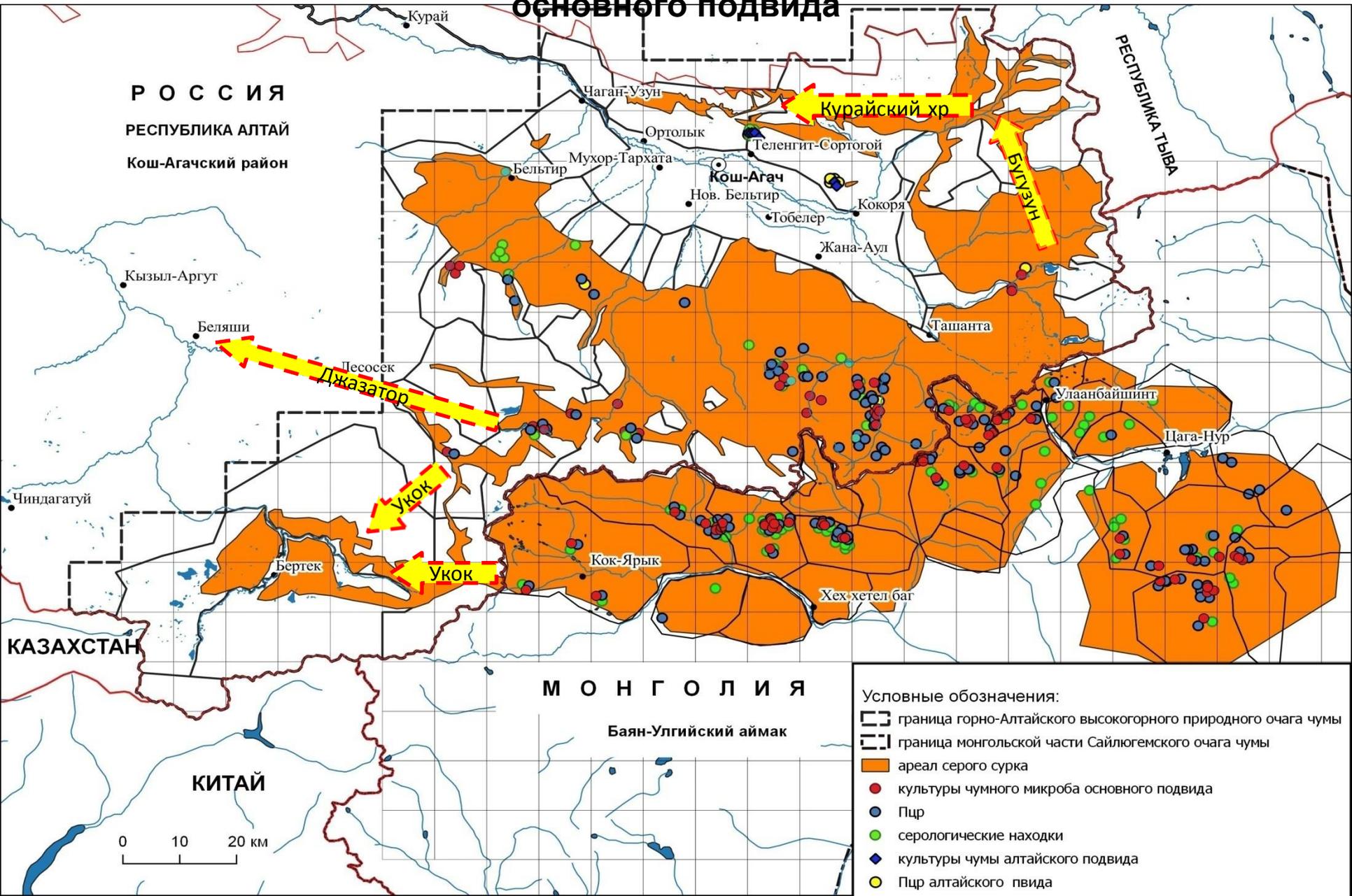
2. На изученной территории протекает интенсивная разлитая эпизоотия чумы, вызванная возбудителем основного подвида.

3. Эпизоотия чумы зарегистрирована на большей части южного макросклона хр. Сайлюгем на протяжении 100 км от перевала Улан-Даба на западе до перевала Дурбет-Даба на востоке и по всему хр. Каралахту на протяжении 30 км.

4. Эпизоотии выявлены на высотах 2400-2800 м над ур. м в поселениях серого сурка с высокой плотностью.

Эпизоотические проявления в трансграничном Сайлюгемском очаге в 2017-2018 гг. и краткосрочный прогноз распространения возбудителя чумы основного подвида

основного подвида



Благодарю за внимание!

