

DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-70-75

УДК 579.834.114

Н.В. Белкина, А.Г. Драгомерецкая, О.Е. Троценко, Т.А. Аушева

**Видовое разнообразие возбудителей иксодовых клещевых боррелиозов в клещах *Ixodes persulcatus* на территории Хабаровского края**

ФБУН «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии», Хабаровск, Российская Федерация

**Цель работы** – определить видовое разнообразие возбудителей иксодовых клещевых боррелиозов в клещах *Ixodes persulcatus* на территории Хабаровского края. **Материалы и методы.** В течение эпидемического сезона (апрель – октябрь) 2017–2023 гг. исследовано 4751 удаленная после присасывания к человеку и 418 собранных с растительности на территории Хабаровского края особей *I. persulcatus* Schulze, 1930. Сбор иксодовых клещей проводили в бесснежный сезон 2021–2023 гг. в зеленых массивах г. Хабаровска, а также на территории Хабаровского района на флаг. В клещах методом полимеразной цепной реакции в режиме реального времени выявляли ДНК боррелий комплекса *Borrelia burgdorferi* sensu lato (s.l.) и *B. miyamotoi*. Дифференцировку видов боррелий в образцах, содержащих генетический материал *B. burgdorferi* s.l., осуществляли в два этапа. На первом этапе определяли наличие в пробе ДНК боррелий группы *B. garinii* s.l. (*B. garinii* + *B. bavariensis*) и ДНК *B. afzelii*. На втором этапе позитивные образцы *B. garinii* s.l. были дифференцированы на *B. garinii* sensu stricto (s.s.) и *B. bavariensis*. **Результаты и обсуждение.** В напивавшихся клещах генетический материал *B. burgdorferi* s.l. выявлен в 45,7 % случаев, ДНК *B. miyamotoi* обнаружена в 7,2 % проб. В клещах, собранных с растительности, ДНК *B. burgdorferi* s.l. выявлена в 38,0 % случаев. При дальнейшем изучении генетический материал *B. afzelii* и боррелий группы *B. garinii* s.l. определен в 47,2 % случаях для обоих возбудителей. Внутри группы *B. garinii* s.l. ДНК *B. bavariensis* выявлена в 18,6 %, *B. garinii* s.s. – в 8 % проб, при этом микст-инфицирование отмечено в 53,3 % случаев. Показатель инфицированности *B. afzelii* клещей *I. persulcatus* оказался существенно выше такового для *B. garinii* s.s. и *B. bavariensis*, при этом статистически значимых различий показателей инфицированности клещей *B. garinii* s.s. и *B. bavariensis* не обнаружено.

**Ключевые слова:** иксодовые клещевые боррелиозы, *Ixodes persulcatus*, боррелии комплекса *Borrelia burgdorferi* sensu lato, боррелии группы *Borrelia garinii* sensu lato, полимеразная цепная реакция, *B. afzelii*, *B. garinii* sensu stricto, *B. bavariensis*.

Корреспондирующий автор: Белкина Надежда Владимировна, e-mail: hniem-poi.labke@bk.ru.

Для цитирования: Белкина Н.В., Драгомерецкая А.Г., Троценко О.Е., Аушева Т.А. Видовое разнообразие возбудителей иксодовых клещевых боррелиозов в клещах *Ixodes persulcatus* на территории Хабаровского края. Проблемы особо опасных инфекций. 2024; 2:70–75. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-70-75

Поступила 13.02.2024. Принята к публ. 21.02.2024.

N.V. Belkina, A.G. Dragomeretskaya, O.E. Trotsenko, T.A. Ausheva

**Species Diversity of Ixodidae Tick-Borne Borrelioses Agents in *Ixodes persulcatus* Ticks in the Territory of the Khabarovsk Region**

Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Khabarovsk, Russian Federation

**Abstract.** The aim of the work was to determine the species diversity of the causative agents of Ixodidae tick-borne borrelioses in *Ixodes persulcatus* ticks in the Khabarovsk Territory. **Materials and methods.** During the epidemic season (April–October) 2017–2023, 4751 specimens of *I. persulcatus* Schulze, 1930, removed after attachment to humans and 418 ones collected from vegetation in the Khabarovsk Region, were studied. Ixodidae ticks were collected in the green areas of Khabarovsk city during the snowless season of 2021–2023, as well as in the territory of the Khabarovsk Region on the flag. DNA of the borrelia complex *Borrelia burgdorferi* sensu lato (s.l.) and *B. miyamotoi* was detected in ticks using real-time polymerase chain reaction (PCR). Differentiation of borrelia species in samples containing genetic material of *B. burgdorferi* s.l. was carried out in two stages. At the first stage, the presence of DNA from borrelia of the *B. garinii* s.l. group (*B. garinii* + *B. bavariensis*) and *B. afzelii* DNA was determined in the sample. At the second stage, positive samples of *B. garinii* s.l. were differentiated into *B. garinii* sensu stricto (s.s.) and *B. bavariensis*. **Results and discussion.** In engorged ticks, genetic material of *B. burgdorferi* s.l. was detected in 45.7 % of the cases, DNA of *B. miyamotoi* was identified in 7.2 % of samples. In ticks collected from vegetation, the DNA of *B. burgdorferi* s.l. was detected in 38.0 % of cases. Upon further study, the genetic material of *B. afzelii* and borrelia of the *B. garinii* s.l. group was identified in 47.2 % of cases for both pathogens. Within the group *B. garinii* s.l., DNA of *B. bavariensis* was detected in 18.6 %, *B. garinii* s.s. – in 8 % of samples, at the same time, mixed infection was noted in 53.3 % of cases. The infection rate with *B. afzelii* in *I. persulcatus* ticks turned out to be statistically significantly higher than that for *B. garinii* s.s. and *B. bavariensis*, thereat statistically significant differences in tick infection rates with *B. garinii* s.s. and *B. bavariensis* was not detected.

**Key words:** Ixodidae tick-borne borrelioses, *Ixodes persulcatus*, borrelia of the *Borrelia burgdorferi* sensu lato complex, borrelia group *Borrelia garinii* sensu lato, polymerase chain reaction, *B. afzelii*, *B. garinii* sensu stricto, *B. bavariensis*.

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

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

Corresponding author: Nadezhda V. Belkina, e-mail: hniem-poi.labke@bk.ru.

Citation: Belkina N.V., Dragomeretskaya A.G., Trotsenko O.E., Ausheva T.A. Species Diversity of Ixodidae Tick-Borne Borrelioses Agents in *Ixodes persulcatus* Ticks in the Territory of the Khabarovsk Region. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2024; 2:70–75. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-70-75

Received 13.02.2024. Accepted 21.02.2024.

Trotsenko O.E., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3050-4472>

Иксодовые клещевые боррелиозы (ИКБ) на Европейском континенте – самая распространенная из всех клещевых трансмиссивных инфекций (КТИ) со средневзвешенной заболеваемостью 22,6 случая на 100 тыс. населения в год [1]. Показатели заболеваемости значительно варьируют в зависимости от анализируемого географического района [2]. С 2018 г. нейроборрелиоз Лайма включен в список болезней, контролируемых ECDC (Европейский центр профилактики и контроля заболеваний) [3].

На территории Российской Федерации располагается большая часть мирового ареала возбудителей ИКБ. По данным официальной статистики, ежегодно количество заболевших ИКБ в РФ колеблется от 7 до 9 тыс. Высоким уровнем заболеваемости ИКБ населения характеризуются Ленинградская, Тверская, Ярославская, Костромская, Калининградская области, а также Уральский, Сибирский и Дальневосточный федеральные округа [4]. При этом зачастую диагноз устанавливается на основании эпидемиологического анамнеза (присасывание клеща) и наличия клинической симптоматики (мигрирующая эритема) без исследования удаленного клеща [5].

Изучение молекулярно-генетическими методами изолятов возбудителей ИКБ, проведенное в разных регионах России и сопредельных странах, выявило виды *Borrelia garinii* (подгрупп 20047 и NT29), *B. afzelii*, *B. lusitaniae*, *B. valaisiana* и *B. burgdorferi sensu stricto* (s.s.). Было показано, что повсеместное распространение и преимущественное эпидемиологическое значение в России имеют *B. garinii* и *B. afzelii*, для которых установлены основные переносчики и резервуарные хозяева. Штаммы изолированы от иксодовых клещей *Ixodes persulcatus*, *I. ricinus* и *I. trianguliceps*. Показано, что *B. garinii* встречается у трех видов переносчиков, а также у *I. pavlovskyi*; *B. bavariensis* – только у *I. persulcatus* и *I. trianguliceps* [6]. Необходимо отметить, что *I. trianguliceps* не имеет эпидемиологического значения, так как случаи его нападения на людей не описаны, но при этом вид играет роль в поддержании циркуляции возбудителей ИКБ в природных очагах.

S. Jahfari *et al.* высказали предположение, что генетическое разнообразие боррелий комплекса *Borrelia burgdorferi sensu lato* (*B. burgdorferi* s.l.), обусловлено различием видового состава резервуарных хозяев. Так, циркуляция *B. burgdorferi* s.s. поддерживается в основном за счет позвоночных животных (птицы, грызуны, насекомоядные, хищники), *B. afzelii* – мелких млекопитающих, *B. garinii* – птиц, *B. bavariensis* – ежей [7].

Л.И. Багаутдинова и соавт. сообщали о том, что заболевание, диагностируемое как ИКБ в безэритемной форме, в большинстве случаев может вызывать-

ся *B. miyamotoi* [8]. В целом результаты исследований 2014–2022 гг. окончательно доказали существование отдельной этиологической формы ИКБ, вызываемого *B. miyamotoi*, и определили значимость этой инфекции наряду с другими КТИ [9].

В Хабаровском крае показатели заболеваемости ИКБ в 2010–2023 гг. составляли от 2,62 до 5,08 случая на 100 тыс. населения. Результаты исследований иксодовых клещей, собранных в 1999–2014 гг. на территории Хабаровского края, показали присутствие в регионе трех возбудителей ИКБ [2]. Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК и межгенных спейсеров 5S-23S рРНК выявил наличие в исследованных клещах генетического материала *B. garinii* азиатского NT29 (*B. garinii* s.s.) и европейского 20047 (*B. bavariensis*) типов, *B. afzelii* с идентичными штамму VS461 последовательностями у большинства изученных изолятов. Анализ последовательности локусов трех фрагментов 16S рРНК, генов *glpQ* и *p66* показал, что все изученные изоляты *B. miyamotoi* принадлежали к азиатскому типу, идентичному штамму FR64b из Японии [2]. Исследования, проведенные в Хабаровском крае в 2015–2022 гг., свидетельствуют о циркуляции *B. miyamotoi* на территории края и доказывают роль возбудителя в инфекционной патологии населения [8].

Актуальность проблемы ИКБ на современном этапе обусловлена как ростом инфицированности клещей боррелиями, так и ростом заболеваемости населения. Несмотря на внедрение новых технологий лабораторной диагностики, верифицируется лишь часть инфекций, этиология ряда из них остается нерасшифрованной. ИКБ отличаются многообразием клинических проявлений и склонностью к затяжному рецидивирующему течению [10]. Известно, что патогенез заболеваний, вызываемых различными видами боррелий комплекса *B. burgdorferi* s.l., многообразен [11, 12]. В связи с этим определение видов и генотипов возбудителей, циркулирующих в том или ином регионе, необходимо для своевременной диагностики заболеваний и способствует адекватному назначению терапии пациентам с ИКБ.

**Цель работы** – определить видовое разнообразие возбудителей иксодовых клещевых боррелиозов в клещах *I. persulcatus* на территории Хабаровского края.

## Материалы и методы

В течение эпидемического сезона (апрель – октябрь) 2017–2023 гг. с целью мониторинга инфицированности переносчиков КТИ исследовано 4751 напивавшихся *I. persulcatus* Schulze, 1930, удаленных после присасывания к человеку на тер-

ритории Хабаровского края. Также исследованы 418 особей *I. persulcatus*, собранных с растительности на территории г. Хабаровска и Хабаровского района. Сбор иксодовых клещей проводили в беснежный сезон 2021–2023 гг. в зеленых массивах г. Хабаровска, а также на территории Хабаровского района на флаг. Видовую принадлежность клещей рода *Ixodes* определяли по морфологическим признакам и с помощью видоспецифичной полимеразной цепной реакции (ПЦР), где в качестве мишени использовали митохондриальный ген первой субъединицы цитохром с-оксидазы *cox1*.

Гомогенизацию клещей проводили в гомогенизаторе TissueLyser LT (Германия). Клещей диспергировали в 250 мкл раствора для приготовления образцов (РПО). Выделение образцов суммарных нуклеиновых кислот из 100 мкл суспензии напивавшихся клещей проводили с использованием наборов серии «РеалБест» с последующей детекцией ДНК-маркера с использованием ПЦР-теста «РеалБест ДНК *Borrelia burgdorferi sensu lato*», «РеалБест ДНК *Borrelia miyamotoi*» (АО «Вектор-Бест», Новосибирск, Россия). Амплификацию нуклеиновых кислот проводили на термоциклере с флуоресцентной детекцией в режиме реального времени CFX 96 (Bio-Rad, США).

Видовую идентификацию возбудителей ИКБ проводили в клещах рода *Ixodes* (n=418), собранных с растительности на территории Хабаровского края в 2022–2023 гг. Клещей диспергировали в 300 мкл РПО. Выделение образцов суммарных нуклеиновых кислот из 100 мкл суспензии клещей проводили с использованием наборов серии «РеалБест» с последующей детекцией ДНК-маркера с использованием ПЦР-теста «РеалБест ДНК *Borrelia burgdorferi sensu lato*» (АО «Вектор-Бест», Новосибирск, Россия). Суспензии клещей, в которых выявили ДНК-маркер *B. burgdorferi* s.l., затем исследовали дополнительно. Суммарную фракцию нуклеиновых кислот выделяли из 100 мкл суспензии гомогенизированных клещей с использованием набора «Рибо-сорб»

(ООО «Интерлабсервис», Москва, Россия) согласно прилагаемой инструкции.

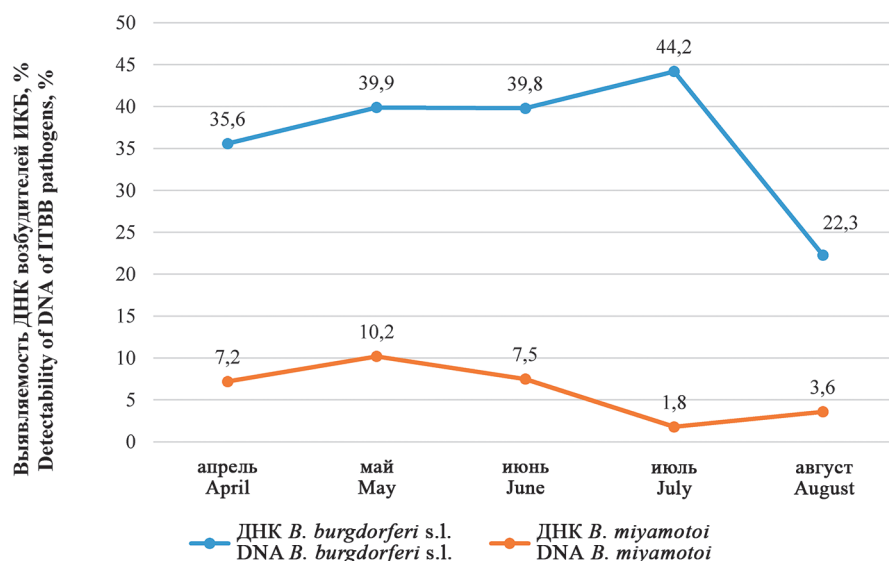
Дифференцировку видов боррелий в позитивных образцах осуществляли в два этапа в соответствии с методикой, описанной К. Ornstein и A.G. Barbour [13]. В качестве мишени использовали гены «домашнего хозяйства» *uvrA* и *nifS*. Праймеры и зонды синтезированы в ООО «НПФ Синтол» (Москва, Россия). Для приготовления реакционной смеси использовали компоненты производства ЗАО «Евроген» (Москва, Россия).

## Результаты и обсуждение

В напивавшихся *I. persulcatus* генетический материал боррелий комплекса *B. burgdorferi* s.l. выявлен в 45,7 % (95 % ДИ: 44,28–47,11 %), т.е. в 2172 пробах из 4751. С апреля по июль отмечен статистически значимый рост показателей выявляемости ДНК *B. burgdorferi* s.l. ( $t=3,06$ ;  $p<0,002$ ), затем следовало значительное снижение показателя в августе (рисунок). В сентябре – октябре число доставленных на исследование *I. persulcatus* снижается до нескольких экземпляров в месяц, при этом возрастает число клещей рода *Dermacentor*. Поэтому в этот период риск заражения ИКБ значительно ниже по сравнению с началом эпидемического сезона.

Важно отметить, что инфицирование *B. burgdorferi* s.l. выявлено нами у клещей родов *Ixodes*, *Dermacentor* и *Haemaphysalis*. Однако L. Eisen экспериментально подтвердил, что клещи родов *Dermacentor* и *Haemaphysalis* не способны передавать возбудителей ИКБ млекопитающим [14].

ДНК *B. miyamotoi* обнаружена в 7,2 % (95 % ДИ: 6,02–8,37 %) (133 из 1836 проб). Максимальный показатель инфицированности (10,2 %; 95 % ДИ: 7,8–12,6 %) отмечен в мае. Затем следовало статистически значимое снижение показателя до 1,8 % (95 % ДИ: 0,04–3,56 %) ( $t=5,52$ ;  $p<0,001$ ) в июле с последующим снижением до 0 случаев в октябре (рисунок).



Помесячная динамика выявляемости ДНК возбудителей ИКБ в *I. persulcatus* в эпидемические сезоны 2017–2023 гг. (суммарно)

Monthly dynamics of DNA detection of ITBB pathogens in *I. persulcatus* during the 2017–2023 epidemic seasons (total)



Инфицированность боррелиями комплекса *B. burgdorferi sensu lato* и клещей рода *Ixodes*, собранных с растительности в 2022–2023 гг.  
Infection with *B. burgdorferi sensu lato* complex borrelia of the genus *Ixodes* collected from vegetation in 2022–2023

Исследовано клещей Ticks examined	Выявлена ДНК <i>B. burgdorferi</i> s.l., в том числе DNA of <i>B. burgdorferi</i> s.l. was detected, including												
	Выявлена ДНК <i>B. burgdorferi</i> s.l. DNA <i>B. burgdorferi</i> s.l. was revealed in		выявлена ДНК <i>B. garinii</i> s.l. в том числе DNA <i>B. garinii</i> s.l. was detected, including								микст-инфицирование <i>B. garinii</i> s.l. + <i>B. afzelii</i> mixed infection with <i>B. garinii</i> s.l. + <i>B. afzelii</i>		
			ДНК <i>B. afzelii</i> <i>B. afzelii</i> DNA		ДНК <i>B. garinii</i> s.l. <i>B. garinii</i> s.l. DNA		ДНК <i>B. garinii</i> s.s. <i>B. garinii</i> s.s. DNA		ДНК <i>B. bavarensis</i> <i>B. bavarensis</i> DNA			микст-инфицирование <i>B. garinii</i> s.s. + <i>B. bavarensis</i> mixed infection with <i>B. garinii</i> s.s. + <i>B. bavarensis</i>	
	абс. abs.	% (95 % ДИ) % (95 % CI)	абс. abs.	% (95 % ДИ) % (95 % CI)	абс. abs.	% (95 % ДИ) % (95 % CI)	абс. abs.	% (95 % ДИ) % (95 % CI)	абс. abs.	% (95 % ДИ) % (95 % CI)	абс. abs.	% (95 % ДИ) % (95 % CI)	
418	159	38,0 (33,38–42,69)	75	47,2 (39,41–54,92)	6	18,6 (9,84–27,48)	14	53,3 (42,04–64,62)	40	20,75 (14,45–27,05)	33	20,75 (14,45–27,05)	

Примечание: абс. – абсолютное число; ДИ – доверительный интервал.  
Note: abs. – absolute number; CI – confidence interval.

Ежегодно отмечали случаи сочетанного инфицирования клещей *B. miyamotoi* и боррелиями комплекса *B. burgdorferi* s.l. При этом значения Ct (порогового цикла реакции) ДНК *B. burgdorferi* s.l. в большинстве случаев значительно превышали Ct ДНК *B. miyamotoi*.

В результате видовой идентификации клещей рода *Ixodes*, собранных с растительности, по морфологическим признакам и при подтверждении молекулярно-генетическими методами все 418 исследованных особей отнесены к виду *I. persulcatus*. В результате исследований ДНК боррелий комплекса *B. burgdorferi* s.l. выявлена в 38,0 % (95 % ДИ: 33,38–42,69 %) исследованных клещей (таблица).

ДНК *B. afzelii* содержали 47,2 % (95 % ДИ: 39,41–54,92 %) из 159 проб. При этом микст-инфицирование *B. afzelii* + *B. garinii* s.l. отмечено в 20,75 % (95 % ДИ: 14,45–27,05 %) случаев (таблица). Стоит отметить, что в 42 из 159 (26,4 %; 95 % ДИ: 19,56–33,26 %) клещей, содержащих ДНК боррелий комплекса *B. burgdorferi* s.l., не обнаружена ДНК ни *B. afzelii*, ни боррелий группы *B. garinii* s.l. Это не исключает возможность циркуляции на территории Хабаровского края других видов боррелий комплекса *B. burgdorferi* s.l., зарегистрированных на территории РФ.

Генетический материал боррелий группы *B. garinii* s.l. (*B. garinii* s.s. + *B. bavarensis*) выявлен в 75 (47,2 %; 95 % ДИ: 39,41–54,92 %) из 159 проб (таблица). ДНК *B. bavarensis* обнаружена в 14 (18,6 %; 95 % ДИ: 9,84–27,48 %) из 75 проб. *B. garinii* s.s. инфицированы 8 % (95 % ДИ: 1,86–14,10 %) клещей (6 из 75). При этом микст-инфицирование *B. garinii* s.s. и *B. bavarensis* наблюдалось в 53,3 % (95 % ДИ: 42,04–64,62 %) случаев (в 40 из 75). Генетический материал 15 (20,0 %; 95 % ДИ: 10,94–29,05 %) из 75 проб боррелий группы *B. garinii* s.l. не удалось отнести ни к *B. garinii* s.s., ни к *B. bavarensis*.

Таким образом, в 418 клещах *I. persulcatus*, собранных с растительности, ДНК *B. afzelii* выявлена в 17,9 % (95 % ДИ: 14,26–21,62 %), ДНК *B. garinii* s.s. – в 1,43 % (95 % ДИ: 0,29–2,57 %), ДНК *B. bavarensis* – 3,34 % (95 % ДИ: 1,62–5,07 %) случаев. Показатель инфицированности *B. afzelii* клещей *I. persulcatus* оказался статистически значимо выше такового для *B. garinii* s.s. ( $t=2,86$ ;  $p<0,05$ ) и *B. bavarensis* ( $t=2,02$ ;  $p<0,05$ ), при этом статистически значимых различий показателей инфицированности клещей *B. garinii* s.s. и *B. bavarensis* не выявлено.

Известно, что видовое разнообразие боррелий, циркулирующих в природных очагах, обуславливает характер органических поражений и многообразие клинической картины у пострадавших от присасывания клеща людей в зависимости от этиологии заболевания.

При поражении *B. afzelii* наиболее типичными являются первичные кожные проявления, включая мигрирующую эритему (МЭ) и хронический атрофи-

ческий акродерматит (ХААД), также возможно развитие артрита и нейроборрелиоза. Для *B. garinii* s.l. основной мишенью в организме является нервная система (нейроборрелиоз – менингит и воспалительные поражения периферической нервной системы) [7, 15].

Статистически значимое превышение показателя инфицированности *B. afzelii* клещей *I. persulcatus* – основного вектора возбудителей ИКБ в Хабаровском крае – по сравнению с другими видами возбудителей ИКБ позволяет предположить наибольший удельный вес МЭ и ХААД среди клинических проявлений ИКБ у заболевших на территории Хабаровского края. Вышеизложенное обуславливает необходимость видовой идентификации возбудителей ИКБ в клиническом материале от заболевших и анализа клинических проявлений в зависимости от этиологии заболевания, что станет продолжением настоящего исследования.

Заболеемость населения ИКБ связана с высокими показателями инфицированности иксодовых клещей в природных очагах на территории Хабаровского края. Наибольшие показатели числа нападений на человека и инфицированности возбудителями ИКБ зарегистрированы для вида *I. persulcatus*, что определяет его высокую эпидемиологическую значимость.

Проведенные исследования подтверждают необходимость ежегодного эпидемиологического и эпизоотологического мониторинга, выявления экологических особенностей различных видов боррелий и степени эпидемической опасности природных очагов ИКБ на территории Хабаровского края.

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

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

### Список литературы

1. Steinbrink A., Brugger K., Margos G., Kraiczky P., Klimpel S. The evolving story of *Borrelia burgdorferi* sensu lato transmission in Europe. *Parasitol. Res.* 2022; 121(3):781–803. DOI: 10.1007/s00436-022-07445-3.
2. Pukhovskaya N.M., Morozova O.V., Vysochina N.P., Belozeroва 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. Parasit. Parasites Wildl.* 2019; 8:192–202. DOI: 10.1016/j.ijppaw.2019.01.005.
3. Рудакова С.А., Пен'евская Н.А., Блох А.И., Савельев Д.А., Теслова О.Е., Канешова Н.Е., Рудаков Н.В., Транквилевский Д.В. Эпидемиологическая ситуация по иксодовым клещевым боррелиозам в Российской Федерации в 2019 г. в сравнении с периодом 2002–2018 гг. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2020; 3:131–8. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-3-131-138.
4. Рудакова С.А., Теслова О.Е., Муталинова Н.Е., Пен'евская Н.А., Блох А.И., Рудаков Н.В., Савельев Д.А., Кузьменко Ю.Ф., Транквилевский Д.В. Обзор эпидемиологической ситуации по иксодовым клещевым боррелиозам в Российской Федерации в 2013–2022 гг. и прогноз на 2023 г. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2023; 2:75–87. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-2-75-87.
5. Branda J.A., Steere A.C. Laboratory diagnosis of Lyme borreliosis. *Clin. Microbiol. Rev.* 2021; 34(2):e00018-19. DOI: 10.1128/CMR.00018-19.
6. Stanek G., Reiter M. The expanding Lyme Borrelia complex – clinical significance of genomic species? *Clin. Microbiol. Infect.* 2011; 17(4):487–93. DOI: 10.1111/j.1469-0691.2011.03492.x.

7. Jahfari S., Krawczyk A., Coipan E.C., Fonville M., Hovius J.W., Sprong H., Takumi K. Enzootic origins for clinical manifestations of Lyme borreliosis. *Infect. Genet. Evol.* 2017; 49:48–54. DOI: 10.1016/j.meegid.2016.12.030.
8. Багаутдинова Л.И., Платонов А.Е., Сарксян Д.С., Стуколова О.В., Шипулин Г.А., Малеев В.В., Дударев М.В. Катамнез больных иксодовыми клещевыми боррелиозами, вызванными *Borrelia miyamotoi* или *Borrelia burgdorferi* sensu lato. *Терапевтический архив.* 2016; 11:43–54. DOI: 10.17116/terarkh2016881143-54.
9. Драгомерецкая А.Г., Мжелская Т.В., Троценко О.Е., Бондаренко Е.И., Иванов Л.И., Романова А.П., Мокрецова Е.В. Инфицированность переносчиков и случаи заражения людей *Borrelia miyamotoi* на территории Хабаровского края. Аналитическая справка. Хабаровск; 2017. Сер. Библиотека инфекционной патологии. Вып. 59. 14 с.
10. Cutler S.J. Relapsing fever borreliae: a global review. *Clin. Lab. Med.* 2015; 35(4):847–65. DOI: 10.1016/j.cll.2015.07.001.
11. Bohe J.R., Jutras B.L., Horn E.J., Embers M.E., Bailey A., Moritz R.L., Zhang Y., Soloski M.J., Ostfeld R.S., Marconi R.T., Aucott J., Ma'ayan A., Keesing F., Lewis K., Ben Mamoun C., Rebman A.W., McClune M.E., Breitschwerdt E.B., Reddy P.J., Maggi R., Yang F., Nemser B., Ozcan A., Garner O., Di Carlo D., Ballard Z., Joung H.A., Garcia-Romeu A., Griffiths R.R., Baumgarth N., Fallon B.A. Recent progress in Lyme disease and remaining challenges. *Front. Med. (Lausanne).* 2021; 8:666554. DOI: 10.3389/fmed.2021.666554.
12. Crowder C.D., Matthews H.E., Schutzer S., Rounds M.A., Luft B.J., Nolte O., Campbell S.R., Phillipson C.A., Li F., Sampath R., Ecker D.J., Eshoo M.W. Genotypic variation and mixtures of Lyme *Borrelia* in Ixodes ticks from North America and Europe. *PLoS One.* 2010; 5(5):645–70. DOI: 10.1371/journal.pone.0010650.
13. Ornstein K., Barbour A.G. A reverse transcriptase-polymerase chain reaction assay of *Borrelia burgdorferi* 16S rRNA for highly sensitive quantification of pathogen load in a vector. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2006; 6(1):103–12. DOI: 10.1089/vbz.2006.6.103.
14. Eisen L. Vector competence studies with hard ticks and *Borrelia burgdorferi* sensu lato spirochetes: A review. *Ticks Tick Borne Dis.* 2020; 11(3):101359. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2019.101359.
15. Coipan E.C., Jahfari S., Fonville M., Oei G.A., Spanjaard L., Takumi K., Hovius J.W.R., Sprong H. Imbalanced presence of *Borrelia burgdorferi* s.l. multilocus sequence types in clinical manifestations of Lyme borreliosis. *Infect. Genet. Evol.* 2016; 42:66–76. DOI: 10.1016/j.meegid.2016.04.019.

### References

1. Steinbrink A., Brugger K., Margos G., Kraiczky P., Klimpel S. The evolving story of *Borrelia burgdorferi* sensu lato transmission in Europe. *Parasitol. Res.* 2022; 121(3):781–803. DOI: 10.1007/s00436-022-07445-3.
2. Pukhovskaya N.M., Morozova O.V., Vysochina N.P., Belozeroва 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. Parasit. Parasites Wildl.* 2019; 8:192–202. DOI: 10.1016/j.ijppaw.2019.01.005.
3. Rudakova S.A., Pen'evskaya N.A., Blokh A.I., Savel'ev D.A., Teslova O.E., Kaneshova N.E., Rudakov N.V., Trankvilevsky D.V. [Epidemiological situation on tick-borne borreliosis in the Russian Federation in 2019 compared to the period of 2002–2018]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2020; (3):131–8. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-3-131-138.
4. Rudakova S.A., Teslova O.E., Mutalynova N.E., Pen'evskaya N.A., Blokh A.I., Rudakov N.V., Savel'ev D.A., Kuz'menko Yu.F., Trankvilevsky D.V. [Review of the epidemiological situation on Ixodic tick-borne borreliosis in the Russian Federation in 2013–2022 and forecast for 2023]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2023; (2):75–87. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-2-75-87.
5. Branda J.A., Steere A.C. Laboratory diagnosis of Lyme borreliosis. *Clin. Microbiol. Rev.* 2021; 34(2):e00018-19. DOI: 10.1128/CMR.00018-19.
6. Stanek G., Reiter M. The expanding Lyme Borrelia complex – clinical significance of genomic species? *Clin. Microbiol. Infect.* 2011; 17(4):487–93. DOI: 10.1111/j.1469-0691.2011.03492.x.
7. Jahfari S., Krawczyk A., Coipan E.C., Fonville M., Hovius J.W., Sprong H., Takumi K. Enzootic origins for clinical manifestations of Lyme borreliosis. *Infect. Genet. Evol.* 2017; 49:48–54. DOI: 10.1016/j.meegid.2016.12.030.
8. Bagautdinova L.I., Platonov A.E., Sarksyian D.S., Stukolova O.V., Shipulin G.A., Maleev V.V., Dudarev M.V. [Follow-up of patients with Ixodid tick-borne borreliosis caused by *Borrelia miyamotoi* or *Borrelia burgdorferi* sensu lato]. *Terapevtichesky Arkhiv [Therapeutic Archive]*. 2016; (11):43–54. DOI: 10.17116/terarkh2016881143-54.

9. Dragomeretskaya A.G., Mzhel'skaya T.V., Trotsenko O.E., Bondarenko E.I., Ivanov L.I., Romanova A.P., Mokretsova E.V. [Infection of Vectors and Cases of Human Infection with *Borrelia miyamotoi* in the Khabarovsk Territory. Analytical Review]. Khabarovsk; 2017. Series Library of Infectious Pathology. Iss. 59. 14 p.
10. Cutler S.J. Relapsing fever borreliae: a global review. *Clin. Lab. Med.* 2015; 35(4):847–65. DOI: 10.1016/j.cll.2015.07.001.
11. Bobe J.R., Jutras B.L., Horn E.J., Embers M.E., Bailey A., Moritz R.L., Zhang Y., Soloski M.J., Ostfeld R.S., Marconi R.T., Aucott J., Ma'ayan A., Keesing F., Lewis K., Ben Mamoun C., Rebman A.W., McClune M.E., Breitschwerdt E.B., Reddy P.J., Maggi R., Yang F., Nemser B., Ozcan A., Garner O., Di Carlo D., Ballard Z., Joung H.A., Garcia-Romeu A., Griffiths R.R., Baumgarth N., Fallon B.A. Recent progress in Lyme disease and remaining challenges. *Front. Med. (Lausanne)*. 2021; 8:666554. DOI: 10.3389/fmed.2021.666554.
12. Crowder C.D., Matthews H.E., Schutzer S., Rounds M.A., Luft B.J., Nolte O., Campbell S.R., Phillipson C.A., Li F., Sampath R., Ecker D.J., Eshoo M.W. Genotypic variation and mixtures of Lyme *Borrelia* in *Ixodes* ticks from North America and Europe. *PLoS One*. 2010; 5(5):645–70. DOI: 10.1371/journal.pone.0010650.
13. Ornstein K., Barbour A.G. A reverse transcriptase-polymerase chain reaction assay of *Borrelia burgdorferi* 16S rRNA

for highly sensitive quantification of pathogen load in a vector. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2006; 6(1):103–12. DOI: 10.1089/vbz.2006.6.103.

14. Eisen L. Vector competence studies with hard ticks and *Borrelia burgdorferi* sensu lato spirochetes: A review. *Ticks Tick Borne Dis.* 2020; 11(3):101359. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2019.101359.

15. Coipan E.C., Jahfari S., Fonville M., Oei G.A., Spanjaard L., Takumi K., Hovius J.W.R., Sprong H. Imbalanced presence of *Borrelia burgdorferi* s.l. multilocus sequence types in clinical manifestations of Lyme borreliosis. *Infect. Genet. Evol.* 2016; 42:66–76. DOI: 10.1016/j.meegid.2016.04.019.

#### Authors:

Belkina N.V., Dragomeretskaya A.G., Trotsenko O.E., Ausheva T.A. Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology. 2, Shevchenko St., Khabarovsk, 680000, Russian Federation. E-mail: adm@hniiem.ru.

#### Об авторах:

Белкина Н.В., Драгомерецкая А.Г., Троценко О.Е., Аушева Т.А. Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии. Российская Федерация, 680000, Хабаровск, ул. Шевченко, 2. E-mail: adm@hniiem.ru.