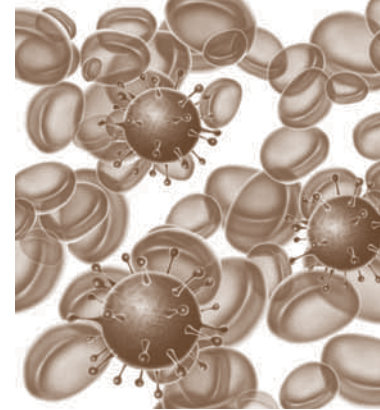


Экологические факторы, влияющие на распространение холеры



Меньшикова Е.А.,
Титова С.В.,
Курбатова Е.М.,
Водопьянов А.С.,
Писанов Р.В.,
Москвитина Э.А.

ФКУЗ «Ростовский-на-Дону противочумный институт»
Роспотребнадзора

Холера остается приоритетной проблемой мирового здравоохранения в связи с остающейся угрозой возникновения чрезвычайных ситуаций биолого-социального характера, имеющих международное значение и проявляющихся в виде масштабных эпидемий и вспышек на различных континентах мира. 7-я пандемия холеры, начавшаяся в 1961 г., продолжается уже более полувека. Существует множество предположений такого длительного течения последней пандемии. Выявлена корреляция между высокой численностью больных холерой в весенне-летние периоды в странах с тропическим и субтропическим климатом и сезонными изменениями экологических факторов в окружающей среде: температурой, рН, кислородным, солевым составом воды, концентрацией и характером органических веществ. Эти процессы могут влиять на персистенцию *V. cholerae* в водных объектах.

Межправительственной группой по климату отмечено увеличение средней температуры над сушей и поверхностью океана на 0,85 °С (0,65–1,06) с 1880 по 2012 г., а к концу XXI в. (2081–2100 гг.) глобальная температура повысится на 1,5 °С (относительно 1850 г.), что приведет к повышению уровня моря на 1 мм в год.

Для повышения эффективности эпидемиологического контроля и прогнозирования будущих вспышек холеры Escobar и др. использовали 12 экологических переменных. Данные о переменных были взяты из базы Bio-ORACLE и базы данных о состоянии морской среды, составленных на основе ежемесячных снимков, сделанных спутниками Aqua, и Terramodis и SeaWiFS с 2005 по 2010 г.

Ключевые слова:

модель, холерный вибрион, экологическая ниша

Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение. 2018. Т. 7, № 3. С. 88–94.

doi: 10.24411/2305-3496-2018-13013

Статья поступила в редакцию: 15.04.2018. Принята в печать: 13.07.2018.

Environmental factors influencing the spread of cholera

Menshikova E.A., Titova S.V.,
Kurbatova E.M., Vodopyanov A.S.,
Pisanov R.V., Moskvitina E.A.

Rostov-on-Don Anti-Plague Institute

Cholera continues to be a priority problem of world health due to the existence of a threat of emergencies of a biological and social nature of international significance and manifested in the form of large-scale epidemics and outbreaks in various continents of the world. The seventh cholera pandemic, which began in 1961, has been going on for more than half a century. There are many assumptions of such a prolonged course of the last pandemic. A correlation was found between the high number of cholera patients in spring-summer

periods in countries with tropical and subtropical climate and seasonal changes in environmental factors in the environment: temperature, pH, oxygen, salt composition of water, concentration and nature of organic substances. These processes can influence the persistence of *V. cholerae* in water bodies.

The Intergovernmental Panel on Climate noted an increase in the average temperature over the land and the ocean surface by 0.85 °C (0.65–1.06) during the period from 1880 to 2012, and by the end of the 21st century (2081–2100), the global the temperature will rise by 1.5 °C (relative to 1850), which will lead to a sea level rise of 1 mm per year.

To improve the effectiveness of epidemiological control and predict future outbreaks of cholera, Escobar et al. Used 12 environmental variables. Data on the variables were taken from the Bio-ORACLE database and the database on the state of the marine environment, compiled on the basis of monthly images taken by the Aqua, Terramodis and SeaWiFS satellites between 2005 and 2010.

Keywords:

model, cholera vibrio, ecological niche

Infectious Diseases: News, Opinions, Training. 2018; 7 (3): 88–94.

doi: 10.24411/2305-3496-2018-13013

Received: 15.04.2018. Accepted: 13.07.2018.

Холера остается приоритетной проблемой мирового здравоохранения в связи с существованием угрозы возникновения чрезвычайных ситуаций биолого-социального характера, имеющих международное значение и проявляющихся в виде масштабных эпидемий и вспышек на различных континентах мира [1]. 7-я пандемия холеры, начавшаяся в 1961 г., продолжается уже более полувека. Существует множество предположений такого длительного течения последней пандемии. Одни авторы утверждают, что появление нового этиологического агента и новых осложнений по холере характерно для определенного периода деятельности солнца, связанного со сменой его полярности [2]. Другие считают, что это связано с изменением климата [3]. На эндемичных по холере территориях стран с тропическим и субтропическим климатом отмечен сезонный характер заболеваемости этой инфекцией [4, 5].

Межправительственной группой по климату зарегистрировано увеличение средней температуры воздуха над сушей и поверхностью океана на 0,85 °C (0,65–1,06) с 1880 по 2012 г. К концу XXI в. (2081–2100 гг.) глобальная температура может увеличиться на 1,5 °C (относительно 1850 г.), что приведет к повышению уровня моря на 1 мм в год в течение последних десятилетий века [6–8].

Выявлена корреляция между высокой численностью больных холерой в весенне-летние периоды в странах с тропическим и субтропическим климатом и сезонными изменениями экологических факторов в окружающей среде: температурой, pH, кислородным, солевым составом воды, концентрацией и характером органических веществ. Эти процессы могут влиять на персистенцию *V. cholerae* в водных объектах [7, 9].

Существует мнение, что температура является одним из основных факторов, влияющих на частоту обнаружения и численность вибрионов, тем не менее факторы, регулирующие структуру популяции холерных вибрионов и сезонную динамику их обнаружения, все еще до конца не изучены. Разделение роли абиотических и биотических факторов в экологии холеры себя не оправдало [10].

Ретроспективный анализ вспышек холеры 1998–2006 гг. в Индии и Бангладеш во взаимосвязи с параметрами факторов окружающей среды: уровнем атмосферных осадков, концентрацией хлорофилла, температурой воды у поверхности моря, позволил G. Constantin de Magny [11] создать модель, прогнозирующую уровень заболеваемости холерой. Проведенный анализ выявил статистически значимую взаимосвязь роста случаев заболевания холерой с повышением температуры воды, увеличением концентрации хлорофилла и количеством осадков. По результатам этих исследований был сделан вывод, что океанические и климатические группы данных можно использовать в качестве полезных индикаторов при прогнозировании холерных эпидемий, которые связаны с климатом и/или изменениями в водной экосистеме [10].

Изменением климата и повышением температуры также объясняют недавние вспышки в Пакистане, Непале, Китае, Таиланде, Казахстане, Афганистане и Малайзии, Сьерра-Леоне, Демократической Республики Конго, Нигерии, Анголе и Зимбабве [8, 12–15]. Занос холеры на Гаити с последующим развитием эпидемии произошел после сильного землетрясения. Примечательно, что средняя температура воздуха и количество осадков, предшествовавших заносу, значительно превышали средние значения для этого региона, что привело к массовому развитию фито- и зоопланктона. Следствие этого – увеличение хлорофилла и обеспечение дополнительными питательными веществами для последующего развития зоопланктона и гидробионтов [16], которые, будучи местом обитания (резервуаром) возбудителя холеры, участвуют в сохранении и эволюционных преобразованиях холерного вибриона в водных экосистемах [17–19].

Международной группой ученых из США, Франции и Швейцарии проанализировано более 17 тыс. случаев заболевания холерой более чем в 3 тыс. точек по всей Африке с 2000 по 2014 г. Выдвинута версия о вспышках холеры на Африканском континенте, связанных с климатическим феноменом Эль-Ниньо, который сильно влияет на погодные

условия во всем мире [20]. С использованием высокоразрешающих методов картографирования S.M. Moore и соавт. [20] установили, что с 2000 по 2014 г. область географического распространения холеры в Африке резко менялась в годы температурных флуктуаций Эль-Ниньо. Течение Эль-Ниньо (периодически повторяющийся климатический феномен в Тихом океане) влияет на географию распространения холеры в Африке. Авторы считают, что взаимосвязь распространения холеры с климатическим феноменом обусловлена увеличением количества осадков, что характерно для Восточной Африки во время прихода Эль-Ниньо, в то время как в Северной и Южной Африке, напротив, наблюдается уменьшение количества осадков. В результате исследования было показано, что общее число случаев заболевания холерой в Африке было одинаковым в годы температурных флуктуаций Эль-Ниньо и в обычные годы, однако географическое распределение холеры значительно менялось во время или сразу после климатического явления. Так, во время прихода Эль-Ниньо в Южной Африке диагностировали примерно на 30 тыс. случаев заболевания холерой меньше, тогда как число заболевших в Восточной Африке возросло более чем на 48 тыс. случаев. В Восточной Африке сильные дожди вызвали переполнение канализации и загрязнение питьевой воды. В других частях Африки засушливая погода приводила к тому, что чистая вода становилась менее доступной, поэтому люди потребляли воду из загрязненных источников. S.M. Moore и соавт. предположили, что, наблюдая за температурными флуктуациями Эль-Ниньо, можно разработать систему раннего предупреждения об осложнении эпидемической ситуации по холере в эндемичных регионах мира, способную оказывать помощь в планировании и принятии решений в сфере национального здравоохранения в этом регионе, что поможет свести на нет смертность от этого заболевания, достигаящую 30% [20].

Для повышения эффективности эпидемиологического надзора и прогнозирования будущих вспышек холеры L. Escobar и соавт. [7] использовали 12 экологических переменных. К таким ежегодным переменным авторы отнесли минимальную, среднюю и максимальную температуру поверхности моря (°C), максимальную фотосинтетическую активность, среднюю соленость, средний показатель pH, среднее содержание растворенного кислорода (мл/л), среднее содержание нитратов и фосфатов (мкмоль/л); минимальное, среднее и максимальное содержание хлорофилла (мг/м³). Данные о переменных были взяты из базы Bio-ORACLE и базы данных о состоянии морской среды, составленных на основе ежемесячных снимков, сделанных спутниками Aqua, Terramodis и SeaWiFS с 2005 по 2010 г. [7, 21, 22]. Затем данные были использованы для анализа моделей экологической ниши (МЭН) с последующей интерпретацией в программе MaxEnt с целью выведения индекса адаптивности – от 0 для минимального уровня адаптивности до 1 для максимального уровня, что позволило создать карты рисков распространения *V. cholerae* в современных климатических условиях [22].

Для прогнозирования возможного распределения *V. cholerae* при составлении карт были использованы умеренно-консервативный сценарий изменения климата,

а также прогнозы до 2100 г. проекта Всемирной программы исследований климата – World Climate Research Programme Coupled Model Intercomparison Project [5, 7, 10, 21].

В будущем климатическом сценарии МЭН определила несколько областей с подходящими условиями роста и размножения *V. cholerae*, включая тихоокеанское побережье Северной Америки, залив Святого Лаврентия у побережья Квебека, Канаду, Коралловое море и Тасманово море от Фиджи до Новой Зеландии и Черного моря в Юго-Восточной Европе. Кроме того, в прогностической модели наблюдается сдвиг подходящих экологических условий для *V. cholerae* от низких до высоких широт. К тому же эта модель показывает смещение параллели планктонных сообществ, которые переместились на север в последние десятилетия в ответ на повышение температуры морской воды [7, 12, 10].

На территории РФ за период 7-й пандемии эпидемические проявления по холере характеризовались заносами инфекции без последующего распространения возбудителя [1, 23].

Это свидетельствует о необходимости слежения за циркуляцией холерных вибрионов в объектах окружающей среды посредством целенаправленного мониторинга поверхностных водоемов. На основании ежегодного мониторинга получены данные о возможности длительного сохранения нетоксигенных холерных вибрионов в некоторых водных объектах с определенными эколого-гигиеническими условиями, не исключая вероятность их заносов [24, 23].

В системе эпидемиологического надзора за холерой важнейшее значение имеет наличие многолетних пополняемых баз данных о циркуляции в объектах окружающей среды и свойствах штаммов *V. cholerae* O1 и O139 как для прогнозирования эпидемической обстановки, так и для своевременного определения направленности и объема профилактических мероприятий на каждой конкретной административной территории [1, 24].

Результаты мониторинга холерных вибрионов на территории бывшего СССР отражены в Справочнике-кадастре, данные которого охватывают 1970–1988 гг. [25], а на территории РФ – в новой единой и пополняемой геоинформационной системе (ГИС) «Распространение холерных вибрионов в объектах окружающей среды на территории Российской Федерации в 1989–2014 гг.», которая разрабатывалась поэтапно [26]. Полученные данные по количеству и характеристике выделенных штаммов холерных вибрионов O1 и O139 серогрупп собраны в электронные таблицы, которые имеют ретроспективную и перспективную направленность. ГИС позволяет пополнять ее новыми свойствами выделенных штаммов в единой системе, обрабатывать и анализировать информацию по схожести и различию штаммов и по пространственной характеристике их обнаружения [27, 28].

В ФКУЗ «Ростовский-на-Дону противочумный институт» Роспотребнадзора разработана пополняемая ГИС «Эпидемиологический надзор за холерой» в онлайн-формате с указанием точек отбора проб воды, мест выделения штаммов *V. cholerae*, номера штамма и даты выделения (см. рисунок), куда вошли данные начиная с 1989 г. В состав ГИС входят также данные о VNTR- и INDEL-генотипах штаммов холерного



Геоинформационная система «Эпидемиологический надзор за холерой»

Звездочками отмечены места выделения холерных вибрионов O1, цифрами – количество штаммов.

вибриона, что позволяет в режиме реального времени проводить анализ распределения генотипов выделяемых штаммов холерного вибриона во времени и по территориям, а также с учетом ретроспективы их идентичность, возможное происхождение. Генотипический анализ выборки штаммов с 2008 по 2016 г. выявил, что 65 штаммов распределились между 32 генотипами. Обращает на себя внимание, что одни и те же генотипы выделяли в течение нескольких лет. Например, штаммы генотипа № 6 выделены в 2008, 2009, 2011 и 2013 гг. Причем родство штаммов этого генотипа, выделенных в 2008 и 2013 гг., подтверждено данными полногеномного секвенирования [29, 30].

Вместе с тем ряд выделенных штаммов отличается от штаммов, циркулировавших ранее. Так, штаммы генотипа № 29 (*tcp+*, *ctx-*) существенно не похожи на остальные штаммы, как и штаммы № 32, 16, 7, 5, 20, и ряд других генотипов.

Продолжающееся распространение холеры в современный период по континентам и странам мира обусловлено различными по происхождению чрезвычайными ситуациями (ЧС), способствующими активизации социальных и природных факторов риска, которые, являясь косвенными (неуправляемыми) регуляторами эпидемического процесса, выступают в роли причин и условий, влияющих, в свою очередь, на активизацию эпидемического процесса, и определяют состояние эпидемической обстановки по холере в мире. ЧС, в том числе природного характера, природные факторы риска (географическое положение страны, административных территорий, на которых регистрируют сезоны ливней и ураганов), способствующие активизации эпидемического процесса при холере, рассматривают как основные (базовые) информационные данные для прогнозирования. Это явилось обоснованием для оценки риска активизации эпидемического процесса при холере в мире. Оценка проведена с учетом систематизации ЧС различного происхождения,

а также ЧС, имевших место в 2016 г. При оценке риска учитывали градацию ЧС с экспертной оценкой в баллах. Разработанные принципы прогнозирования осложнения эпидемической ситуации по холере в мире с учетом ЧС и изменения социальных и природных факторов, определяющих активизацию эпидемического процесса при холере, независимо от тенденции в динамике заболеваемости, являются объективными для заключения о реальной опасности активизации эпидемического процесса на глобальном, континентальных и региональных уровнях [1].

Таким образом, повышение температуры вследствие глобального изменения климата в настоящее время способно повлечь за собой более высокую заболеваемость передаваемыми с водой инфекциями, такими как холера. При изменении климата область географического распространения возбудителя также может измениться, что потенциально способствует возрастанию возможности контакта с этими патогенными бактериями и повышению риска заражения людей. Кроме того, холерные вибрионы, являясь сочленами сложных водных экосистем, вступают в различные взаимоотношения с другими компонентами водной биоты, и любые изменения, происходящие в популяции фито-, зоопланктона и других хозяев также могут вызывать изменения экологии этих патогенных бактерий обитателей водной среды.

В связи с этим в настоящее время возникает необходимость изучения экологии холерных вибрионов с широких биологических позиций с привлечением популяционно-экологических подходов и новых методов к изучению адгезии и колонизации возбудителя на объектах внешней среды, взаимоотношений их со всеми компонентами водной экосистемы. Такие исследования могут быть полезны как для более глубокого понимания биологии вибрионов, так и для прогнозирования эпидемической ситуации, так как холера даже в наше время остается приоритетной проблемой мирового здравоохранения.

СВЕДЕНИЯ ОБ АВТОРАХ

ФКУЗ «Ростовский-на-Дону противочумный институт» Роспотребнадзора:

Меньшикова Елена Аркадьевна – кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, руководитель группы экологии холерных вибрионов лаборатории микробиологии холеры

E-mail: super.monika2007@yandex.ru

Титова Светлана Викторовна – кандидат медицинских наук, директор

E-mail: Titova_SV@antiplague.ru

Курбатова Екатерина Михайловна – научный сотрудник группы экологии холерных вибрионов лаборатории микробиологии холеры

E-mail: super.monika2007@yandex.ru

Водопьянов Алексей Сергеевич – кандидат медицинских наук, старший научный сотрудник, руководитель группы вирусологии лаборатории диагностики особо опасных инфекций

E-mail: alexvod@gmail.com

Писанов Руслан Вячеславович – кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, заведующий лабораторией диагностики особо опасных инфекций

E-mail: pisanov.ruslan@yandex.ru

Москвитина Эльза Афанасьевна – доктор медицинских наук, профессор, ведущий научный сотрудник лаборатории эпидемиологии

E-mail: Elza-epid@mail.ru

ЛИТЕРАТУРА

1. Москвитина Э.А., Тюленева Е.Г., Самородова А.В., Кругликов В.Д. и др. Эпидемиологическая обстановка по холере в мире и России в 2007–2016 гг., прогноз на 2017 г. // Пробл. особо опасных инфекций. 2017. № 1. С. 13–20. doi: 10.21055/0370-1069-2017-1-13-20.
2. Арутюнов Ю.И., Ломов Ю.М., Водяницкая С.Ю., Прометной В.И. Цикличность седьмой пандемии холеры и солнечная активность // Эпидемиол. и инфекц. бол. 2011. № 2. С. 32–36.
3. Lipp E.K., Huq A., Colwell R.R. Effects of global climate on infectious disease: the cholera model // Clin. Microbiol. Rev. 2002. Vol. 15, N 4. P. 757–770.
4. Faruque S., Nityananda C., Kamruzzaman M., Dziejman M. et al. Genetic diversity and virulence potential of environmental *Vibrio cholerae* population in a cholera-endemic area // Proc. Natl Acad. Sci. USA. 2004. Vol. 101, N 7. P. 2123–2128. doi: 10.1073/pnas.0308485100.
5. World Health Organization. 2016.6. Inter-Governmental Panel on Climate Change (IPCC). Climate Change. 2014.
7. Escobar L., Ryan S.J., Stewart-Ibarra A.M., Finkelstein J.L. et al. A global map of suitability for coastal *Vibrio cholerae* under current and future climate conditions // Acta Trop. 2015. Vol. 149. P. 202–211. doi: 10.1016/j.actatropica.2015.05.028.
8. Mutreja A., Kim D.W., Thomson N.R., Connor T.R. et al. Evidence for several waves of global transmission in the seventh cholera pandemic // Nature. 2011. Vol. 477. P. 462–465. doi: 10.1038/nature10392.
9. Rashed S.M., Iqbal A., Mannan S.B., Islam T. et al. *Vibrio cholerae* O1 El Tor and O139 Bengal Strains Carrying ctxBET, Bangladesh // Emerg. Infect. Dis. 2013. Vol. 19, N 10. P. 1713–1715. doi: 10.3201/eid1910.130626.
10. de Magny G., Nur C., Hasan A., Roche B. How community ecology can improve our understanding of cholera dynamics // Front. Microbiol. 2014. Vol. 5. P. 137. doi: 10.3389/fmicb.2014.00137.
11. de Magny G.C., Murtugudde M.R., Sapiano P., C. W. Brown C.W. et al. Environmental signatures associated with cholera epidemics // Proc. Natl Acad. Sci. USA. 2008. Vol. 105, N 46. P. 17 676–17 681. doi: 10.1073/pnas.0809654105.
12. Jueterbock A., Tyberghein L., Verbruggen H., Coyer J.A. et al. Climate change impact on seaweed meadow distribution in the North Atlantic rocky intertidal // Ecol. Evol. 2013. Vol. 3. P. 1356–1373. URL: <http://dx.doi.org/10.1002>.
13. Harris J.B., La Rocque R.C., Charles R., Mazumder R.N. et al. Cholera's Western Front // Lancet. 2010. Vol. 376, N 9757. P. 1961–1965.
14. Reyburn R., Kim D.R., Emch M., Khatib A. et al. Climate Variability and the Outbreaks of Cholera in Zanzibar, East Africa: A Time Series Analysis // Am. J. Trop. Med. Hyg. 2011. Vol. 84, N 6. P. 862–869. doi: 10.4269/ajtmh.2011.10-0277.
15. Tyberghein L., Verbruggen H., Pauly K., Troupin C. et al. Bio-ORACLE: a global environmental dataset for marine species distribution modeling // Glob. Ecol. Biogeogr. 2012. Vol. 21. P. 272–281. URL: <http://dx.doi.org/10.1111/j1466-8238.2011.00656.x>.
16. Bogich T.L., Chunara R., Scales D., Chan E. et al. Preventing pandemics via international development: a systems approach // PLoS Med. 2012. Vol. 9, N 12. Article ID e1001354. doi: 10.1371/journal.pmed.1001354.
17. Марков Е.Ю., Куликалова Е.С., Урбанович Л.Я., Вишняков В.С. и др. Хитин и продукты его гидролиза в экологии *vibrio cholerae* // Биохимия. 2015. № 80 (9). С. 1334–1343.
18. Markov E.Y., Kulikalova E.S., Urbanovich L.Y., Vishnyakov V.S., Balakhonov S.V. Chitin and products of its hydrolysis in *vibrio cholerae* ecology // Biochemistry (Mosc). 2015. Vol. 80 (9). P. 1109–1116. doi: 0.1134/S0006297915090023.
19. Prusso C., Vezulli L., Colwell R.R. Global impact of *Vibrio cholerae* interactions with chitin // Environ. Microbiol. 2008. Vol. 10, N 6. P. 1400–1410.
20. Moore S.M., Azman A.S., Zaitchik B.F., Mintz E.D. et al. El Niño and the shifting geography of cholera in Africa // Proc. Natl Acad. Sci. USA. 2017. Vol. 114, N 17. P. 4436–4441. doi: 0.1073/pnas.1617218114.
21. Okeanrasters for analysis of climate and environment. URL: <http://www.oracle.ugent.be>.
22. Merow C., Smith M.J., Silander J.A. A practical guide to Maxent for modeling species'383 distributions: what it does, and why inputs and settings matter // Ecography 2013. Vol. 36. P. 1058–1069. URL: <http://dx.doi.org/10.1111/j1600-87.2013.07872.x>.
23. Титова С.В., Кругликов В.Д., Ежова М.И. Анализ динамики выделения и биологических свойств штаммов *V. cholerae* O1 El-Tor, изолированных из водных объектов на территории Ростовской области в 2003–2014 гг. // Здоровье населения и среда обитания. 2015. № 2. С. 39–41.
24. Ежова М.И., Кругликов В.Д., Водопьянов А.С., Водопьянов С.О. и др. Холерные вибрионы O1 серогруппы, выделенные из водных объектов Ростова-на-Дону в ходе мониторинга в 2008–2012 гг. // Пробл. особо опасных инфекций. 2013. № 4. С. 56–59.

25. Мединский Г.М., Наркевич М.И., Ломов Ю.М. Справочник-кадастр распространения вибрионов эльтор в поверхностных водоемах и сточных водах во время 7-й пандемии холеры. Ростов н/Д, 1991. 171 с.

26. Распространение холерных вибрионов в объектах окружающей среды на территории Российской Федерации в 2005–2008 годах. Свидетельство о государственной регистрации баз данных № 2010620040.

27. Зубкова Д.А., Водопьянов А.С., Архангельская И.В., Кругликов В.Д. и др. Использование новой ГИС для ретроспективного и оперативного анализа свойств холерных вибрионов O1, выделенных из объектов окружающей среды на территории России // Холера и патогенные для человека вибрионы. 2014. № 27. С. 47–50.

28. Зубкова Д.А., Кругликов В.Д., Архангельская И.В., Водопьянов А.С. и др. Генетические особенности штаммов холерных вибрионов O1серогруппы ctxA-ctxB, выделенных из водных объектов Российской Федерации, охарактеризованные с помощью новой геоинформационной системы // Здоровье населения и среда обитания. 2014. № 9. С. 32–34.

29. Писанов Р.В., Ежова М.И., Монахова Е.В., Черкасов А.В. и др. Особенности структуры генома токсигенного штамма *Vibrio cholerae* El Tor Инаба, выделенного в 2014 г. из открытого водоема в Ростове-на-Дону // Пробл. особо опасных инфекций. 2015. № 2. С. 63–67.

30. Мазрухо А.Б., Кругликов В.Д., Монахова Е.В., Москвитина Э.А. и др. Мониторинга за холерными вибрионами в акватории Таганрогского залива Азовского моря в 2011–2012 гг. // Эпидемиол. и инфекц. бол. 2013. № 6. С. 39–42.

REFERENCES

1. Moskvitina E.A., Tyuleneva E.G., Samorodova A.V., Kruglikov V.D., et al. Epidemiological situation on cholera across the globe and in the Russian Federation in 2007–2016. Forecast for 2017. *Problemy osobo opasnykh infektsiy* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2017; (1): 13–20. doi: 10.21055/0370-1069-2017-1-13-20. (in Russian)

2. Arutyunov Yu.I., Lomov Yu.M., Vodyanitskaya S.Yu., Prometnoy V.I. Cyclicity of the seventh cholera pandemic and solar activity. *Epidemiologiya i infektsionnye bolezni* [Epidemiology and Infectious Diseases]. 2011; (2): 32–6. (in Russian)

3. Lipp E.K., Huq A., Colwell R.R. Effects of global climate on infectious disease: the cholera model. *Clin Microbiol Rev.* 2002; 15 (4): 757–70.

4. Faruque S., Nityananda C., Kamruzzaman M., Dziejman M., et al. Genetic diversity and virulence potential of environmental *Vibrio cholerae* population in a cholera-endemic area. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2004; 101 (7): 2123–8. doi: 10.1073/pnas.0308485100.

5. World Health Organization. 2016.6. Inter-Governmental Panel on Climate Change (IPCC). *Climate Change.* 2014.

7. Escobar L., Ryan S.J., Stewart-Ibarra A.M., Finkelstein J.L., et al. A global map of suitability for coastal *Vibrio cholerae* under current and future climate conditions. *Acta Trop.* 2015; 149: 202–11. doi: 10.1016/j.actatropica.2015.05.028.

8. Mutreja A., Kim D.W., Thomson N.R., Connor T.R., et al. Evidence for several waves of global transmission in the seventh cholera pandemic. *Nature.* 2011; 477: 462–5. doi: 10.1038/nature10392.

9. Rashed S.M., Iqbal A., Mannan S.B., Islam T., et al. *Vibrio cholerae* O1 El Tor and O139 Bengal Strains Carrying ctxBET, Bangladesh. *Emerg Infect Dis.* 2013; 19 (10): 1713–5. doi: 10.3201/eid1910.130626.

10. de Magny G., Nur C., Hasan A., Roche B. How community ecology can improve our understanding of cholera dynamics. *Front Microbiol.* 2014; 5: 137. doi: 10.3389/fmicb.2014.00137.

11. de Magny G.C., Murtugudde M.R., Sapiano P., C. W. Brown C.W., et al. Environmental signatures associated with cholera epidemics. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2008; 105 (46): 17 676–81. doi: 10.1073/pnas.0809654105.

12. Jueterbock A., Tyberghein L., Verbruggen H., Coyer J.A., et al. Climate change impact on seaweed meadow distribution in the North Atlantic rocky intertidal. *Ecol Evol.* 2013; 3: 1356–73. <http://dx.doi.org/10.1002>.

13. Harris J.B., La Rocque R.C., Charles R., Mazumder R.N., et al. Cholera's Western Front. *Lancet.* 2010; 376 (9757): 1961–5.

14. Reyburn R., Kim D.R., Emch M., Khatib A., et al. Climate Variability and the Outbreaks of Cholera in Zanzibar, East Africa: A Time Series Analysis. *Am J Trop Med Hyg.* 2011; 84 (6): 862–9. doi: 10.4269/ajtmh.2011.10-0277.

15. Tyberghein L., Verbruggen H., Pauly K., Troupin C., et al. Bio-ORACLE: a global environmental dataset for marine species distribution modeling. *Glob Ecol Biogeogr.* 2012; 21: 272–81. <http://dx.doi.org/10.1111/j1466-8238.2011.00656.x>.

16. Bogich T.L., Chunara R., Scales D., Chan E., et al. Preventing pandemics via international development: a systems approach. *PLoS Med.* 2012; 9 (12): e1001354. doi: 10.1371/journal.pmed.1001354.

17. Markov E.Yu., Kulikalova E.S., Urbanovich L.Ya., Vishnyakov V.S., et al. Chitin and Products of Its Hydrolysis in *Vibrio cholerae* Ecology (review). *Biokhimiya* [Biochemistry]. 2015; 80 (9): 1334–43. (in Russian)

18. Markov E.Yu., Kulikalova E.S., Urbanovich L.Ya., Vishnyakov V.S., Balakhonov S.V. Chitin and Products of Its Hydrolysis in *Vibrio cholerae* Ecology. *Biochemistry (Mosc).* 2015; 80 (9): 1109–16. doi: 0.1134/S0006297915090023.

19. Prusso C., Vezulli L., Colwell R.R. Global impact of *Vibrio cholerae* interactions with chitin. *Environ Microbiol.* 2008; 10 (6): 1400–10.

20. Moore S.M., Azman A.S., Zaitchik B.F., Mintz E.D., et al. El Niño and the shifting geography of cholera in Africa. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2017; 114 (17): 4436–41. doi: 10.1073/pnas.1617218114.

21. Okeanrasters for analysis of climate and environment. <http://www.oracle.ugent.be>.

22. Merow C., Smith M.J., Silander J.A. A practical guide to Maxent for modeling species' distributions: what it does, and why inputs and settings matter. *Ecography* 2013; 36: 1058–69. <http://dx.doi.org/10.1111/j1600-87.2013.07872.x>.

23. Titova S.V., Kruglikov V.D., Ezhova M.I. Analysis of isolation dynamics and biological properties of *V. Cholerae* O1 El-Tor strains from water objects on the territory of Rostov Region in 2003–2014. *Zdorov'e naseleniya i sreda obitaniya* [Public Health and Life Environment]. 2015; (2): 39–41. (in Russian)

24. Ezhova M.I., Kruglikov V.D., Vodoplyanova A.S., Vodoplyanov S.O., et al. O1 serogroup cholera vibrios isolated from the Rostov-on-Don water bodies in the course of surveillance in 2008–2012. *Problemy osobo opasnykh infektsiy* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2013; (4): 56–9. (in Russian)

25. Medinskij G.M., Narkevich M.I., Lomov Yu.M. Directory-cadastral of the distribution of Eltor vibrio in surface waters and sewage during the 7th pandemic of cholera. Rostov-on-Don; 1991: 171 p. (in Russian)

26. Distribution of cholera vibrios in environmental objects on the territory of the Russian Federation in 2005–2008. Certificate of state registration of databases № 2010620040. (in Russian)

27. Zubkova D.A., Vodop'yanov A.S., Arkhangel'skaya I.V., Kruglikov V.D., Nepomnyashchaya N.B. New GIS usage for retrospective and operational analysis of the properties of O1 cholera vibrios isolated from environmental objects on the territory of Russia. *Kholera i patogennyye dlya cheloveka vibriony* [Cholera and human pathogenic vibrios]. 2014; (27): 47–50. (in Russian)

28. Zubkova D.A., Kruglikov V.D., Arkhangel'skaya I.V., Vodop'yanov A.S., et al. Genetic features of strains *V. cholerae* O1 ctxA-tcpA +, isolated from water bodies of the Russian Federation, described using a

new geoinformation systems. *Zdorov'e naseleniya i sreda obitaniya* [Public Health and Life Environment]. 2014; (9): 32–4. (in Russian)

29. Pisanov R.V., Ezhova M.I., Monakhova E.V., Cherkasov A.V., et al. Peculiarities of Genome Structure of Toxigenic *Vibrio cholerae* El Tor Inaba Strain, Isolated from a Surface Water Body in the Territory of Rostov-on-Don in 2014. *Problemy osobo opasnykh infektsiy* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2015; (2): C.63–7. (in Russian)

30. Mazrukho A.B., Kruglikov V.D., Monakhova E.V., Moskvitina E.A., et al. The results of the monitoring of vibrio cholerae in the Taganrog Bay of the Azov sea in 2011–2012. *Epidemiologiya i infektsionnyye bolezni* [Epidemiology and Infectious Diseases]. 2013; (6): 39–42. (in Russian)