

DOI: 10.21055/0370-1069-2019-4-92-96

УДК 616.98:579.834.114(571.1)

С.А. Рудакова<sup>1</sup>, О.Е. Теслова<sup>1</sup>, Н.Е. Канешова<sup>1</sup>, С.В. Штрек<sup>1,2</sup>, В.В. Якименко<sup>1</sup>, Н.А. Пеньевская<sup>1,2</sup>

## ГЕНОВИДОВОЕ РАЗНООБРАЗИЕ БОРРЕЛИЙ В ИКСОДОВЫХ КЛЕЩАХ НА ТЕРРИТОРИИ ЮГА ЗАПАДНОЙ СИБИРИ

<sup>1</sup>ФБУН «Омский НИИ природно-очаговых инфекций», Омск, Российская Федерация; <sup>2</sup>ГБОУ ВО «Омский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации, Омск, Российская Федерация

**Цель** – определение геновидового состава боррелий в иксодовых клещах различных видов в природных очагах иксодовых клещевых боррелиозов (ИКБ) юга Западной Сибири. **Материалы и методы.** Исследовано бактериологическим (посев на питательную среду BSK-H, SIGMA, США) и молекулярно-генетическим (ПЦР в режиме реального времени) методами 1148 экз. иксодовых клещей, собранных с растительности, и 2183 экз. клещей, снятых с людей. Генотипирование боррелий проводили путем секвенирования. **Результаты и обсуждение.** Инфицированность клещей боррелиями варьировала от 22,4 % в Республике Алтай до 56,9 % в Новосибирской области. Существенных различий в уровнях инфицированности боррелиями клещей *I. persulcatus* и *I. pavlovskii* не установлено (средний уровень зараженности 40,0 и 38,8 % соответственно). Изучение геновидового состава боррелий, циркулирующих в природных очагах Западной Сибири, показало наличие как минимум четырех геновидов патогенных боррелий (*B. garinii*, *B. afzelii*, *B. bavariensis* и *B. miyamotoi*). В базу данных GenBank депонировано 30 нуклеотидных последовательностей межгенного спейсера rrf (5S)-rrl (23S). Частота выявления геновидов *B. garinii* и *B. afzelii* у клещей различных видов (*I. persulcatus* и *I. pavlovskii*) не имеет значимых отличий. Отмечена более частая встречаемость *B. garinii* по сравнению с *B. afzelii*. Уровни инфицированности клещей *I. persulcatus* боррелиями *B. miyamotoi* существенно ниже (в 3,5 раза), чем геновидами *B. garinii* и *B. afzelii*. В клещах *D. reticulatus* выявлена ДНК *B. spielmanii* и *B. miyamotoi*. Необходимо продолжение исследований по оценке роли луговых клещей *D. reticulatus* в циркуляции боррелий различных геновидов в природных очагах на территории Российской Федерации.

**Ключевые слова:** иксодовые клещи, боррелии, клещевые боррелиозы.

Корреспондирующий автор: Пеньевская Наталья Александровна, e-mail: nap20052005@yandex.ru.

Для цитирования: Рудакова С.А., Теслова О.Е., Канешова Н.Е., Штрек С.В., Якименко В.В., Пеньевская Н.А. Геновидовое разнообразие боррелий в иксодовых клещах на территории юга Западной Сибири. Проблемы особо опасных инфекций. 2019; 4:92–96. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-4-92-96

S.A. Rudakova<sup>1</sup>, O.E. Teslova<sup>1</sup>, N.E. Kaneshova<sup>1</sup>, S.V. Shtrek<sup>1,2</sup>, V.V. Yakimenko<sup>1</sup>, N.A. Penyevskaya<sup>1,2</sup>

## Genospecies Diversity of Borrelia in Ixodes Ticks of the West Siberia

<sup>1</sup>Omsk Research Institute of Natural Focal Infections, Omsk, Russian Federation; <sup>2</sup>Omsk State Medical University, Omsk, Russian Federation

**Abstract. Objective:** to determine genospecies composition of Borrelia in the ixodid ticks of various species in natural foci of Ixodes tick-borne borreliosis (ITB) in the South of Western Siberia. **Materials and methods.** A total of 1148 examples of ticks collected from vegetation and 2183 examples of ticks withdrawn from persons seeking medical help have been tested by bacteriological (sowing in BSK-H medium, SIGMA, USA) and Real Time PCR methods. Genotyping of Borrelia was performed by sequencing. **Results and conclusions.** Infection of Ixodes ticks with borrelia ranged from 22.4 % in the Altay Republic to 56.9 % in the Novosibirsk Region. Reliable differences in borrelia infection rates of ticks *I. persulcatus* and *I. pavlovskii* have not been established (average levels of infection 40 % and 38.8 %, respectively). The study of isolates of borrelia sp. circulating in natural foci of the West Siberia showed the presence of at least four genospecies of pathogenic borrelia (*B. garinii*, *B. afzelii*, *B. bavariensis*, *B. miyamotoi*). 30 nucleotide sequences of the rrf (5S)-rrl (23S) intergenic spacer were submitted to GenBank database. The detection rate of genospecies *B. garinii* and *B. afzelii* of different types of ticks (*I. persulcatus* and *I. pavlovskii*) has no significant difference. More frequent occurrence of *B. garinii* in comparison with that of *B. afzelii* was determined. The level of *I. persulcatus* ticks infection with *B. miyamotoi* was significantly lower than that with genospecies *B. garinii* and *B. afzelii*. DNA of *B. spielmanii* and *B. miyamotoi* was detected in ticks *D. reticulatus*. Further evaluation of the role of ticks *D. reticulatus* in the distribution of borrelia in ticks in natural foci of the Russian Federation is necessary.

**Key words:** Ixodes tick-borne, borrelia sp., tick-borne borreliosis.

**Conflict of interest:** The authors declare no conflict of interest.

Corresponding author: Natalia A. Penyevskaya, e-mail: nap20052005@yandex.ru.

Citation: Rudakova S.A., Teslova O.E., Kaneshova N.E., Shtrek S.V., Yakimenko V.V., Penyevskaya N.A. Genospecies Diversity of Borrelia in Ixodes Ticks of the West Siberia. Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2019; 4:92–96. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2019-4-92-96

Received 04.12.19. Accepted 09.12.19.

Иксодовые клещевые боррелиозы (ИКБ) – это передаваемая клещами бактериальная инфекция, вызываемая боррелиями, входящими в комплекс

*Borrelia burgdorferi sensu lato*. Комплекс включает в себя не менее 19 генотипов по всему миру [1–4]. Патогенность пяти из них убедительно доказана –

это *B. burgdorferi sensu stricto* в Северной Америке и Европе, а также *B. afzelii*, *B. garinii*, *B. bavariensis* и *B. spielmanii* в Евразии [5, 6]. Для трех видов – *B. lusitaniae*, *B. bissettii* и *B. valaisiana* – статус патогенности окончательно не определен, поскольку они редко обнаруживаются у пациентов [7–9].

В Российской Федерации ИКБ этиологически связаны преимущественно с *B. afzelii* и *B. garinii*, которые имеют общих резервуарных хозяев и переносчиков. Ареал возбудителей определяется областью распространения их основных переносчиков – клещей *I. persulcatus* и *I. ricinus*. В Сибири и на Дальнем Востоке в передаче могут принимать участие клещи *I. pavlovskyi* [10, 11]. Сравнительно недавно доказано, что этиология части безэритемных форм ИКБ может быть связана с *Borrelia miyamotoi*, которые, в отличие от боррелий комплекса *B. burgdorferi sensu lato*, хотя и переносятся теми же иксодовыми клещами, генетически ближе к боррелиям клещевых возвратных лихорадок [12, 13].

Одной из задач Референс-центра по мониторингу за боррелиозами, функционирующего на базе Омского НИИ природно-очаговых инфекций, является углубленное изучение выделенных культур представителей порядка *Spirochaetales* с использованием современных методов анализа и характеристики возбудителей ИКБ на территории Российской Федерации. Регионы юга Западной Сибири характеризуются наличием напряженных сочетанных очагов природно-очаговых инфекций, передающихся иксодовыми клещами [14, 15], среди которых первое место по распространенности и общей величине социально-экономических потерь занимают иксодовые клещевые боррелиозы. Вместе с тем клинические проявления и исходы ИКБ достаточно разнообразны. Одной из причин данного явления может быть неоднородность этиологической структуры возбудителей ИКБ. Лесостепные ландшафты юга Западной Сибири характеризуются наличием двух фоновых видов иксодовых клещей: *Ixodes persulcatus* и *Dermacentor reticulatus*. Доказана роль клещей *I. persulcatus* как основного переносчика боррелий в Западно-Сибирском регионе [16], однако роль луговых клещей *D. reticulatus* в распространении боррелий до настоящего времени до конца не изучена [17–19].

**Цель работы** – определение геновидового состава боррелий в иксодовых клещах различных видов в природных очагах ИКБ юга Западной Сибири.

### Материалы и методы

Бактериологическим (посев на питательную среду) и молекулярно-генетическим (ПЦР в режиме реального времени – ПЦР-РТ) методами исследовано 1148 экз. иксодовых клещей, собранных с растительности: 516 экз. *I. persulcatus* (Омский р-н, Омская обл.); 140 экз. *I. persulcatus*, 185 экз. *I. pavlovskyi* (Академгородок, Новосибирская обл.);

86 экз. *I. persulcatus*, 30 экз. *I. pavlovskyi* (Республика Алтай); 114 экз. *I. persulcatus*, 77 экз. *I. pavlovskyi* (Кемеровская область). Проведено также исследование клещей, снятых с людей, обратившихся за медицинской помощью: 687 экз. *I. persulcatus* и 1496 экз. *D. reticulatus*. Для определения видовой принадлежности клещей из природных станций использовали фенотипические признаки и молекулярно-биологический метод. Определение видовой принадлежности клещей в суспензиях проводили методом ПЦР-РТ. С этой целью использовали методику на основе метода мультипрайм-ПЦР в реальном времени, позволяющую проводить дифференциальное генотипирование клещей видов *I. ricinus*, *I. persulcatus* и *I. pavlovskyi*. В качестве мишени использовали фрагмент гена цитохромоксидазы (COI) [11].

Выделение штаммов боррелий проводили путем посева суспензий клещей на питательную среду BSK-H (SIGMA, США). Положительные в ПЦР пробы суспензий клещей засеивали на питательную среду, термостатировали при 33 °С с просмотром через три недели в течение двух месяцев. Выделение нуклеиновых кислот проводили из индивидуальных экземпляров клещей, отмытых и гомогенизированных на аппарате TissueLyser LT («Qiagen», Германия), наборами «АмплиПрайм РИБО-преп» компании «ИнтерЛабСервис» (Россия) и набором реагентов «РеалБест экстракция 100» ЗАО «Вектор-Бест» (Россия). Исследование суспензии клещей методом ПЦР в режиме реального времени проводили на амплификаторе «CFX96» (Bio-Rad, США). Для выявления ДНК боррелий использовали наборы: «РеалБест ДНК *Borrelia burgdorferi* s.l./PHK ВКЭ» и «РеалБест ДНК *Borrelia miyamotoi*» ЗАО «Вектор-Бест».

Генотипирование осуществляли путем секвенирования межгенного спейсера *trf* (5S)-*rrl* (23S) [20, 21] с использованием генетического анализатора Applied Biosystems 3500/3500xL (США), полимер POP-6, длина капилляра 50 см. Секвенсовая реакция проводилась с использованием реагентов BigDye Terminator v. 1.1. Ready Reaction Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems, США). Выравнивание биологической последовательности осуществляли в редакторе BioEdit. Сравнение установленных нуклеотидных последовательностей по степени гомологии с данными, представленными в базе данных GenBank, проводили с помощью поисковой системы BLAST.

### Результаты и обсуждение

Уровни инфицированности иксодовых клещей боррелиями *B. burgdorferi* s. l. на различных территориях юга Западной Сибири (по данным ПЦР-РТ) составили 38,3 % для *I. persulcatus* в Омской области; 53,5 % для *I. persulcatus* и 56,9 % для *I. pavlovskyi* в Новосибирской области; 22,4 % – *I. persulcatus* и 24,1 % – *I. pavlovskyi* в Республике Алтай; 44,1 % – *I. persulcatus* и 35,5 % – *I. pavlovskyi* в Кемеровской

области. ДНК *B. miyamotoi* выявлена в *I. persulcatus*, собранных в Омской области (10,0 % от всех собранных на этой территории клещей), в Новосибирской области (15,4 %), в Республике Алтай (17,1 %) и Кемеровской области (13,2 %) (таблица). На питательной среде BSK-H выделены 24 штамма боррелий, которые были изучены путем секвенирования, установлены нуклеотидные последовательности, определен геновид боррелий. В результате генотипирования штаммов боррелий геновид *B. garinii* определен в 20 изолятах, *B. afzelii* – в 3 изолятах и *B. bavariensis* – в 1 культуре боррелий. Результаты генотипирования боррелий в 8 пробах суспензий клещей показали наличие *B. garinii* в 1 пробе, *B. afzelii* – в 5, *B. bavariensis* – в 1, *B. miyamotoi* – 1 пробе. Установлен геновидовой состав боррелий в клещах различных видов. Так, для клещей *I. persulcatus* в 13 пробах установлены *B. garinii*, в 2 – *B. afzelii*, в 1 пробе – *B. bavariensis*, в клещах *I. pavlovskiy* в 8 пробах – *B. garinii*, в 1 пробе – *B. afzelii*.

Соотношение различных геновидов боррелий в изолятах, полученных на питательной среде и в суспензии клеща, имеют существенные отличия. Так, в изолятах, полученных на питательной среде, существенно преобладает геновид *B. garinii*, а в пробах из клещей преобладает геновид *B. afzelii*. Это может быть связано с преимущественным ростом на питательной среде боррелий *B. garinii* и подавлением роста *B. afzelii*. В связи с этим «золотой» стандарт микробиологии – изучение штаммов боррелий, по-

лученных на питательной среде, не всегда может отражать действительную картину геновидового разнообразия боррелий в природных очагах ИКБ. В свою очередь, генотипирование боррелий, обнаруженных в суспензии клещей, не всегда возможно путем секвенирования из-за недостаточного количества микроорганизмов в пробе. Возникает необходимость в разработке праймеров, позволяющих проводить генотипирование боррелий непосредственно в пробе из клещей методом ПЦР-РТ. Некоторыми учеными предприняты попытки разработки данного метода генотипирования [22], однако он не нашел пока широкого применения.

Полученные в результате секвенирования межгенного спейсера 5S-23S 30 нуклеотидные последовательности (НП) депонированы в международной базе данных GenBank: 13 НП – *B. afzelii* (MK118769.1, MK118768.1, MK118767.1, MK118766.1, MK118763.1, MK118757.1, MK118756.1, MK118755.1, MK118754.1, MK118753.1, MK118752.1, MK118751.1, MK118750.1); 12 НП – *B. garinii* (MK118765.1, MK118764.1, MK118762.1, MK118761.1, MK118760.1, MH782659.1, MH782658.1, MH782657.1, MH777466.1, MH777465.1, MH401039.1, MH388433.1); 2 НП – *B. bavariensis* (MK118758, MK118759), 1 НП – *B. miyamotoi* (MN719905), 2 НП – *B. spielmanii* (MN685134, MN695027).

Среднемноголетняя инфицированность боррелиями клещей *D. reticulatus*, по данным ПЦР, составляет 1,14 %. В 2019 г. в клещах *D. reticulatus*, сня-

Геновидовой состав боррелий в иксодовых клещах на территории юга Западной Сибири  
Genospecies diversity of Borrelia in Ixodes ticks of the West Siberia

Виды иксодовых клещей / Genus of Ixodes ticks	Субъекты РФ / Administrative regions of the Russian Federation	Исследовано клещей, экз. / ticks was tested, samples	Зараженность клещей <i>B. burgdorferi sensu stricto</i> (ПЦР-РТ), % / Infection of ticks by <i>B. burgdorferi sensu stricto</i> (RT-PCR), %	Зараженность клещей <i>B. miyamotoi</i> (ПЦР-РТ), % / Infection of ticks by <i>B. miyamotoi</i> (RT-PCR), %	Идентификация геновидов боррелий методом секвенирования / Identification of Borrelia genospecies by sequencing method				
					<i>B. garinii</i>	<i>B. afzelii</i>	<i>B. bavariensis</i>	<i>B. spielmanii</i>	<i>B. miyamotoi</i>
<i>I. persulcatus</i>	Омская область / Omsk region	516	38,3	10,0	+	+	-	-	+
	Новосибирская область / Novosibirsk region	140	53,5	15,4	+	+	-	-	+
	Республика Алтай / Altai Republic	86	22,4	17,1	+	+	+	-	+
	Кемеровская область / Kemerovo region	114	44,1	13,2	+	+	-	-	+
<i>I. pavlovskiy</i>	Новосибирская область / Novosibirsk region	185	56,9	0	+	+	-	-	-
	Республика Алтай / Altai Republic	30	24,1	0	+	+	-	-	-
	Кемеровская область / Kemerovo region	77	35,5	0	+	+	-	-	-
<i>D. reticulatus</i>	Омская область / Omsk region	1496	1,53	0,13	-	-	-	+	+

Примечание: «+» – выявление геновида боррелий, обозначенного в заголовке столбца, «-» – геновид не определен

Note: “+” – detection of *Borrelia* genospecies, indicated in the column header, “-” – was not determined



тых с людей, боррелии выявлены в 1,53 % случаев. Методом ПЦР в реальном времени установлено наличие ДНК *B. miyamotoi* в клещах этого вида в 0,13 % случаев. Ранее нами при исследовании *D. reticulatus* методом ПЦР с применением рестрикционного анализа было показано наличие боррелий, близких к *B. afzelii*, в 4,8 % случаев [14, 17]. Нуклеотидные последовательности ДНК боррелий, полученные при исследовании двух клещей *D. reticulatus* в 2004 г., депонированы в GenBank как *Borrelia* sp. (AY540051, AY540052). В 2019 г. при сравнении этих нуклеотидных последовательностей с последовательностями, представленными в базе GenBank, с помощью поисковой системы BLAST получены данные о более чем 95 % гомологии с *Borrelia spielmanii* (AF497994.1, JX910054.1, JX448322.1).

Таким образом, на территории юга Западной Сибири инфицированность клещей боррелиями варьирует от 22,4 % в Республике Алтай до 56,9 % в Новосибирской области. Существенных различий в показателях зараженности боррелиями клещей *I. persulcatus* и *I. pavlovskiy* не установлено (40,0 % и 38,8 % соответственно). Изучение геновидового состава боррелий в иксодовых клещах в природных очагах юга Западной Сибири показало наличие как минимум четырех геновидов патогенных боррелий (*B. garinii*, *B. afzelii*, *B. bavariensis* и *B. miyamotoi*). Частота выявления *B. garinii* и *B. afzelii* у клещей различных видов (*I. persulcatus* и *I. pavlovskiy*) не имеет значимых отличий. Отмечается более частая встречаемость *B. garinii* по сравнению с *B. afzelii*. Уровни инфицированности клещей *I. persulcatus* боррелиями *B. miyamotoi* существенно ниже (в 3,5 раза), чем геновидами *B. garinii* и *B. afzelii*.

Изучение геновидового разнообразия боррелий в переносчиках и выделенных штаммах важно для выявления экологических особенностей различных видов боррелий и степени эпидемической опасности природных очагов иксодовых клещевых боррелиозов. Необходимо продолжение исследований по оценке роли луговых клещей *D. reticulatus* в циркуляции боррелий различных геновидов в природных очагах на территории Российской Федерации.

**Конфликт интересов.** Авторы подтверждают отсутствие конфликта финансовых/нефинансовых интересов, связанных с написанием статьи.

# Список литературы

1. List of Prokaryotic Names with Standing in Nomenclature. [Электронный ресурс]. URL: <http://www.bacterio.net/borreliaella.html> (дата обращения 04.03.19).
2. Chu C.Y., Liu W., Jiang B.G., Wang D.M., Jiang W.J., Zhao Q.M., Zhang P.H., Wang Z.X., Tang G.P., Yang H., Cao W.C. Novel genospecies of *Borrelia burgdorferi sensu lato* from rodents and ticks in southwestern China. *J. Clin. Microbiol.* 2008; 46(9):3130–3. DOI: 10.1128/JCM.01195-08.
3. Margos G., Vollmer S.A., Ogden N.H., Fish D. Population genetics, taxonomy, phylogeny and evolution of *Borrelia burgdorferi sensu lato*. *Infect. Genet. Evol.* 2011; 11(7):1545–63. DOI: 10.1016/j.meegid.2011.07.022.
4. Margos G., Wilske B., Sing A., Hizo-Teufel C., Cao W.C., Chu C., Scholz H., Straubinger R.K., Fingerle V. *Borrelia bavariensis* sp. nov. is widely distributed in Europe and Asia. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2013; 63(Pt 11):4284–8. DOI: 10.1099/

ij.s.0.052001-0.

5. Richter D., Postic D., Sertour N., Livey I., Matuschka F.R., Baranton G. Delineation of *Borrelia burgdorferi sensu lato* species by multilocus sequence analysis and confirmation of the delineation of *Borrelia spielmanii* sp. Nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2006; 56(Pt 4):873–81. DOI: 10.1099/ij.s.0.64050-0.
6. Wang G., Liveris D., Mukherjee P., Jungnick S., Margos G., Schwartz I. Molecular Typing of *Borrelia burgdorferi*. *Curr. Protoc. Microbiol.* 2014; 34:12C.5.1–12C.5.31. DOI: 10.1002/9780471729259.mc12c05s34.
7. Sprong H., Azagi T., Hoomstra D., Nijhof A.M., Knorr S., Baarsma M.E., Hovius J.W. Control of Lyme borreliosis and other Ixodes ricinus-borne diseases. *Parasit. Vectors.* 2018; 11(1):145. DOI: 10.1186/s13071-018-2744-5.
8. Sykes R.A., Makiello P. An estimate of Lyme borreliosis incidence in Western Europe. *J. Public Health (Oxf).* 2017; 39(1):74–81. DOI: 10.1093/pubmed/fdw017.
9. Wang G. *Borrelia burgdorferi* and Other *Borrelia* Species. In: Yi-Wei Tang, Max Sussman, Dongyou Liu, Ian Poxton, Joseph Schwartzman, editors. *Molecular Medical Microbiology*. 2nd edition. Boston: Academic Press; 2015. Vol. 3. P. 1867–909. DOI: 10.1016/B978-0-12-397169-2.00104-9.
10. Korenberg E.I., Nefedova V.V., Romanenko V.N., Gorelova N.B. The tick *Ixodes Pavlovskiy* as host of spirochetes pathogenic for humans and its possible role in the epizootology and epidemiology of borrelioses. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2010; 10(5):453–8. DOI: 10.1089/vbz.2009.0033.
11. Рудакова Н.В., Рудакова С.А., Ефимова А.Р., Дроздова О.М., Любенко А.Ф., Петрова Ю.А., Якименко В.В., Дедков В.Г. Современные подходы к изучению клещевых трансмиссивных инфекций в Кузбассе на основе молекулярных методов. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2017; 16(1):26–8. DOI: 10.31631/2073-3046-2017-16-1-26-28.
12. Платонов А.Е., Koetsveld J., Колясников Н.М., Сарксян Д.С., Топоркова М.Г., Шипулин Г.А., Hovius J.W. Микробиологическое подтверждение этиологии иксодового клещевого боррелиоза в безрзетметной форме – инфекции, вызываемой *Borrelia miyamotoi*. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2017; 16(1):29–35. DOI: 10.31631/2073-3046-2017-16-1-29-35.
13. Cosson J.F., Michelet L., Chotte J., Naour E. Le, Cote M., Devillers E., Pouille M.L., Huet D., Galan M., Geller J., Moutailler S., Vayssier-Taussat M. Genetic characterization of the human relapsing fever spirochete *Borrelia miyamotoi* in vectors and animal reservoirs of Lyme disease spirochetes in France. *Parasit. Vectors.* 2014; 7:233. DOI: 10.1186/1756-3305-7-233.
14. Rar V., Fomenko N., Dobrotvorskyy A., Livanova N., Rudakova S., Fedorov E., Astanin V., Morozova O. Tick-borne Pathogen Detection, Western Siberia, Russia. *Emerg. Infect. Dis.* 2005; 11(11):1708–15. DOI: 10.3201/eid1111.041195.
15. Rar V., Livanova N., Tkachev S., Kaverina G., Tikunov A., Sabitova Yu., Igolkina Ya., Panov V., Livanov S., Fomenko N., Babkin I., Tikunova N. Detection and genetic characterization of a wide range of infectious agents in *Ixodes pavlovskiy* ticks in Western Siberia, Russia. *Parasit. Vectors.* 2017; 10(1):258. DOI: 10.1186/s13071-017-2186-5.
16. Коренберг Э.И. Инфекции, передающиеся иксодовыми клещами в лесной зоне, и стратегия их профилактики: изменение приоритетов. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2013; 5:7–17.
17. Рудакова С. А., Матушенко А. А., Фоменко Н.В., Тупикин А.Е. Генотипическая характеристика боррелий, циркулирующих в природных очагах Западной Сибири. *Бюллетень ВСНЦ СО РАМН*. 2005; 2(40):227–30.
18. Kohn M., Krücken J., McKay-Demeler J., Pachnicke S., Krieger K., von Samson-Himmelstjerna G. *Dermacentor reticulatus* in Berlin/Brandenburg (Germany): Activity patterns and associated pathogens. *Ticks Tick Borne Dis.* 2019; (1):191–206. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2018.10.003.
19. Zajac V., Wójcik-Fatla A., Sawczyn A., Cisak E., Sroka J., Kloc A., Zajac Z., Buczek A., Dutkiewicz J., Bartosik K. Prevalence of infections and co-infections with 6 pathogens in *Dermacentor reticulatus* ticks collected in eastern Poland. *Ann. Agric. Environ. Med.* 2017; 24(1):26–32. DOI: 10.5604/12321966.1233893.
20. Postic D., Assous M.V., Grimont P.A., Baranton G. Diversity of *Borrelia burgdorferi sensu lato* evidenced by restriction fragment length polymorphism of rrf (5S)-rrl (23S) intergenic spacer amplicons. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 1994; 44(4):743–52. DOI: 10.1099/00207713-44-4-743.
21. Coipan E.C., Fonville M., Tijssse-Klasen E., van der Giessen J.W., Takken W., Sprong H., Takumi K. Geodemographic analysis of *Borrelia burgdorferi sensu lato* using the 5S-23S rDNA spacer region. *Infect. Genet. Evol.* 2013; 17:216–22. DOI: 10.1016/j.meegid.2013.04.009.
22. Mukhacheva T.A., Kovalev S.Y. *Borrelia spirochetes* in Russia: genospecies differentiation by real-time PCR. *Ticks Tick-borne Dis.* 2014. 5(6):722–26. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2014.05.016.

## References

1. List of Prokaryotic Names with Standing in Nomenclature. [Internet]. (Cited 04 Mar 2019). Available from: <http://www.bacterio.net/borrelia.html>.
2. Chu C.Y., Liu W., Jiang B.G., Wang D.M., Jiang W.J., Zhao Q.M., Zhang P.H., Wang Z.X., Tang G.P., Yang H., Cao W.C. Novel genospecies of *Borrelia burgdorferi* sensu lato from rodents and ticks in southwestern China. *J. Clin. Microbiol.* 2008; 46(9):3130–3. DOI: 10.1128/JCM.01195-08.
3. Margos G., Vollmer S.A., Ogden N.H., Fish D. Population genetics, taxonomy, phylogeny and evolution of *Borrelia burgdorferi* sensu lato. *Infect. Genet. Evol.* 2011; 11(7):1545–63. DOI: 10.1016/j.meegid.2011.07.022.
4. Margos G., Wilske B., Sing A., Hizo-Teufel C., Cao W.C., Chu C., Scholz H., Straubinger R.K., Fingerle V. *Borrelia bavariensis* sp. nov. is widely distributed in Europe and Asia. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2013; 63(Pt 11):4284–8. DOI: 10.1099/ijs.0.052001-0.
5. Richter D., Postic D., Sertour N., Livey I., Matuschka F.R., Baranton G. Delineation of *Borrelia burgdorferi* sensu lato species by multilocus sequence analysis and confirmation of the delineation of *Borrelia spielmanii* sp. Nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2006; 56(Pt 4):873–81. DOI: 10.1099/ijs.0.64050-0.
6. Wang G., Liveris D., Mukherjee P., Jungnick S., Margos G., Schwartz I. Molecular Typing of *Borrelia burgdorferi*. *Curr. Protoc. Microbiol.* 2014; 34:12C.5.1–12C.5.31. DOI: 10.1002/9780471729259.mc12c05s34.
7. Sprong H., Azagi T., Hoornstra D., Nijhof A.M., Knorr S., Baarsma M.E., Hovius J.W. Control of Lyme borreliosis and other Ixodes ricinus-borne diseases. *Parasit. Vectors.* 2018; 11(1):145. DOI: 10.1186/s13071-018-2744-5.
8. Sykes R.A., Makiello P. An estimate of Lyme borreliosis incidence in Western Europe. *J. Public Health (Oxf.)*. 2017; 39(1):74–81. DOI: 10.1093/pubmed/fdw017.
9. Wang G. *Borrelia burgdorferi* and Other *Borrelia* Species. In: Yi-Wei Tang, Max Sussman, Dongyou Liu, Ian Poxton, Joseph Schwartzman, editors. *Molecular Medical Microbiology*. 2nd edition. Boston: Academic Press; 2015. Vol. 3. P. 1867–909. DOI: 10.1016/B978-0-12-397169-2.00104-9.
10. Korenberg E.I., Nefedova V.V., Romanenko V.N., Gorelova N.B. The tick *Ixodes Pavlovskyi* as host of spirochetes pathogenic for humans and its possible role in the epizootology and epidemiology of borrelioses. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2010; 10(5):453–8. DOI: 10.1089/vbz.2009.0033.
12. Platonov A.E., Koetsveld J., Kolyasnikova N.M., Sarksyian D.S., Toporkova M.G., Shipulin G.A., Hovius J.W. Microbiological Evidence of Etiology of «Ixodes Tick-Borne Borreliosis without Erythema Migrans» – Infection Caused by *Borrelia miyamotoi*. *Epidemiologia i Vaktsinoprofilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2017; 16(1):29–35. DOI: 10.31631/2073-3046-2017-16-1-29-35.
13. Cosson J.F., Michelet L., Chotte J., Naour E. Le, Cote M., Devillers E., Pouille M.L., Huet D., Galan M., Geller J., Moutailler S., Vayssier-Taussat M. Genetic characterization of the human relapsing fever spirochete *Borrelia miyamotoi* in vectors and animal reservoirs of Lyme disease spirochetes in France. *Parasit. Vectors.* 2014; 7:233. DOI: 10.1186/1756-3305-7-233.
14. Rar V., Fomenko N., Dobrotvorskyy A., Livanova N., Rudakova S., Fedorov E., Astanin V., Morozova O. Tick-borne Pathogen Detection, Western Siberia, Russia. *Emerg. Infect. Dis.* 2005; 11(11):1708–15. DOI: 10.3201/eid1111.041195.
15. Rar V., Livanova N., Tkachev S., Kaverina G., Tikunov A., Sabitova Yu., Igolkina Ya., Panov V., Livanov S., Fomenko N., Babkin I., Tikunova N. 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.
16. Korenberg E.I. Infections transmitted by ticks in the forest area and the strategy of their prevention: change of priorities. *Epidemiologia i Vaktsinoprofilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2013; 72(5):7–17.
17. Rudakova S.A., Matuschenko A.A., Fomenko N.V., Tupikin A.E. Genotypic characteristics of borrelia circulating in the natural foci of Western Siberia. [Bulletin of the East Siberian Research Center of the RAMS]. 2005; 2 (40):227–30.
18. Kohn M., Krücken J., McKay-Demeler J., Pachnicke S., Krieger K., von Samson-Himmelstjerna G. *Dermacentor reticulatus* in Berlin/Brandenburg (Germany): Activity patterns and associated pathogens. *Ticks Tick Borne Dis.* 2019; (1):191–206. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2018.10.003.
19. Zając V., Wójcik-Fatla A., Sawczyn A., Cisak E., Sroka J., Kloc A., Zając Z., Buczek A., Dutkiewicz J., Bartosik K. Prevalence of infections and co-infections with 6 pathogens in *Dermacentor reticulatus* ticks collected in eastern Poland. *Ann. Agric. Environ. Med.* 2017; 24(1):26–32. DOI: 10.5604/12321966.1233893.
20. Postic D., Assous M.V., Grimont P.A., Baranton G. Diversity of *Borrelia burgdorferi* sensu lato evidenced by restriction fragment length polymorphism of rrf (5S)-rrl (23S) intergenic spacer amplicons. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 1994; 44(4):743–52. DOI: 10.1099/00207713-44-4-743.
21. Coipan E.C., Fonville M., Tijssse-Klasen E., van der Giessen J.W., Takken W., Sprong H., Takumi K. Geodemographic analysis of *Borrelia burgdorferi* sensu lato using the 5S-23S rDNA spacer region. *Infect. Genet. Evol.* 2013; 17:216–22. DOI: 10.1016/j.meegid.2013.04.009.
22. Mukhacheva T.A., Kovalev S.Y. *Borrelia spirochetes* in Russia: genospecies differentiation by real-time PCR. *Ticks Tick-borne Dis.* 2014. 5(6):722–26. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2014.05.016.

## Authors:

Rudakova S.A., Teslova O.E., Kaneshova N.E., Yakimenko V.V. Omsk Research Institute of Natural-Focal Infections, 7, Prospect Mira, Omsk, 644080, Russian Federation. E-mail: [mail@oniipi.org](mailto:mail@oniipi.org).  
 Shtrek S.V., Pen'yevskaya N.A. Omsk Research Institute of Natural-Focal Infections; 7, Prospect Mira, Omsk, 644080, Russian Federation; e-mail: [mail@oniipi.org](mailto:mail@oniipi.org). Omsk State Medical University of the Ministry of Healthcare of the Russian Federation; Omsk, Russian Federation.

## Об авторах:

Рудакова С.А., Теслова О.Е., Канешова Н.Е., Якименко В.В. Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций. Российская Федерация, 644080, Омск, Проспект Мира, 7. E-mail: [mail@oniipi.org](mailto:mail@oniipi.org).  
 Штрек С.В., Пен'евская Н.А. Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций; Российская Федерация, 644080, Омск, Проспект Мира, 7; e-mail: [mail@oniipi.org](mailto:mail@oniipi.org). Омский государственный медицинский университет; Омск. Российская Федерация.

Поступила 04.12.19.

Принята к публ. 09.12.19.