В.А. Рар¹, О.О. Федулina², О.В. Сунцова², А.Ю. Тикунов¹, В.В. Панов³, О.В. Лисак²,
И.В. Козлова², Н.В. Тикунова¹

ВЫЯВЛЕНИЕ БАБЕЗИЙ И БАКТЕРИЙ СЕМЕЙСТВА ANAPLASMATACEAE В МЕЛКИХ МЛЕКОПИТАЮЩИХ НА ТЕРРИТОРИИ ИРКУТСКОЙ И НОВОСИБИРСКОЙ ОБЛАСТЕЙ

¹ ФГБУН «Институт химической биологии и фундаментальной медицины» СО РАН, Новосибирск, Россия

² ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека», Иркутск, Россия

³ ФГБУН «Институт систематики и экологии животных» СО РАН, Новосибирск, Россия

На наличие ДНК бабезий и бактерий семейства Anaplasmataceae исследованы образцы тканей от 218 мелких млекопитающих. У мелких млекопитающих, отловленных на территории Эхирит-Булагатского района Иркутской области, в 10,9 % случаев выявлена ДНК *Babesia microti*, в 7,3 % – *Anaplasma phagocytophilum*, в 1,8 % – *Ehrlichia muris*. У полёвок, отловленных на территории Новосибирской области, в 8,9 % случаев выявлена ДНК *B. microti*, в 8,9 % – *A. phagocytophilum*, в 8,9 % – *Candidatus Neoehrlichia mikurensis*. Все выявленные у грызунов патогены соответствовали видам и генетическим вариантам, ранее обнаруженным в клещах *Ixodes persulcatus*.

Ключевые слова: *Babesia microti*, *Anaplasma phagocytophilum*, *Ehrlichia muris*, *Candidatus Neoehrlichia mikurensis*, грызуны, генетические варианты

DETECTION OF BABESIA AND ANAPLASMATACEAE BACTERIA IN SMALL MAMMALS FROM IRKUTSK AND NOVOSIBIRSK REGIONS

V.A. Rar¹, O.O. Fedulina², O.V. Suntsova², A.Yu. Tikunov¹, V.V. Panov³, O.V. Lisak²,
I.V. Kozlova², N.V. Tikunova¹

¹ Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine SB RAS, Novosibirsk, Russia

² Scientific Center for Family Health and Human Reproduction Problems, Irkutsk, Russia

³ Institute of Systematics and Ecology of Animals SB RAS, Novosibirsk, Russia

Tissue samples from 228 small mammals captured from 2013 to 2015 in four districts of Irkutsk region and in one district of Novosibirsk region were examined for the presence of Anaplasmataceae bacteria and Babesia parasites by nested PCR method with subsequent sequencing of positive samples. In Ekhirit-Bulagatskiy District of Irkutsk region, *Babesia microti* DNA was found in 10.9 % of small mammals, *Anaplasma phagocytophilum* DNA – in 7.3 %, and *Ehrlichia muris* DNA – in 1.8 %. Infected mammals were not found in the other three examined districts of Irkutsk region. In Novosibirsk region, *B. microti* DNA was found in 8.9 % of small rodents, *A. phagocytophilum* DNA – in 8.9 % of small mammals, and *Candidatus Neoehrlichia mikurensis* DNA – in 8.9 % of small mammals. The identified infection agents corresponded to microorganism species and genetic variants previously found in *Ixodes persulcatus* ticks but not in ticks of other species.

Key words: *Babesia microti*, *Anaplasma phagocytophilum*, *Ehrlichia muris*, *Candidatus Neoehrlichia mikurensis*, rodents, genetic variants

Иксодовые клещи являются переносчиками вирусных, бактериальных и протозойных возбудителей инфекционных заболеваний человека и животных. Жизненные циклы переносимых клещами патогенов включают стадии размножения в иксодовых клещах, а также в клетках крови и внутренних органов позвоночных животных, служащих резервуарными хозяевами [10].

Большинство природных очагов сформировано с участием нескольких видов иксодовых клещей – *Ixodes persulcatus* / *Ixodes ricinus* (европейская часть России); *I. persulcatus* / *Ixodes trianguliceps* (Урал, Западная Сибирь); *I. persulcatus* / *Ixodes pavlovskyi* (Алтай, Западная Сибирь); *I. persulcatus* / *Haemaphysalis concinna* / *Dermacentor nuttalli* (Алтай, Восточная Сибирь) и др. Обитающие в лесных биотопах мышевидные грызуны являются основными прокормителями преимагинальных стадий развития различных видов иксодовых клещей. Показано, что личинки и нимфы различных видов клещей могут прокармливаются на одних и тех же хозяевах (мышевидных грызунах, насекомоядных), что может приводить к передаче

генетических вариантов микроорганизмов, характерных для одного вида клеща, клещам другого вида.

Клещи *I. persulcatus* широко распространены в лесной и лесостепной зонах России и являются переносчиками ряда инфекционных агентов: вируса клещевого энцефалита, вируса Кемерово, боррелий (*Borrelia burgdorferi sensu lato* и *Borrelia miyamotoi*); бактерий из семейства Anaplasmataceae (*Anaplasma phagocytophilum*, *Ehrlichia muris*, *Candidatus Neoehrlichia mikurensis*), простейших гемопаразитов рода *Babesia* (*Babesia microti*, *Babesia venatorum*, *Babesia divergens-like*) и других [1, 6, 11, 12, 14].

Клещи *Ixodes pavlovskyi*, морфологически и генетически схожие с клещами *I. persulcatus*, ранее обнаруживались в двух отдаленных дизъюнктах: в Восточной Манчжурии и Японии и в горных районах юга Западной Сибири. В последние годы ареал *I. pavlovskyi* существенно расширился, что привело к появлению устойчивых популяций *I. pavlovskyi* в окрестностях Новосибирска и Томска, при этом в некоторых биотопах численность *I. pavlovskyi* преобладала над численностью *I. persulcatus* [2, 13]. Инфицированность

клещей *I. pavlovskiy* бактериальными и протозойными инфекционными агентами мало изучена; в клещах *I. pavlovskiy* были выявлены спирохеты *Bor. burgdorferi* s.l. и *Bor. miyamotoi* [8, 15].

Клещи *D. silvarum*, *D. nuttalli* и *H. concinna* являются основными переносчиками патогенных видов риккетсий. Кроме того, в *D. nuttalli* были выявлены патоген овец *Anaplasma ovis* [7] и лошадей *Babesia caballi* (номера доступа в базе данных GenBank JQ288736, DQ987620), а в *H. concinna* – бабезии, филогенетически схожие с пироплазмидами мелкого рогатого скота *Babesia crassa* и *Babesia motasi* [12].

Роль мелких млекопитающих в качестве резервуарных хозяев переносимых иксодовыми клещами патогенов на территории России недостаточно изучена. У мелких млекопитающих, отловленных в ареале *I. persulcatus*, были выявлены генетические варианты *A. phagocytophilum* и *B. microti*, характерные для данного вида клеща [3, 11]. В области симпатрии *I. persulcatus* / *I. trianguliceps* у мелких млекопитающих были выявлены другие генетические варианты *A. phagocytophilum* и *B. microti*, которые наиболее вероятно ассоциированы с клещами *I. trianguliceps* [3, 11]. Инфицированность мелких млекопитающих в области симпатрии других видов клещей на территории России бактериальными и протозойными инфекционными агентами в настоящее время не изучена.

Целью данной работы являлось изучение распространения и генетической вариабельности простейших гемопаразитов рода *Babesia* и бактерий семейства Anaplasmataceae у мелких млекопитающих, обитающих в области симпатрии клещей *I. persulcatus*, *D. silvarum*, *D. nuttalli* и *H. concinna* в Иркутской области и клещей *I. persulcatus* и *I. pavlovskiy* на территории Новосибирской области.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Все работы с дикими животными в природе (отлов, оцес, забор крови) проводились в соответствии с требованиями МУ 3.1.1029-01 «Отлов, учет и прогноз численности мелких млекопитающих и птиц в природных очагах инфекций» и СП 1.3.3118-13 «Безопасность работы с микроорганизмами I–II групп патогенности (опасности)».

Отлов мелких млекопитающих в Иркутской области проводили в 2013–2014 гг. на территории четырех районов. В Эхирит-Булагатском районе было отловлено 55 животных, относящихся к шести видам: 26 полёвок-экономов (*Microtus oeconomus*), 14 обыкновенных бурозубок (*Sorex araneus*), 2 красно-серых полёвок (*Myodes rufocanus*), 9 узкочерепных полёвок (*Microtus gregalis*), 3 лесных мышовки (*Sicista betulina*) и 1 красная полёвка (*Myodes rutilus*); место сбора расположено на границе лесного и пойменно-болотного биотопов, популяция клещей представлена четырьмя видами: *I. persulcatus*, *D. silvarum*, *D. nuttalli* и *H. concinna*.

В Нукутском районе было отловлено 40 животных, относящихся к восьми видам: 21 узкочерепная полёвка, 7 длиннохвостых сусликов (*Spermophilus undulatus*), 5 полёвок-экономов, 2 даурских хомячка (*Cricetulus barabensis*), 2 серых крысы (*Rattus*

norvegicus), 1 восточноазиатская мышь (*Apodemus peninsulae*), 1 полевая мышь (*Apodemus agrarius*) и 1 мышь-малютка (*Micromys minutus*). Место сбора представлено лугополёвым биотопом; популяция клещей представлена тремя видами: *D. nuttalli*, *D. silvarum* и *I. persulcatus* с существенным преобладанием *D. nuttalli*.

В Заларинском районе было отловлено 59 животных, относящихся к шести видам: 26 восточно-европейских полёвок (*Microtus levis*), 20 полёвок-экономов, 9 узкочерепных полёвок, 2 восточноазиатских мыши, 1 красная полёвка и 1 обыкновенная бурозубка. Места сбора представлены лугополёвым и лесокустарниковым биотопами; популяция клещей представлена тремя видами: *D. nuttalli*, *D. silvarum* и *I. persulcatus* с существенным преобладанием *D. nuttalli*.

В Ольхонском районе было отловлено 19 животных, относящихся к трем видам: 9 восточноазиатских мышей, 8 полёвок-экономов и 2 узкочерепных полёвки. Места сбора представлены лугополёвым, лесокустарниковым и околородным биотопами; популяция клещей представлена двумя видами: *D. nuttalli* и *I. persulcatus* с существенным преобладанием *D. nuttalli*.

В Новосибирской области отлов мелких грызунов проводили в 2014–2015 гг. в окрестностях Новосибирского научного центра в различных типах леса. Популяция иксодид представлена двумя видами: *I. persulcatus* и *I. pavlovskiy* с существенным преобладанием последнего вида. Всего было отловлено 45 грызунов, относящихся к восьми видам: 12 красно-серых полёвок, 8 красных полёвок, 7 темных полёвок (*Microtus agrestis*), 6 восточноазиатских мышей, 6 полевых мышей, 4 лесные мышовки, 1 полёвка-экономка и 1 обыкновенная кутора (*Neomys fodiens*).

Мелких млекопитающих отлавливали живоловками со стандартной приманкой, которые выставлялись линиями по 60 штук через 5 м одна от другой и осматривались два раза в сутки. Животные были усыплены хлороформом. Вид и пол отловленных зверьков были определены по стандартным морфологическим признакам. От животных, отловленных в Иркутской области, были взяты образцы печени, а от грызунов из Новосибирской области – образцы крови, печени и селезенки.

Выделение ДНК из образцов крови и гомогенатов тканей проводили с использованием набора реагентов «Проба НК» (ЗАО «ДНК-технология», Москва) в соответствии с инструкцией производителя. ДНК бабезий выявляли методом двухраундовой ПЦР в присутствии родоспецифичных праймеров из области гена 18S рРНК [3], а ДНК бактерий семейства Anaplasmataceae – методом двухраундовой ПЦР в присутствии родоспецифичных праймеров из области гена 16S рРНК [11]. Определение видовой принадлежности бактерий семейства Anaplasmataceae проводили при проведении второго раунда ПЦР в присутствии праймеров, специфичных к *A. phagocytophilum* и *Ehrlichia muris*. Для последующего молекулярно-генетического анализа фрагменты *groESL* оперона бактерий семейства Anaplasmataceae были амплифицированы методом двухраундовой ПЦР, как описано ранее [11].

Полученные продукты ПЦР были очищены с использованием GFX Columns (Amersham Biosciences, USA), нуклеотидные последовательности были определены с использованием ABI 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, USA) и проанализированы с помощью программы BLASTN (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>).

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

На наличие ДНК простейших гемопаразитов рода *Babesia* и бактерий семейства Anaplasmataceae были проанализированы образцы крови и тканей от 45 грызунов из Новосибирской области и 173 грызунов из Иркутской области.

Проведенный анализ образцов от грызунов из Новосибирской области показал, что образцы от семи грызунов содержат ДНК бактерий семейства Anaplasmataceae, а образцы от четырех грызунов – ДНК *Babesia* sp. Видовая принадлежность выявленных инфекционных агентов была определена посредством проведения видоспецифичной ПЦР и секвенированием всех положительных образцов. В образцах от трех грызунов была идентифицирована ДНК *A. phagocytophilum*, в образцах от трех грызунов – ДНК *Ca. N. mikurensis*, а в одном образце – ДНК обоих возбудителей. Все выявленные образцы бабезий относились к виду *B. microti* (табл. 1).

Был отмечен случай одновременного инфицирования грызуна *B. microti* и *A. phagocytophilum* и случай одновременного инфицирования грызуна *B. microti*, *A. phagocytophilum* и *Ca. N. mikurensis*. Среди грызунов, инфицированных бабезиями, были восточноазиатская мышь, лесная мышовка и красно-серые полёвки, а среди грызунов, инфицированных *A. phagocytophilum* и *Ca. N. mikurensis*, – полёвка-экономка и красно-серые полёвки.

В Иркутской области бабезии, анаплазмы и эрлихии были выявлены только в образцах от полёвок-экономок, отловленных на территории Эхирит-Булагатского района. В образцах от шести полёвок была идентифицирована ДНК *B. microti*, в образцах от четырех полёвок – ДНК *A. phagocytophilum*, в образце от одной полёвки – ДНК *E. muris*. Три полёвки были одновременно инфицированы *A. phagocytophilum* и *B. microti*, а одна полёвка – *E. muris* и *B. microti*.

Молекулярно-генетический анализ выявленных возбудителей, проведенный на основании анализа последовательностей *groESL* оперона *A. phagocy-*

tophilum и *Ca. N. mikurensis* и последовательностей гена 18S рРНК бабезий, показал, что все выявленные у грызунов образцы *Ca. N. mikurensis* относятся к азиатскому типу, ранее обнаруженному в клещах *I. persulcatus* в различных областях России, в том числе на территории Новосибирской и Иркутской областей (типичные последовательности в базе данных GenBank FJ966359 и FJ966361). Все выявленные у грызунов образцы *A. phagocytophilum* относились к генетической группе 1, которая ранее была идентифицирована в клещах *I. persulcatus* и у грызунов из ареала *I. persulcatus* в различных регионах России (типичные последовательности HM366570 и HQ630614). Все выявленные у грызунов образцы *B. microti* относились к патогенной для людей генетической группе *B. microti* 'US'-type и соответствовали геноварианту, ранее обнаруженному в клещах *I. persulcatus* и у грызунов из ареала *I. persulcatus* в различных регионах России (типичные последовательности AY943957, GU057386). Таким образом, все выявленные у грызунов инфекционные агенты соответствовали видам и генетическим вариантам, ранее обнаруженным в клещах *I. persulcatus* и у мелких млекопитающих из ареала данного вида клеща.

Следует отметить, что в данной работе бабезии, анаплазмы и эрлихии впервые были выявлены у мелких млекопитающих на территории Иркутской области. Несмотря на то, что животные были отловлены в области симпатрии четырех разных видов клещей, в них не были обнаружены инфекционные агенты, выявленные в исследуемом районе в клещах *H. concinna* – *B. crassa*-like, *B. motasi*-like [12], а также инфекционные агенты, выявленные в Иркутской области у овец – *A. ovis* [4] и у лошадей – *Theileria equi* [5]. Следует подчеркнуть, что переносчиком *A. ovis* являются широко распространенные на исследуемой территории клещи *D. nuttalli* [7]; вероятным переносчиком *Theileria equi* также являются клещи *D. nuttalli* (JQ657703) и клещи рода *Haemaphysalis* (KT356588). Можно предположить, что отсутствие исследуемых инфекционных агентов у мелких млекопитающих, отловленных на территории Нукутского, Заларинского и Ольхонского районов Иркутской области, связано с низкой численностью клещей *I. persulcatus* в данных районах.

У грызунов, отловленных в окрестностях Новосибирского научного центра в 2014–2015 гг., были идентифицированы те же виды/генетические вари-

Таблица 1

Выявление ДНК инфекционных агентов в образцах тканей грызунов

Место отлова грызунов	Число исследованных образцов	Число (%) образцов, содержащих ДНК*			
		<i>B. microti</i>	<i>A. phagocytophilum</i>	<i>E. muris</i>	<i>Ca. N. mikurensis</i>
Новосибирская область	45	4 (8,9 %)	4 (8,9 %)	0	4 (8,9 %)
Иркутская область, Эхирит-Булагатский район	55	6 (10,9 %)	4 (7,3 %)	1 (1,8 %)	0
Иркутская область, Нукутский район	40	0	0	0	0
Иркутская область, Заларинский район	59	0	0	0	0
Иркутская область, Ольхонский район	19	0	0	0	0

Примечание. * – включая случаи инфицирования несколькими инфекционными агентами.

анты инфекционных агентов, которые в 2003–2008 гг. были выявлены у мелких млекопитающих, отловленных в данном биотопе [3, 11], однако доля инфицированных различными инфекционными агентами зверьков существенно изменилась. Так, ДНК *B. microti* была обнаружена у 8,9 % грызунов, отловленных в 2014–2015 гг., и у 5,3 % мелких млекопитающих, отловленных в 2003–2008 гг.; ДНК *A. phagocytophilum* – у 8,9 % грызунов, отловленных в 2014–2015 гг., и у 3,3 % мелких млекопитающих, отловленных в 2003–2008 гг.; ДНК *Ca. N. mikurensis* – у 8,9 % грызунов, отловленных в 2014–2015 гг., и лишь у 0,3 % мелких млекопитающих, отловленных в 2003–2008 гг. Напротив, *E. muris* была обнаружена у 3,9 % мелких млекопитающих, отловленных в 2003–2008 гг., но не была выявлена ни у одного из грызунов, отловленных в 2014–2015 гг. Возможной причиной такого изменения структуры инфекционных агентов у мелких млекопитающих может являться изменение иксодофауны на исследуемом участке. Показано, что за последние годы клещи *I. pavlovskiy* существенно вытеснили *I. persulcatus* в исследуемом биотопе [2]. Инфицированность индивидуальных *I. pavlovskiy* в исследуемом локусе в настоящее время не изучена, однако в результате проведенного анализа микробиомов клещей в *I. pavlovskiy* были выявлены ДНК *A. phagocytophilum* и *Ca. N. mikurensis*, но не *E. muris* [9].

Таким образом, в образцах от мелких млекопитающих были выявлены инфекционные агенты, характерные для клещей рода *Ixodes*, но не для клещей других родов. Выявленные у мелких млекопитающих генетические варианты *A. phagocytophilum*, *Ca. N. mikurensis* и *B. microti* ранее были идентифицированы в клещах *I. persulcatus* на исследуемых участках.

Работа частично поддержана грантом РФФ № 15-14-20020 (анализ образцов из Новосибирской области) и частично поддержана грантом РФФИ, проект № 14-04-32375 (анализ образцов из Иркутской области).

ЛИТЕРАТУРА REFERENCES

1. Коренберг Э.И., Горелова Н.В., Ковалевский Ю.В. Основные черты природной очаговости иксодовых клещевых боррелиозов России // Паразитология. – 2002. – Т. 36, № 3. – С. 177–191.
2. Korenberg EI, Gorelova NB, Kovalevskiy YuV (2002). Main features of natural focaloty of ixodid tick-borne borreliosis in Russia [Osnovnye cherty prirodnoy ochagovosti iksodovykh kleshchevykh borreliozov Rossii]. *Parazitologiya*, 3 (36), 177–191.
3. Ливанова Н.Н., Ливанов С.Г., Панов В.В. Особенности распределения клещей *Ixodes persulcatus* и *Ixodes pavlovskiy* на границе лесной и лесостепной зон Приобья // Паразитология. – 2011. – Т. 45, № 2. – С. 94–103.
4. Livanova NN, Livanov SG, Panov VV (2011). Features of the distribution of *Ixodes persulcatus* and *Ixodes pavlovskiy* ticks at the boundary between the forest and forest-steppe zones in the Ob River area [Osobennosti raspredeleniya kleshchey *Ixodes persulcatus* i *Ixodes pavlovskiy* na granitse lesnoy i lesostepnoy zon Priob'ya]. *Parazitologiya*, 2 (45), 94–103.
5. Пар В.А., Епихина Т.И., Ливанова Н.Н., Панов В.В., Пуховская Н.М., Высочина Н.П., Иванов Л.И. Выявление ДНК бабезий у мелких млекопитающих и иксодовых клещей в трех различных природных очагах Северного Урала, Западной Сибири и Дальнего Востока // Молекул. генетика, микробиология и вирусология. – 2010. – № 3. – С. 26–30.
6. Rar VA, Epikhina TI, Livanova NN, Panov VV, Pukhovskaya NM, Vysochina NP, Ivanov LI (2010). Detection of *Babesia* spp. DNA in small mammals and ixodic ticks in three different natural foci of the North Ural, Western Siberia and Far East of Russia [Vyyavlenie DNK babeziy u melkikh mlekopitayushchikh i iksodovykh kleshchey v trekh razlichnykh prirodnykh ochagakh Severnogo Urала, Zapadnoy Sibiri i Dal'nego Vostoka]. *Molekul. genetika, mikrobiologiya i virusologiya*, (3), 26–30.
7. Пар В.А., Епихина Т.И., Ефремова Е.А., Марченко В.А., Сунцова О.В., Лисак О.В., Дорощенко Е.К., Зубарева И.М., Тикунов А.Ю., Тикунова Н.В. Молекулярно-генетический анализ возбудителей анаплазмозов сельскохозяйственных животных на территории Западной и Восточной Сибири // Бюл. ВСНЦ СО РАМН. – 2015. – № 5 (105). – С. 83–87.
8. Rar VA, Yepikhina TI, Yefremova EA, Marchenko VA, Suntsova OV, Lisak OV, Doroshchenko EK, Zubareva IM, Tikunov AYU, Tikunova NV (2015). Molecular genetic analysis of farm animal anaplasmosis agents on the territory of Western and Eastern Siberia [Molekulyarno-geneticheskiy analiz vozbuditeley anaplazmozov sel'skokhozyaystvennykh zhivotnykh na territorii Zapadnoy i Vostochnoy Sibiri]. *Byul. VSNTs SO RAMN*, (5), 83–87.
9. Федудина О.О., Козлова И.В., Сунцова О.В., Пар В.А., Мельцов И.В., Лисак О.В., Чекушкина В.В. Выявление *Theileria equi* в крови лошадей на территории Иркутской области // Бюл. ВСНЦ СО РАМН. – 2014. – № 6 (100). – С. 101–104.
10. Fedulina OO, Suntsova OV, Rar VA, Mel'tsov IV, Kozlova IV, Lisak OV, Chekushkina VV (2014). Detection of *Theileria equi* in horse blood in the Irkutsk Region [Vyyavlenie *Theileria equi* v krovi loshadey na territorii Irkutskoy oblasti]. *Byul. VSNTs SO RAMN*, (6), 101–104.
11. Фоменко Н.В., Ливанова Н.Н., Боргояков В.Ю., Козлова И.В., Шулайкина И.В., Пуховская Н.М., Токарев К.Н., Ливанов С.Г., Дорощенко Е.К., Иванов Л.И. Выявление *Borrelia miyamotoi* в клещах *Ixodes persulcatus* на территории России // Паразитология. – 2010. – Т. 44, № 3. – С. 201–211.
12. Fomenko NV, Livanova NN, Borgoyakov VYu, Kozlova IV, Shulaykina IV, Pukhovskaya NM, Tokarevich KN, Livanov SG, Doroshchenko EK, Ivanov LI (2010). Detection of *Borrelia miyamotoi* in *Ixodes persulcatus* ticks from Russia [Vyyavlenie *Borrelia miyamotoi* v kleshchakh *Ixodes persulcatus* na territorii Rossii]. *Parazitologiya*, 3 (44), 201–211.
13. Kang YJ, Diao XN, Zhao GY, Chen MH, Xiong Y, Shi M, Fu WM, Guo YJ, Pan B, Chen XP, Holmes EC, Gillespie JJ, Dumler SJ, Zhang YZ (2014). Extensive diversity of *Rickettsiales* bacteria in two species of ticks from China and the evolution of the *Rickettsiales*. *BMC Evol. Biol.*, (14), 167.
14. Korenberg EI, Nefedova VV, Romanenko VN, Gorelova NB (2010). The tick *Ixodes pavlovskiy* as a host of spirochetes pathogenic for humans and its possible role in

the epizootiology and epidemiology of borrelioses. *Vector Borne Zoonotic Dis.*, (10), 453-458.

9. Kurilshikov AM, Livanova NN, Fomenko NV, Tupikin AE, Rar VA, Kabilov MR, Livanov SG, Tikunova NV (2015). Comparative metagenomic profiling of symbiotic bacterial communities associated with *Ixodes persulcatus*, *Ixodes pavlovskyi* and *Dermacentor reticulatus* ticks. *PLoS One.*, (10), e0131413.

10. Parola P, Raoult D (2001). Ticks and tickborne bacterial diseases in humans: an emerging infectious threat. *Clin. Infect. Dis.*, (32), 897-928.

11. Rar VA, Epikhina TI, Livanova NN, Panov VV, Doroshenko EK, Pukhovskaya NM, Vysochina NP, Ivanov LI (2011). Genetic variability of *Anaplasma phagocytophilum* in *Ixodes persulcatus* ticks and small mammals in the Asian part of Russia. *Vector Borne Zoonotic Dis.*, (11), 1013-1021.

12. Rar VA, Epikhina TI, Suntsova OV, Kozlova IV, Lisak OV, Pukhovskaya NM, Vysochina NP, Ivanov LI, Ti-

kunova NV (2014). Genetic variability of *Babesia* parasites in *Haemaphysalis* spp. and *Ixodes persulcatus* ticks in the Baikal region and Far East of Russia. *Infect. Genet. Evol.*, (28), 270-275.

13. Romanenko V, Leonovich S (2015). Long-term monitoring and population dynamics of ixodid ticks in Tomsk city (Western Siberia). *Exp. Appl. Acarol.*, (66), 103-118.

14. Shpynov S, Fournier PE, Rudakov N, Tarasevich I, Raoult D (2006). Detection of members of the genera *Rickettsia*, *Anaplasma*, and *Ehrlichia* in ticks collected in the Asiatic part of Russia. *Ann. N. Y. Acad. Sci.*, (1078), 378-383.

15. Takano A, Toyomane K, Konnai S, Ohashi K, Nakao M, Ito T, Andoh M, Maeda K, Watarai M, Sato K, Kawabata H (2014). Tick surveillance for relapsing fever spirochete *Borrelia miyamotoi* in Hokkaido, Japan. *PLoS One.*, (9), e104532.

Сведения об авторах

Information about the authors

Рар Вера Александровна – кандидат биологических наук, научный сотрудник ФГБУН «Институт химической биологии и фундаментальной медицины» СО РАН (630090, г. Новосибирск, пр. Лаврентьева, 8; тел.: 8 (3833) 63-51-37; e-mail: rarv@niboch.nsc.ru)

Rar Vera Aleksandrovna – Candidate of Biological Sciences, Research Officer of Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine SB RAS (630090, Novosibirsk, pr. Lavrent'eva, 8; tel.: +7 (3833) 63-51-37; e-mail: rarv@niboch.nsc.ru)

Федулина Ольга Олеговна – младший научный сотрудник лаборатории молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики ФГБУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека» (664003, г. Иркутск, ул. Тимирязева, 16; тел./факс: 8 (3952) 33-39-51; e-mail: booksline@mail.ru)

Fedulina Olga Olegovna – Junior Research Officer of the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Testing of Scientific Center for Family Health and Human Reproduction Problems (664003, Irkutsk, Timiryazeva str., 16; tel./fax: +7 (3952) 33-39-51; e-mail: booksline@mail.ru)

Сунцова Ольга Владимировна – кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики ФГБУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека» (e-mail: olga_syntsova@list.ru)

Suntsova Olga Vladimirovna – Candidate of Biological Sciences, Research Officer of the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Testing of Scientific Center for Family Health and Human Reproduction Problems (e-mail: olga_syntsova@list.ru)

Тикунев Артем Юрьевич – кандидат биологических наук, научный сотрудник ФГБУН «Институт химической биологии и фундаментальной медицины» СО РАН (e-mail: arttik@ngs.ru)

Tikunov Artem Yurievich – Candidate of Biological Sciences, Research Office of Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine SB RAS (e-mail: arttik@ngs.ru)

Панов Виктор Васильевич – кандидат биологических наук, старший научный сотрудник ФГБУН «Институт систематики и экологии животных» СО РАН (630091, Новосибирск, ул. Фрунзе, 11; тел: 8 (3832) 17-04-08; e-mail: gf@eco.nsc.ru)

Panov Viktor Vasilievich – Candidate of Biological Sciences, Senior Research Officer of Institute of Systematics and Ecology of Animals SB RAS (630091, Novosibirsk, Frunze str., 11; tel: +7 (3832) 17-04-08; e-mail: gf@eco.nsc.ru)

Лисак Оксана Васильевна – младший научный сотрудник лаборатории молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики ФГБУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека» (e-mail: lisak.liza@rambler.ru)

Lisak Oksana Vasilievna – Junior Research Officer of the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Testing of Scientific Center for Family Health and Human Reproduction Problems (e-mail: lisak.liza@rambler.ru)

Козлова Ирина Валерьевна – доктор медицинских наук, заведующая лабораторией молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики ФГБУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека» (e-mail: diwerhoz@rambler.ru)

Kozlova Irina Valerievna – Doctor of Biological Sciences, Head of the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Testing of Scientific Center for Family Health and Human Reproduction Problems (e-mail: diwerhoz@rambler.ru)

Тикунова Нина Викторовна – доктор биологических наук, доцент, заведующая лабораторией ФГБУ «Институт химической биологии и фундаментальной медицины» СО РАН (e-mail: tikunova@niboch.nsc.ru)

Tikunova Nina Viktorovna – Doctor of Biological Sciences, Docent, Head of the Laboratory of Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine SB RAS (e-mail: tikunova@niboch.nsc.ru)