DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-141-147

УДК 579.834:575(470.62)

О.А. Зайцева¹, А.С. Волынкина¹, О.В. Васильева¹, Е.В. Чехвалова², А.В. Колосов³, Д.А. Прислегина¹, Е.А. Манин¹, А.Н. Куличенко¹

Геновидовой состав боррелий, циркулирующих на территории Черноморского побережья Краснодарского края

¹ФКУЗ «Ставропольский научно-исследовательский противочумный институт», Ставрополь, Российская Федерация;
 ²Сочинский филиал ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Краснодарском крае», Сочи, Российская Федерация;
 ³Сочинское противочумное отделение ФКУЗ «Причерноморская противочумная станция», Сочи, Российская Федерация

Цель работы - оценить современную эпидемиологическую ситуацию по иксодовому клещевому боррелиозу (ИКБ) (2017-2022 гг.) на территории Черноморского побережья Краснодарского края, изучить видовой состав боррелий. Материалы и методы. На зараженность возбудителями ИКБ исследовали иксодовых клещей Ixodes ricinus, Haemaphysalis concinna, H. inermis, Rhipicephalus sanguineus с последующим секвенированием изолятов ДНК. Видовую идентификацию боррелий проводили на основе анализа нуклеотидной последовательности фрагмента гена 16S рРНК по алгоритму BLAST. Дополнительно для изолятов патогенных геновариантов определен OspC-генотип путем сравнения полученных последовательностей с референсными в программе MEGA 5. Данные проанализированы картографическим методом с применением программы QGIS 2.18. Результаты и обсуждение. В период с 2017 по 2022 г. на территории Черноморского побережья Краснодарского края зарегистрирован 101 заболевший, что составило 1,6 % всех случаев ИКБ в Краснодарском крае. Количество обращений с укусами в г. Сочи составляло до 191,4 на 100 тыс. населения. В ходе исследования методом секвенирования определен преобладающий на территории Черноморского побережья Краснодарского края геновид боррелий -Borrelia lusitaniae (78,1 %). Также отмечена циркуляция геновидов B. garinii (6,8 %), B. valasiana (5,7 %), B. afzelii (3,6 %), *B. miyamotoi* (2,6 %), *B. tanukii*, *B. bissettii* (по 1,6 %). Для боррелий патогенных видов определена принадлежность к OspC-геногруппам: четыре изолята отнесены к инвазивным OspC-геногруппам, из них три изолята B. afzelii – к геногруппе A8, один изолят B. garinii – к G7. На анализируемой территории отмечается высокая зараженность клещей боррелиями (до 94,5 %). Боррелии патогенных видов составляют всего 10,4 % от общего числа исследованных изолятов. Преимущественно встречаются геноварианты, редко вызывающие заболевание у людей (B. lusitaniae, B. valasiana, B. bissettii), и непатогенные боррелии (B. tanukii), что свидетельствует о низком риске инфицирования возбудителями ИКБ.

Ключевые слова: иксодовый клещевой боррелиоз, идентификация, генотипирование, Краснодарский край.

Корреспондирующий автор: Зайцева Ольга Александровна, e-mail: stavnipchi@mail.ru.

Для цитирования: Зайцева О.А., Волынкина А.С., Васильева О.В., Чехвалова Е.В., Колосов А.В., Прислегина Д.А., Манин Е.А., Куличенко А.Н. Геновидовой состав боррелий, циркулирующих на территории Черноморского побережья Краснодарского края. Проблемы особо опасных инфекций. 2024; 1:141–147. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-141-147

Поступила 09.08.2023. Отправлена на доработку 23.08.2023. Принята к публ. 27.12.2023.

O.A. Zaitseva¹, A.S. Volynkina¹, O.V. Vasil'eva¹, E.V. Chekhvalova², A.V. Kolosov³, D.A. Prislegina¹, E.A. Manin¹, A.N. Kulichenko¹

Geno-Species Composition of Borrelia Circulating on the Black Sea Coast of the Krasnodar Territory

¹Stavropol Research Anti-Plague Institute, Stavropol, Russian Federation;

²Sochi Branch of the "Center of Hygiene and Epidemiology in the Krasnodar Territory", Sochi, Russian Federation;

³Sochi Anti-Plague Department of the Black Sea Plague Control Station, Sochi, Russian Federation

Abstract. The aim of the study was to assess the current epidemiological situation on Ixodidae tick-borne borreliosis (ITBB) (2017-2022) on the Black Sea coast of the Krasnodar Territory, to study the species composition of Borrelia. Materials and methods. Ixodidae ticks, Ixodes ricinus, Haemaphysalis concinna, H. inermis, Rhipicephalus sanguineus, were examined for infection with tick-borne borreliosis pathogens, followed by DNA sequencing of isolates. Species identification of Borrelia was carried out based on analysis of the nucleotide sequence of the 16S rRNA gene fragment using BLAST algorithm. Additionally, the OspC genotype was determined for isolates of pathogenic genovariants through comparing the obtained sequences with reference ones in the MEGA 5 program. The data were processed applying the cartographic method using the QGIS 2.18 software. Results and discussion. Between 2017 and 2022, 101 cases were registered on the Black Sea coast of the Krasnodar Territory, which accounted for 1.6 % of all ITBB cases in the Krasnodar Territory. The number of complaints with tick bites in Sochi was up to 191.4 per 100 thousand population. During the study, the predominant Borrelia geno-species on the territory of the Black Sea coast of the Krasnodar Territory was determined using sequencing – Borrelia lusitaniae (78.1 %). The circulation of geno-species B. garinii (6.8 %), B. valasiana (5.7 %), B. afzelii (3.6 %), B. miyamotoi (2.6 %), B. tanukii, B. bissettii (1.6 % each) was also observed. For Borrelia pathogenic species, appurtenance to OspC geno-groups was ascertained: four isolates were assigned to invasive OspC geno-groups, of which three B. afzelii isolates were genogroup A8, one B. garinii isolate was G7. High rate of infection of ticks with Borrelia was recorded in the surveyed area (up to 94.5 %). Borrelia of pathogenic species account for only 10.4 % of the total number of isolates studied. Mostly, genovariants that rarely cause diseases in humans

(B. lusitaniae, B. valasiana, B. bissettii) and non-pathogenic Borrelia (B. tanukii) were found, which indicates a low risk of infection with ITBB pathogens.

Key words: Ixodidae tick-borne borreliosis, identification, genotyping, Krasnodar Territory.

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

Funding: The authors declare no additional financial support for this study.

Corresponding author: Olga A. Zaitseva, e-mail: stavnipchi@mail.ru.

Citation: Zaitseva O.A., Volynkina A.S., Vasil'eva O.V., Chekhvalova E.V., Kolosov A.V., Prislegina D.A., Manin E.A., Kulichenko A.N. Geno-Species Composition of Borrelia Circulating on the Black Sea Coast of the Krasnodar Territory. Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2024; 1:141–147. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-141-147

Received 09.08.2023. Revised 23.08.2023. Accepted 27.12.2023.

Zaitseva O.A., ORCID: https://orcid.org/0000-0002-1911-9197 Volynkina A.S., ORCID: https://orcid.org/0000-0001-5554-5882 Vasil'eva O.V., ORCID: https://orcid.org/0000-0002-8882-6477 Prislegina D.A., ORCID: https://orcid.org/0000-0002-9522-129X Manin E.A., ORCID: https://orcid.org/0000-0001-8163-7844 Kulichenko A.N., ORCID: https://orcid.org/0000-0002-9362-3949

Иксодовый клещевой боррелиоз (ИКБ) — природно-очаговое заболевание с трансмиссивным механизмом заражения, широко распространенное в странах Северного полушария [1, 2].

Возбудителями ИКБ являются боррелии комплекса Borrelia burgdorferi sensu lato (s.l.). Выделяют более 20 геновидов возбудителей ИКБ [3, 4]. Доказана роль в развитии ИКБ B. burgdorferi sensu stricto (случаи заражения регистрируются в Северной Америке и Европе), B. afzelii, B. garinii, B. bavariensis и В. spielmanii (в Евразии). К патогенным видам относится также *В. miyamotoi*, имеющая генетическое сходство как с боррелиями комплекса Borrelia burgdorferi s.l., так и с боррелиями – возбудителями клещевых возвратных лихорадок. Убедительно патогенность не доказана для B. valaisiana, B. lusitaniae и В. bissettii, однако имеются сообщения об обнаружении боррелий данных видов в образцах клинического материала от лихорадящих больных [5, 6]. Клинические проявления ИКБ полиморфны, что обусловлено гетерогенностью возбудителей. Так, мигрирующая эритема наблюдается наиболее часто (до 90 %) при инфицировании *B. afzelii*, тогда как В. garinii обусловливает преимущественно поражение нервной системы (до 40 %). С В. miyamotoi связывают развитие рецидивирующих лихорадочных состояний без наличия мигрирующих эритем [7].

Клещи рода *Ixodes* являются переносчиками и основным резервуаром возбудителей ИКБ. Основные носители и переносчики ИКБ в России – клещи *I. persulcatus*, *I. ricinus*. В поддержании циркуляции возбудителей ИКБ в природных очагах важную роль играют и другие виды иксодовых клещей: *Dermacentor reticulatus*, *Haemaphysalis japonica*, *H. concinna*, *D. silvarum* и др. [8, 9].

Для определения видовой принадлежности боррелий и филогенетического анализа разработано множество методик. Наиболее информативным методом является MLST-анализ, также используются методы секвенирования межгенного спейсера 5S-23S рРНК, гена 16S рРНК и др. [10, 11].

Секвенирование межгенного спейсера *5S-23S* рРНК имеет важное значение для молекулярноэпидемиологических исследований. Данный метод информативен на межвидовом и внутривидовом уровнях [12]. Широко используется для идентификации видов и секвенирование 16S рРНК, фрагмента 16-23S рРНК. Гены поверхностных антигенов (р66, OspA, OspC) и флагеллина (flaA, flaB) применимы для внутривидовой характеристики боррелий. Имеются сведения о распределении штаммов по типам и субтипам на основании последовательностей данных генов, связи их со степенью инвазивности [13–16].

Для эпидемиологического надзора может представлять интерес определение OspC-генотипа. Имеются данные о связи OspC-генотипов со способностью бактерий вызывать диссеминированное заболевание [17].

Изучение эпидемиологии боррелиоза на территории России начато в 1984 г., а официальная регистрация случаев ИКБ ведется с 1992 г. На юге России больные выявляются с 1999 г. Лидером по заболеваемости по Южному и Северо-Кавказскому федеральным округам является Краснодарский край, на территории которого в течение последних пяти лет зарегистрировано 43,2 % от всех случаев боррелиоза, регистрируемых в регионе.

Эндемичными по боррелиозу в этом субъекте являются города Сочи, Новороссийск, Краснодар, Армавир, Анапа, Геленджик, а также Туапсинский, Брюховецкий, Гулькевичский районы, расположенные в равнинно-степной, предгорно-горной, причерноморской и лиманно-плавневой природноландшафтных зонах [18, 19].

В Краснодарском крае фауна иксодовых клещей представлена 24 видами, относящимися к 6 родам: *Ixodes, Haemaphysalis, Boophilus, Dermacentor, Rhipicephalus, Hyalomma*. Основное значение в эпидемическом процессе ИКБ имеют клещи *Ixodes ricinus* [20].

Природно-климатические и ландшафтно-географические особенности региона создают условия для широкого распространения переносчиков ИКБ. Высокая плотность населения в курортный сезон, наличие туристических троп, зон отдыха на территориях лесопарковых зон сказываются на интенсивности контакта с клещами, могут способствовать заболеваемости ИКБ как коренного населения, так и отдыхающих.

Целью данной работы является оценка современной эпидемиологической ситуации по ИКБ

(2017–2022 гг.) на территории Черноморского побережья Краснодарского края (г. Сочи, Туапсинский район), изучение видового состава боррелий, циркулирующих в регионе.

Материалы и методы

Материалом для анализа эпидемиологической обстановки за 2017–2022 гг. служили сведения официальной статистической отчетности, информационные и аналитические материалы, в том числе данные по заболеваемости населения ИКБ, из предоставленных Управлением Роспотребнадзора по Краснодарскому краю карт эпидемиологического обследования очага инфекционного заболевания (форма № 357/у).

Лабораторные исследования собранных клещей за период с 2017 по 2022 г. выполнены сотрудниками Сочинского противочумного отделения ФКУЗ «Причерноморская противочумная станция» Роспотребнадзора.

Исследовано 12208 экземпляров клещей (856 пулов), в сбор вошли клещи следующих видов: *Ixodes ricinus*, *Haemaphysalis concinna*, *H. inermis*, *Rhipicephalus sanguineus*, – собраные на территории г. Сочи, Туапсинского района Краснодарского края путем отлова на тканевый флаг с растительности.

Экстракцию ДНК из образцов полевого материала производили с помощью наборов реагентов «РИБО-преп» (ФБУН ЦНИИ эпидемиологии Роспотребнадзора, Россия), получение комплементарной ДНК выполняли с использованием набора реагентов «РЕВЕРТА-L-100» (ФБУН ЦНИИ эпидемиологии Роспотребнадзора, Россия).

Детекцию *16S* рРНК проводили с применением набора реагентов «АмплиСенс® TBEV, *B. burgdorferi* s.l., *A. phagocytophilum*, *E. chaffeensis / E. muris*-FL» (ФБУН ЦНИИ эпидемиологии Роспотребнадзора, Россия).

Для генетической идентификации использовали образцы суспензий клещей, содержащих *16S* pPHK *B. burgdorferi* s.l. c Ct не ниже 25.

Видовую идентификацию боррелий проводили на основе анализа нуклеотидной последовательности фрагмента гена *16S* рРНК [14]. Для боррелий патогенных видов (*B. afzelii*, *B. garinii*) определяли принадлежность к *OspC*-геногруппам (20 изолятов ДНК) [14, 16].

Амплификацию участков генов 16S рРНК и OspC выполняли методом гнездовой ПЦР с использовнием ранее предложенных праймеров [14, 15].

Секвенирование проводили на анализаторе Applied Biosystems 3500.

Сборку последовательности ДНК выполняли в программе Vector NTI. Видовую идентификацию проводили с использованием данных базы GenBank по алгоритму BLAST. Принадлежность к *OspC*-группе осуществляли с использованием 69 референсных последовательностей боррелий, получен-

ных из базы данных NCBI [21]. Филогенетическое дерево по участку гена *OspC* построено в программе MEGA 5. Для статистического анализа данных использовали программу Microsoft Excel 2010. Карта построена в программе QGIS 2.18.

Результаты и обсуждение

Эпидемиологическая ситуация. На анализируемой территории (г. Сочи, Туапсинский район) за период с 2017 по 2022 г. зарегистрирован 101 больной, 19,6 % всех случаев ИКБ в Краснодарском крае. В Сочи выявлен 61 больной (от 1,8 до 5,5 на 100 тыс. населения в год), в Туапсинском районе — 40 (от 3,8 до 6,2 на 100 тыс. населения в год). Существенное снижение заболеваемости отмечено только в 2020 г. во время пандемии COVID-19.

Контакт с возбудителем ИКБ у большинства заболевших произошел в пределах населенного пункта, в котором проживал больной (83,1%). Заражение 10,9% больных произошло на территории Краснодарского края. Зарегистрировано шесть завозных случаев ИКБ, составивших 6% общей заболеваемости ИКБ на территории Черноморского побережья Краснодарского края. Заражение предположительно произошло в Чеченской Республике, Республике Адыгея, Астраханской, Брянской, Воронежской областях (по одному случаю).

Больных ИКБ выявляли круглогодично, пик приходился на период активности клещей — май — август (77,7 %). Среди заболевших преобладали городские жители (75,2 %). Чаще случаи ИКБ регистрировали у лиц женского пола (57,4 %). В эпидемический процесс были вовлечены представители всех возрастных групп. Дети до 14 лет составили 19,8 %. Зависимость между заболеваемостью и профессиональной деятельностью, социальным статусом не установлена. Зарегистрирован всего один случай безэритемного течения ИКБ.

С укусами клещей в Туапсинском районе обращались 31–90 человек (24,1–70,0 на 100 тыс. населения), в г. Сочи – 408–836 (93,4–191,4 на 100 тыс. населения). Процент положительных проб, отобранных на территории города-курорта Сочи, составлял от 80,3 до 94,5 %, на территории Туапсинского района – от 63,3 до 87,5 %, что существенно превышало показатели по Краснодарскому краю (23,4–49,6 %). При этом для основного переносчика боррелиоза, клещей *I. ricinus*, доля положительных проб в г. Сочи составляла от 84 до 99 %, на территории Туапсинского района – от 75 до 92,8 %. Положительные пробы выявлялись во всех точках сбора, за исключением территории п. Гумария Адлерского района г. Сочи (п. Теневого Центрального района г. Сочи (рис. 1).

При сравнительном анализе эпидемиологических данных существенных отличий проявлений ИКБ от данных по другим регионам, за исключением существенного преобладания среди заболевших городских жителей, не выявлено [22].

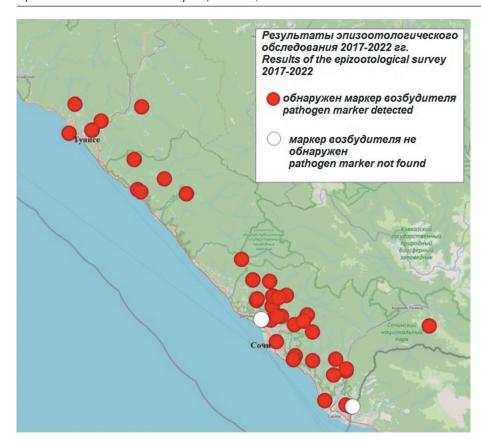


Рис. 1. Результаты исследования клещей на зараженность возбудителями иксодового клещевого боррелиоза на территории Черноморского побережья Краснодарского края в 2017–2022 гг.

Fig. 1. Results of the study of ticks for infection with Ixodidae tick-borne borreliosis pathogens on the Black Sea coast of the Krasnodar Territory in 2017–2022

На территорию Черноморского побережья Краснодарского края приходилось от 8 до 25,8 % случаев боррелиоза, зарегистрированных в Краснодарском крае, за исключением 63,6 % в 2020 г., когда на фоне пандемии COVID-19 произошло снижение выявления больных в Краснодарском крае, а заболеваемость в г. Сочи и Туапсинском районе осталась на уровне прошлых лет.

Число обращений с укусами клещей в г. Сочи в отдельные годы превышает показатели по лидеру заболеваемости ИКБ в регионе – г. Краснодару (658—1782 случая, 69,5—188,3 на 100 тыс. населения).

Видовая идентификация боррелий. Высокая доля содержащих боррелии проб на территории Черноморского побережья Краснодарского края в сочетании со сравнительно низкой заболеваемостью ИКБ определяет неоходимость изучения видовой принадлежности циркулирующих боррелий, определения их эпидемической значимости.

Проведено секвенирование 192 изолятов ДНК боррелий, выделенных из пулов клещей *I. ricinus*, собранных в ходе эпизоотологического обследования на Черноморском побережье (в Хостинском и Лазаревском районах г. Сочи, Туапсинском районе) Краснодарского края в 2022 г.

Секвенировано 150 изолятов ДНК боррелий из клещей, собранных в семи точках Хостинского района г. Сочи. Исследовано 27 изолятов ДНК *В. burgdorferi*, выделенных из трех точек Лазаревского района г. Сочи. В Туапсинском районе клещей собирали в четырех пунктах, генетическая идентификация

проведена для 15 изолятов ДНК возбудителя ИКБ.

На территории рекреационной зоны Краснодарского края выявлены ДНК-изоляты боррелий, относящиеся к 7 геновидам (*B. lusitaniae*, *B. garinii*, *B. valasiana*, *B. afzelii*, *B. tanukii*, *B. miyamotoi* и *B. bissettii*). Доминирующим геновидом являлся *B. lusitaniae*, к которому относилось 150 изолятов боррелий (78,1 %), на втором месте по встречаемости оказался *B. garinii* – 13 изолятов (6,8 %), *B. valasiana* составили 11 изолятов ДНК боррелий (5,7 %), наименее встречаемыми оказались боррелии *B. afzelii* – 7 (3,6 %), *B. miyamotoi* – 5 (2,6 %), *B. tanukii* и *B. bissettii* – по 3 (1,6 %).

Различные геновиды боррелий на территории Черноморского побережья Краснодарского края распространены неравномерно (рис. 2).

В. lusitaniae встречалась повсеместно, но преобладала в Хостинском районе г. Сочи (123 изолята ДНК, 82%). В. afzelii выявлена на всех обследуемых административных территориях рекреационной зоны, за исключением г. Туапсе. В. garinii, В. miyamotoi обнаруживали в г. Сочи, В. valasiana — в г. Сочи и Туапсинском районе, В. tanukii, В. bissettii— в г. Тупасе и Хостинском районе г. Сочи.

Боррелии, относящиеся к патогенным видам, дополнительно исследованы по участку гена *OspC*. Белок OspC, синтез которого кодирует данный ген, считается фактором инвазивности боррелий. Филогенетический анализ последовательностей *OspC* может позволить определять способность изолятов вызывать генерализованные клинические про-

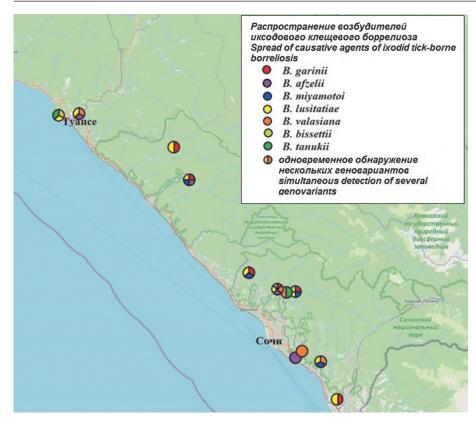


Рис. 2. Распространение возбудителей иксодового клещевого боррелиоза на территории Черноморского побережья Краснодарского края

Fig. 2. Distribution of pathogens of Ixodidae tick-borne borreliosis on the Black Sea coast of the Krasnodar Territory

явления. Мы применили методику определения инвазивности на основе использования референсных последовательностей 69 *OspC*-групп, 24 из которых включают инвазивные боррелии (дивергенция внутри группы составляет 2 %) [17].

В ходе работы определена принадлежность к *OspC*-геногруппе для 11 изолятов, выделенных в Хостинском районе г. Сочи. Референсные последовательности представителей инвазивных и неинвазивных групп взяты из публикации [16]. Из исследуемых образцов семь, собранные в трех точках забора, имеют сходство с представителями неинвазивных геногрупп: 19, 35, 36, 53. Для четырех изолятов, отобранных в одной точке Хостинского района (окрестности водопада Ореховый), определена принадлежность к инвазивным группам. Из них три изолята *В. afzelii* относятся к группе А8, один – *B. garinii* – к G7 (рис. 3).

Таким образом, на территории Черноморского побережья Краснодарского края в анализируемый период выявлено от 8 до 25,8 % всех случаев ИКБ, регистрируемых в Краснодарском крае (за исключением 2020 г. -63,6 %). Существенных отличий эпидемических проявлений от данных по другим регионам Российской Федерации не выявлено.

Ежегодно на обследуемой территории регистрировалась высокая доля положительных на боррелии проб клещей (от 83,7 до 94,5 %).

По результатам исследования изолятов ДНК B. burgdorferi методом секвенирования на территории Черноморского побережья Краснодарского края преимущественно выделяли непатогенные боррелии, а также геноварианты, редко вызывающие заболевание у людей (В. lusitaniae, В. valasiana, В. bissettii, В. tanukii). Эти результаты не противоречат эпидемиологоэпизоотологическим данным, указывающим на широкое распространение боррелий в регионе и сравнительно низкий уровень заболеваемости.

Боррелии патогенных видов (*B. garinii*, *B. afzelii*, *B. miyamotoi*) составили 10,4 % от общего числа исследованных изолятов, что не дает оснований ожидать роста заболеваемости ИКБ на обследуемой территории. Однако выявлены четыре изолята, относящиеся к инвазивным *OspC*-геногруппам A8, G7, в Хостинском районе г. Сочи, вероятно, способные вызывать генерализованные формы боррелиоза.

Преобладание боррелий непатогенных условно-патогенных видов снижает риск инфицирования возбудителями ИКБ на территории Черноморского побережья Краснодарского края. Однако высокая посещаемость региона, особенно в весенне-летний период, соответствующая активности клещей, и наличие активных природных очагов ИКБ требуют проведения комплексных профилактических мероприятий, включающих акарицидные обработки, благоустройство территорий населенных пунктов, повышение профессиональной подготовки медицинских сотрудников, проведение информационно-разъяснительной работы с населением и отдыхающими по вопросам профилактики инфекций, передающихся клещами.

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



Рис. 3. Результаты генотипирования участка

Fig. 3. Results of genotyping of the *OspC* gene region

Финансирование. Авторы заявляют об отсутствии дополнительного финансирования при проведении данного исследования.

Список литературы

1. Nguyen A., Mahaffy J., Vaidya N.K. Modeling transmission dynamics of lyme disease: Multiple vectors, seasonality, and vector mobility. *Infect. Dis. Model.* 2019; 28(4):28–43. DOI: 10.1016/j. idm.2019.03.001.

2. DeLong A., Hsu M., Kotsoris H. Estimation of cumulative number of post-treatment Lyme disease cases in the US, 2016 and 2020. *BMC Public Health*. 2019; 19(1):352. DOI: 10.1186/s12889-019-6681-9.

3. 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; 4:92–6. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-4-92-96.

4. Wang G. Borrelia burgdorferi and other Borrelia species. In: Tang Y.W., Sussman M., Liu D., Poxton I.R., Schwartzman J., Merritt A., 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.

5. Wang G., Liveris D., Mukherjee P., Jungnick S., Margos G., Schwartz I. Molecular typing of *Borrelia burgdorferi. Curr. Protoc. Microbiol.* 2014; 34:12C.5.1–31. DOI: 10.1002/9780471729259. mc12c05s34.

6. 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.
7. Cleveland D.W., Anderson C.C., Brissette C. *Borrelia miyamotoi*: A comprehensive review. *Pathogens*. 2023; 12(2):267. DOI: 10.3390/pathogens12020267.

8. Pukhovskaya N.M., Morozova O.V., Vysochina N.P., Belozerova N.B., Ivanov L.I. Prevalence of *Borrelia burgdorferi* sensu lato and *Borrelia miyamotoi* in ixodid ticks in the Far East of Russia. *Int. J. Parasitol. Parasites Wildl.* 2019; 8:192–202. DOI: 10.1016/j.ijppaw.2019.01.005.

9. Волков С.А., Бессолицына Е.А., Столбова Ф.С., Дармов И.В. Анализ инфицированности клещей видов *Ixodes* дармов И.Б. Анализ инфицированности клещей видов тхоаерегѕисатия и Dermacentor reticulatus возбудителями трансмиссивных заболеваний на территории Кировской области.
Инфекция и иммунитет. 2016; 6(2):173–8. DOI: 10.15789/22207619-2016-2-173-178.

10. Li Z.-M., Xiao X., Zhou Ch.-M., Liu J.-X., Gu X.-L., Fang L.-Zh., Liu B.-Y., Wang L.-R., Lu X.-J., Hann H.-J. Human-pathogenic relapsing fever Borrelia found in bats from Central China phylogenetically clustered together with relapsing fever borreliae reported in

relapsing fever Borrella found in bats from Central China phylogenetically clustered together with relapsing fever borreliae reported in the New World. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2021; 15(3):e0009113. DOI: 10.1371/journal.pntd.0009113.

11. Weck B.C., Serpa M.C.A., Labruna M.B., Muñoz-Leal S. A novel genospecies of *Borrelia burgdorferi* sensu lato associated with cricetid rodents in Brazil. *Microorganisms*. 2022; 10(2):204. DOI: 10.3390/microorganisms10020204.

12. Coipan F.C., Fonville M., Tiisse-Klasen E., van der

DOI: 10.3390/microorganisms10020204.

12. Coipan E.C., Fonville M., Tijsse-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.

13. Zhai B., Niu Q., Yang J., Liu Zh., Liu J., Yin H., Zeng Q. Identification and molecular survey of *Borrelia burgdorferi* sensu lato in sika deer (*Cervus nippon*) from Jilin Province, north-eastern China. *Acta Trop.* 2017; 166:54–7. DOI: 10.1016/j.actatropica.2016.11.002.

14. Bunikis J., Garpmo U., Tsao J., Berglund J., Fish D.

14. Bunikis J., Garpmo U., Tsao J., Berglund J., Fish D., Barbour A.G. Sequence typing reveals extensive strain diversity of the Lyme borreliosis agents *Borrelia burgdorferi* in North America and *Borrelia afzelii* in Europe. *Microbiology*. 2004; 150(Pt. 6):1741–55. DOI: 10.1099/mic.0.26944-0.

15. Fukunaga M., Hamase A., Okada K., Inoue H., Tsuruta Y., Miyamoto K., Nakao M. Characterization of spirochetes isolated from ticks (*Ixodes tanuki, Ixodes turdus*, and *Ixodes columnae*) and comparison of the sequences with those of *Borrelia burgdorferi sensu lato* strains. *Appl. Environ. Microbiol.* 1996; 62(7):2338–44. DOI: 10.1128/aem.62.7.2338-2344.1996.

16. Lagal V., Postic D., Ruzic-Sabljic E., Baranton G. Genetic diversity among Borrelia strains determined by single-strand conformation polymorphism analysis of the *ospC* gene and its association with invasiveness. *J. Clin. Microbiol.* 2003; 41(11):5059–65. DOI: 10.1128/JCM.41.11.5059-5065.2003.

17. Pintore M.D., Ceballos L., Lulini B., Tomassone L., Pautasso A., Corbellini D., Rizzo F., Mandola M.L., Bardelli M., Peletto S., Acutis P.L., Mannelli A., Casalone C. Detection of invasive *Borrelia burgdorferi* strains in North-Eastern Piedmont, Italy, *Zoonoses Public Health*. 2015; 62(5):365–74. DOI: 10.1111/

Italy. Zoonoses Public Health. 2015; 62(5):365–74. DOI: 10.1111/zph.12156.
18. Авдеева М.Г., Мошкова Д.Ю., Блажняя Л.П., Городин В.Н., Зотов С.В., Ванюков А.А., Ковалевская О.И. Клинико-эпидемиологическая характеристика клещевого боррелноза в Краснодарском крае. Эпидемиология и инфекционные болезни. 2014; 19(1):4–11. DOI: 10.17816/ЕІD40759.
19. Чехвалова Е.В., Манин Е.А., Куличенко А.Н., Оробей В.Г., Швец О.Г. Современная эпизоотолого-эпидемиологическая обстановка по примодно-онаторым инфекциям в городе-кулорта.

в.1., Швец О.1. Современная эпизоотолого-эпидемиологическая обстановка по природно-очаговым инфекциям в городе-курорте Сочи. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2019; 3:111–7. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-3-111-117.

20. Васильченко В.И., Мирзоева Р.Ш. Современная си-

туация по иксодовым клещам в Краснодарском крае. В кн.: Павленко С.Г., редактор. Здоровье нации в XXI веке. Материалы Павленко С.Г., редактор. Эдоровье нации в XXI векс. Материалы III Всероссийской научно-практической конференции (Краснодар, 6 сентября 2022 г.). Краснодар; 2022. С. 124—8.
21. National Center for Biotechnology Information. [Электронный ресурс]. URL: https://www.ncbi.nlm.nih.gov.
22. Рудакова С.А., Теслова О.Е., Муталинова Н.Е., Пеньевская Н.А., Рудаков Н.В., Савельев Д.А., Кузьменко Ю.Ф.

Эпидемиологическая ситуация по иксодовым клещевым боррелиозам в Российской Федерации в 2021 г. и прогноз на 2022 г. Проблемы особо опасных инфекций. 2022; 2:46–53. DOI: 10.21055/0370-1069-2022-2-46-53.

References

1. Nguyen A., Mahaffy J., Vaidya N.K. Modeling transmission dynamics of lyme disease: Multiple vectors, seasonality, and vector mobility. *Infect. Dis. Model.* 2019; 28(4):28–43. DOI: 10.1016/j.

2. DeLong A., Hsu M., Kotsoris H. Estimation of cumulative number of post-treatment Lyme disease cases in the US, 2016 and 2020. BMC Public Health. 2019; 19(1):352. DOI: 10.1186/s12889-

019-6681-9

019-6681-9.
3. 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):92-6. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-4-92-96.
4. Wang G. *Borrelia burgdorferi* and other *Borrelia* species. In: Tang Y.W., Sussman M., Liu D., Poxton I.R., Schwartzman J., Merritt A., 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.
5. Wang G., Liveris D., Mukherjee P., Jungnick S., Margos G., Schwartz I. Molecular typing of *Borrelia burgdorferi*. *Curr. Protoc. Microbiol*. 2014; 34:12C.5.1–31. DOI: 10.1002/9780471729259. mc12c05s34.

mc12c05s34.

6. Sprong H., Azagi T., Hoornstra D., Nijhof A.M., Knorr S., Baarsma M.E., Hovius J.W. Control of Lyme borreliosis and other Doi: 10.1186/s13071-018-2744-5.
7. Cleveland D.W., Anderson C.C., Brissette C. Borrelia miyamotoi: A comprehensive review. Pathogens. 2023; 12(2):267. DOI: 10.0000/cit. 12000007.

10.3390/pathogens12020267.

8. Pukhovskaya N.M., Morozova O.V., Vysochina N.P., Belozerova N.B., Ivanov L.I. Prevalence of *Borrelia burgdorferi* sensu lato and *Borrelia miyamotoi* in ixodid ticks in the Far East Sensu Into and *Borrelia miyamotoi* in ixodid ticks in the Far East Sensu Into and *Borrelia miyamotoi* in ixodid ticks in the Far East Sensus Into International Parameters Wildl. 2010; 8:102–201.

of Russia. Int. J. Parasitol. Parasites Wildl. 2019; 8:192–202. DOI: 10.1016/j.ijppaw.2019.01.005.

9. Volkov S.A., Bessolitsyna E.A., Stolbova F.S., Darmov I.V. [Analysis of ticks of Ixodes persulcatus and Dermacentor reticulatus species with transmissible diseases in Kirov region]. Infektsiya

il species with transmissible diseases in Kirov region]. Infektiya i Immunitet [Russian Journal of Infection and Immunity]. 2016; 6(2):173–8. DOI: 10.15789/2220-7619-2016-2-173-178.

10. Li Z.-M., Xiao X., Zhou Ch.-M., Liu J.-X., Gu X.-L., Fang L.-Zh., Liu B.-Y., Wang L.-R., Lu X.-J., Hann H.-J. Human-pathogenic relapsing fever Borrelia found in bats from Central China phylogenetically clustered together with relapsing fever borreliae reported in the New World. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2021; 15(3):e0009113. DOI: 10.1371/journal.pntd.0009113.

11. Weck B.C., Serpa M.C.A., Labruna M.B., Muñoz-Leal S.

A novel genospecies of *Borrelia burgdorferi* sensu lato associated with cricetid rodents in Brazil. *Microorganisms*. 2022; 10(2):204. DOI: 10.3390/microorganisms10020204.

12. Coipan E.C., Fonville M., Tijsse-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

13. Zhai B., Niu Q., Yang J., Liu Zh., Liu J., Yin H., Zeng Q. Identification and molecular survey of *Borrelia burgdorferi* sensu lato in sika deer (*Cervus nippon*) from Jilin Province, north-eastern China. *Acta Trop.* 2017; 166:54–7. DOI: 10.1016/j.actatropica.2016.11.002. 14. Bunikis J., Garpmo U., Tsao J., Berglund J., Fish D., Barbour A.G. Sequence typing reveals extensive strain diversity of the Lyme borreliosis agents *Borrelia burgdorferi* in North America.

and *Borrelia afzelii* in Europe. *Microbiology*. 2004; 150(Pt. 6):1741–55. DOI: 10.1099/mic.0.26944-0.

55. DOI: 10.1099/mic.0.26944-0.

15. Fukunaga M., Hamase A., Okada K., Inoue H., Tsuruta Y., Miyamoto K., Nakao M. Characterization of spirochetes isolated from ticks (*Ixodes tanuki*, *Ixodes turdus*, and *Ixodes columnae*) and comparison of the sequences with those of *Borrelia burgdorferi sensu lato* strains. *Appl. Environ. Microbiol.* 1996; 62(7):2338–44. DOI: 10.1128/aem.62.7.2338-2344.1996.

16. Lagal V., Postic D., Ruzic-Sabljic E., Baranton G. Genetic diversity among Borrelia strains determined by single-strand conformation polymorphism analysis of the *ospC* gene and its association with invasiveness. *J. Clin. Microbiol.* 2003; 41(11):5059–65. DOI: 10.1128/JCM.41.11.5059-5065.2003.

17. Pintore M.D., Ceballos L., Lulini B., Tomassone L., Pautasso A., Corbellini D., Rizzo F., Mandola M.L., Bardelli M., Peletto S., Acutis P.L., Mannelli A., Casalone C. Detection of invasive *Borrelia burgdorferi* strains in North-Eastern Piedmont, Italy. *Zoonoses Public Health.* 2015; 62(5):365–74. DOI: 10.1111/zph.12156. zph.12156.

zpn. 12150.

18. Avdeeva M.G., Moshkova D.Yu., Blazhnyaya L.P., Gorodin V.N., Zotov S.V., Vanyukov A.A., Kovalevskaya O.I. [Clinical and epidemiological characteristics of tick-borne borreliosis in the Krasnodar Territory]. Epidemiologiya i Infektsionnye Bolezni [Epidemiology and Infectious Diseases]. 2014; 19(1):4–11. DOI: 10.17816/EID40759.

19. Chekhvalova E.V., Manin E.A., Kulichenko A.N., Orobey V.G., Shvets O.G. [Modern epizootiological-epidemiological situation on natural-focal infections in the Resort City of Sochi]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections*]. 2019; (3):111–7. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-3-111-117

20. Vasil'chenko V.I., Mirzoeva R.Sh. [Current situation on Ixodidae ticks in the Krasnodar Territory]. In: Pavlenko S.G., editor. [Health of the Nation in the XXI Century. Proceedings of the III All-Russian Scientific-and-Practical Conference (Krasnodar; September 06, 2022)]. Krasnodar; 2022. P. 124–8.

21. National Center for Biotechnology Information. [Internet].

21. National Center for Biotechnology Information. [Internet]. Available from: https://www.ncbi.nlm.nih.gov. 22. Rudakova S.A., Teslova O.E., Mutalinova N.E., Pen'evskaya N.A., Rudakov N.V., Savel'ev D.A., Kuz'menko Yu.F. [Epidemiological situation on tick-borne borreliosis in the Russian Federation in 2021 and forecast for 2022]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2022; (2):46–53. DOI: 10.21055/0370-1069-2022-2-46-53.

Authors:

Zaitseva O.A., Volynkina A.S., Vasil'eva O.V., Prislegina D.A., Manin E.A., Kulichenko A.N. Stavropol Research Anti-Plague Institute. 13–15, Sovetskaya St., Stavropol, 355035, Russian Federation. E-mail: stavnipchi@ mail.ru.

Chekhvalova E.V. Sochi Branch of the "Center of Hygiene and Epidemiology in the Krasnodar Territory". 27, Roz St., Sochi, 354000, Russian Federation. E-mail: sochi_fguz@mail.ru.

Kolosov A.V. Sochi Anti-Plague Department of the Black Sea Plague Control Station. 19, Tunnel'naya St., Sochi, 354000, Russian Federation.

Об авторах:

Зайцева О.А., Волынкина А.С., Васильева О.В., Прислегина Д.А., Манин Е.А., Куличенко А.Н. Ставропольский научно-исследовательский противочумный институт. Российская Федерация, 355035, Ставрополь,

ул. Советская, 13–15. E-mail: stavnipchi@mail.ru. *Чехвалова Е.В.* Сочинский филиал ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Краснодарском крае». Российская Федерация, 354000, Сочи,

ул. Роз, 27. E-mail: sochi_fguz@mail.ru.

Колосов А.В. Сочинское противочумное отделение ФКУЗ «Причерноморская противочумная станция». Российская Федерация, 354000, Сочи, ул. Тоннельная, 19.