

## МИКРОБИОЛОГИЯ И ВИРУСОЛОГИЯ MICROBIOLOGY AND VIROLOGY

### НОВЫЕ ДАННЫЕ ОБ ИНФИЦИРОВАННОСТИ *HAEMAPHYSALIS CONCINNA* ВОЗБУДИТЕЛЯМИ КЛЕЩЕВЫХ ИНФЕКЦИЙ ЧЕЛОВЕКА И ЖИВОТНЫХ НА ТЕРРИТОРИИ ПРИБАЙКАЛЬЯ

Сунцова О.В.<sup>1</sup>,  
Рар В.А.<sup>2</sup>,  
Лисак О.В.<sup>1</sup>,  
Дорощенко Е.К.<sup>1</sup>,  
Арефьева Н.А.<sup>1</sup>,  
Козлова И.В.<sup>1</sup>

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

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

Автор, ответственный за переписку:  
**Сунцова Ольга Владимировна**,  
e-mail: olga\_syntsova@list.ru

#### РЕЗЮМЕ

**Обоснование.** *Haemaphysalis concinna* привлекает к себе большое внимание в связи с расширением ареала и возрастающей ролью в передаче человеку и животным заболеваний различной этиологии. На территории Прибайкалья изучение инфицированности *H. concinna* почти не проводилось, несмотря на способность этих клещей переносить возбудителей, патогенных для человека.

**Цель исследования.** Изучение инфицированности *Haemaphysalis concinna* возбудителями клещевых инфекций человека и животных на территории Прибайкалья.

**Материалы и методы.** Из природных станций Прибайкалья было исследовано ПЦР методом 998 экземпляров клещей *H. concinna* на наличие маркеров различных патогенов вирусной, бактериальной и протозойной природы.

**Результаты.** В клещах *H. concinna* нами выявлены маркеры следующих патогенов: РНК ВКЭ (0,6 %), вируса Кемерово (1,1 %), ДНК *Borrelia burgdorferi* s.l. (1,3 %), *B. miyamotoi* (0,5 %), ДНК представителей семейства *Anaplasmataceae* (*E. muris* и *A. phagocytophilum*) (3,7 %), риккетсий (*R. sibirica* (1,6 %), *R. raoultii* (2,8 %)), «*Candidatus R. tarasevichiae*» (32,6 %) а также простейших (*Babesia* spp.) (3,5 %). Определенная в ходе исследования нуклеотидная последовательность *groESL* оперона длиной 1315 н.о. образца ДНК *Ehrlichia* spp. от клеща *H. concinna* оказалась идентичной нуклеотидным последовательностям образцов *E. muris*. На основании анализа последовательностей гена 18S рРНК в образцах клещей *H. concinna*, нами выявлены бабезии генетически близкие к пироплазмидам мелких жвачных – *B. crassa* и *B. motasi*. Впервые обнаружен образец ДНК *Babesia* sp., нуклеотидные последовательности которого идентичны последовательностям образца Kh-Hc222 (KJ486568), обнаруженного в Хабаровском крае.

**Заключение.** Полученные нами данные свидетельствуют о необходимости организации постоянного мониторинга за местообитаниями клещей *H. concinna* на территории Прибайкалья и изучении его инфицированности как известными, так и новыми, недавно выявленными трансмиссивными клещевыми патогенами.

**Ключевые слова:** *Haemaphysalis concinna*, вирус Кемерово, боррелии, риккетсии, анаплазмы, эрлихии, бабезии

Статья поступила: 26.05.2025  
Статья принята: 24.06.2025  
Статья опубликована: 17.07.2025

**Для цитирования:** Сунцова О.В., Рар В.А., Лисак О.В., Дорощенко Е.К., Арефьева Н.А., Козлова И.В. Новые данные об инфицированности *Haemaphysalis concinna* возбудителями клещевых инфекций человека и животных на территории Прибайкалья. *Acta biomedica scientifica*. 2025; 10(3): 80-90. doi: 10.29413/ABS.2025-10.3.8

## NEW DATA ON INFECTION OF *HAEMAPHYSALIS CONCINNA* WITH TICK-BORNE INFECTION AGENTS IN HUMANS AND ANIMALS IN THE TERRITORY OF BAIKAL REGION

Suntsova O.V.<sup>1</sup>,  
 Rar V.A.<sup>2</sup>,  
 Lisak O.V.<sup>1</sup>,  
 Doroshchenko E.K.<sup>1</sup>,  
 Arefieva N.A.<sup>1</sup>,  
 Kozlova I.V.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Scientific Center for Family Health  
 for Human Reproduction problems  
 (Timiryazeva str., 16, Irkutsk 664003,  
 Russian Federation)

<sup>2</sup> Institute of Chemical Biology and  
 Fundamental Medicine, SB of the RAS  
 (Lavrentyeva av., 8, Novosibirsk 630090,  
 Russian Federation)

Corresponding author:

**Olga V. Suntsova**,  
 e-mail: olga\_syntsova@list.ru

### RESUME

**Background.** In recent years, the tick *Haemaphysalis concinna* has drawn increased attention from researchers due to its expanding geographic range and its growing role in the transmission of diseases of various etiologies to humans and animals. However, studies on the infection of *H. concinna* with tick-borne pathogens affecting humans and animals in the Baikal region have been minimal, despite its known capacity to carry at least 40 pathogen species pathogenic to humans.

**The aim.** To investigate the infection of *Haemaphysalis concinna* with tick-borne pathogens affecting humans and animals in the Baikal region.

**Materials and Methods.** A total of 998 specimens of *H. concinna* ticks collected from natural habitats in the Baikal region were analyzed by PCR for the presence of markers of various viral, bacterial, and protozoan pathogens.

**Results.** In the examined *H. concinna* ticks, the following pathogens were detected: Kemerovo virus RNA (1.1 %), *Borrelia burgdorferi sensu lato* (1.3 %), *Borrelia miyamotoi* (0.5 %), *Ehrlichia sp. / Anaplasma sp.* (3.7 %), *Rickettsia sibirica* (1.6 %), *Rickettsia raoultii* (2.8 %), «*Candidatus R. tarasevichiae*» (32.6 %) and *Babesia spp.* (3.5 %). Tick-borne encephalitis virus (TBEV) RNA was not detected in this study; however, in earlier PCR-based investigations, TBEV RNA was found in 0.6 ± 0.6 % of *H. concinna* samples from the Baikal region. In one tick sample, the nucleotide sequence of the *groESL* operon (1315 bp) was identified and found to be identical to sequences of *Ehrlichia muris*. Based on 18S rRNA gene sequence analysis, *Babesia* species genetically close to small ruminant piroplasms – *Babesia crassa* and *Babesia motasi* – were identified. For the first time, a *Babesia sp.* DNA sample was detected with nucleotide sequences identical to the Kh-Hc222 strain (KJ486568), previously identified in Khabarovsk Krai.

**Conclusion.** The data obtained underscore the need for continuous monitoring of *H. concinna* tick populations in the Baikal region and further investigation into their infection with both well-known and newly identified vector-borne pathogens.

**Keywords:** *Haemaphysalis concinna*, Kemerovo virus, *Borrelia*, *Rickettsia*, *Anaplasma*, *Ehrlichia*, *Babesia*

Received: 26.05.2025

Accepted: 24.06.2025

Published: 17.07.2025

**For citation:** Suntsova O.V., Rar V.A., Lisak O.V., Doroshchenko E.K., Arefieva N.A., Kozlova I.V. New data on infection of *Haemaphysalis concinna* with tick-borne infection agents in humans and animals in the territory of Baikal region. *Acta biomedica scientifica*. 2025; 10(3): 80-90. doi: 10.29413/ABS.2025-10.3.8

## ВВЕДЕНИЕ

В последние годы клещ *Haemaphysalis concinna* (Koch, 1844) привлекает к себе все больше внимания исследователей в связи с расширением ареала и возрастающей ролью в передаче человеку и животным заболеваний различной этиологии [1, 2]. В настоящее время установлено, что клещ *H. concinna* распространен в 34 странах Евразийского континента, преимущественно в Китае, России и Центральной Европе [2]. Этот вид клеща способен переносить 83 вида возбудителей, из которых не менее 40 являются патогенными для человека. Этот список включает шесть видов бактерий семейства *Anaplasmataceae*, четыре геновида боррелий комплекса *Borrelia burgdorferi sensu lato*, десять видов риккетсий группы пятнистой лихорадки, пять видов пироплазм, относящихся к родам *Babesia* и *Theileria*, десять видов вирусов, а также *Francisella tularensis*, *Coxiella burnetii* и другие бактерии [2]. В Китае клещ *H. concinna* переносит, по меньшей мере, 22 различных патогена [2, 3]. С начала XX века в Китае произошло несколько вспышек заболеваний, переносимых *H. concinna* [2]. Во время одной из них было зарегистрировано беспрецедентное количество укусов людей клещами этого вида (126 843 случаев), что привело к прямым экономическим потерям в размере около 3,45 млн. юаней (0,5 млн. долларов США) [2].

Недавно в клещах *H. concinna* выявлен ряд новых вирусов, таких как вирус Alongshan [4], ортонайровирусы Beiji и Songling (SGLV) [5, 6], флебовирус Mukawa [7], бандавирус Даби (Dabieshan) [7], Jingmen Tick virus (JMTV) и вирус тяжелой лихорадки с тромбоцитопеническим синдромом (SFTS) [7]. При этом для некоторых из упомянутых патогенов векторная компетентность *H. concinna* доказана, в то время как в других случаях он может выступать в качестве случайного переносчика возбудителей инфекций, приобретенных от их хозяев. В связи с этим роль *H. concinna* как переносчика требует дальнейшего изучения.

*H. concinna* может паразитировать на 119 видах хозяев, причем почти половина из них – птицы, которые играют решающую роль в передаче патогенов, переносимых клещами, на большие расстояния [8, 9, 10].

Прогностическое моделирование с использованием метода экологической ниши, осуществленное исследователями из Китая, показало, что наиболее благоприятным для *H. concinna* является Евроазиатский континент, однако данный вид клеща может выживать и в регионах, где ранее не регистрировался, таких как центральная часть Северной Америки, южная часть Южной Америки, юго-восточная часть Океании и южная часть Африки [2]. В связи с чем, существует потенциальная угроза, что клещ *H. concinna* может распространиться на новые регионы по всему миру, интродуцироваться в новые экосистемы и занести несвойственные для данной местности возбудители или их генетические варианты [2].

Наиболее обширные части ареала *H. concinna* в России локализованы в ее азиатской части. Крупные

места обитания данного вида клеща сосредоточены в предгорьях Алтая (Кемеровская область, Алтайский и Красноярский края) и Саян (Республика Бурятия, юг Иркутской области), а также в Якутии и на Дальнем Востоке (Забайкальский, Хабаровский и Приморский края, Амурская область) [11].

*H. concinna* в Прибайкалье долгое время считался заносным реликтовым видом и лишь изредка отмечался на растительности и прокормителях [12, 13]. Однако полученные нами данные свидетельствуют о более широком распространении клеща *H. concinna* на территории Иркутской области и Республики Бурятия [11]. Места обитания данного вида клеща были выявлены на территории 12 из 21 обследованного нами района Иркутской области и в шести из девяти районов Республики Бурятия [11]. Было отмечено, что в Прибайкалье клещ *H. concinna* в последние годы демонстрирует тенденцию к увеличению своей численности и расширению ареала. Однако за скобками выполненного исследования остался такой важный аспект как изучение инфицированности *H. concinna* возбудителями клещевых инфекций человека и животных. В данной статье мы постарались восполнить этот пробел.

## ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ

Изучение инфицированности *Haemaphysalis concinna* возбудителями клещевых инфекций человека и животных на территории Прибайкалья.

## МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В ходе исследования в различных природных станциях Прибайкалья с растительности на флаг было собрано и исследовано 998 экземпляров клещей *H. concinna*, на наличие маркеров различных патогенов вирусной, бактериальной и протозойной природы. Учитывая актуальность исследований, мы провели анализ всех имеющихся у нас материалов на данный момент. Исследования проводились согласно протоколу № 2 локального этического комитета ФГБНУ НЦ ПЗСРЧ от 18.02.2020 г.

Суммарные нуклеиновые кислоты экстрагировали из образцов с помощью набора «Рибо-преп» («Амплипрайм», Москва, Россия) согласно инструкции производителя. кДНК синтезировали методом обратной транскрипции, используя набор Reverta L-100 (Amplisense, Москва, Россия), с использованием в качестве матрицы суммарных нуклеиновых кислот, выделенных из клещей. Праймеры, специфичные к последовательностям гена E-NS1 всех подтипов ВКЭ, использовали для первого раунда (E7 (5'-ggcatagaaaggctgacagt-3') и E10 (5'-gatactctctccacasaaccag-3')) и второго раунда (E9 (5'-acagt gataggagaacacgcctggg-3') и E8 (5'-cagccaggaggaagctcatggac-3')) [14]. Для обнаружения вируса Кемерово были использованы праймеры, специфичные к последовательностям сегмента 1 генома вируса Кемерово (KEMV),

для первого раунда (Kem1s\_1 (5'-attcaattacgacacgcacatgac-3') и Kem1s\_2 (5'-gtatcgctgcgccgacgtacatctc-3')) и второго раунда (Kem1s\_3 (5'-gctcatcgaagcgggatacgg-3') и Kem1s\_4 (5'-gcgtagagtctctcccgacagatg-3')) [15].

Обнаружение ДНК боррелий проводили с помощью мультиплексной гнездовой ПЦР с праймерами, специфичными к фрагментам генов 5S и 23S рРНК, фланкирующим межгенный спейсер *B. burgdorferi* (s.l.), и к гену *glpQ* *B. miyamotoi*, которые были разработаны ранее [16]. Для первичных реакций использовали праймеры NC1 (5'-cctgttatcatt ccgaacacag-3'), NC2 (5'-tactccattcggaat cttggg-3') и Q1 (5'-caccattgatcatagctcacag-3'), Q4 (5'-ctgttggtgcttcattccagtc-3'), а для второго раунда — праймеры NC3 (5'-tactgcgagttcgcgaggag-3'), NC4 (5'-cctaggcattcaccatagac-3') и Q3 (5'-gctagtggg tatcttcagaac-3') и Q2 (5'-ctgtgtgtttatgccagaagggg-3'). Длина продуктов гнездовой ПЦР составила 246–253 п.н. для *B. burgdorferi* (s.l.) и 424 п.н. для *B. miyamotoi*.

ДНК риккетсий выявляли методом двухраундовой ПЦР в присутствии родоспецифичных праймеров из области гена *gltA* (*glt1* (5'-gattgctttacttacgaccc-3') и *glt2* (5'-tgcatttctttccattgtgc-3')) – первый раунд, *glt3* (5'-tatagacggtgataaaggaatc-3') и *glt4* (5'-cagaactaccgatttctttaagc-3') – второй раунд. Для положительных образцов был проведен второй раунд ПЦР в присутствии праймеров RT1 (tactaaaaagtcgctgttcattc) и RT2 (tgttgcaaacatcatgcgtaag), специфичных к «*Ca. R. tarasevichiae*» и RH1 (gtcagcttactatcacctatatag) и RH3 (taaaatattcatctttaagagcgca) к риккетсиям из группы КПЛ, как описано ранее [17]. Идентификацию *R. sibirica* и *R. raoultii* проводили методом двухраундовой ПЦР в присутствии видоспецифичных праймеров из области гена поверхностного белка *ompA*. Праймеры первого раунда – A1 (5'- taacattacaagctggaggaagcc-3') и A2 (5'- ttcagagcctgaccaccgg-3'), праймеры второго раунда, специфичные для *R. sibirica*, – Rsb1 (5'-ggtgaaaggtacggtaatctttaatg-3') и Rsb2 (5'-tacctgccgtgccacaatc-3'), для *R. raoultii* – RpA1 (5'- ctaatgcaggtgatgtagtctttg-3') и RpA2 (5'- atgttactataccttcatagtc-3') [17].

ДНК анаплазм выявляли методом двухраундовой ПЦР в присутствии праймеров из области гена 16S rRNA. Праймеры Ehr1 (5'-gaacga acgctggcggaagc-3') и Ehr2 (5'-agta ucgraccagatagccgc-3') использовались в первом раунде реакции, а праймеры Ehr3 (5'-tgca taggaatctacctagtag-3') и Ehr4 (5'-ctaggaattccgctatcctct-3') использовались для второго раунда [16]. Типирование положительных образцов проводили с видоспецифическими праймерами для *A. phagocytophilum* – HGE1 (5'-cgga ttattctttatagcttg-3') и HGE2 (5'-cttaccgaaccgcctacatg-3'), для *E. muris* – Em1 (5'-cgaacggatagctaccatagc-3') и Em2 (5'-cgctccaagttaagctttgg-3').

На наличие ДНК *Babesia* spp., выделенные образцы были исследованы методом двухраундовой ПЦР с использованием праймеров из области гена 18S рПНК: BS1 (5'-gacgtaggtattgcct-3') и BS2 (5'-attcaccggatcactcgatc-3') для первого раунда и PiroA (5'-attaccaatcctgacacaggg-3') и PiroC (5'-саасаатагаацаар gtcctac-3') для второго раунда реакции, как описано ранее [16]. Для анализа секвенирования положительных

образцов, содержащих ДНК пироплазм, был проведен второй раунд ПЦР с видоспецифическими прямыми праймерами BS3 (5'-taccggggcgacgacgggtg-3') или BS5 (5'-cgaggcgacgaacgggtaacg-3') и обратным праймером BS4 (5'-agggcgctagtcggcacgag-3'). Праймеры BS3 и BS5 использовали для амплификации фрагментов *B. microti* и *Babesia* s.s. [16]. Выборочно 18 амплифицированных фрагментов гена 18S рРНК *Babesia* spp. были секвенированы. 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).

Выравнивание 18S рРНК было выполнено с помощью программы **t-coffee v.11.0.8**. Тестирование модели замен и построение филогенетического дерева было проведено при помощи программы **iqtree v.2.4.0**. Количество реплик ультрабыстрого бутстрэп было равно 1000. Оптимальная модель замен, определенная с помощью **iqtree-TVM+F+I+G4**.

Длина использованного фрагмента 18S рРНК составила 405 п.о. Полученное дерево было визуализировано с помощью онлайн инструмента itol [18].

## РЕЗУЛЬТАТЫ

На наличие РНК вируса клещевого энцефалита (ВКЭ) нами был исследован 41 экз. клещей *H. concinna* (табл. 1). Положительных проб выявлено не было.

РНК вируса Кемерово (семейство Reoviridae, род *Orbivirus*) обнаружена у 1,1 % клещей *H. concinna*. По одной положительной пробе выявлено в Иркутском и Усольском районах.

На наличие ДНК боррелий комплекса *Borrelia burgdorferi* s.l. было исследовано 228 экз. *H. concinna*. По данным ПЦР средняя инфицированность клещей составила 1,3 %. ДНК *B. miyamotoi* выявлена в одном из 196 (0,5 %) обследованных клещей *H. concinna*. Оба патогена обнаружены в клещах, отловленных с растительности на флаг на территории Эхирит-Булагатского района Иркутской области.

ДНК представителей семейства *Anaplasmataceae* детектирована у 14 из 378 экз. *H. concinna* (3,7 %). ДНК *E. muris* обнаружена у 2,0 % исследованных клещей из Эхирит-Булагатского района, ДНК *A. phagocytophilum* – у 1,7 %, одновременно два возбудителя выявлены в 1,2 % случаев. Расшифрованная нами нуклеотидная последовательность *groESL* оперона длиной 1315 н.о. у образца Irk-Нс313 от клеща *H. concinna* оказалась идентичной последовательностям образцов *E. muris*, выявленных ранее в таежных клещах в Новосибирской области (GU358686), Хабаровском крае (GU358689) и Иркутской области (Irk-Ip615, Irk-Ip635). Данная последовательность отличалась двумя заменами от последовательности *groESL* оперона от клещей *I. persulcatus* в Японии (AF210459).



Клещи, инфицированные бактериями семейства *Anaplasmataceae*, выявлены также на территории Усольского района Иркутской области.

На наличие ДНК риккетсий нами было исследовано 247 экз. клещей *H. concinna*. В четырех из них была выявлена ДНК *R. sibirica* (1,6 %), в семи – *Rickettsia raoultii* (2,8 %). У половины из 75 исследованных нами экземпляров клещей *H. concinna* обнаружена ДНК «Candidatus *R. tarasevichiae*». В ходе проведенного нами исследования так же высокий показатель отмечался при исследовании клещей на группу КПЛ (SFGR). Полученные результаты в дальнейшем процессе исследований будут использованы для выявления вида обнаруженных риккетсий. На данный момент, согласно результатам, полученным Якович Н.В.

и соавт., в Эхирит-Булагатском районе Иркутской области у 6,5 % клещей данного вида детектирована ДНК *R. heilongjiangensis* [19].

ДНК *Babesia* sp. была выявлена в 30 (3,5 %) пробах от клещей *H. concinna*. Положительные пробы были обнаружены нами в Усольском (2,63 %) и Эхирит-Булагатском (4,5 %) районах Иркутской области. Осуществлено секвенирование фрагментов гена 18S рРНК у 18 образцов ДНК *Babesia* sp. от клещей *H. concinna* (табл. 2).

В образцах клещей *H. concinna*, собранных на территории Эхирит-Булагатского и Усольского районов Иркутской области, нами обнаружены бабезии генетически близкие к пироплазмам мелких жвачных – *B. crassa* (образцы Irk-Hc215, Irk-Hc128, Irk-Hc129 (KJ486565), Irk-Hc133 (KJ486563)), и *B. motasi* (Irk-Hc130 (KJ486569)).

ТАБЛИЦА 1

**ВЫЯВЛЕНИЕ МАРКЕРОВ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНФЕКЦИЙ ЧЕЛОВЕКА И ЖИВОТНЫХ В КЛЕЩАХ *H. CONCINNA* НА ТЕРРИТОРИИ ПРИБАЙКАЛЬЯ ЗА 2011–2024 ГГ.**

TABLE 1

**DETECTION OF MARKERS OF HUMAN AND ANIMAL PATHOGENS IN *H. CONCINNA* TICKS IN THE BAIKAL REGION FOR 2011–2024**

№	Генетический маркер патогена	Всего исследовано (n)	Количество положительных проб/%
1.	РНК вируса клещевого энцефалита	41	0/0
2.	РНК вируса Кемерово	174	2/1,1 %
3.	ДНК <i>Borrelia burgdorferi</i> s.l.	228	3/1,3 %
4.	ДНК <i>Borrelia miyamotoi</i>	196	1/0,5 %
5.	ДНК <i>Ehrlichia</i> sp. / <i>Anaplasma</i> sp.	378	14/3,7 %
6.	ДНК <i>Rickettsia sibirica</i>	247	4/1,6 %
7.	ДНК <i>Rickettsia raoultii</i>	247	7/2,8 %
8.	ДНК Candidatus <i>R. tarasevichiae</i>	147	48/32,6 %
9.	ДНК представителей группы КПЛ (SFGR)	49	14/28,6 %
10.	ДНК <i>Babesia</i> sp.	850	30/3,5 %

ТАБЛИЦА 2

**ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ВАРИАНТЫ *BABESIA* SPP., ОБНАРУЖЕННЫЕ В КЛЕЩАХ *H. CONCINNA* НА ТЕРРИТОРИИ ПРИБАЙКАЛЬЯ**

TABLE 2

**GENETIC VARIANTS OF *BABESIA* SPP., FOUND IN *H. CONCINNA* TICKS IN THE BAIKAL REGION**

№	Типичный образец	№ в GenBank	Число клещей с данным вариантом	Наиболее близкий вид бабезий (% сходства)	Район обнаружения
1.	<i>Babesia</i> sp. Irk-Hc133	KJ486563	3	<i>B. crassa</i> -like	Усольский
	<i>Babesia</i> sp. Irk-Hc133	KJ486563	11	<i>B. crassa</i> -like	
2.	<i>Babesia</i> sp. Irk-Hc129	KJ486565	1	<i>B. crassa</i> -like	Эхирит-Булагатский
3.	<i>Babesia</i> sp. Irk-Hc1741	XXXXX	2	<i>B. crassa</i> -like	
4.	<i>Babesia</i> sp. Irk-Hc130	KJ486569	1	<i>B. motasi</i> -like	
	<b>Всего</b>		<b>18</b>		

В 2024 г. впервые в клещах *H. concinna* нами выявлен образец ДНК *Babesia* spp. Irk-Hc1069, нуклеотидные последовательности которого идентичны последовательностям образца Kh-Hc222 (KJ486568), первоначально обнаруженного в клещах этого вида в Хабаровском крае [20].

## ОБСУЖДЕНИЕ

Ранее ряд исследователей пришли к выводу о низкой эпидемиологической роли *H. concinna* на территории Прибайкалья вследствие его редкого нападения на человека и в связи с отсутствием положительных результатов при тестировании на наличие антигена ВКЭ и ДНК боррелий комплекса *Borrelia burgdorferi* s.l. [12, 13, 21]. Однако в последние годы в клещах этого вида были обнаружены новые возбудители клещевых инфекций человека и животных, в связи с чем, интерес исследователей к проблеме изучения инфицированности *H. concinna* различными патогенами значительно возрос, в том числе и на территории Прибайкалья.

**Вирусы.** Вирус клещевого энцефалита (ВКЭ) от клещей *H. concinna* был выделен в 1971 г. в Австрии [22]. Векторная роль клещей этого вида в передаче ВКЭ была доказана экспериментально [23]. В ходе данного исследования РНК ВКЭ в клещах *H. concinna* нами не выявлена. Однако ранее при исследовании 166 экз. *H. concinna* методом ПЦР РНК данного вируса была нами обнаружена в  $0,6 \pm 0,6$  % образцов клещей из Прибайкалья [24]. Аналогичные показатели инфицированности клещей данного вида были получены О.В. Мельниковой [25]. Причем в обоих случаях маркеры ВКЭ были выявлены у *H. concinna*, собранных с растительности на флаг только в Эхирит-Булагатском районе Иркутской области, где на протяжении длительного периода времени нами фиксировалась устойчивая популяция клещей данного вида.

Вирус Кемерово (KEMV) (орбивирус, представитель группы Грейт-Айленд), был впервые изолирован в 1962 г. группой советских и чехословацких вирусологов под руководством академика М.П. Чумакова из ликвора пациента с энцефалитом, возникшим после присасывания клеща, а также из клещей *I. persulcatus* в эндемичном очаге КЭ в Кемеровской области. Этот вирус активно изучался вплоть до 70-х годов прошлого столетия, после чего перешёл в разряд «забытых инфекций с неизвестным эпидемическим потенциалом» [26]. Возрастание интереса к изучению вируса Кемерово со стороны вирусологов и эпидемиологов возобновилось после 2010 г. на волне всеобщего внимания учёных к «забытым» инфекциям [27, 28, 29]. В настоящее время показано, что ареал KEMV гораздо шире, чем полагали ранее, и включает в себя не только территории Сибири (Кемеровская, Омская, Новосибирская, Иркутская области), Северного и Северо-восточного Алтая, но и Урала (Свердловская, Курганская области, Удмуртия) и Европейской части страны (Московская, Вологодская, Костромская области, Республика Коми) [28]. KEMV был выявлен в клещах *I. persulcatus*, *I. pavlovskyi*,

в их гибридах, а также в *I. ricinus* и *D. reticulatus*. Кроме того KEMV был впервые обнаружен в клещах *I. persulcatus* в восточном Казахстане [15]. Тот факт, что в качестве резервуаров KEMV могут фигурировать и перелётные птицы, может обуславливать широкую географию регионов, где был изначально и в последующем изолирован вирус Кемерово, и приводить к его дальнейшему территориальному распространению вдоль путей миграции птиц [29].

В ходе данного исследования маркеры KEMV были выявлены у 1,1 % клещей *H. concinna* в Прибайкалье, что соответствует данным литературы, согласно которым вирусофорность разных видов клещей в различных регионах России варьирует от 0,2 до 10,1 % у *I. persulcatus*, от 3,6 до 4,9 % у *I. ricinus* и от 4,1 до 5,8 % у *D. reticulatus*. Полученные нами показатели инфицированности клещей *H. concinna* ниже показателей зараженности *I. persulcatus* из Иркутской области (3 %), установленных ранее Дедковым В.Г. и соавт. [27]. Генетический материал KEMV был впервые обнаружен нами в клещах *H. concinna*, однако к этим данным нужно отнестись с определенной долей осторожности, т.к. полученные результаты пока не подтверждены секвенированием изолятов.

В последние годы в клещах *H. concinna* выявлен ряд новых вирусов, таких как вирус Alongshan (ALSV) [4], Jingmen tick virus (JMTV), ортонайровирусы Beiji (BJNV), Songling (SGLV) [5, 6], вирус заболоченных мест или Wetland virus (WELV) [30], вирус Крым-Конго геморрагической лихорадки (CCHV), флeбовирус Mukawa (MKWV) [7], бандавирус Даби (Dabieshan) [7] и мивирус Nuomin (NOMV) [7].

Новый флавиподобный вирус ALSV, который является представителем Jingmenvirus group вирусов и имеет сегментированный геном, был выявлен в таежных клещах на юге Сибири (Республике Тыва, Хакасии, Алтае, Алтайском крае, Иркутской области) и Забайкальском крае [4, 31]. По данным Карташова М.Ю. и соавт. инфицированность *I. persulcatus* ALSV в Иркутской области составила 1,0 %. В клещах *H. concinna* на территории Прибайкалья генетический материал этого вируса пока не обнаружен, однако выявление ALSV на территории Республики Алтай в клещах этого вида, свидетельствует о его потенциальной возможности выступать в качестве переносчика данного вируса [4].

**Бактерии и риккетсии.** На территории Прибайкалья в клещах *H. concinna* нами детектированы маркеры боррелий комплекса *Borrelia burgdorferi* s.l. и *B. miyamotoi*. Также нами выявлена ДНК представителей семейства *Anaplasmataceae* – *E. muris* и *A. phagocytophilum*, которые являются этиологическими агентами моноцитарного эрлихиоза и гранулоцитарного анаплазмоза человека соответственно. Отмечены случаи микстифицирования клещей *H. concinna* обоими возбудителями. Определенная в ходе исследования нуклеотидная последовательность *groESL* оперона длиной 1315 н.о. образца ДНК *Ehrlichia* spp. от клеща *H. concinna* оказалась идентичной нуклеотидным последовательностям образцов *E. muris*, выявленных ранее в таежных

клещах в Новосибирской области, Хабаровском крае и Иркутской области (Irk-Ip615, Irk-Ip635) и отличалась двумя заменами от последовательности *groESL* оперона из *I. persulcatus* в Японии [32]. Кроме того, в клещах *H. concinna* из Прибайкалья выявлена ДНК *R. sibirica*, являющаяся возбудителем сибирского клещевого тифа, и ДНК *R. raoultii*, а также установлена высокая степень инфицированности данного вида иксодид «*Candidatus R. tarasevichiae*», патогенность которых для человека на территории РФ не доказана.

*H. concinna* также может являться переносчиком таких бактериальных патогенов человека, как *Coxiella burnetii* и *Francisella tularensis*, однако в рамках данного исследования наличие данных возбудителей в клещах не определялось.

**Простейшие.** Как мы уже упоминали выше, на основании анализа нуклеотидных последовательностей гена 18S рРНК в образцах клещей *H. concinna* (рис. 1) собранных с растительности на флаг на территории Эхирит-Булагатского района Иркутской области, нами выявлены бабезии генетически близкие к пироплазмидам мелких жвачных – *B. crassa* и *B. motasi*, а также образец ДНК *Babesia* spp., нуклеотидные последовательности которого идентичны последовательностям образца Kh-Hc222 (KJ486568), первоначально обнаруженного в клещах этого вида в Хабаровском крае [20].

Образец *Babesia* sp. Irk-Hc130 (KJ486569) оказался в одном кластере с *B. motasi* от овец из Нидерландов (AY260179) и Испании (AY533147), но сформировал внутри него отдельную кладу вместе с образцами *Babesia* spp. 306KPZ (KX470626) от личинки клещей

*H. concinna*, присосавшейся к косуле (*Capreolus scapreolus*) в Словакии [33] и Irk-Hc130 (KY471448) от клещей данного вида, снятых с птиц в Венгрии (тростниковая камышовка (*Acrocephalus scirpaceus*), речной сверчок (*Locustella fluviatilis*) и черный дрозд (*Turdus merula*)) [34].

Образцы Irk-Hc129 (KJ486565), Irk-Hc133 (KJ486563) вошли в состав одного кластера с образцом *B. crassa*, полученным от овец из Ирана (AY260176). Совместно с образцами *Babesia* spp. от *H. concinna* из Польши (MZ462993) они сформировали отдельную кладу внутри данного кластера. Образец Kh-Hc222 на филогенетическом дереве кластеризуется совместно с образцами *Babesia* spp. от клещей *H. concinna*, отловленных с растительности (KT725849) и снятых с птиц (KY471449) в Венгрии и образцом *Babesia* sp. hc-hl212 (KU862304) от *H. concinna* из Китая. Среди клещей *H. concinna*, снятых с птиц в Венгрии, преобладали генетические варианты *Babesia* spp. Kh-Hc222 и Irk-Hc133. При этом положительные на наличие ДНК бабезий образцы *H. concinna* были собраны преимущественно с четырех видов птиц с известными восточными миграционными привычками и/или филогенетически обоснованными связями между их восточными и западными евразийскими популяциями (24 из 92 клещей), чем с других видов птиц (27 из 229 клещей). Например, обыкновенные овсянки (*Eberiza citrinella*), окольцованные в Венгрии, были повторно пойманы в России на расстоянии 2800 км в восточном направлении от места кольцевания [34]. Географический ареал этого вида птиц простирается от Европы вплоть до Иркутской области [34].

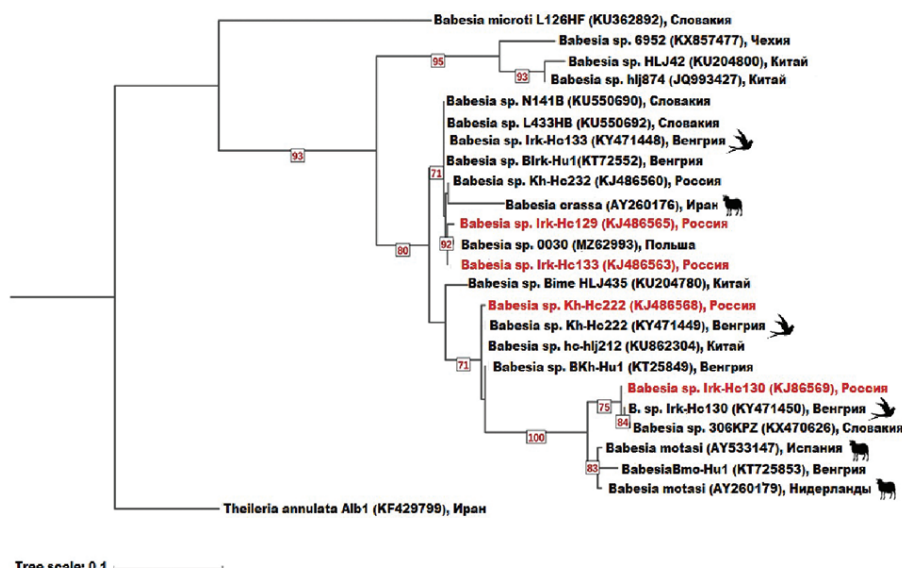


РИС. 1.

Филогенетическое дерево *Babesia* spp., обнаруженных в клещах *H. concinna*. Дерево построено на основе фрагмента гена 18S рРНК методом максимального правдоподобия с использованием модели замен TVM+F+I+G4

**Примечание:** красным цветом выделены образцы, обнаруженные на территории Прибайкалья. Символами отмечены хозяева бабезий (овцы) и образцы от клещей *H. concinna*, снятых с птиц.

FIG. 1.

Phylogenetic tree of *Babesia* spp., found in *H. concinna* ticks. The tree was constructed based on the 18S rRNA gene fragment by the maximum likelihood method using the TVM+F+I+G4 substitution model

**Note.** Samples found in the Baikal region are highlighted in red. *Babesia* hosts (sheep) and samples from *H. concinna* ticks removed from birds are marked with symbols.

С помощью филогенетических методов было показано, что соловьи (*Luscinia megarhynchos*) в Венгрии происходят от восточноевропейских или азиатских популяций этого вида птиц [34]. Западнопалеарктические популяции соловьиного сверчка (*Locustella luscinioides*) филогенетически более тесно связаны с азиатскими певчими птицами (*Bradypterus* spp.), чем с некоторыми видами *Locustella* spp. из Европы. Irwin и соавт. было доказано, что певчая птица Сави и несколько других дальнемигрирующих видов во время постледниковой реколонизации распространялись в восточном или западном направлении, что отражено в филогеографическом сравнении их современных популяций [34]. На основании полученных данных авторы публикации пришли к выводу о важной экоэпидемиологической роли птиц в распространении *Babesia* spp. на большие расстояния. В то же время *H. concinna*, собранные с резидентных видов птиц в основной период активности данного вида клеща, подчеркивают их важную роль в становлении циркуляции сибирских или дальневосточных генотипов *Babesia* spp. в Центральной Европе [34].

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Таким образом, в ходе проведенного нами исследования в клещах *H. concinna* впервые в Прибайкалье обнаружен ряд потенциальных возбудителей трансмиссивных инфекций человека и животных различной этиологии. На сегодняшний день нами выявлены маркеры следующих патогенов: РНК ВКЭ, вируса Кемерово, ДНК *Borrelia burgdorferi* s.l., *B. miyamotoi*, ДНК представителей семейства *Anaplasmataceae* (*E. muris* и *A. phagocytophilum*), риккетсий (*R. sibirica*, *R. raoultii*, «Candidatus *R. tarasevichiae*», а также простейших (*Babesia* spp.). В ходе данного исследования нами получены только первые данные о возможном спектре возбудителей, инфицирующих популяции клещей *H. concinna* в Прибайкалье. Требуется дальнейшие исследования выявленных патогенов с подтверждением полученных данных с помощью секвенирования.

В ходе проведенного нами исследования генетический материал *R. heilongjiangensis* у *H. concinna* не обнаружен, однако результаты, полученные Якович Н.В. и соавт., свидетельствуют о присутствии в клещах этого вида именно этих риккетсий [19].

В связи с этим роль *H. concinna* как переносчика требует дальнейшего изучения. Выявление вируса ALSV в таежных клещах на юге Сибири (Республике Тыва, Хакасии, Алтае, Алтайском крае, Иркутской области) и Забайкальском крае и обнаружение его в клещах *H. concinna* на территории Республики Алтай свидетельствуют о риске выявления данного возбудителя в клещах изучаемого вида. В последние годы список патогенных для человека вирусов, выявленных в клещах *H. concinna* в мире значительно пополнился. При этом для некоторых возбудителей векторная компетентность данного вида клеща доказана, в то время как в других случаях он может выступать в качестве

случайного переносчика возбудителей инфекций, приобретенных от их хозяев.

На примере сходства бабезий в клещах *H. concinna* из Европы и Прибайкалья подчеркнуто, что значительную роль в географическом распространении патогенов на большие расстояния могут играть перелетные птицы. Это подтверждается наличием близкого генетического родства *Babesia* spp., выявленных в клещах *H. concinna* на территории Европы и Прибайкалья, а также в клещах, снятых с перелетных птиц в Венгрии, с известными восточными миграционными привычками и/или филогенетически обоснованными связями между их восточными и западными евразийскими популяциями.

Анализ литературы и полученные нами данные свидетельствуют о том, что экоэпидемиологическая роль клеща *H. concinna* в настоящее время недооценивается и должна быть пересмотрена. Учитывая близкую связь этого клеща с птицами, существует потенциальная угроза, что он может распространиться на новые регионы по всему миру, интродуцироваться в новые экосистемы и занести несвойственные для данной местности возбудители или их генетические варианты [2]. В связи с чем, необходима организация постоянного мониторинга за местообитаниями клещей *H. concinna* на территории Прибайкалья и изучение его инфицированности как известными, так и новыми, недавно выявленными трансмиссивными клещевыми патогенами.

## Финансирование

Исследование поддержано в рамках государственного задания ФГБНУ НЦ ПЗСРЧ № 1021060107125-0 и ИХБФМ СО РАН № 125012300671-8.

## Конфликт интересов

Авторы данной статьи сообщают об отсутствии конфликта интересов.

## ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Rubel F, Brugger K, Walter M, Vogelgesang JR, Didyk YM, Fu S, et al. Geographical distribution, climate adaptation and vector competence of the Eurasian hard tick *Haemaphysalis concinna*. *Ticks Tick Borne Dis.* 2018; 9(5): 1080-1089. doi: 10.1016/j.ttbdis.2018.04.002
2. Liu J, Han XY, Ye RZ, Xu Q, Wang XY, Li ZH, et al. An integrated data analysis reveals distribution, hosts, and pathogen diversity of *Haemaphysalis concinna*. *Parasit Vectors.* 2024; 17(1): 92. doi: 10.1186/s13071-024-06152-5
3. Zhao GP, Wang YX, Fan ZW, Ji Y, Liu MJ, Zhang WH, et al. Mapping ticks and tick-borne pathogens in China. *Nat Commun.* 2021; 12(1): 1075. doi: 10.1038/s41467-021-21375-1
4. Kholodilov IS, Belova OA, Morozkin ES, Litov AG, Ivannikova AY, Makenov MT, et al. Geographical and tick-dependent distribution of FlaviLike Alongshan and Yanggou tick viruses in Russia. *Viruses.* 2021; 13: 458. doi: 10.3390/v13030458



5. Cai X, Cai X, Xu Y, Shao Y, Fu L, Men X, et al. Virome analysis of ticks and tick-borne viruses in Heilongjiang and Jilin Provinces, China. *Virus Res.* 2023; 323: 199006. doi: 10.1016/j.virusres.2022.199006
6. Li D, Li J, Wang R, Zhang W, Nie K, Yin Q, et al. Detection and Genetic Analysis of Songling Virus in *Haemaphysalis concinna* near the China-North Korea Border. *Zoonoses.* 2024; 4(1). doi: 10.15212/ZOONOSES-2024-0004
7. Wu Y, Zhou Q, Mao M, Chen H, Qi R. Diversity of species and geographic distribution of tick-borne viruses in China. *Front Microbiol.* 2024; 15: 1309698. doi: 10.3389/fmicb.2024.1309698
8. Viana DS, Santamaría L, Figuerola J. Migratory birds as global dispersal vectors. *Trends Ecol. Evol.* 2016; 31: 763–75. doi: 10.1016/j.tree.2016.07.005
9. Flaisz B, Sulyok KM, Kováts D, Kontschán J, Csörgő T, Csipak Á, et al. *Babesia* genotypes in *Haemaphysalis concinna* collected from birds in Hungary reflect phylogeographic connections with Siberia and the Far East. *Ticks Tick Borne Dis.* 2017; 8: 666–70. doi: 10.1016/j.ttbdis.2017.04.013
10. Keve G, Sándor AD, Hornok S. Hard ticks (Acari: Ixodidae) associated with birds in Europe: review of literature data. *Front. Vet. Sci.* 2022; 9: 928756. doi: 10.3389/fvets.2022.928756
11. Дорощенко Е.К., Лисак О.В., Сунцова О.В., Савинова Ю.С., Козлова И.В. Данные о распространении клеща *Haemaphysalis concinna* на территории Иркутской области и Республики Бурятия. *Acta Biomedica Scientifica.* 2023; 8(4): 80–91. [Doroshchenko EK, Lisak OV, Suntsova OV, Savinova JS, Kozlova IV. Data on the distribution of the *Haemaphysalis concinna* tick in the Irkutsk region and the Republic of Buryatia. *Acta Biomedica Scientifica.* 2023; 8(4): 80–91. (In Russ.).] doi: 10.29413/ABS.2023-8.4.9
12. Данчинова Г.А., Хаснатинов М.А., Шулунов С.С., Арбатская Е.В., Бадиева Л.Б., Сунцова О.В., и др. Фауна и экология популяций иксодовых клещей переносчиков клещевых инфекций в Прибайкалье. *Acta Biomedica Scientifica.* 2007; 35(55): 86–89. [Danchinova GA, Khasnatinov MA, Shulunov SS, Arbatskaya EV, Badueva LB, Suntsova OV, et al. Fauna and ecology of populations of ixodid ticks, carriers of tick-borne infections in the Baikal region. *Acta Biomedica Scientifica.* 2007; 35(55): 86–89. (In Russ.).]
13. Вершинин Е.А., Мельникова О.В., Морозов И.М. Клещи рода *Haemaphysalis* в южной части Прибайкалья. *Известия ИГУ. Серия «Биология. Экология».* 2014; 8: 92–95. [Vershinin EA, Melnikova OV, Morozov IM. Ticks of the genus *Haemaphysalis* in the southern part of the Baikal region. *Izvestiya Irkutsk State University. Series "Biology. Ecology"*. 2014; 8: 92–95. (In Russ.).]
14. Tkachev SE, Demina TV, Dzhioev YP, Kozlova IV, Verkhovina MM, Doroshchenko EK, et al. Genetic studies of tick-borne encephalitis virus strains from Western and Eastern Siberia. In: Růžek D, et al., editors. *Flavivirus encephalitis. Croatia: In Tech.* 2011; 235–254. doi: 10.5772/25024
15. Tkachev SE, Tikunov AY, Babkin IV, Livanova NN, Livanov SG, Panov VV, et al. Occurrence and genetic variability of Kemerovo virus in Ixodes ticks from different regions of Western Siberia, Russia and Kazakhstan. *Infect Genet Evol.* 2017; 47: 56–63. doi: 10.1016/j.meegid.2016.11.007
16. Rar V, Livanova N, Tkachev S, Kaverina G, Tikunov A, Sabitova Y, et al. Detection and genetic characterization of a wide range of infectious agents in Ixodes pavlovskyi ticks in Western Siberia, Russia. *Parasit Vectors.* 2017; 10(1): 258. doi: 10.1186/s13071-017-2186-5
17. Igolkina Y, Rar V, Vysochina N, Ivanov L, Tikunov A, Pukhovskaya N, et al. Genetic variability of *Rickettsia* spp. in *Dermacentor* and *Haemaphysalis* ticks from the Russian Far East. *Ticks and Tick-borne Diseases.* 2018; 9(6): 1594–1603. doi: 10.1016/j.ttbdis.2018.07.015
18. ITOL. URL: <https://itol.embl.de/> [date of access: May 21, 2025].
19. Яковчиц Н.В., Бондаренко Е.И., Адельшин Р.В., Мельникова О.В., Вершинин Е.А., Морозов И.М., и др. Выявление ДНК возбудителей клещевого риккетсиоза в клещах на территории Иркутской области. *Эпидемиология и Вакцинопрофилактика.* 2015; 6(85): 43–46. [Yakovchits N, Bondarenko E, Adelshin R, Melnikova O, Vershinin E, Morozov I, et al. Detection of Rickettsial DNA in Ticks in Irkutsk Region. *Epidemiology and Vaccinal Prevention.* 2015; 14(6): 43–46. (In Russ.).] doi: 10.31631/2073-3046-2015-14-6-43-46
20. Rar VA, Epikhina TI, Suntsova OV, Kozlova IV, Lisak OV, Pukhovskaya NM, et al. Genetic variability of *Babesia* parasites in *Haemaphysalis* spp. and *Ixodes persulcatus* ticks in the Baikal region and Far East of Russia. *Infect Genet Evol.* 2014; 28: 270–5. doi: 10.1016/j.meegid.2014.10.010
21. Ляпунов А.В., Хаснатинов М.А., Данчинова Г.А., Чапоргина Е.А., Арбатская Е.В., Шулунов С.С., и др. Эпидемиологическая роль клещей родов *Dermacentor* и *Haemaphysalis* в Предбайкалье. *Известия ИГУ. Серия «Биология. Экология».* 2011; 4(4): 63–69. [Lyapunov AV, Khasnatinov MA, Danchinova GA, Chaporgina EA, Arbatskaya EV, Shulunov SS, et al. Epidemiological role of ticks of the genera *Dermacentor* and *Haemaphysalis* in the Baikal region. *Izvestiya Irkutsk State University. Series "Biology. Ecology"*. 2011; 4(4): 92–95 (In Russ.).]
22. Riedl H, Kozuch O, Sixl W, Schmeller E, Nosek J. Isolation of the tick-borne encephalitis virus (TBE-virus) from the tick *Haemaphysalis concinna* Koch. *Arch Hyg Bacteriol.* 1971; 154(6): 610–611.
23. Kozuch O, Nosek J. Experimental transmission of tick-borne encephalitis (TBE) virus by *Haemaphysalis concinna* ticks. *Acta Virol.* 1980; 24(5): 377.
24. Верхожина М.М., Злобин В.И., Козлова И.В., Дорощенко Е.К., Лисак О.В., Демина Т.В., и др. Молекулярная эпидемиология и экология вируса клещевого энцефалита в Восточной Сибири: Монография. Новосибирск: Изд. АНС «СибАк». 2017; 298. [Verkhovina MM, Zlobin VI, Kozlova IV, Doroshchenko EK, Lisak OV, Demina TV, et al. Molecular epidemiology and ecology of tick-borne encephalitis virus in Eastern Siberia: Monograph. Novosibirsk: Publ. ANS «SibAk». 2017; 298. (In Russ.).]
25. Мельникова О.В. Динамика паразитарной системы клещевого энцефалита в Прибайкалье и ее влияние на заболеваемость населения: дис. ... докт. биол. наук: 03.02.08 ИГУ, Иркутск, 1018–302 с. [Melnikova OV.

Dynamics of the parasitic system of tick-borne encephalitis in the Baikal region and its impact on population morbidity: diss. doc. biol. sciences: 03.02.08 Irkutsk State University, Irkutsk, 2018 – 302 p. (In Russ.).

26. Chumakov MP. Report on the isolation from *Ixodes persulcatus* ticks and from patients in western Siberia of a virus differing from the agent of tick-borne encephalitis. *Acta Virol.* 1963; 7: 82-83.

27. Dedkov VG, Markelov ML, Gridneva KA, Bekova MV, Gmyl AP, Kozlovskaya LI, et al. Prevalence of Kemerovo virus in ixodid ticks from the Russian Federation. *Ticks Tick Borne Dis.* 2014; 5(6): 651-655. doi: 10.1016/j.ttbdis.2014.04.017

28. Tkachev S, Panov V, Dobler G, Tikunova N. First detection of Kemerovo virus in *Ixodes pavlovskyi* and *Ixodes persulcatus* ticks collected in Novosibirsk region, Russia. *Ticks and Tick-borne Diseases.* 2014; 5(5): 494-496. doi: 10.1016/j.ttbdis.2014.03.003

29. Safonova MV, Gmyl AP, Karganova GG, Lukashchev AN, Speranskaya AS, Neverov AD, et al. Genetic diversity of Kemerovo virus and phylogenetic relationships within the Great Island virus genetic group. *Ticks and Tick-borne diseases.* 2020; 11(2): 101333. doi: 10.1016/j.ttbdis.2019.101333

30. Zhang XA, Ma YD, Zhang YF, Hu ZY, Zhang JT, Han S, et al. A New Orthonairovirus associated with human febrile illness. *N Engl J Med.* 2024; 391(9): 821-831. doi: 10.1056/NEJMoa2313722

31. Карташов М.Ю., Кривошеина Е.И., Курушина В.Ю., Мошкин А.Б., Ханхареєв С.С., Бичеол Ч.Р., и др. Встречаемость и генетическое разнообразие вируса Алонгшан (Flaviviridae), выявленного в клещах на юге

Восточной Сибири. *Вопросы вирусологии.* 2024; 69(2): 151–161. [Kartashov MYu, Krivosheina EI, Kurushina VYu, Moshkin AB, Khankhareev SS, Bicheool ChR, Pelevina ON, Popov NV, Bogomozova OL, Ternovoy VA. Prevalence and genetic diversity of the Alongshanvirus (Flaviviridae) circulating in ticks in the south of Eastern Siberia. *Problems of virology (Voprosy virusologii).* 2024; 69(2): 151–161. (In Russ.). doi: 10.36233/0507-4088-223

32. Дорощенко Е.К., Лисак О.В., Рар В.А., Сунцова О.В., Савинова Ю.С., Козлова И.В. Видовое и генетическое разнообразие представителей семейства *Anaplasmataceae*, выявленное в зоне симпатрии клещей родов *Ixodes*, *Dermacentor*, *Haemaphysalis*. *Acta Biomedica Scientifica.* 2019; 4(2): 127-135. [Doroshchenko EK, Lisak OV, Rar VA, Suntsova OV, Savinova YuS, Kozlova IV. Species and Genetic Diversity of Representatives of the *Anaplasmataceae* family found in the sympatry zone of the *Ixodes*, *Dermacentor* and *Haemaphysalis* Genera Ticks. *Acta Biomedica Scientifica.* 2019; 4(2): 127-135. (In Russ.). doi: 10.29413/ABS.2019-4.2.18

33. Hamšíková Z, Kazimírová M, Haruštiaková D, Mahriková L, Slovák M, Berthová L, et al. *Babesia* spp. in ticks and wildlife in different habitat types of Slovakia. *Parasit Vectors.* 2016; 9(1): 292. doi: 10.1186/s13071-016-1560-z

34. Flaisz B, Sulyok KM, Kováts D, Kontschán J, Csörgő T, Csapak Á, et al. *Babesia* genotypes in *Haemaphysalis concinna* collected from birds in Hungary reflect phylogeographic connections with Siberia and the Far East. *Ticks Tick Borne Dis.* 2017; 8(4): 666-670. doi: 10.1016/j.ttbdis.2017.04.013

#### 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>

**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>

**Дорощенко 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>

**Арефьева Надежда Александровна** – младший научный сотрудник лаборатории молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики, ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека»; e-mail: arefieva.n4@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-2222-4518>

**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, Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences; e-mail: rarv@niboch.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5930-5306>

**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](mailto:doroshchenko-virus@mail.ru), <https://orcid.org/0000-0002-8209-616X>

**Nadezhda A. Arefieva** – Junior Research Officer at the Laboratory of molecular epidemiology and genetic diagnostics, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems; e-mail: [arefieva.n4@gmail.com](mailto:arefieva.n4@gmail.com), <https://orcid.org/0000-0003-2222-4518>

**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](mailto:diwerhoz@rambler.ru), <https://orcid.org/0000-0002-6324-8746>