

DOI: 10.21055/0370-1069-2023-4-115-124

УДК 616.995.7:579.25(665.7)

Е.В. Найденова¹, К.С. Захаров¹, М.Ю. Карташов², Д.А. Агафонов¹, А.М. Сеничкина¹, А.Д. Катышев¹,
М.А. Diallo³, М.В. Bah³, S. Boumbaly^{3,4}, В.В. Кутырев¹**Выявление генетических маркеров возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней в пробах иксодовых клещей, собранных на территории Гвинейской Республики**¹ФКУН «Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб», Саратов, Российская Федерация;²ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор», р.п. Кольцово, Российская Федерация;³Исследовательский институт прикладной биологии Гвинеи, Киндия, Гвинейская Республика; ⁴Исследовательский центр вирусологии, Лаборатория вирусных геморрагических лихорадок Гвинеи, Конакри, Гвинейская Республика

В разные периоды в Западной Африке выявлена циркуляция достаточно широкого спектра возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней, передающихся клещами: боррелии, риккетсии, коксии, вирусы Крымской-Конго геморрагической лихорадки (ККГЛ), Бханджа, синего языка овец Найроби и др. В настоящее время эпидемиологическая и эпизоотологическая ситуация по природно-очаговым инфекционным болезням, складывающаяся на территории Гвинейской Республики, выяснена не до конца. Цель работы – выявление генетических маркеров (РНК/ДНК) возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней в пробах иксодовых клещей, собранных в Гвинейской Республике, и определение спектра патогенов, циркулирующих на территории различных ландшафтно-географических зон страны. **Материалы и методы.** Для проведения исследований на территории всех ландшафтно-географических зон Гвинейской Республики были собраны 4695 экземпляров иксодовых клещей 11 видов. С учетом видовой принадлежности, пола, фазы развития, а также места сбора составлена панель из 1645 проб. Методами полимеразной цепной реакции (ПЦР) и полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР) проведена детекция генетических маркеров вирусов Крымской-Конго геморрагической лихорадки и клещевого энцефалита, а также *Borrelia burgdorferi* s.l., *Ehrlichia chaffeensis*, *Ehrlichia muris*, *Anaplasma phagocytophilum*, *Coxiella burnetii*, риккетсий группы клещевой пятнистой лихорадки (КПЛ) и *Francisella tularensis*. **Результаты и обсуждение.** В результате в суспензиях иксодовых клещей обнаружены: ДНК риккетсий группы КПЛ (25,6 % от всех исследуемых образцов), ДНК *C. burnetii* (6,2 %), кДНК *B. burgdorferi* s.l. (9,1 %) и РНК вируса ККГЛ (2,5 %). Перечисленный спектр возбудителей зарегистрирован во всех ландшафтно-географических зонах Гвинеи. Генетические маркеры возбудителей туляремии, анаплазмозов, эрлихиозов и клещевого энцефалита в настоящем исследовании не выявлены. Полученные результаты позволили уточнить возможный спектр болезней, передаваемых клещами, на территории Гвинейской Республики, определили необходимость дальнейшего изучения циркуляции возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней в Западной Африке и проведения регулярного эпизоотологического мониторинга.

Ключевые слова: иксодовые клещи, Гвинейская Республика, генетические маркеры, природно-очаговые инфекционные болезни, ПЦР, ОТ-ПЦР.

Корреспондирующий автор: Найденова Екатерина Владимировна, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

Для цитирования: Найденова Е.В., Захаров К.С., Карташов М.Ю., Агафонов Д.А., Сеничкина А.М., Катышев А.Д., Diallo М.А., Bah М.В., Boumbaly S., Кутырев В.В. Выявление генетических маркеров возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней в пробах иксодовых клещей, собранных на территории Гвинейской Республики. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2023; 4:115–124. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-4-115-124

Поступила 26.10.2023. Принята к публ. 20.11.2023.

E.V. Naidenova¹, K.S. Zakharov¹, M.Yu. Kartashov², D.A. Agafonov¹, A.M. Senichkina¹,
A.D. Katyshchev¹, M.A. Diallo³, M.B. Bah³, S. Boumbaly^{3,4}, V.V. Kutyrev¹**Genetic Marker Detection of Natural-Focal Infectious Disease Pathogens in Samples of Ixodidae Ticks, Collected on the Territory of the Republic of Guinea**¹Russian Research Anti-Plague Institute “Microbe”, Saratov, Russian Federation;²State Scientific Center of Virology and Biotechnology “Vector”, Kol'tsovo, Russian Federation;³Research Institute of Applied Biology of Guinea, Kindia, Republic of Guinea;⁴Virology Research Center, Laboratory of Viral Hemorrhagic Fevers of Guinea, Conakry, Republic of Guinea

Abstract. The circulation of a rather wide range of pathogens of natural-focal infectious diseases transmitted by ticks was detected in West Africa at different points of time: *Borrelia*, *Rickettsia*, *Coxiella*, Crimean-Congo hemorrhagic fever (CCHF), Bhanja, and bluetongue viruses, etc. Current epidemiological and epizootiological situation on natural-focal infectious diseases on the territory of the Republic of Guinea is not entirely clarified. **The aim** of this work was to identify genetic markers (RNA/DNA) of natural-focal infectious disease agents in samples of *Ixodidae* ticks collected in the Republic of Guinea, and to determine the spectrum of pathogens circulating in various landscape-geographical zones of the country. **Materials and methods.** To conduct research on the territory of all landscape-geographical zones of the Republic of Guinea, 4695 specimens of *Ixodidae* ticks of 11 species were collected. Taking into account the species appurtenance, gender, phase of development, as well as the site of collection, a panel of 1645 samples was compiled. Genetic markers of Crimean-Congo hemorrhagic fever and tick-borne encephalitis viruses, as well as *Borrelia burgdorferi* s.l., *Ehrlichia chaffeensis*, *Ehrlichia muris*, *Anaplasma phagocytophilum*, *Coxiella burnetii*, *Rickettsia* of the tick-borne spotted fever (TBSF) group, and *Francisella tularensis* were detected using polymerase chain reaction (PCR) and

reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR). **Results and discussion.** The following markers of natural-focal disease agents were found in the *Ixodidae* tick suspensions: DNA of Rickettsia of the TBSF group (25.6 % of all samples studied), DNA of *C. burnetii* (6.2 %), cDNA of *B. burgdorferi* s.l. (9.1 %), and RNA of the CCHF virus (2.5 %). The listed spectrum of pathogens has been registered in all landscape-geographical zones of Guinea. Genetic markers of tularemia, anaplasmosis, ehrlichiosis and tick-borne encephalitis pathogens have not been identified in this study. The results obtained made it possible to clarify the probable spectrum of tick-borne diseases in the territory of the Republic of Guinea, determined the need for further study of the circulation of natural-focal infectious disease agents in West Africa and conducting regular epizootiological monitoring.

Key words: Ixodidae ticks, Republic of Guinea, genetic markers, natural-focal infectious diseases, PCR, RT-PCR.

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

Funding: The studies were carried out within the framework of Orders of the Government of the Russian Federation dated December 22, 2017 No. 2904-r and November 14, 2020 No. 2985-r on Russian-Guinean scientific and technical cooperation in the field of epidemiology, prevention and monitoring of bacterial and viral infections in Guinea Republic.

Acknowledgements: The team of authors would like to express their gratitude to the staff of the Research Institute of Applied Biology of Guinea (Kindia, Republic of Guinea) and the Institute of Veterinary Medicine (Dalaba, Republic of Guinea) for their assistance in collecting samples of clinical and biological material.

Corresponding author: Ekaterina V. Naidenova, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

Citation: Naidenova E.V., Zakharov K.S., Kartashov M.Yu., Agafonov D.A., Senichkina A.M., Katyshev A.D., Diallo M.A., Bah M.B., Boumbaly S., Kuttyrev V.V. Genetic Marker Detection of Natural-Focal Infectious Disease Pathogens in Samples of Ixodidae Ticks, Collected on the Territory of the Republic of Guinea. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2023; 4:115–124. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2023-4-115-124

Received 26.10.2023. Accepted 20.11.2023.

Naidenova E.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6474-3696>

Zakharov K.S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4726-309X>

Kartashov M.Yu., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7857-6822>

Senichkina A.M., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1026-2680>

Katyshev A.D., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8260-4670>

Diallo M.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4507-4575>

Bah M.B., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4565-269X>

Boumbaly S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4506-6033>

Kuttyrev V.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3788-3452>

В настоящее время природно-очаговые инфекционные болезни – актуальная проблема для здравоохранения многих стран мира, но особенно Африканского континента, где большая часть населения проживает в сельской местности и постоянно контактирует с природой. Основным вектором для передачи самого большого количества возбудителей инфекционных болезней человека традиционно считаются комары. Так, по данным Всемирной организации здравоохранения, в 2023 г. в эндемичных регионах Африки зарегистрировано более 200 млн случаев заболевания малярией, десятки тысяч больных желтой лихорадкой, лихорадками денге, чикунгунья и Западного Нила [1]. Вторыми по эффективности, после комаров, переносчиками различных патогенов являются иксодовые клещи, которые четко привязаны к определенным территориям и способны длительное время сохранять возбудитель во внешней среде, передавая его трансвариально и транстадийно [2, 3].

Согласно литературным источникам, в странах Западной Африки в разное время выявлена циркуляция достаточно широкого спектра возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней, передающихся клещами: боррелии, риккетсии, коксиеллы, вирусы Крымской-Конго геморрагической лихорадки (ККГЛ), Бханджа, синего языка овец Найроби и др. [3–9]. Так, в исследованиях ряда авторов указано, что 16,3 % всех острых лихорадочных заболеваний, зарегистрированных в сельских районах ряда западноафриканских стран, связаны с укусами клещей, но этиологическая расшифровка случаев практически не проводится [10].

В настоящее время эпидемиологическая и эпизоотическая ситуация по природно-очаговым ин-

фекционным болезням, складывающаяся на территории Гвинейской Республики, остается до конца неопределенной. Изучение распространения возбудителей этой группы патогенов началось в 80-е гг. прошлого столетия на базе Советско-Гвинейской научно-исследовательской вирусологической и микробиологической лаборатории. Во время работ, проведенных в те годы, впервые были получены данные о циркуляции многих арбовирусов, передаваемых клещами (ККГЛ, Дугбе, Бханджа и др.), а также различных видов риккетсий (в том числе и *Coxiella burnetii*, которая на тот момент относилась к представителям данной систематической группы) и боррелий [4, 11].

На современном этапе в рамках российско-гвинейского сотрудничества в области эпидемиологии, профилактики и мониторинга бактериальных и вирусных инфекций в Гвинейской Республике исследования по данной тематике были продолжены.

Целью работы являлось выявление генетических маркеров (РНК/ДНК) возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней в пробах иксодовых клещей, собранных в Гвинейской Республике, и определение спектра патогенов, циркулирующих на территории различных ландшафтно-географических зон страны.

Материалы и методы

Исследования проводили на базе лаборатории Российско-Гвинейского центра эпидемиологии и профилактики инфекционных болезней, функционирующего на территории Института прикладной биологии Гвинеи в г. Киндиа (Гвинейская Республика). Сбор иксодовых клещей осуществ-

вляли в 2017–2022 гг. на территории всех четырех ландшафтно-географических зон Гвинеи (рис. 1). Эктопаразитов снимали вручную, используя средства индивидуальной защиты, с людей, крупного и мелкого рогатого скота, домашних и бродячих собак и кошек, мелких млекопитающих, птиц, рептилий. Всего за время проведения исследований были собраны 4695 экземпляров иксодовых клещей 11 видов: *Amblyomma variegatum* Fabricius, 1794; *Haemaphysalis leachi* Audouin, 1826; *Hyalomma truncatum* Koch, 1844; *Hyalomma rufipes* Koch, 1844; *Rhipicephalus (Boophilus) decoloratus* Koch, 1844; *Rhipicephalus (Boophilus) geigy* Aeschliman & Morel, 1965; *Rhipicephalus (Boophilus) annulatus* Say, 1821; *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* Canestrini, 1888; *Rhipicephalus lunulatus* Neumann, 1907; *Rhipicephalus sanguineus* Latreille, 1806; *Rhipicephalus senegalensis* Koch, 1844 [12], – из которых сформировано 1645 проб. Пулы комплектовали с учетом вида, пола, фазы развития и упитанности отдельных особей, а также места сбора в соответствии с МУ 3.1.3012-12, регламентирующими данный вид работы. Последующую подготовку к исследованию осуществляли в соответствии с МУ 1.3.2569-09 и

инструкциями фирм – производителей диагностических препаратов, используемых в данной работе.

Полученный и обработанный соответствующим образом биологический материал протестирован методами полимеразной цепной реакции (ПЦР) и полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР) с использованием наборов реагентов для выявления маркеров возбудителей: РНК вируса ККГЛ «АмплиСенс® ССНФV-FL»; кДНК вируса клещевого энцефалита, *Borrelia burgdorferi* s.l., *Ehrlichia chaffeensis* / *Ehrlichia muris* и ДНК *Anaplasma phagocytophilum* «АмплиСенс® TBEV, *B. burgdorferi* s.l., *A. phagocytophilum*, *E. chaffeensis* / *E. muris*-FL»; ДНК *Coxiella burnetii* «АмплиСенс® *Coxiella burnetii*-FL», ДНК риккетсий группы КПЛ *Rickettsia* spp. «Набор реагентов АмплиСенс® *Rickettsia* spp. SFG-FL» (ФБУН ЦНИИ эпидемиологии, Россия), а также ДНК *Francisella tularensis* «Ген *Francisella tularensis*-РГФ» (ФКУН Российский противочумный институт «Микроб», Россия). Выделение нуклеиновых кислот проводили с помощью комплекта реагентов «РИБО-преп», реакцию обратной транскрипции – с набором «РЕВЕРТА-L» (ФБУН ЦНИИ эпидемиологии, Россия).

Am. variegatum,
Ha. leachi,
Hy. truncatum,
Rh. annulatus,
Rh. decoloratus,
Rh. geigy,
Rh. sanguineus,
Rh. senegalensis

Am. variegatum,
Hy. truncatum,
Rh. annulatus,
Rh. decoloratus,
Rh. geigy,
Rh. lunulatus,
Rh. sanguineus,
Rh. senegalensis

Am. variegatum,
Ha. leachi,
Hy. rufipes,
Hy. truncatum,
Rh. annulatus,
Rh. decoloratus,
Rh. geigy,
Rh. sanguineus,
Rh. senegalensis

Am. variegatum,
Hy. truncatum,
Rh. annulatus,
Rh. decoloratus,
Rh. geigy,
Rh. microplus,
Rh. senegalensis

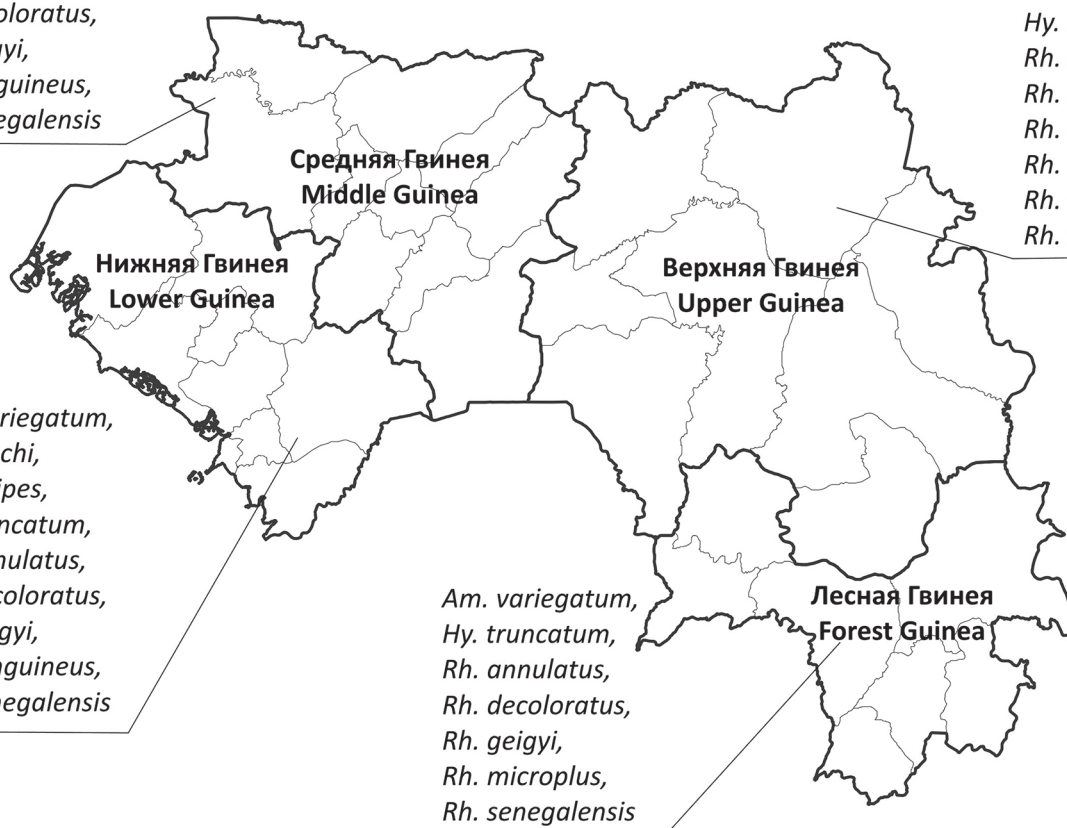


Рис. 1. Виды иксодовых клещей, собранных для исследования в различных ландшафтно-географических зонах Гвинейской Республики

Fig. 1. Species of Ixodidae ticks collected for research in various landscape-geographical zones of the Republic of Guinea

При статистической обработке материала рассчитывали долю выявленных маркеров возбудителей в каждой выборке, 95 % доверительные интервалы (ДИ) для долей по методу Уилсона. Для оценки уровня зараженности клещей использовали минимальный индекс инфицированности (МИИ) на 1000 эктопаразитов, который применяется при проведении исследований с объединенными пробами. Вычисляли МИИ по стандартной формуле: (количество положительных пулов / общее количество исследованных клещей) \times 1000; а также 95 % доверительный интервал этих значений при помощи программного обеспечения PooledInfRate, версии 4.0 [13]. По всем выборкам применяли метод наибольшего правдоподобия с коррекцией искажений и 95 % ДИ с поправкой на асимметрию. Биоразнообразие видов эктопаразитов в различных ландшафтно-географических зонах Гвинейской Республики оценивали по нескольким показателям: индекс разнообразия Шеннона (H'), индекс выравненности Пиелу (E_H), индекс полидоминантности Симпсона (D), а также видовое богатство.

Результаты и обсуждение

Известно, что на территории Гвинейской Республики обитают представители более 30 видов иксодовых клещей, которые относятся к 7 родам [12, 14]. Пробы, представленные в настоящем исследовании, сформированы из эктопаразитов 11 видовых групп, в большинстве своем – *Am. variegatum* и *Rh. decoloratus*, которые являются самыми распространенными на территории Гвинейской Республики [12]. Интересным фактом в данной работе стало обнаружение в массовых сборах из Лесной Гвинеи клещей вида *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*, впервые зарегистрированных на территории страны в 2021 г. [15] (рис. 1).

При оценке распространения отдельных видов переносчиков можно отметить, что наибольшее видовое богатство зарегистрировано в сборах

из Нижней и Лесной Гвинеи (10 и 9 видов соответственно). Также более высокими индексами разнообразия (H') и выравненности (E_H) характеризуются популяции клещей Верхней и Лесной Гвинеи, что может свидетельствовать о достаточно благоприятных и разнообразных условиях обитания на этих территориях. Показано, что индекс Симпсона (D) был выше для Нижней и Средней Гвинеи вследствие более выраженного доминирования *Am. variegatum* в этих ландшафтно-географических зонах. Табл. 1 и рис. 2 позволяют оценить биоразнообразие в популяциях иксодовых клещей всех четырех ландшафтно-географических зон Гвинейской Республики.

В настоящих исследованиях ДНК/РНК возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней выявлены в 715 (43,5 %) пробах, положительные результаты отмечались практически среди всех видов иксодовых клещей, представленных в работе, но большинство относились к *Am. variegatum*, *Rh. geigy*, *Rh. annulatus*.

Выявление РНК вируса ККГЛ. Крымская геморрагическая лихорадка (КГЛ) – природно-очаговая инфекционная болезнь, широко распространенная в странах Африки, Азии и Европы [16, 17]. Возбудителем инфекции является вирус ККГЛ, который относится к семейству *Nairoviridae* порядку *Bunyavirales*. Резервуарами и переносчиками вируса считаются около 30 видов иксодовых клещей, относящихся к родам: *Hyalomma*, *Haemaphysalis*, *Rhipicephalus*, *Dermacentor*, *Boophilus* и *Amblyomma* [18]. Для большинства стран Западной Африки заболевание эндемично. На территории Гвинейской Республики в начале 80-х гг. прошлого столетия проводились работы по выявлению циркуляции вируса ККГЛ, которые продолжены в настоящее время [4, 9].

Ранее авторами была проведена актуализация данных о циркуляции возбудителя КГЛ в Гвинее на современном этапе, вирусная РНК обнаружена в 1,3 % случаев [9, 19]. С появлением возможности увеличения количества экспедиционных выездов,

Таблица 1 / Table 1

Оценка биологического разнообразия в популяциях иксодовых клещей, собранных на территории Гвинейской Республики

Assessment of biological diversity in populations of Ixodidae ticks collected in the territory of the Republic of Guinea

Ландшафтно-географическая зона Landscape-geographical zone	Количество экземпляров собранных клещей Number of specimens of collected ticks	Доля в выборке, % Share in the sample, %	Индекс разнообразия Шеннона Shannon Diversity Index (H')	Индекс выравненности Пиелу Pielu Equalization Index (E _H)	Индекс полидоминантности Симпсона Simpson's Diversity Index (D)	Видовое богатство Species abundance
Нижняя Гвинея Lower Guinea	1828	38,8	1,203	0,522	0,431	10
Средняя Гвинея Central Guinea	795	16,9	1,020	0,569	0,455	06
Верхняя Гвинея Upper Guinea	679	14,4	1,427	0,796	0,271	06
Лесная Гвинея Forest Guinea	1407	29,9	1,444	0,657	0,307	09

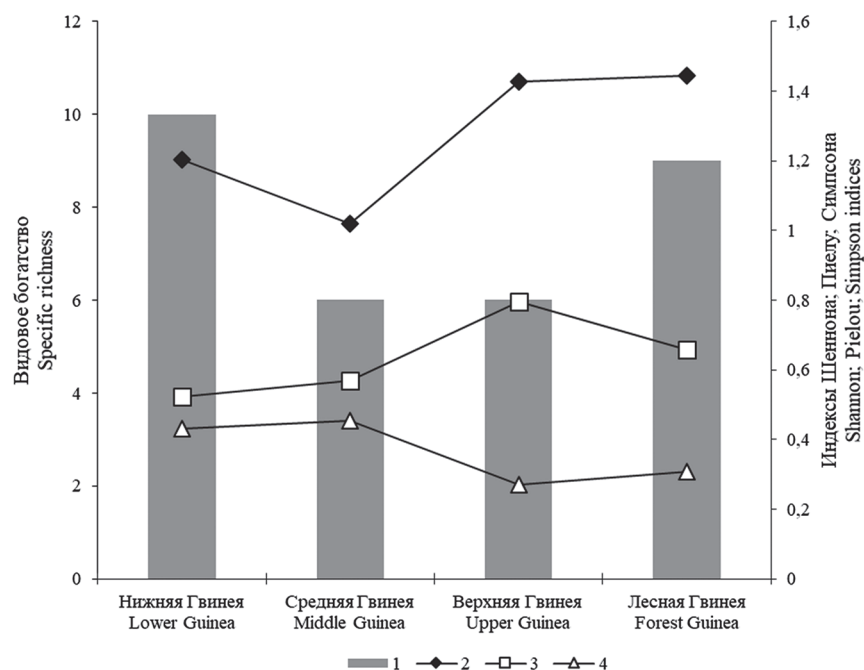


Рис. 2. Показатели видового разнообразия в популяциях иксодовых клещей, собранных на территории Гвинейской Республики:

1 – видовое богатство; 2 – индекс Шеннона; 3 – индекс Пиелу; 4 – индекс Симпсона

Fig. 2. Indicators of species diversity in populations of *Ixodidae* ticks collected on the territory of the Republic of Guinea:

1 – species richness; 2 – Shannon's index; 3 – Pielou index; 4 – Simpson's index

расширением границ обследуемых территорий и, соответственно, большими объемами сборов исследуемого материала получены новые данные, и по итогам настоящего исследования положительные результаты зарегистрированы в 41 пробе, что составило 2,5 % от общего количества. Потенциальными переносчиками вируса ККГЛ могут являться 5 видов клещей из 9 изученных: *Am. variegatum*, *Rh. decoloratus*, *Rh. geigy*, *Rh. annulatus*, *Rh. sanguineus* (табл. 2). Общая зараженность проб, представленных в данном исследовании, возбудителем КГЛ составила 8,8/1000.

Выявление РНК вируса клещевого энцефалита.

Вирус клещевого энцефалита (ВКЭ), относящийся к семейству *Flaviviridae*, широко распространен в ряде европейских и азиатских стран. На территории Африканского континента сведений о выявлении маркеров ВКЭ в настоящее время нет. Данный раздел работы изначально не входил в планы исследований и был выполнен с использованием набора реагентов для выявления возбудителей инфекционных болезней, передающихся клещами, в состав реакционных смесей которого входят и специфические праймеры для детекции РНК ВКЭ. При проведении тестирования во всех пробах получен отрицательный результат.

Выявление ДНК риккетсий группы клещевых пятнистых лихорадок (КПЛ). Риккетсиозы, вызываемые бактериями рода *Rickettsia*, принадлежащими к группе КПЛ, считаются одними из старейших известных трансмиссивных зоонозных заболеваний [20] и второй, после малярии, причиной лихорадочных состояний у путешественников, возвращающихся из стран Африки [21].

Наиболее распространенным представителем данной систематической группы на всем континенте, в том числе и в западноафриканских странах, является *Rickettsia africae*, этиологический агент афри-

канской клещевой лихорадки [22]. Также на территории Африки широко распространена *R. massiliae*, которая была обнаружена в клещах *Rh. muhsamae*, *Rh. lunulatus* и *Rh. sulcatus* в Центральноафриканской Республике [23] и в клещах *Rh. muhsamae*, собранных с сельскохозяйственных животных на территории Мали [24]. В Нигере, Мали и Зимбабве регистрируется циркуляция *R. aeschlimannii* [25]. В некоторых регионах Сенегала были доказаны случаи заболевания людей, вызванные *R. felis*, а также первый случай выявления в Западной Африке *R. conorii* в материале от клещей рода *Rhipicephalus* [26].

В настоящей работе ДНК риккетсий группы КПЛ обнаружена в 422 образцах, что составило 29,7 % от общего количества проб. Положительные находки зарегистрированы во всех видовых группах эктопаразитов, подготовленных для работы (табл. 3). Общая зараженность риккетсиями группы КПЛ составила 98,9/1000. В перспективе планируется уточнение видов данных возбудителей, циркулирующих на территории Гвинейской Республики.

Выявление ДНК возбудителя анаплазмоза.

Рядом авторов было показано, что на территории Африки широко распространены и представители рода *Anaplasma* (сем. *Ehrlichia*) – *A. platys* и *A. phagocytophilum*, патогенные как для человека, так и для домашних животных [27]. В африканских странах к югу от Сахары *A. phagocytophilum* была идентифицирована у овец в Сенегале [28], а также у диких животных в Зимбабве и Южной Африке [29]. Среди домашнего скота наиболее широкое распространение имеет *A. marginale* [30].

Но по данным нашего исследования, в образцах, взятых в работу, генетические маркеры возбудителя анаплазмоза не обнаружены.

Выявление РНК возбудителя боррелиоза. По данным зарубежных авторов, на территории неко-

Таблица 2 / Table 2

Результаты выявления генетических маркеров возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней в пробах иксодовых клещей на территории Гвинеи

Results of identification of genetic markers of natural-focal infectious disease pathogens in samples of Ixodidae ticks obtained on the territory of the Republic of Guinea

Виды клещей Species of ticks	Количество проб (экземпляров) Number of samples (specimens)	Выявление генетических маркеров (ДНК/РНК) различных видов патогенов, %; (ДИ) Identification of genetic markers (DNA/RNA) of various types of pathogens; %, (CI)								
		Вирус ККГП CCHF virus	Вирус КЭ TBEV	Риккетсии группы КПП <i>Rickettsia</i> of TBSF group	<i>An. phagocytophilum</i>	<i>B. burgdorferi</i> s.l.	<i>E. chaffeensis</i> / <i>E. muris</i>	<i>F. tularensis</i>	<i>C. burnetii</i>	Общее количество положительных проб Total number of positive samples
<i>Am. variegatum</i>	872 (2493)	23; 2,6; (1,8–3,9)	0	271; 31,1; (28,1–34,2)	0	81; 9,3; (7,5–11,4)	0	0	77; 8,8; (7,1–10,9)	452; 51,8; (48,5–55,1)
<i>Ha. leachi</i>	16 (56)	0	0	2; 12,5; (3,5–36,1)	0	2; 12,5; (3,5–36,1)	0	0	0	4; 25,0; (10,2–49,5)
<i>Hy. rufipes</i>	1 (3)	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Hy. truncatum</i>	52 (95)	0	0	8; 15,4; (8,1–27,5)	0	3; 5,8; (1,9–15,6)	0	0	0	11; 21,2; (12,2–34,1)
<i>Rh. annulatus</i>	58 (161)	4; 6,9; (2,7–16,4)	0	14; 24,1; (14,9–36,5)	0	18; 31,1; (20,6–43,8)	0	0	3; 5,2; (1,8–14,1)	39; 67,2; (54,4–77,9)
<i>Rh. decoloratus</i>	391 (1104)	4; 1,0; (0,4–2,6)	0	72; 18,4; (14,9–22,6)	0	29; 7,4; (5,2–10,4)	0	0	13; 3,3; (1,9–5,6)	118; 30,2; (25,8–34,9)
<i>Rh. geigyi</i>	210 (668)	9; 4,3; (2,3–7,9)	0	52; 24,8; (19,4–31,1)	0	17; 8,1; (5,1–12,6)	0	0	9; 4,3; (2,3–7,9)	87; 41,4; (34,9–48,2)
<i>Rh. lunulatus</i>	2 (11)	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Rh. microplus</i>	18 (47)	0	0	1; 5,5; (1,0–25,6)	0	0	0	0	0	1; 5,5; (1,0–25,6)
<i>Rh. sanguineus</i>	10 (42)	1; 10; (1,8–40,4)	0	1; 10; (1,8–40,4)	0	0	0	0	0	2; 20; (5,7–50,9)
<i>Rh. senegalensis</i>	18 (29)	0	0	1; 5,6; (0,9–25,7)	0	0	0	0	0	1; 5,6; (0,9–25,7)
Итого Total	1648 (4709)	41; 2,5; (1,8–3,7)	0	422; 25,6; (23,6–27,8)	0	150; 9,1; (7,8–10,6)	0	0	102; 6,2; (5,1–7,5)	715; 43,5; (41,1–45,9)

Таблица 3 / Table 3

Выявление генетических маркеров природно-очаговых инфекционных болезней в различных видах иксодовых клещей, собранных на территории Гвинейской Республики

Detection of genetic markers of natural focal infectious diseases in various species of Ixodidae ticks collected on the territory of the Republic of Guinea

Вид выявленного патогена Type of pathogen detected	Вид клещей Species of ticks	МИИ на 1000 клещей для каждого вида Minimum infection index per 1000 ticks of each species	95 % ДИ 95 % CI	Общий для возбудителя МИИ (95 % ДИ) Common for pathogen Minimum infection index per 1000 ticks (95 % CI)
Вирус ККГЛ CCHF virus	<i>Am. variegatum</i>	9,3	(6,1–13,7)	8,8 (6,4–11,8)
	<i>Rh. annulatus</i>	25,2	(8,3–59,2)	
	<i>Rh. decoloratus</i>	3,6	(1,2–8,7)	
	<i>Rh. geigy</i>	13,7	(6,7–24,9)	
	<i>Rh. sanguineus</i>	22,8	(1,4–104,9)	
Риккетсии группы КПП <i>Rickettsia</i> of TBSF group	<i>Am. variegatum</i>	122,8	(110,0–136,6)	98,9 (90,3–107,9)
	<i>Ha. leachi</i>	36,0	(6,7–112,9)	
	<i>Hy. truncatum</i>	87,1	(41,8–158,4)	
	<i>Rh. annulatus</i>	93,2	(54,7–147,6)	
	<i>Rh. decoloratus</i>	69,6	(55,5–86,2)	
	<i>Rh. geigy</i>	86,0	(65,7–110,4)	
	<i>Rh. microplus</i>	21,1	(1,2–97,7)	
	<i>Rh. sanguineus</i>	24,3	(1,4–116,8)	
<i>B. burgdorferi s.l.</i>	<i>Am. variegatum</i>	33,3	(26,8–40,9)	32,8 (27,9–38,2)
	<i>Ha. leachi</i>	37,8	(6,8–122,1)	
	<i>Hy. truncatum</i>	31,4	(8,4–81,9)	
	<i>Rh. annulatus</i>	124,6	(78,6–186,4)	
	<i>Rh. decoloratus</i>	26,9	(18,5–37,8)	
	<i>Rh. geigy</i>	26,2	(15,9–40,8)	
<i>C. burnetii</i>	<i>Am. variegatum</i>	31,9	(25,5–39,5)	22,1 (18,2–26,7)
	<i>Rh. annulatus</i>	18,9	(5,0–50,2)	
	<i>Rh. decoloratus</i>	11,8	(6,6–19,6)	
	<i>Rh. geigy</i>	13,6	(6,7–24,8)	

торых стран Западной Африки в пробах от клещей были выявлены маркеры (ДНК или антиген) разных представителей рода *Borrelia*. Большинство публикаций посвящено определению и типированию *Borrelia crocidurae* в пробах аргасовых клещей рода *Ornithodoros* [31]. В то же время известно, что иксодовые клещи также являются активными переносчиками возбудителей боррелиозов, и очевидна необходимость изучения эктопаразитов и данной систематической группы.

При исследовании суспензий клещей из различных ландшафтно-географических зон Гвинейской Республики с целью выявления генетических маркеров возбудителей боррелиозов, положительные результаты получены в 150 (10 %) суспензиях клещей видов *Am. variegatum*, *Ha. leachi*, *Hy. truncatum*, *Rh. geigy*, *Rh. annulatus*, *Rh. decoloratus*. Общая зараженность в данном случае составила 32,8/1000.

Выявление ДНК возбудителя туляремии. Туляремия – особо опасная природно-очаговая инфекционная болезнь человека и животных, возбу-

дителем которой является *Francisella tularensis* (сем. *Francisellaceae*). Передача патогена происходит в основном при контакте с дикими грызунами и употреблении загрязненной питьевой воды, а также через укусы кровососущих членистоногих [32].

Четких данных о выявлении ДНК возбудителя туляремии на Африканском континенте нет. Имеются лишь единичные публикации об исследованиях по детекции *F. tularensis* и *Francisella* spp. в клещах родов *Hyalomma* и *Amblyomma* методом ПЦР, добытых на территориях Северной и Восточной Африки [33, 34], где в качестве ДНК-мишени авторы использовали гены *16S* рРНК, *sdhA* и *tul4*. Выявлены *16S* рРНК *Francisella* spp. и *Francisella*-подобные эндосимбионты в пробах клещей рода *Hyalomma*. Сведений по выявлению возбудителя туляремии на территории Западной Африки в литературных источниках найти не удалось [35].

В наших исследованиях ДНК *F. tularensis* в пробах иксодовых клещей методом ПЦР не обнаружена, но однозначные выводы делать пока рано.

Необходимо проведение дальнейшего регулярного эпизоотологического мониторинга.

Выявление ДНК возбудителя лихорадки Ку. Коксиеллез (лихорадка Ку, Q fever) – природно-очаговая болезнь, общая для человека и животных, возбудителем которой являются бактерии вида *Coxiella burnetii* (сем. *Coxiellaceae*). В природных очагах резервуаром возбудителя являются иксодовые и аргасовые клещи, дикие мелкие млекопитающие и сельскохозяйственные животные. В связи с широким распространением инфекции, многообразием путей передачи (контактный, пищевой, воздушно-пылевой) лихорадка Ку представляет важную медико-социальную проблему во всем мире [36].

Современные данные о заболеваемости лихорадкой Ку и распространении *C. burnetii* на территории Африки являются ограниченными и неоднородными [37]. В результате работы, выполненной в 1980-х гг., впервые на территории Гвинейской Республики установлено присутствие возбудителя лихорадки Ку во всех ландшафтно-географических зонах, но достоверных сведений об особенностях циркуляции возбудителя и основных его переносчиках получено не было [11].

В настоящем исследовании генетические маркеры *C. burnetii* выявлены в 102 (6,2 %) суспензиях клещей видов *Am. variegatum*, *Rh. geigy*, *Rh. annulatus*, *Rh. decoloratus*, таким образом, общая зараженность клещей возбудителем лихорадки Ку составила 22,1/1000.

Для проведения последующего генетического типирования была создана панель из 20 образцов, представленных разными видами клещей, в которых обнаружена ДНК *C. burnetii*. Методом ПЦР со специфическими праймерами к локусам плазмид QpH1, QpRS и QpDV в 5 образцах выявлено наличие только QpH1. В ходе анализа полученных результатов и данных литературы установлено, что штаммы, несущие плазмиду QpH1, широко распространены на территории стран Экваториальной Африки и способны вызывать заболевания у людей и животных [38]. Также сформированная панель генетических образцов *C. burnetii* проанализирована с использованием высокопроизводительного секвенирования на платформе Ion S5 (Thermo Scientific, США). В результате работы в 8 пробах определена нуклеотидная последовательность 16S рРНК возбудителя лихорадки Ку, которая на 99,9 % совпадает с референсным штаммом, представленным в базе данных NCBI GenBank. Каких-либо полиморфизмов, связанных с географическим происхождением образцов и видами переносчика, не выявлено. Полученные нуклеотидные последовательности 16S рРНК с наиболее качественным прочтением депонированы в международную базу данных (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) под номерами OQ152497 – OQ152500.

Также в некоторых пробах выявлено одновременное присутствие генетических маркеров сразу нескольких видов возбудителей: РНК вируса ККГЛ +

ДНК *C. burnetii* – в 3 (0,2 %) случаях, ДНК риккетсий группы КПЛ + кДНК *B. burgdorferi s.l.* – в 18 (1,1 %).

Таким образом, в результате проведенной работы в суспензиях иксодовых клещей, собранных на территории Гвинейской Республики, обнаружены ДНК риккетсий группы КПЛ (25,6 % от всех исследуемых образцов), ДНК *C. burnetii* (6,2 %), кДНК *B. burgdorferi s.l.* (9,1 %) и РНК вируса ККГЛ (2,5 %). Перечисленный спектр возбудителей зарегистрирован во всех ландшафтно-географических зонах Гвинеи. Генетические маркеры возбудителей туляремии, анаплазмозов, эрлихиозов и клещевого энцефалита в настоящем исследовании не выявлены.

Полученные результаты позволили уточнить возможный спектр заболеваний, передаваемых клещами, на территории Гвинейской Республики, определили необходимость дальнейшего изучения циркуляции возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней в Западной Африке и проведения регулярного эпизоотологического мониторинга.

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

Финансирование. Исследования проводились в рамках распоряжений Правительства Российской Федерации от 22 декабря 2017 г. № 2904-р и от 14 ноября 2020 г. № 2985-р о российско-гвинейском научно-техническом сотрудничестве в области эпидемиологии, профилактики и мониторинга бактериальных и вирусных инфекций в Гвинейской Республике.

Благодарность. Авторский коллектив выражает свою благодарность за помощь в сборе образцов клинического и биологического материала сотрудникам Исследовательского института прикладной биологии Гвинеи (Киндиа, Гвинейская Республика) и Института медицинской ветеринарии (Далаба, Гвинейская Республика).

Список литературы

1. WHO. Promising progress on neglected tropical diseases in Africa. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.afro.who.int/news/promising-progress-neglected-tropical-diseases-africa> (дата обращения 18.10.2023).
2. van Vuuren M., Penzhorn B.L. Geographic range of vector-borne infections and their vectors: the role of African wildlife. *Rev. Sci. Tech.* 2015; 34(1):139–49. DOI: 10.20506/rst.34.1.2350.
3. Ehounoud C.B., Fenollar F., Dahmani M., N'Guessan J.D., Raoult D., Mediannikov O. Bacterial arthropod-borne diseases in West Africa. *Acta Trop.* 2017; 171:124–37. DOI: 10.1016/j.actatropica.2017.03.029.
4. Бутенко А.М. Изучение циркуляции арбовирусов в Гвинейской Республике. *Медицинская паразитология и паразитарные болезни.* 1996; 2:40–5.
5. Карташов М.Ю., Гладышева А.В., Найденова Е.В., Захаров К.С., Швалов А.Н., Кривошеина Е.И., Сеничкина А.М., Ба М.Б., Терновой В.А., Бумбали С., Локтев В.Б. Молекулярно-генетическая характеристика многокомпонентного флавиподобного вируса Kindia tick virus (Flaviviridae), обнаруженного в иксодовых клещах на территории Гвинейской Республики. *Вопросы вирусологии.* 2022; 67(6):487–95. DOI: 10.36233/0507-4088-145.
6. Ehounoud C.B., Yao K.P., Dahmani M., Achi Y.L., Amanzougaghene N., Kacou N'Douba A., N'Guessan J.D., Raoult D., Fenollar F., Mediannikov O. Multiple pathogens including potential new species in tick vectors in Côte d'Ivoire. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2016; 10(1):e0004367. DOI: 10.1371/journal.pntd.0004367.

7. Mediannikov O., Diatta G., Fenollar F., Sokhna C., Trape J.-F., Raoult D. Tick-borne rickettsioses, neglected emerging diseases in rural Senegal. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2010; 4(9):e821. DOI: 10.1371/journal.pntd.0000821.
8. Mediannikov O., Fenollar F., Socolovschi C., Diatta G., Bassene H., Molez J.-F., Sokhna Ch., Trape J.-F., Raoult D. *Coxiella burnetii* in humans and ticks in rural Senegal. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2010; 4(4):e654. DOI: 10.1371/journal.pntd.0000654.
9. Naidenova E.V., Zakharov K.S., Kartashov M.Y., Agafonov D.A., Senichkina A.M., Magassouba N.F., Nouridine I., Nassour A.A., Bah M.B., Kourouma A., Boumbali S., Boiro M.Y., Scherbakova S.A., Kutuyev V.V., Dedkov V.G. Prevalence of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in rural areas of Guinea. *Ticks Tick Borne Dis.* 2020; 11(5):101475. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2020.101475.
10. Cazorla C., Socolovschi C., Jensenius M., Parola P. Tick-borne diseases: tick-borne spotted fever rickettsioses in Africa. *Infect. Dis. Clin. North Am.* 2008; 22(3):531–44. DOI: 10.1016/j.idc.2008.03.009.
11. Каливоги С., Буаро М.Е., Константинов О.К., Плотникова Л.Ф. Имунная структура населения и домашних животных Гвинейской Республики в отношении риккетсиозов группы клещевой пятнистой лихорадки и лихорадки Ку. *Медицинская паразитология и паразитарные болезни.* 2013; 1:28–30.
12. Walker A.R., Bouattour A., Camicas J.-L., Estrada-Peña A., Horak I.G., Latif A.A., Pegram R.G., Preston P.M. Ticks of Domestic Animals in Africa: a Guide to Identification of Species. Edinburgh: Bioscience Reports; 2014. 227 p.
13. Biggerstaff B. PooledInfRate, Version 4.0: An Excel® Add-In to Compute Infection Rates from Pooled Data. Centers for Disease Control and Prevention Fort Collins: Colorado. 2016. [Электронный ресурс]. URL: <https://github.com/CDCgov/PooledInfRate> (дата обращения 10.10.2023).
14. Konstantinov O.K. Les tiques de la famille Ixodidae comme réservoir d'arbovirus en République de Guinée. II. Les arbovirus. *Revue Elev. Méd. Vét. Pays Trop.* 1990; 43(1):15–22. DOI: 10.19182/remvt.8883.
15. Makenov M.T., Toure A.H., Korneev M.G., Sacko N., Porshakov A.M., Yakovlev S.A., Radyuk E.V., Zakharov K.S., Shipovalov A.V., Boumbaly S., Zhurenkova O.B., Grigoreva Y.E., Morozkin E.S., Fyodorova M.V., Boiro M.Y., Karan L.S. Rhipicephalus microplus and its vector-borne haemoparasites in Guinea: further species expansion in West Africa. *Parasitol. Res.* 2021; 120(5):1563–70. DOI: 10.1007/s00436-021-07122-x.
16. Бутенко А.М., Трусова И.Н. Заболеваемость Крымской геморрагической лихорадкой в странах Европы, Африки и Азии (1943–2012 гг.). *Эпидемиология и инфекционные болезни.* 2013; 5:46–8.
17. O'Hearn A.E., Voorhees M.A., Fetterer D.P., Wauquier N., Coomber M.R., Bangura J., Fair J.N., Gonzalez J.-P., Schoepp R.J. Serosurveillance of viral pathogens circulating in West Africa. *Virol. J.* 2016; 13(1):163. DOI: 10.1186/s12985-016-0621-4.
18. Papa A., Mirazimi A., Köksal I., Estrada-Pena A., Feldmann H. Recent advances in research on Crimean-Congo hemorrhagic fever. *J. Clin. Virol.* 2015; 64:137–43. DOI: 10.1016/j.jcv.2014.08.029.
19. Найденова Е.В., Захаров К.С., Карташов М.Ю., Агафонов Д.А., Бойко А.В., Касьян Ж.А., Сеничкина А.М., Никифоров К.А., Оглодин Е.Г., Шиповалов А.В., Дубинина А.А., Поршаков А.М., Nouridine I., Diallo M.G., Nassour A.A., Kourouma A., Drame F., Сафронов В.А., Лопатин А.А., Boumbali S., Kalivogui S., Boiro M.Y., Щербакова С.А., Кутырев В.В. Выявление маркеров вируса Крымской-Конго геморрагической лихорадки в пробах иксодовых клещей, собранных на территории Гвинейской Республики. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2019; 2:93–8. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-2-93-98.
20. Рудаков Н.В., Самойленко И.Е. Риккетсии и риккетсиозы группы клещевой пятнистой лихорадки. *Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение.* 2017; 2:43–8.
21. Jensenius M., Davis X., von Sonnenburg F., Schwartz E., Keystone J.S., Leder K., Lopéz-Vélaz R., Caumes E., Cramer J.P., Chen L., Parola P.; GeoSentinel Surveillance Network. Multicenter GeoSentinel analysis of rickettsial diseases in international travelers, 1996–2008. *Emerg. Infect. Dis.* 2009; 15(11):1791–8. DOI: 10.3201/eid1511.090677.
22. Tawana M., Onyiche T.E., Ramatla T., Mtshali S., Thekisoe O. Epidemiology of ticks and tick-borne pathogens in domestic ruminants across Southern African Development Community (SADC) Region from 1980 until 2021: A systematic review and meta-analysis. *Pathogens.* 2022; 11(8):929. DOI: 10.3390/pathogens11080929.
23. Dupont H.T., Cornet J.P., Raoult D. Identification of rickettsiae from ticks collected in the Central African Republic using the polymerase chain reaction. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 1994; 50(3):373–80. DOI: 10.4269/ajtmh.1994.50.373.
24. Parola P., Inokuma H., Camicas J.L., Brouqui P., Raoult D. Detection and identification of spotted fever group *Rickettsiae* and *Ehrlichiae* in African ticks. *Emerg. Infect. Dis.* 2001; 7(6):1014–7. DOI: 10.3201/eid706.010616.
25. Parola P., Paddock C.D., Raoult D. Tick-borne rickettsioses around the world: emerging diseases challenging old concepts. *Clin. Microbiol. Rev.* 2005; 18(4):719–56. DOI: 10.1128/CMR.18.4.719-756.2005.
26. Mediannikov O., Diatta G., Fenollar F., Sokhna C., Trape J.-F., Raoult D. Tick-borne rickettsioses, neglected emerging diseases in rural Senegal. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2010; 4(9):e821. DOI: 10.1371/journal.pntd.0000821.
27. Pérez-Tanoira R., Ramos-Rincón J.M., Martín-Martín I., Prieto-Pérez L., Tefasmaria A., Tiziano G., Anda P., González-Martín-Niño R.M., Rodríguez-Vargas M., Górgolas M., Jado I. Molecular survey of *Rickettsia* spp., *Anaplasma* spp., *Ehrlichia* spp., *Bartonella* spp., and *Borrelia* spp. in fleas and lice in Ethiopia. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2020; 20(1):10–4. DOI: 10.1089/vbz.2019.2500.
28. Djiba M.L., Mediannikov O., Mbengue M., Thiongane Y., Molez J.-F., Seck M.T., Fenollar F., Raoult D., Ndiaye M. Survey of *Anaplasmataceae* bacteria in sheep from Senegal. *Trop. Anim. Health Prod.* 2013; 45(7):1557–61. DOI: 10.1007/s11250-013-0399-y.
29. Nakayima J., Hayashida K., Nakao R., Ishii A., Ogawa H., Nakamura I., Moonga L., Hang'ombe B.M., Mweene A.S., Thomas Y., Orba Y., Sawa H., Sugimoto C. Detection and characterization of zoonotic pathogens of free-ranging non-human primates from Zambia. *Parasit. Vectors.* 2014; 7:490. DOI: 10.1186/s13071-014-0490-x.
30. M'ghirbi Y., Bèji M., Oporto B., Khrouf F., Hurtado A., Bouattour A. *Anaplasma marginale* and *A. phagocytophilum* in cattle in Tunisia. *Parasit. Vectors.* 2016; 9(1):556. DOI: 10.1186/s13071-016-1840-7.
31. Trape J.F., Duplantier J.M., Bouganali H., Godeluck B., Legros F., Cornet J.P., Camicas J.L. Tick-borne borreliosis in West Africa. *Lancet.* 1991; 337(8739):473–5. DOI: 10.1016/0140-6736(91)93404-w.
32. Онищенко Г.Г., Кутырев В.В., редакторы. Специфическая индикация патогенных биологических агентов: Практическое руководство. 2-е изд., перераб. и доп. М.: Буква; 2014. 284 с.
33. Ghoneim N.H., Abdel-Moein K.A., Zaher H.M. Molecular detection of *Francisella* spp. among ticks attached to camels in Egypt. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2017; 17(6):384–7. DOI: 10.1089/vbz.2016.2100.
34. Szigeti A., Kreizinger Z., Hornok S., Abichu G., Gyuranecz M. Detection of *Francisella*-like endosymbiont in *Hyalomma rufipes* from Ethiopia. *Ticks Tick Borne Dis.* 2014; 5(6):818–20. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2014.06.002.
35. Mohamed S.E.R., Mubarak A.I., Alfarooq L.O. *Francisella tularensis* bacteremia: a case report from Sudan. *Case Rep. Infect. Dis.* 2012; 2012:405737. DOI: 10.1155/2012/405737.
36. Maurin M., Raoult D. Q fever. *Clin. Microbiol. Rev.* 1999; 12(4):518–53. DOI: 10.1128/CMR.12.4.518.
37. Vanderburg S., Rubach M.P., Halliday J.E., Cleaveland S., Reddy E.A., Crump J.A. Epidemiology of *Coxiella burnetii* infection in Africa: a One Health systematic review. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2014; 8(4):e2787. DOI: 10.1371/journal.pntd.0002787.
38. Панферова Ю.А. Молекулярные основы патогенности *Coxiella burnetii*. *Инфекция и иммунитет.* 2016; 6(1):7–24. DOI: 10.15789/2220-7619-2016-1-7-24.

References

1. WHO. Promising progress on neglected tropical diseases in Africa. (Cited 18 Oct 2023). [Internet]. Available from: <https://www.afro.who.int/news/promising-progress-neglected-tropical-diseases-africa>.
2. van Vuuren M., Penzhorn B.L. Geographic range of vector-borne infections and their vectors: the role of African wildlife. *Rev. Sci. Tech.* 2015; 34(1):139–49. DOI: 10.20506/rst.34.1.2350.
3. Ehounoud C.B., Fenollar F., Dahmani M., N'Guessan J.D., Raoult D., Mediannikov O. Bacterial arthropod-borne diseases in West Africa. *Acta Trop.* 2017; 171:124–37. DOI: 10.1016/j.actatropica.2017.03.029.
4. Butenko A.M. [Study of arbovirus circulation in the Republic of Guinea]. *Meditsinskaya Parazitologiya i Parazitarnye Bolezni [Medical Parasitology and Parasitic Diseases]*. 1996; (2):40–5.
5. Kartashov M.Yu., Gladysheva A.V., Naidenova E.V., Zakharov K.S., Krivosheina E.I., Shvalov A.N., Senichkina A.M., Bah M.B., Ternovoi V.A., Boumbaly S., Loktev V.B. [Molecular and genetic characteristics of the multicomponent flavivirus-like Kindia tick virus (Flaviviridae) found in ixodid ticks on the territory of the Republic of Guinea]. *Voprosy Virusologii [Problems of Virology]*. 2022; 67(6):487–95. DOI: 10.36233/0507-4088-145.
6. Ehounoud C.B., Yao K.P., Dahmani M., Achi Y.L., Amanzougaghene N., Kacou N'Douba A., N'Guessan J.D., Raoult D., Fenollar F., Mediannikov O. Multiple pathogens including potential new species in tick vectors in Côte d'Ivoire. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2016; 10(1):e0004367. DOI: 10.1371/journal.pntd.0004367.
7. Mediannikov O., Diatta G., Fenollar F., Sokhna C., Trape J.-F., Raoult D. Tick-borne rickettsioses, neglected emerging di-

- seases in rural Senegal. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2010; 4(9):e821. DOI: 10.1371/journal.pntd.0000821.
8. Mediannikov O., Fenollar F., Socolovschi C., Diatta G., Bassene H., Molez J.-F., Sokhna Ch., Trape J.-F., Raoult D. *Coxiella burnetii* in humans and ticks in rural Senegal. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2010; 4(4):e654. DOI: 10.1371/journal.pntd.0000654.
9. Naidenova E.V., Zakharov K.S., Kartashov M.Y., Agafonov D.A., Senichkina A.M., Magassouba N'F., Nouridine I., Nassour A.A., Bah M.B., Kourouma A., Boumbali S., Boiro M.Y., Scherbakova S.A., Kuttyrev V.V., Dedkov V.G. Prevalence of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in rural areas of Guinea. *Ticks Tick Borne Dis.* 2020; 11(5):101475. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2020.101475.
10. Cazorla C., Socolovschi C., Jensenius M., Parola P. Tick-borne diseases: tick-borne spotted fever rickettsioses in Africa. *Infect. Dis. Clin. North Am.* 2008; 22(3):531–44. DOI: 10.1016/j.idc.2008.03.009.
11. Kalivogui S., Boiro M.E., Konstantinov O.K., Plotnikova L.F. [The immune structure against Q-fever and tick-borne spotted fever group rickettsioses in the population and domestic animals of the Republic of Guinea]. *Meditinskaya Parazitologiya i Parazitarnye Bolezni [Medical Parasitology and Parasitic Diseases]*. 2013; (1):28–30.
12. Walker A.R., Bouattour A., Camicas J.-L., Estrada-Peña A., Horak I.G., Latif A.A., Pegram R.G., Preston P.M. Ticks of Domestic Animals in Africa: a Guide to Identification of Species. Edinburgh: Bioscience Reports; 2014. 227 p.
13. Biggerstaff B. PooledInfRate, Version 4.0: An Excel® Add-In to Compute Infection Rates from Pooled Data. Centers for Disease Control and Prevention Fort Collins: Colorado. 2016. (Cited 10 Oct 2023). [Internet]. Available from: <https://github.com/CDCgov/PooledInfRate>.
14. Konstantinov O.K. Les tiques de la famille Ixodidae comme réservoir d'arbovirus en République de Guinée. II. Les arbovirus. *Revue Elev. Méd. Vét. Pays Trop.* 1990; 43(1):15–22. DOI: 10.19182/remvt.8883.
15. Makenov M.T., Toure A.H., Korneev M.G., Sacko N., Porshakov A.M., Yakovlev S.A., Radyuk E.V., Zakharov K.S., Shipovalov A.V., Boumbaly S., Zhurenkova O.B., Grigoreva Y.E., Morozkin E.S., Fyodorova M.V., Boiro M.Y., Karan L.S. Rhinophallus microplus and its vector-borne haemoparasites in Guinea: further species expansion in West Africa. *Parasitol. Res.* 2021; 120(5):1563–70. DOI: 10.1007/s00436-021-07122-x.
16. Butenko A.M., Trusova I.N. [Incidence of Crimean hemorrhagic fever in Europe, Africa and Asia (1943–2012)]. *Epidemiologiya i Infektsionnye Bolezni [Epidemiology and Infectious Diseases]*. 2013; (5):46–8.
17. O'Hearn A.E., Voorhees M.A., Fetterer D.P., Wauquier N., Coomber M.R., Bangura J., Fair J.N., Gonzalez J.-P., Schoepp R.J. Serosurveillance of viral pathogens circulating in West Africa. *Virol. J.* 2016; 13(1):163. DOI: 10.1186/s12985-016-0621-4.
18. Papa A., Mirazimi A., Köksal I., Estrada-Peña A., Feldmann H. Recent advances in research on Crimean-Congo hemorrhagic fever. *J. Clin. Virol.* 2015; 64:137–43. DOI: 10.1016/j.jcv.2014.08.029.
19. Naidenova E.V., Zakharov K.S., Kartashov M.Yu., Agafonov D.A., Boiko A.V., Kas'yan Z.A., Senichkina A.M., Nikiforov K.A., Oglozin E.G., Shipovalov A.V., Dubinina A.A., Porshakov A.M., Nouridine I., Diallo M.G., Nassour A.A., Kourouma A., Drame F., Safronov V.A., Lopatin A.A., Boumbali S., Kalivogui S., Boiro M.Y., Shcherbakova S.A., Kuttyrev V.V. [Detection of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus markers in samples of ixodes ticks collected in the territory of the Republic of Guinea]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2019; (2):93–8. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-2-93-98.
20. Rudakov N.V., Samoilenko I.E. [Rickettsia and rickettsioses of the tick-borne spotted fever group]. *Infektsionnye bolezni: Novosti, Mneniya, Obuchenie [Infectious Diseases: News, Opinions, Training]*. 2017; (2):43–8.
21. Jensenius M., Davis X., von Sonnenburg F., Schwartz E., Keystone J.S., Leder K., Lopéz-Véléz R., Caumes E., Cramer J.P., Chen L., Parola P.; GeoSentinel Surveillance Network. Multicenter GeoSentinel analysis of rickettsial diseases in international travelers, 1996–2008. *Emerg. Infect. Dis.* 2009; 15(11):1791–8. DOI: 10.3201/eid1511.090677.
22. Tawana M., Onyiche T.E., Ramatla T., Mtshali S., Thekisoe O. Epidemiology of ticks and tick-borne pathogens in domestic ruminants across Southern African Development Community (SADC) Region from 1980 until 2021: A systematic review and meta-analysis. *Pathogens.* 2022; 11(8):929. DOI: 10.3390/pathogens11080929.
23. Dupont H.T., Cornet J.P., Raoult D. Identification of rickettsiae from ticks collected in the Central African Republic using the polymerase chain reaction. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 1994; 50(3):373–80. DOI: 10.4269/ajtmh.1994.50.373.
24. Parola P., Inokuma H., Camicas J.L., Brouqui P., Raoult D. Detection and identification of spotted fever group *Rickettsiae* and *Ehrlichiae* in African ticks. *Emerg. Infect. Dis.* 2001; 7(6):1014–7. DOI: 10.3201/eid0706.010616.
25. Parola P., Paddock C.D., Raoult D. Tick-borne rickettsioses around the world: emerging diseases challenging old concepts. *Clin. Microbiol. Rev.* 2005; 18(4):719–56. DOI: 10.1128/CMR.18.4.719-756.2005.
26. Mediannikov O., Diatta G., Fenollar F., Sokhna C., Trape J.F., Raoult D. Tick-borne rickettsioses, neglected emerging diseases in rural Senegal. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2010; 4(9):e821. DOI: 10.1371/journal.pntd.0000821.
27. Pérez-Tanoira R., Ramos-Rincón J.M., Martín-Martín I., Prieto-Pérez L., Tefasmariam A., Tiziano G., Anda P., González-Martín-Niño R.M., Rodríguez-Vargas M., Górgolas M., Jado I. Molecular survey of *Rickettsia* spp., *Anaplasma* spp., *Ehrlichia* spp., *Bartonella* spp., and *Borrelia* spp. in fleas and lice in Ethiopia. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2020; 20(1):10–4. DOI: 10.1089/vbz.2019.2500.
28. Djiba M.L., Mediannikov O., Mbengue M., Thiongane Y., Molez J.-F., Seck M.T., Fenollar F., Raoult D., Ndiaye M. Survey of *Anaplasmataceae* bacteria in sheep from Senegal. *Trop. Anim. Health Prod.* 2013; 45(7):1557–61. DOI: 10.1007/s11250-013-0399-y.
29. Nakayima J., Hayashida K., Nakao R., Ishii A., Ogawa H., Nakamura I., Moonga L., Hang'ombe B.M., Mweene A.S., Thomas Y., Orba Y., Sawa H., Sugimoto C. Detection and characterization of zoonotic pathogens of free-ranging non-human primates from Zambia. *Parasit. Vectors.* 2014; 7:490. DOI: 10.1186/s13071-014-0490-x.
30. M'ghirbi Y., Bèji M., Oporto B., Khrouf F., Hurtado A., Bouattour A. *Anaplasma marginale* and *A. phagocytophilum* in cattle in Tunisia. *Parasit. Vectors.* 2016; 9(1):556. DOI: 10.1186/s13071-016-1840-7.
31. Trape J.F., Duplantier J.M., Bouganali H., Godeluck B., Legros F., Cornet J.P., Camicas J.L. Tick-borne borreliosis in West Africa. *Lancet.* 1991; 337(8739):473–5. DOI: 10.1016/0140-6736(91)93404-w.
32. Onishchenko G.G., Kuttyrev V.V., editors. [Specific Indication of Pathogenic Biological Agents. Practice Guidelines]. 2nd ed., revised and updated. Moscow: "Bukva"; 2014. 284 p.
33. Ghoneim N.H., Abdel-Moein K.A., Zaher H.M. Molecular detection of *Francisella* spp. among ticks attached to camels in Egypt. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2017; 17(6):384–7. DOI: 10.1089/vbz.2016.2100.
34. Szigeti A., Kreizinger Z., Hornok S., Abichu G., Gyurancz M. Detection of *Francisella*-like endosymbiont in *Hyalomma rufipes* from Ethiopia. *Ticks Tick Borne Dis.* 2014; 5(6):818–20. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2014.06.002.
35. Mohamed S.E.R., Mubarak A.I., Alfarooq L.O. *Francisella tularensis* bacteremia: a case report from Sudan. *Case Rep. Infect. Dis.* 2012; 2012:405737. DOI: 10.1155/2012/405737.
36. Maurin M., Raoult D. Q fever. *Clin. Microbiol. Rev.* 1999; 12(4):518–53. DOI: 10.1128/CMR.12.4.518.
37. Vanderburg S., Rubach M.P., Halliday J.E., Cleaveland S., Reddy E.A., Crump J.A. Epidemiology of *Coxiella burnetii* infection in Africa: a One Health systematic review. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2014; 8(4):e2787. DOI: 10.1371/journal.pntd.0002787.
38. Panferova Yu.A. [Molecular basis of *Coxiella burnetii* pathogenicity]. *Infektsiya i Immunitet [Russian Journal of Infection and Immunity]*. 2016; 6(1):7–24. DOI: 10.15789/2220-7619-2016-1-7-24.

Authors:

Naidenova E.V., Zakharov K.S., Agafonov D.A., Senichkina A.M., Katyshev A.D., Kuttyrev V.V. Russian Research Anti-Plague Institute "Microbe". 46, Universitetskaya St., Saratov, 410005, Russian Federation. E-mail: rusrapi@microbe.ru.
 Kartashov M.Yu. State Scientific Center of Virology and Biotechnology "Vector". Kol'tsovo, Novosibirsk Region, 630559, Russian Federation. E-mail: vector@vector.nsc.ru.
 Diallo M.A., Bah M.B. Research Institute of Applied Biology of Guinea. Kindia, Republic of Guinea.
 Boumbaly S. Research Institute of Applied Biology of Guinea; Kindia, Republic of Guinea. Virology Research Center, Laboratory of Viral Hemorrhagic Fevers of Guinea; Conakry, Republic of Guinea.

Об авторах:

Найденкова Е.В., Захаров К.С., Агафонов Д.А., Сеничкина А.М., Катышев А.Д., Кутырев В.В. Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб». Российская Федерация, 410005, Саратов, ул. Университетская, 46. E-mail: rusrapi@microbe.ru.
 Карташов М.Ю. Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор». Российская Федерация, 630559, Новосибирская обл., р.п. Кольцово. E-mail: vector@vector.nsc.ru.
 Диалло М.А., Бах М.В. Исследовательский институт прикладной биологии Гвинеи. Гвинейская Республика, Киндия.
 Бумбаль С. Исследовательский институт прикладной биологии Гвинеи; Гвинейская Республика, Киндия. Исследовательский центр вирусологии, Лаборатория вирусных геморрагических лихорадок Гвинеи; Гвинейская Республика, Конакри.