

Мы учим и лечим  
с 1888 года



СИБИРСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ  
МЕДИЦИНСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ

## Встречаемость и генотипирование возбудителей инфекций в иксодовых клещах из городских и пригородных биотопов г. Томска

**Карпова Мария Ростиславовна** — *заведующий кафедрой микробиологии и вирусологии, д.м.н., профессор, СибГМУ, г. Томск*

**Ильинских Екатерина Николаевна** — *профессор кафедры инфекционных болезней и эпидемиологии, д.м.н., доцент, СибГМУ, г. Томск*

**Карташов Михаил Юрьевич** — *старший научный сотрудник отдела молекулярной вирусологии флавивирусов и вирусных гепатитов, к.б.н., «Вектор», Новосибирская область, п.г.т. Кольцово*

- иксодовый клещевой боррелиоз;
- клещевой энцефалит;
- риккетсиозы
- анаплазмозы

- *Ixodes pavlovskyi*
- *Ixodes persulcatus*
- *Dermacentor reticulatus*



Томская область



## Объекты и методы исследования

- **Цель исследования** – определение инфицированности различных видов иксодовых клещей, собранных в городских и пригородных биотопах г. Томска, возбудителями клещевых инфекций, с последующим секвенированием и генотипированием выявленных клещевых патогенов.

- **Объекты исследования:** 534 особей иксодовых клещей

1. *I. persulcatus* – 107 (56 самок и 51 самец);
2. *I. pavlovskyi* – 234 (133 самки и 101 самец);
3. *D. reticulatus* 193 (120 самок и 73 самца).

- **Методы исследования:**

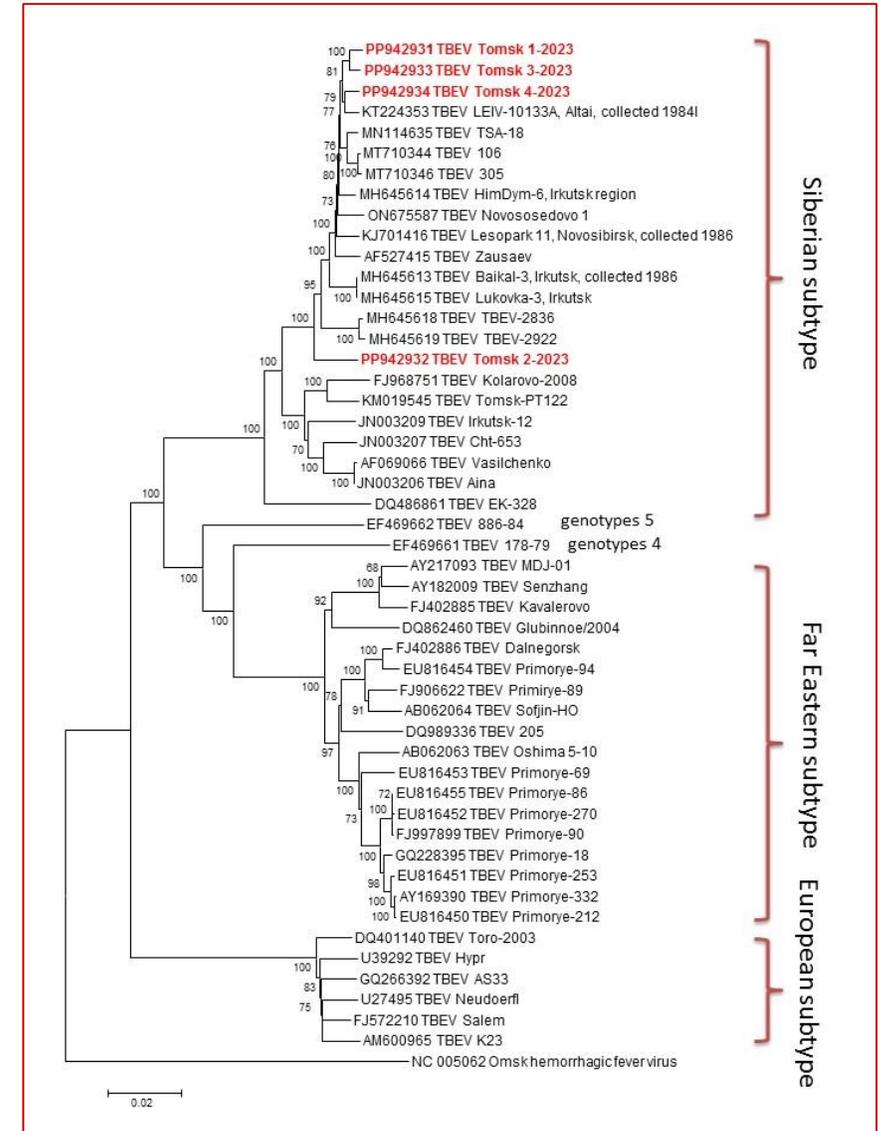
1. тестирование в ПЦР на наличие генетических маркеров **ВКЭ, орбивирусов (вирус Кемерово), Borrelia spp., Rickettsia spp., Anaplasma spp. и Babesia canis;**
2. анализ полученных нуклеотидных последовательностей осуществляли с помощью программ Unipro UGENE v. 1.40 и MEGA X;
3. Полученные нуклеотидные последовательности были депонированы в международную базу данных GenBank.

- доминировали виды клещей *I. pavlovskyi* и *D. reticulatus* (80,0%),
- обнаружены 9 видов клещевых патогенов вирусной, бактериальной и протозойной этиологии

<b>Вид клещей</b>	<b>Количество исследованных особей</b>	<b>Процент</b>
<i>Ixodes persulcatus</i>	107	20,0%
<i>Ixodes pavlovskyi</i>	234	43,9%
<i>Dermacentor reticulatus</i>	193	36,1%
Всего	534	100%

# Инфицированность клещей ВКЭ

- РНК ВКЭ была обнаружена в 3 особях из 341 клеща рода *Ixodes* – 0,9% (95% ДИ: 0,3-2,6) и в 1 клеще из 193, принадлежащих к *D. reticulatus* – 0,5% (95% ДИ: 0,1-2,9).
- Все выявленные изоляты ВКЭ при анализе полноразмерной нуклеотидной последовательности генома были отнесены к сибирскому генотипу к геногруппе Заусаев-подобных штаммов и были депонированы в GenBank под номерами PP942931-PP942934.



# Инфицированность клещей боррелиями

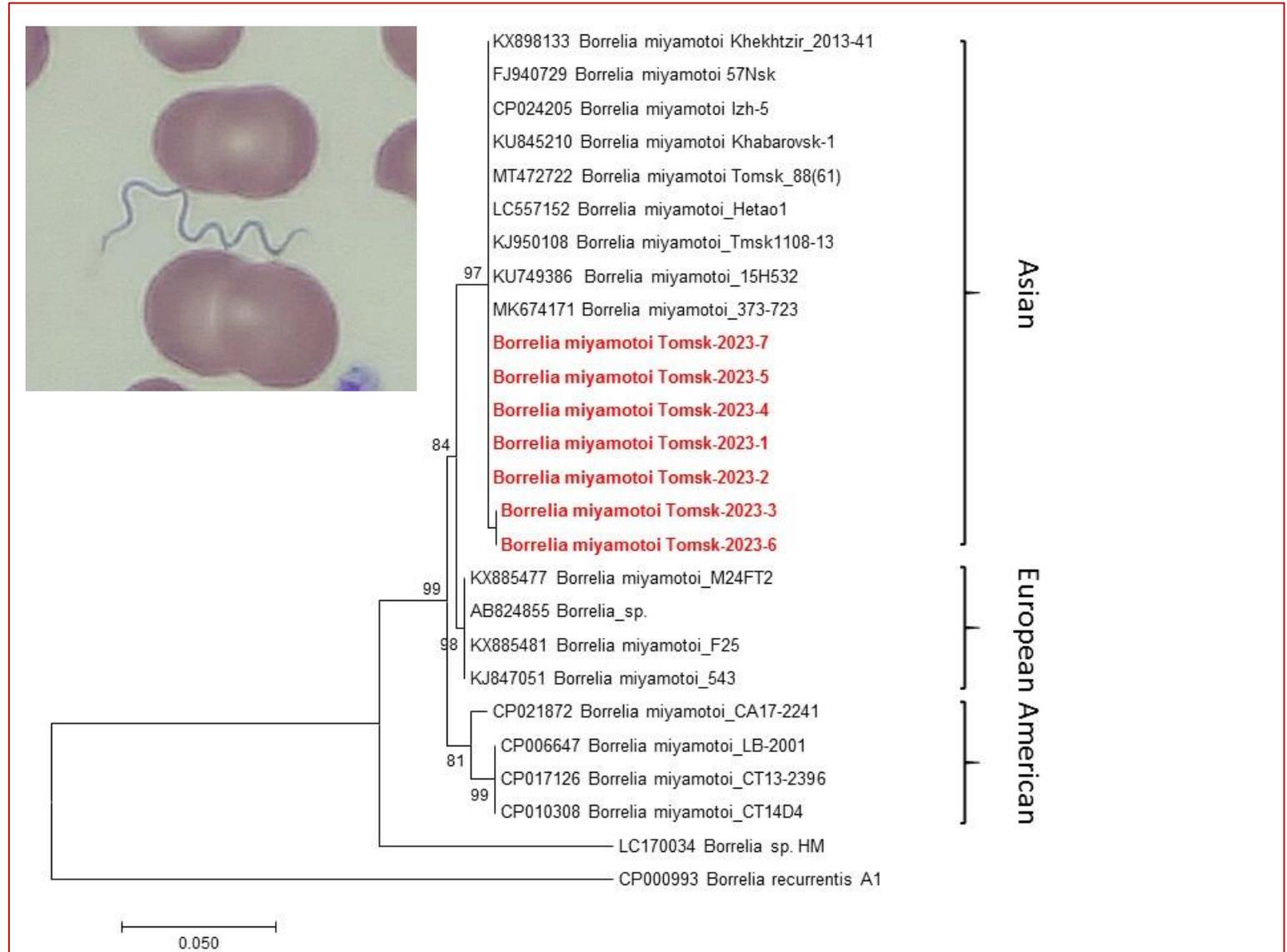
- В 29 из 341 клеща рода *Ixodes* была обнаружена ДНК *B. burgdorferi* комплекса s.l., то есть инфицированность составила 8,5% (95% ДИ: 5,9-11,9).
- Видовое разнообразие боррелий:

<i>B. burgdorferi</i> комплекса s.l.		
<i>B. garinii</i>	<i>B. afzelii</i>	<i>B. bavariensis</i>
65,5% (95% ДИ: 47,4-80,1)	24,1% (95% ДИ: 12,2-42,1)	10,4% (95% ДИ: 3,6-26,3)

- В результате предварительного генотипирования по нуклеотидной последовательности фрагмента гена P83/100 были выявлены 29 изолятов *B. burgdorferi* s.l. Полученные нуклеотидные последовательности депонированы в GenBank под номерами PQ126376-PQ126404.

# Инфицированность клещей боррелиями

- В 7 из 341 клеща рода *Ixodes* была выявлена ДНК *B. miyamotoi* – 2,1% (95% ДИ: 1,0-4,2). Предварительное генотипирование позволило обнаружить 7 изолятов *B. miyamotoi* по нуклеотидной последовательности фрагмента гена глицерофосфодиэстер фосфодиэстеразы (*glpQ*), которые были депонированы в GenBank под номерами PQ126405-PQ126411.



- ДНК *Rickettsia tarasevichiae* была выявлена в 48 из 341 клеща рода *Ixodes*, то есть в 14,1% (95% ДИ: 10,8-18,2); ДНК *Rickettsia raoultii* – в 94 особях из 193 клещей рода *Dermacentor*, то есть в 48,7% (95% ДИ: 41,8-55,8).
- В 5 клещах рода *Ixodes*, то есть в 1,5% (95% ДИ: 0,6-3,4), выявлена ДНК *Anaplasma phagocytophilum*, в 1 клеще рода *Dermacentor* обнаружена ДНК *Babesia canis*, то есть в 0,5% (95% ДИ: 0,1-2,9).
- Было просеквенировано 5 изолятов *A. phagocytophilum* по нуклеотидной последовательности фрагмента гена *major surface protein 2 (msp2)*, а также 1 изолят *B. canis* по фрагменту гена 18S рРНК. Полученные нуклеотидные последовательности были депонированы в GenBank под номерами PQ126412-PQ126416 и PQ123220 соответственно.

## Инфицированность клещей микст-инфекциями

В 8 клещах рода *Ixodes*, то есть в 2,3% (95% ДИ: 1,2-4,6), выявлена ДНК двух патогенов, в том числе в 5 клещах была обнаружена коинфицированность ***B. garinii*** и ***R. tarasevichiae***, в 2 клещах – сочетанная инфицированность ***B. garinii*** и ***B. miyamotoi*** и еще в 1 случае – ***B. garinii*** и ***A. phagocytophilum***. Более того, в 1 клеще рода *Ixodes*, то есть в 0,3% (95% ДИ: 0,1-1,6), обнаружена ДНК сразу трех патогенов, включающих ***B. garinii***, ***R. tarasevichiae*** и ***A. phagocytophilum***.

Показано статистически достоверное различие в более высоком уровне инфицированности боррелиями (ОШ=3,1 (1,43-6,72),  $F = 0,004$ ,  $\chi^2 = 8,9$ ), риккетсиями (ОШ = 18,81 (7,25-48,82),  $F = 0,000$ ,  $\chi^2 = 60,17$ ) и анаплазмами (ОШ = 8,75 (0,97-79,2),  $F = 0,038$ ,  $\chi^2 = 5,35$ ) клещей ***I. persulcatus*** по сравнению с ***I. pavlovskyi***. Однако в ***I. pavlovskyi***, часто являющихся доминирующим видом в городских биотопах, также обнаруживается широкий спектр патогенов (ВКЭ, ***B. burgdorferi*** s.l., ***B. miyamotoi***, ***R. tarasevichiae*** и ***A. phagocytophilum***).

- 1) В пригородах г. Томска среди различных видов иксодовых клещей, собранных с растительности, значительно преобладают *I. pavlovskyi* и *D. reticulatus* по сравнению с видом *I. persulcatus*. В результате проведенного ПЦР-анализа в иксодовых клещах трех видов были обнаружены 9 видов клещевых патогенов вирусной, бактериальной и протозойной этиологии, которые, по-видимому, принимают участие в формировании городских очагов клещевых инфекций в г. Томске и его окрестностях. Показаны статистически достоверно более высокие уровни инфицированности боррелиями, риккетсиями и анаплазмами клещей *I. persulcatus* по сравнению с *I. pavlovskyi*. Вместе с тем, виды *I. pavlovskyi* и *I. persulcatus* имели существенно более широкий спектр патогенов (ВКЭ, *B. burgdorferi* s.l., *B. miyamotoi*, *R. tarasevichiae* и *A. phagocytophilum*) по сравнению с клещами вида *D. reticulatus* (ВКЭ, *R. raoultii* и *Babesia canis*).
- 2) Инфицированность клещей рода *Ixodes* ВКЭ составила 0,9%, а клещей *D. reticulatus* – 0,5%. Инфицированность клещей рода *Ixodes* *B. burgdorferi* s.l. была 8,5%, *B. miyamotoi* – 2,1%, *A. phagocytophilum* – 1,5%, а *R. tarasevichiae* – 14,1%. Кроме того, показатель встречаемости *R. raoultii* в клещах *D. reticulatus* составил 48,7%, а в единичном образце была обнаружена ДНК *Babesia canis*. На основе секвенирования выделенных фрагментов генов ВКЭ, *B. burgdorferi* s.l., *B. miyamotoi*, *A. phagocytophilum* и *Babesia canis* проведено генотипирование возбудителей клещевых инфекций. Все выявленные изоляты ВКЭ при анализе полноразмерной нуклеотидной последовательности генома отнесены к сибирскому генотипу. Последовательности депонированы в GenBank.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-15-20010, <https://rscf.ru/project/22-15-20010/> и средств Администрации Томской области.

Мы учим и лечим  
с 1888 года



СИБИРСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ  
МЕДИЦИНСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ

## Встречаемость и генотипирование возбудителей инфекций в иксодовых клещах из городских и пригородных биотопов г. Томска

**Карпова Мария Ростиславовна** — *заведующий кафедрой микробиологии и вирусологии, д.м.н., профессор, СибГМУ, г. Томск*

**Ильинских Екатерина Николаевна** — *профессор кафедры инфекционных болезней и эпидемиологии, д.м.н., доцент, СибГМУ, г. Томск*

**Карташов Михаил Юрьевич** — *старший научный сотрудник отдела молекулярной вирусологии флавивирусов и вирусных гепатитов, к.б.н., «Вектор», Новосибирская область, п.г.т. Кольцово*