

ЭПИДЕМИОЛОГИЯ EPIDEMIOLOGY

ИКСОДОВЫЕ КЛЕЩИ КАК ПЕРЕНОСЧИКИ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ БАБЕЗИОЗОВ ЧЕЛОВЕКА И ЖИВОТНЫХ В ПРИБАЙКАЛЬЕ

Сунцова О.В.¹,
Рар В.А.²,
Мельцов И.В.³,
Лисак О.В.¹,
Дорощенко Е.К.¹,
Козлова И.В.¹

¹ ФГБНУ «Научный центр проблем
здоровья семьи и репродукции
человека» (664003, г. Иркутск,
ул. Тимирязева, 16, Россия)

² ФГБУН Институт химической биологии
и фундаментальной медицины СО РАН
(630090, г. Новосибирск, просп.
Академика Лаврентьева, 8, Россия)

³ ФГБОУ ВО «Иркутский
государственный аграрный университет
им. А.А. Ежевского» (664038, Иркутский
район, пос. Молодёжный, 1/1, Россия)

Автор, ответственный за переписку:
Сунцова Ольга Владимировна,
e-mail: Olga_syntsova@list.ru

РЕЗЮМЕ

Обоснование. Пироплазмозы (бабезиозы и тейлериозы) – это группа природно-очаговых инфекционных заболеваний человека и животных, вызываемых внутриэритроцитарными паразитами, которые передаются преимущественно иксодовыми клещами. В Прибайкалье, несмотря на широкое распространение очагов бабезиоза и тейлериоза, информация о переносчиках этих заболеваний фрагментарна.

Цель исследования. Выявление переносчиков возбудителей бабезиоза человека и животных, изучение тропизма различных видов бабезий к иксодовым клещам, распространённым в Прибайкалье.

Материалы и методы. На наличие ДНК *Babesia* spp./*Theileria* spp. исследовано 3239 экземпляров *I. persulcatus*, 1795 экземпляров *D. nuttalli* и 729 экземпляров *H. concinna*, собранных в природных станциях Прибайкалья из 19 районов Иркутской области и 6 районов Республики Бурятия, а также 5 экземпляров *D. nuttalli*, снятых с лошадей. Для детекции и типирования бабезий и тейлериЙ использована гнездовая двухраундовая полимеразная цепная реакция с родо- и видоспецифичными праймерами из области гена 18S рРНК. Для изучения генетического разнообразия выявленных возбудителей проводилось выборочное секвенирование образцов.

Результаты. ДНК *Babesia* spp. выявлена в трёх видах иксодовых клещей на территории Иркутской области и в одном – в Республике Бурятия. В клещах *I. persulcatus* обнаружены: *B. microti* «US»-type, *B. venatorum*, *B. crassa-like* и уникальная *Babesia* sp. Irk-Ir655. В клещах *H. concinna* выявлена ДНК *B. crassa-like*, *B. motasi-like* и *Babesia* spp. В клещах *D. nuttalli* обнаружена ДНК *Babesia* spp. и *T. equi*.

Заключение. На территории Прибайкалья выявлены переносчики возбудителей бабезиоза как человека, так и животных. Установлен тропизм *B. microti* «US»-type и *B. venatorum* в отношении клещей *I. persulcatus*. Выявление специфических связей между другими видами бабезий и тейлериЙ и клещами-переносчиками на территории Прибайкалья будет продолжено.

Ключевые слова: бабезии, тейлериИ, иксодовые клещи, тропизм, видовое разнообразие

Для цитирования: Сунцова О.В., Рар В.А., Мельцов И.В., Лисак О.В., Дорощенко Е.К., Козлова И.В. Иксодовые клещи как переносчики возбудителей бабезиозов человека и животных в Прибайкалье. *Acta biomedica scientifica*. 2024;9(6): 249-257. doi: 10.29413/ABS.2024-9.6.25

Статья поступила: 17.10.2024

Статья принята: 15.11.2024

Статья опубликована: 28.12.2024

IXODES TICKS AS CARRIERS OF HUMAN AND ANIMAL BABESIOSIS AGENTS IN THE BAIKAL REGION

Suntsova O.V.¹,
Rar V.A.²,
Meltsov I.V.³,
Lisak O.V.¹,
Doroshchenko E.K.¹,
Kozlova I.V.¹

¹ Scientific Centre for Family Health
and Human Reproduction Problems
(Timiryazeva str. 16, Irkutsk 664003,
Russian Federation)

² Institute of Chemical Biology
and Fundamental Medicine SB RAS
(Akademika Lavrentyeva Ave. 8,
Novosibirsk 630090, Russian Federation)

³ Irkutsk State Agrarian University
named after A.A. Ezhevsky (Molodezhny
settlement 1/1, Irkutsk district 664038,
Russian Federation)

Corresponding author:
Olga V. Suntsova,
e-mail: Olga_syntsova@list.ru

ABSTRACT

Background. *Piroplasmosis (babesiosis and theileriosis)* is a group of natural focal infectious diseases of humans and animals caused by intraerythrocytic parasites transmitted predominantly by ixodid ticks. In the Baikal region, despite the widespread foci of babesiosis and theileriosis, the data about these pathogen vectors is fragmentary.

The aim. To identify human and animal babesiosis vectors, study various *Babesia* spp. tropism to ixodid ticks common in the Baikal region.

Materials and methods. A total of 3,239 specimens of *I. persulcatus*, 1,795 specimens of *D. nuttalli* and 729 specimens of *H. concinna* ticks collected in natural habitats of the Baikal region from 19 districts of the Irkutsk region and six districts of the Republic of Buryatia, as well as 5 specimens of *D. nuttalli* ticks removed from horses were examined for the presence of *Babesia* spp./*Theileria* spp. DNA. For detection and typing of *Babesia* and *Theileria*, a nested PCR with genus- and species-specific primers corresponding to 18S rRNA gene region was used. Selective sequencing of samples was performed to study the genetic diversity of the identified pathogens.

Results. *Babesia* spp. DNA was detected in three species of ixodid ticks in Irkutsk region and in one species in the Republic of Buryatia. In *I. persulcatus* ticks *B. microti* US-type, *B. venatorum*, *B. crassa*-like and a unique *Babesia* sp. Irk-lp655 were found. DNAs of *B. crassa*-like, *B. motasi*-like and *Babesia* spp. were detected in *H. concinna* ticks. DNAs of *Babesia* spp. and *T. equi* were found in *D. nuttalli* ticks.

Conclusion. Vectors of both human and animal babesiosis pathogens were detected in the Baikal region. Tropism of *B. microti* US-type and *B. venatorum* in relation to *I. persulcatus* ticks was established. The establishment of specific relations between other species of *Babesia* and *Theileria* and vector ticks in the Baikal region will be continued.

Key words: *Babesia*, *Theileria*, ixodid ticks, tropism, species diversity

Received: 17.10.2024
Accepted: 15.11.2024
Published: 28.12.2024

For citation: Suntsova O.V., Rar V.A., Meltsov I.V., Lisak O.V., Doroshchenko E.K., Kozlova I.V. Ixodes ticks as carriers of human and animal babesiosis agents in the Baikal region. *Acta biomedica scientifica*. 2024; 9(6): 249-257. doi: 10.29413/ABS.2024-9.6.25

ВВЕДЕНИЕ

В последние годы во всём мире наблюдается значительный рост числа зарегистрированных случаев заболеваний, возбудители которых переносятся клещами, а также количества выявленных важных с медицинской и ветеринарной точки зрения патогенов, передаваемых этими переносчиками. Одними из наиболее распространённых паразитов крови являются бабезии и тейлерии. Они уступают пальму первенства только трипаносомам и имеют значительное экономическое, медицинское и ветеринарное значение [1].

Пироплазмозы (бабезиозы и тейлериозы) – это группа природно-очаговых инфекционных заболеваний, вызываемых внутриэритроцитарными паразитами, которые передаются преимущественно иксодовыми клещами.

Возбудителями этих заболеваний являются простейшие, относящиеся к отряду Piroplasmida, типу Apicomplexa. Они входят в состав двух семейств – Babesiidae и Theileriidae, включающих роды *Babesia*, *Theileria* и *Cytauxzoon*.

Известно более 100 видов бабезий, инфицирующих позвоночных во всём мире, при этом некоторые из них способны заражать широкий спектр млекопитающих, тогда как другие являются специфичными для хозяина. Клинические формы бабезиоза крупного рогатого скота (КРС) в тропиках и субтропиках в основном вызываются *B. bovis* и *B. bigemina* [2], а в Европе – *B. divergens* [3]. Возбудителями бабезиоза мелких жвачных являются *B. ovis*, *B. motasi*, *B. crassa*. Несколько видов *Babesia* (например, *B. canis*, *B. rossi*, *B. vogeli*, *B. gibsoni*, *B. conradae* и *B. vulpes*) могут вызывать серьёзные заболевания у собак [4, 5]. *B. microti* является патогеном мелких млекопитающих, главным образом грызунов.

Значительный ветеринарный и экономический ущерб коневодству всего мира наносит пироплазмоз лошадей. Он является болезнью, подлежащей обязательной регистрации Всемирной организацией здравоохранения животных (МЭБ, Международное эпизоотическое бюро) [6]. Возбудителями пироплазмоза (бабезиоза и тейлериоза) лошадей являются *T. equi* и *B. caballi*.

Babesia microti является преобладающим видом бабезий, вызывающим заболевания у людей; этот патоген имеет широкое распространение, однако большинство случаев заболеваний отмечено в США. В Европе бабезиозы человека преимущественно связаны с *B. divergens*. Заболевания людей, вызванные *B. venatorum*, регистрируются в Европе и Китае, *B. duncani* – в США. Сообщения о выявлении *B. microti* у клещей [7] и людей в Германии и Польше [8], *B. divergens* – в Соединённых Штатах [9] ставят под сомнение надёжность этих чётких географических закономерностей. В настоящее время ситуация осложняется ещё и тем, что роль в патологии человека стали приобретать возбудители, которые ранее считались исключительно зоонозными. Например, первый случай бабезиоза человека, вызванный *B. motasi*, был зарегистрирован в Корее в 2005 г. [10]. В Китае было зафиксировано 58 случаев бабезиоза человека, обусловленных

Babesia crassa-like. Случаи инфекции, этиологически связанные с *Babesia crassa-like*, были зафиксированы у спленэктомированных пациентов в Европе (в Словении [11] и Франции [12]). Хотя бабезиоз у человека, как правило, протекает бессимптомно или в среднетяжёлой форме, увеличение риска развития летального исхода, связанного со старением организма, операциями, сопровождающимися спленэктомией, ВИЧ-инфекцией и злокачественными новообразованиями, свидетельствует о необходимости привлечения всё большего внимания к этим новым зоонозным инфекциям [13].

Известно, что переносчиками бабезий являются клещи семейства Ixodidae. Эколого-эпидемиологические исследования подтвердили специфическую связь между *B. microti* и *Ixodes ricinus*, *I. persulcatus* и *I. scapularis*, а также между *B. canis* и *Dermacentor reticulatus*. Один вид клещей может выступать в качестве специфического переносчика для нескольких видов бабезий. Например, *I. ricinus* уже указан в качестве предполагаемого переносчика как минимум для девяти видов бабезий, *I. persulcatus* – для пяти, а *D. reticulatus* – для шести видов [2]. Однако до сих пор основные переносчики для ряда видов бабезий, в том числе имеющих важное медицинское и ветеринарное значение, не идентифицированы. В Прибайкалье, несмотря на широкое распространение очагов бабезиоза и тейлериоза, информация о переносчиках этих заболеваний либо полностью отсутствует, либо фрагментарна.

ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ

Выявление переносчиков возбудителей бабезиоза человека и животных, изучение тропизма различных видов бабезий к иксодовым клещам, распространённым в Прибайкалье.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Материалы

На наличие ДНК *Babesia* spp./*Theileria* spp. исследовано 3239 экземпляров клещей *I. persulcatus*, 1795 экз. клещей *D. nuttalli* и 729 экз. клещей *H. concinna*, собранных в природных станциях Прибайкалья из 19 районов Иркутской области и 6 районов Республики Бурятия. Сбор клещей проводили в период с 2010 по 2023 г. Также исследовано 5 экз. клещей *D. nuttalli*, снятых с лошадей.

Методы

Суммарные нуклеиновые кислоты экстрагировали из образцов с помощью набора «Рибо-преп» (Амплипрайм, Москва). Выделенные образцы ДНК были исследованы методом гнездовой двухраундовой полимеразной цепной реакции (ПЦР) с использованием праймеров из области гена 18S рРНК для детекции ДНК бабезий [14, 15]. Типирование образцов, содержащих ДНК пироплазм, осуществлялось при проведении второго раунда ПЦР в присутствии видоспецифичных праймеров Bcab-F (gatggcgacttaaacctcg)/Bcab-R

(aaaagggaagctagtttagcag) и Teq-F (gggaatttaaaccccttcag)/Teq-R (tccttgscgattatgaccgc) соответственно. Полученные продукты ПЦР очищали на колонках GFX Columns (Amersham Biosciences, США). Секвенирующие реакции проводили с использованием набора реагентов Big Dye Terminator v. 3.1 Cycle Sequencing kit (Applied Biosystems Inc., США). Продукты секвенирующих реакций анализировали на ABI 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, США). Для сравнения определённых нуклеотидных последовательностей с известными последовательностями использовали программу BLASTN [16]. Филогенетический анализ выполняли методом минимальной эволюции (ME, minimum evolution) модель Tamura – Nei в пакете программ MEGA 7.0 [17]. Для анализа статистической значимости проведён bootstrap-анализ (1000 повторов). Определённые в ходе исследования нуклеотидные последовательности фрагмента гена 18S рРНК *T. equi* и *Babesia* spp. зарегистрированы в базе данных GenBank под номерами KJ486556–KJ486557, KJ486562–KJ486563, KJ486565–KJ486567, KJ486569, KJ486572.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

При проведении первых рекогносцировочных исследований, направленных на выявление природных очагов babesиоза на территории Иркутской области, ДНК бабезий была обнаружена в иксодовых клещах двух видов, собранных в шести районах. В настоящей работе мы дополнили полученные ранее данные, существенно увеличив выборку и включив в неё иксодовых клещей не только из Иркутской области, но и из Республики Бурятия.

На территории Иркутской области ДНК бабезий выявлена во всех трёх видах исследованных иксодовых клещей (табл. 1). Средняя инфицированность клещей составила: *D. nuttalli* – 0,3 %, *I. persulcatus* – 1,6 %, *H. concinna* – 2,6 %. Из 19 обследованных нами районов области ДНК *Babesia* spp. детектирована в клещах из четырёх районов: Иркутского, Усольского, Шелеховского и Эхирит-Булагатского. Причём в Шелеховском и Иркутском районах ДНК бабезий была выявлена в таёжных клещах, инфицированность которых составила 0,5 % и 0,9 % соответственно. В Усольском районе были исследованы клещи трёх видов, однако ДНК *Babesia* spp. обнаружена только в клещах *H. concinna*, инфицированность которых составила 0,7 %.

В Эхирит-Булагатском районе бабезии выявлены во всех трёх видах исследованных иксодовых клещей. При этом инфицированность *D. nuttalli* составила 0,8 %, *I. persulcatus* – 3,4 %, *H. concinna* – 3,9 %.

В Республике Бурятия в трёх из шести обследованных районов (Еравнинском, Кабанском, Селенгинском) в таёжных клещах была детектирована ДНК *Babesia* spp. Необходимо отметить, что это первое выявление *Babesia* spp. на территории Республики Бурятия. Инфицированность таёжных клещей бабезиями варьировала в широких пределах – от 0,9 % в Кабанском до 25 % в Селенгинском; такие различия могут быть обусловлены малочисленностью и неравномерностью исследованной нами выборки переносчиков.

Для уточнения видового состава бабезий, инфицирующих иксодовых клещей на территории Прибайкалья были секвенированы фрагменты гена 18S рРНК *Babesia* spp. 20 произвольно выбранных положительных образцов клещей. Результаты этих исследований представлены в таблице 2.

В клещах *I. persulcatus* на территории Иркутской области выявлены: *B. microti* «US»-type, *B. venatorum*, *B. crassa-like* и уникальная *Babesia* sp. Irk-Ip655, относящаяся к кластеру *B. venatorum*, но существенно отличающаяся от европейского варианта *B. venatorum* (сходство 94,7 %). В клещах *H. concinna* были обнаружены *B. crassa-like* и *B. motasi-like*.

На территории Республики Бурятия в таёжных клещах выявлены *B. microti* «US»-type и *B. venatorum*.

B. microti «US»-type и *B. venatorum* встречались в клещах *I. persulcatus* как в Иркутской области (Иркутский район), так и в Республике Бурятия (Селенгинский район). Ранее в Эхирит-Булагатском районе Иркутской области *B. microti* была выявлена в образцах ДНК от шести полёвок-экономок. Отсутствие *B. microti* в исследованной выборке клещей *I. persulcatus* из Эхирит-Булагатского района и присутствие её в мышевидных грызунах в зоне ареала этих клещей, по-видимому, свидетельствует о недостаточном обследовании этого района и необходимости продолжения мониторинга.

Все образцы *B. microti*, выявленные у грызунов и клещей *I. persulcatus* в Прибайкалье, были идентичны между собой, относились к патогенной для людей генетической группе *B. microti* «US»-type и соответствовали геноварианту, ранее обнаруженному в клещах *I. persulcatus* и у грызунов в пределах ареала таёжного клеща в различных регионах России. От циркулирующих в Европе геновариантов бабезий образцы *B. microti* «US»-type из Прибайкалья отличались единичными нуклеотидными заменами. Выявленный в *I. persulcatus* из Прибайкалья геновариант *B. venatorum* соответствовал варианту, обнаруженному в таёжных клещах в Китае и в других регионах России, но также отличался единичными заменами от европейских изолятов.

B. crassa-like была выявлена в двух районах Иркутской области (Иркутский, Эхирит-Булагатский), причём как в клещах *I. persulcatus*, так и в клещах *H. concinna* (табл. 2). *B. motasi-like* была обнаружена только в клещах *H. concinna* и только на территории Эхирит-Булагатского района Иркутской области [18]. Два вышеперечисленных инфекционных агента долгое время считались возбудителями babesиоза овец и коз, *B. crassa* – в Иране и Турции [19], а *B. motasi* – в различных странах Европы, Африки и Азии, включая Китай [20]. *B. crassa-like* была обнаружена у клещей *I. persulcatus* и *H. concinna* в провинции Хэйлунцзян Китая [21]. Нуклеотидная последовательность *Babesia* sp., выявленная в образце от клеща *H. concinna*, показала наибольшее сходство (98,6 %) с последовательностью *B. motasi* от овцы из Нидерландов (номер доступа GenBank AY260180). Нуклеотидные последовательности *B. crassa*, выявленные в клещах *H. concinna*, проявляли наибольшее сходство (97,1–97,8 %) с последовательностями *B. crassa*, выделенной от овцы в Иране (номер доступа GenBank AY260176). Вы-

ТАБЛИЦА 1
ВЫЯВЛЕНИЕ ДНК *BABESIA* SPP. В ИКСОДОВЫХ КЛЕЩАХ
НА ТЕРРИТОРИИ ПРИБАЙКАЛЬЯ

TABLE 1
DETECTION OF *BABESIA* SPP. DNA IN IXODID TICKS
IN THE BAIKAL REGION

Район исследования	Вид клеща	Всего исследовано	Из них положительных, n (%)
Иркутская область			
Аларский	<i>D. nuttalli</i>	107	–
Балаганский	<i>D. nuttalli</i>	27	–
Баяндаевский	<i>I. persulcatus</i>	6	–
	<i>D. nuttalli</i>	185	–
Бодайбинский	<i>I. persulcatus</i>	36	–
Боханский	<i>D. nuttalli</i>	182	–
Заларинский	<i>D. nuttalli</i>	95	–
Иркутский	<i>I. persulcatus</i>	1456	13 (0,9)
Качугский	<i>D. nuttalli</i>	20	–
Нижне-Илимский	<i>I. persulcatus</i>	26	–
Нукутский	<i>D. nuttalli</i>	77	–
Ольхонский	<i>D. nuttalli</i>	56	–
Осинский	<i>D. nuttalli</i>	57	–
Слюдянский	<i>I. persulcatus</i>	48	–
Усольский	<i>D. nuttalli</i>	16	–
	<i>H. concinna</i>	270	2 (0,7)
	<i>I. persulcatus</i>	90	–
Усть-Илимский	<i>I. persulcatus</i>	43	–
Усть-Удинский	<i>D. nuttalli</i>	248	–
Черемховский	<i>D. nuttalli</i>	75	–
	<i>H. concinna</i>	16	–
	<i>I. persulcatus</i>	13	–
Шелеховский	<i>I. persulcatus</i>	196	1 (0,5)
Эхирит-Булагатский	<i>D. nuttalli</i>	591	5 (0,8)
	<i>H. concinna</i>	431	17 (3,9)
	<i>I. persulcatus</i>	817	28 (3,4)
Итого по Иркутской области	<i>D. nuttalli</i>	1736	5 (0,3)
	<i>H. concinna</i>	717	19 (2,6)
	<i>I. persulcatus</i>	2731	43 (1,6)
Республика Бурятия			
Баргузинский	<i>I. persulcatus</i>	84	–
Бичурский	<i>I. persulcatus</i>	96	–
Еравнинский	<i>I. persulcatus</i>	70	2 (2,9)
Кабанский	<i>I. persulcatus</i>	234	2 (0,9)
Селенгинский	<i>I. persulcatus</i>	12	3 (25)
Тункинский	<i>D. nuttalli</i>	59	–
	<i>H. concinna</i>	4	–
	<i>I. persulcatus</i>	12	–
Итого по Республике Бурятия	<i>D. nuttalli</i>	59	–
	<i>H. concinna</i>	4	–
	<i>I. persulcatus</i>	508	7 (1,4)

ТАБЛИЦА 2

ВИДОВОЙ СОСТАВ БАБЕЗИЙ, ВЫЯВЛЕННЫХ В ИКСОДОВЫХ КЛЕЩАХ НА ТЕРРИТОРИИ ПРИБАЙКАЛЬЯ МЕТОДОМ СЕКВЕНИРОВАНИЯ ПОЛОЖИТЕЛЬНЫХ ОБРАЗЦОВ

Район сбора клещей	Вид клеща	Количество секвенированных образцов	Вид бабезий
Иркутская область			
Иркутский	<i>I. persulcatus</i>	1	<i>B. crassa-like</i>
	<i>I. persulcatus</i>	4	<i>B. microti</i> «US»-type
	<i>I. persulcatus</i>	3	<i>B. venatorum</i>
Шелеховский	<i>I. persulcatus</i>	1	<i>Babesia</i> sp. Irk-Ip655
Эхирит-Булагатский	<i>I. persulcatus</i>	3	<i>B. crassa-like</i>
	<i>H. concinna</i>	4	<i>B. crassa-like</i>
	<i>H. concinna</i>	1	<i>B. motasi-like</i>
Республика Бурятия			
Селенгинский	<i>I. persulcatus</i>	2	<i>B. microti</i> «US»-type
	<i>I. persulcatus</i>	1	<i>B. venatorum</i>

TABLE 2

SPECIES COMPOSITION OF *BABESIA* IDENTIFIED IN IXXODID TICKS IN THE BAIKAL REGION USING POSITIVE SAMPLES SEQUENCING METHOD

ТАБЛИЦА 3

РЕЗУЛЬТАТЫ ТИПИРОВАНИЯ ПОЛОЖИТЕЛЬНЫХ ОБРАЗЦОВ КЛЕЩЕЙ МЕТОДОМ ВИДОСПЕЦИФИЧНОЙ ПЦР НА НАЛИЧИЕ ДНК *BABESIA* SPP.

Район исследования	Вид клеща	Количество положительных образцов клещей на <i>Babesia</i> spp.	<i>B. caballi</i>	<i>T. equi</i>
Эхирит-Булагатский	<i>D. nuttalli</i>	5	4	-
	<i>H. concinna</i>	5	1	-
Усольский	<i>H. concinna</i>	2	1	-

TABLE 3

RESULTS OF POSITIVE TICK SAMPLES TYPING BY SPECIES-SPECIFIC PCR FOR THE PRESENCE OF *BABESIA* SPP. DNA

зывает интерес тот факт, что при исследовании крови 579 овец и 25 коз, в том числе и из Эхирит-Булагатского района Иркутской области, где в клещах были обнаружены *B. crassa-like* и *B. motasi-like*, ДНК бабезий в образцах крови этих животных не выявлена [22].

Ранее в ходе проведённых исследований установлено широкое распространение очагов пироплазмоза лошадей на территории Иркутской области. В образцах крови лошадей была выявлена ДНК двух возбудителей пироплазмоза – *Theileria equi* и *Babesia caballi*. В настоящее время на основании изучения гена 18S рРНК в мире идентифицировано 5 генотипов *T. equi* (А–Е) и 2 генотипа *B. caballi* (А–В) [23]. Секвенирование фрагмента гена 18S рРНК 119 произвольно выбранных нами образцов *T. equi* и 22 образцов *B. caballi* показало, что образцы *T. equi* из Иркутской области принадлежат к двум генотипам – А и Е, а *B. caballi* – к генотипу А. В 6 % случаев наблюдалось микстинфицирование лошадей двумя патогенами [24]. Однако в рамках проведённого нами исследования вопрос об основных переносчиках *T. equi* и *B. caballi* остался открытым.

Учитывая тот факт, что на территории близлежащих к Восточной Сибири азиатских стран *T. equi* была обнаружена в клещах *D. nuttalli* в Китае и в клещах рода *Haemaphysalis* в Монголии, а *B. caballi* выявлена в клещах *D. nuttalli*, в своей дальнейшей работе мы исследовали переносчиков этих двух видов. С помощью видоспецифичной ПЦР нами типировано 12 положительных образцов клещей *D. nuttalli* и *H. concinna* (табл. 3).

В четырёх из пяти исследованных образцов клещей *D. nuttalli* и в одном из пяти клещей *H. concinna* из Эхирит-Булагатского района обнаружена ДНК *B. caballi*. В Усольском районе один из двух положительных образцов клещей *H. concinna* содержал ДНК *B. caballi*. ДНК *T. equi* в данных клещах не выявлена.

Также исследовано пять экземпляров клещей *D. nuttalli*, снятых непосредственно с лошадей. В одном из них выявлена ДНК *T. equi* (геновариант Е). Нуклеотидные последовательности этого образца были идентичны нуклеотидным последовательностям *T. equi* группы Е, ранее детектированной в образцах крови лошадей из Иркутской области.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В ходе проведённых исследований на территории Прибайкалья установлено существование природных очагов пироплазмозов человека и животных. В Иркутской области ДНК *Babesia* spp. выявлена в трёх видах иксодовых клещей. В данной части Прибайкалья в клещах *I. persulcatus* обнаружены: *B. microti* «US»-type, *B. venatorum* и *B. crassa-*

like и уникальная *Babesia* sp. Irk-Ip655 (рис. 1). В клещах *H. concinna* выявлена ДНК *B. crassa-like* и *B. motasi-like*.

В Республике Бурятия ДНК бабезий детектирована только в таёжных клещах, что, по всей видимости, объясняется низкой представленностью двух других видов клещей в исследуемой выборке. В этой части Прибайкалья в клещах *I. persulcatus* выявлены *B. microti* «US»-type и *B. venatorum* (рис. 1).

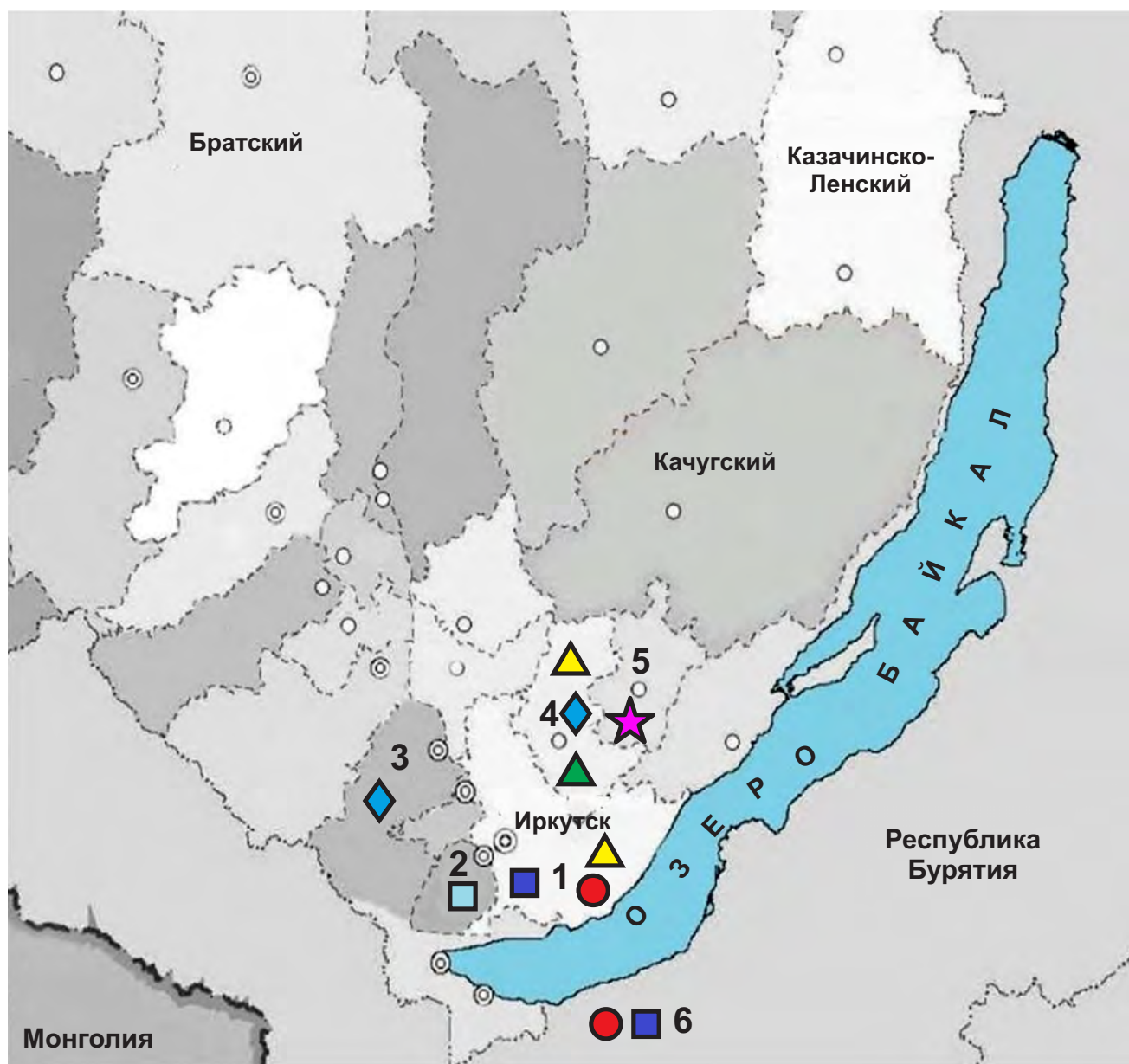


РИС. 1. Места выявления *Babesia* spp. в иксодовых клещах на территории Прибайкалья. Цифрами обозначены районы выявления *Babesia* spp. Иркутской области (1 – Иркутский; 2 – Шелеховский; 3 – Усольский; 4 – Эхирит-Булагатский; 5 – Баяндаевский) и Республики Бурятия (6 – Селенгинский район). ● – *B. microti* «US»-type; ■ – *B. venatorum*; □ – уникальная *Babesia* sp. Irk-Ip655; ▲ – *B. crassa-like*; ▲ – *B. motasi-like*; ◆ – *B. caballi*; ★ – *T. equi*

FIG. 1. Locations of *Babesia* spp. detection in ixodid ticks in the Baikal region. Numbers indicate districts of *Babesia* spp. detection in the Irkutsk region (1 – Irkutsk district; 2 – Shelekhovskiy district; 3 – Usolsky district; 4 – Ekhirit-Bulagatsky district; 5 – Bayandaevskiy district) and in the Republic of Buryatia (6 – Selenginsky district). ● – *B. microti* «US»-type; ■ – *B. venatorum*; □ – unique *Babesia* sp. Irk-Ip655; ▲ – *B. crassa-like*; ▲ – *B. motasi-like*; ◆ – *B. caballi*; ★ – *T. equi*

Обнаружение *B. microti* «US»-type и *B. venatorum* только в *I. persulcatus* свидетельствует в пользу тропизма этих патогенов к таёжным клещам в Прибайкалье.

Несмотря на схожесть генетических вариантов *B. microti* «US»-type из Прибайкалья с высокопатогенными штаммами *B. microti* из США, а *B. venatorum* – с аналогичными изолятами из Европы, на сегодняшний день в азиатской части России официально не зарегистрировано ни одного случая babesиоза человека. В связи с этим вопрос о степени патогенности циркулирующих в Прибайкалье генетических вариантов бабезий на сегодняшний день остаётся открытым.

Интересно, что, несмотря на выявление *B. crassa-like* и *B. motasi-like* в иксодовых клещах, обнаружить ДНК этих возбудителей в крови овец и коз не удалось. Учитывая зарегистрированные в ряде стран Европы и Азии случаи babesиоза человека, ассоциированные с этими патогенами, мониторинг за этими возбудителями на территории Прибайкалья будет продолжен.

ДНК *B. caballi*, являющейся этиологическим агентом пироплазмоза лошадей, обнаружена в двух видах иксодовых клещей (*D. nuttalli*, *H. concinna*). В присосавшемся клеще *D. nuttalli*, снятом с лошади, обнаружена ДНК *T. equi*, которая относится к известным возбудителям пироплазмоза непарнокопытных. Нуклеотидные последовательности этого образца оказались идентичными нуклеотидным последовательностям *T. equi* группы E, ранее детектированной в образцах крови лошадей из Иркутской области. По данным ряда авторов [25], обнаружение ДНК бабезий в напитавшихся клещах, собранных с человека или животных, свидетельствует только о приобретении её от инфицированного хозяина, но не позволяет сделать однозначное утверждение о компетентности этих переносчиков в передаче патогена. Однако идентичность нуклеотидных последовательностей *T. equi*, выявленных в крови лошадей и в клеще *D. nuttalli*, а также известные данные о выявлении *T. equi* в клещах этого вида в Монголии и Китае, косвенно свидетельствуют в пользу возможного участия этих клещей в передаче возбудителя тейлериоза лошадей на территории Иркутской области.

Конфликт интересов

Авторы данной статьи сообщают об отсутствии конфликта интересов.

Финансирование

Исследование выполнено в рамках государственного задания № 1021060107125-0, а также при финансовой поддержке проекта Государственного задания ФГБУН Института химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН (№ 121031300043-8).

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Vannier EG, Diuk-Wasser MA, Ben Mamoun C, Krause PJ. Babesiosis. *Infect Dis Clin North Am*. 2015; 29: 357-370. doi: 10.1016/j.idc.2015.02.008
2. Onyiche TE, Răileanu C, Fischer S, Silaghi C. Global distribution of *Babesia* species in questing ticks: A systematic review and meta-analysis based on published literature. *Pathogens*. 2021; 10: 230. doi: 10.3390/pathogens10020230
3. Hildebrandt A, Zintl A, Montero E, Hunfeld KP, Gray J. Human babesiosis in Europe. *Pathogens*. 2021; 10: 1165. doi: 10.3390/pathogens10091165
4. Birkenheuer AJ, Buch J, Beall MJ, Braff J, Chandrashekar R. Global distribution of canine *Babesia* species identified by a commercial diagnostic laboratory. *Vet Parasitol Reg Stud Rep*. 2020; 22: 100471. doi: 10.1016/j.vprsr.2020.100471
5. Penzhorn BL. Don't let sleeping dogs lie: Unravelling the identity and taxonomy of *Babesia canis*, *Babesia rossi* and *Babesia vogeli*. *Parasit Vectors*. 2020; 13: 184. doi: 10.1186/s13071-020-04062-w
6. Всемирная организация по охране здоровья животных (МЭВ). [World Organisation for Animal Health]. URL: <https://www.oie.int> [date of access: 10.10.2024].
7. Eshoo MW, Crowder CD, Carolan HE, Rounds MA, Ecker DJ, Haag H, et al. Broad-range survey of tick-borne pathogens in Southern Germany reveals a high prevalence of *Babesia microti* and a diversity of other tick-borne pathogens. *Vector Borne Zoonotic Dis*. 2014; 14: 584. doi: 10.1089/vbz.2013.1498
8. Moniuszko-Malinowska A, Swiecicka I, Dunaj J, Zajkowska J, Czupryna P, Zambrowski G, et al. Infection with *Babesia microti* in humans with non-specific symptoms in North East Poland. *Infect Dis (Lond)*. 2016; 48: 537-543. doi: 10.3109/23744235.2016.1164339
9. Beattie JF, Michelson ML, Holman PJ. Acute babesiosis caused by *Babesia divergens* in a resident of Kentucky. *N Engl J Med*. 2002; 3(47): 697-698. doi: 10.1056/NEJM200208293470921
10. Hong SH, Kim SY, Song BG, Rho JR, Cho CR, Kim CN, et al. Detection and characterization of an emerging type of *Babesia* sp. similar to *Babesia motasi* for the first case of human babesiosis and ticks in Korea. *Emerg Microbes Infect*. 2019; 8: 869-878. doi: 10.1080/22221751.2019.1622997
11. Wilhelmsson P, Lövmar M, Krogfelt KA, Nielsen HV, Forsberg P, Lindgren PE. Clinical/serological outcome in humans bitten by *Babesia* species positive *Ixodes ricinus* ticks in Sweden and on the Åland Islands. *Ticks Tick Borne Dis*. 2020; 11: 101455. doi: 10.1016/j.ttbdis.2020.101455
12. Doderer-Lang C, Filisetti D, Badin J, Delale C, Clavier V, Brunet J, et al. *Babesia crassa-like* human infection indicating need for adapted PCR diagnosis of babesiosis, France. *Emerg Infect Dis*. 2022; (2): 449-452. doi: 10.3201/eid2802.211596
13. Kumar A, O'Bryan J, Krause PJ. The global emergence of human babesiosis. *Pathogens*. 2021; 10: 1447. doi: 10.3390/pathogens10111447
14. Пар В.А., Марченко В.А., Ефремова Е.А., Сунцова О.В., Лисак О.В., Тикунов А.Ю., и др. Идентификация и генетическая характеристика этиологического агента пироплазмидоза лошадей на территории Западной и Восточной Сибири. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2018; 22(2): 224-229. [Rar VA, Marchenko VA, Efremova EA, Suntsova OV, Lisak OV, Tikunov AYU, et al. Identification of the etiological agent of equine piroplasmosis in Western and Eastern Siberia. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2018; 22(2): 224-229. (In Russ.)]. doi: 10.18699/VJ18.351
15. Пар В.А., Епихина Т.И., Ефремова Е.А., Марченко В.А., Сунцова О.В., Лисак О.В., и др. Молекулярно-генетический

анализ возбудителей анаплазмозов сельскохозяйственных животных на территории Западной и Восточной Сибири. *Acta biomedica scientifica*. 2015; 105(5): 83-87. [Rar VA, Yepikhina TI, Yefremova EA, Marchenko VA, Suntsova OV, Lisak OV, et al. Molecular genetic analysis of infection agents of farm animals anaplasmosis on the territory of Western and Eastern Siberia. *Acta biomedica scientifica*. 2015; 105(5): 83-87. (In Russ.)].

16. Standard Nucleotide BLAST. URL: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST> [date of access: 10.10.2024].

17. MEGA 7.0. URL: <http://www.megasoftware.net/manual.html> [date of access: 10.10.2024].

18. Rar VA, Epikhina TI, Tikunova NV, Suntsova OV, Kozlova IV, Lisak OV, et al. Genetic variability of *Babesia* parasites in *Haemaphysalis* spp. and *Ixodes persulcatus* in the Baikal region and Far East of Russia. *Infection, Genetics and Evolution*. 2014; 28: 270-275. doi: 10.1016/j.meegid.2014.10.010

19. Schnittger L, Yin H, Gubbels MJ, Beyer D, Niemann S, Jongejan F, et al. Phylogeny of sheep and goat *Theileria* and *Babesia* parasites. *Parasitol Res*. 2003; 91: 398-406. doi: 10.1007/s00436-003-0979-2

20. Gou H, Guan G, Ma M, Liu A, Liu Z, Ren Q, et al. Phylogenetic analysis based on 28S rRNA of *Babesia* spp. in ruminants in China. *Exp Appl Acarol*. 2013; 59: 463-472. doi: 10.3347/kjp.2013.51.5.511

21. Jia N, Zheng YC, Jiang JF, Jiang RR, Jiang BG, Wei R, et al. Human babesiosis caused by a *Babesia crassa*-like pathogen: A case series. *Clin Infect Dis*. 2018; 67: 1110-1119. doi: 10.1093/cid/ciy212

22. Сунцова О.В., Рар В.А., Лисак О.В., Мельцов И.В., Дорошенко Е.К., Савинова Ю.С., и др. Эпизоотическая ситуация в отношении гемопаразитарных заболеваний сельскохозяйственных животных в Иркутской области. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*. 2023; 15(4): 210-235. [Suntsova OV, Rar VA, Lisak OV, Meltsov IV, Doroshchenko EK, Savinova YuS, et al. Epizootic situation of hemoparasitic diseases of farm animals in Irkutsk region. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*. 2023; 15(4): 210-235. (In Russ.)]. doi: 10.12731/2658-6649-2023-15-4-210-235

23. Tirosh-Levy S, Gottlieb Y, Fry LM, Knowles DP, Steinman A. Twenty years of equine piroplasmosis research: Global distribution, molecular diagnosis, and phylogeny. *Pathogens*. 2020; 8(9-11): 926. doi: 10.3390/pathogens9110926

24. Rar V, Marchenko V, Suntsova O, Epikhina T, Tikunov A, Meltsov I, et al. The first study of the prevalence and genetic diversity of *Theileria equi* and *Babesia caballi* in horses in Russia. *Parasitol Res*. 2024; 123: 279. doi: 10.1007/s00436-024-08300-3

25. Bajer A, Dwuznik-Szarek D. The specificity of *Babesia* tick vector interactions: Recent advances and pitfalls in molecular and field studies. *Parasit Vectors*. 2021; 14-1: 507. doi: 10.1186/s13071-021-05019-3

Сведения об авторах

Сунцова Ольга Владимировна – кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики, ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека», e-mail: olga_syntsova@list.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4057-2890>

Рар Вера Александровна – доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии, ФГБНУ Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, e-mail: rarv@niboch.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5930-5306>

Мельцов Иван Владимирович – кандидат ветеринарных наук, доцент кафедры специальных ветеринарных дисциплин, ФГБОУ ВО «Иркутский государственный аграрный университет им. А.А. Ежевского», e-mail: ivanmeltsov@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8566-7004>

Лисак Оксана Васильевна – младший научный сотрудник лаборатории молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики, ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека», e-mail: lisak.liza@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3909-7551>

Дорошенко Елена Константиновна – кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики, ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека», e-mail: doroshchenko-virus@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8209-616X>

Козлова Ирина Валерьевна – доктор медицинских наук, руководитель лаборатории молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики, ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека», e-mail: diwerhoz@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6324-8746>

Information about the authors

Olga V. Suntsova – Cand. Sc. (Biol.), Research Officer at the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Diagnostics, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems, e-mail: olga_syntsova@list.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4057-2890>

Vera A. Rar – Dr. Sc. (Biol.), Leading Research Officer at the Laboratory of Molecular Microbiology, Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine SB RAS, e-mail: rarv@niboch.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5930-5306>

Ivan V. Meltsov – Cand. Sc. (Vet.), Associate Professor at the Department of Special Veterinary Disciplines, Irkutsk State Agrarian University named after A.A. Ezhevsky, e-mail: ivanmeltsov@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8566-7004>

Oksana V. Lisak – Junior Research Officer at the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Diagnostics, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems, e-mail: lisak.liza@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3909-7551>

Elena K. Doroshchenko – Cand. Sc. (Biol.), Research Officer at the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Diagnostics, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems, e-mail: doroshchenko-virus@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8209-616X>

Irina V. Kozlova – Dr. Sc. (Med.), Head of the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Diagnostics, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems, e-mail: diwerhoz@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6324-8746>