

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-3-154-159

УДК 579.841.95:579

В.М. Сорокин, Н.В. Павлович, М.В. Цимбалистова, Н.В. Аронова, А.С. Водопьянов, Р.В. Писанов

Генетическая гетерогенность штаммов *Francisella tularensis* subspecies *mediasiatica*

ФКУЗ «Ростовский-на-Дону научно-исследовательский противочумный институт», Ростов-на-Дону, Российская Федерация

Цель исследования – сравнительный филогенетический анализ штаммов *Francisella tularensis* subsp. *mediasiatica*, изолированных на территориях современных республик Казахстан и Узбекистан, Алтайского края и Республики Алтай Российской Федерации в период с 1960 по 2024 г. **Материалы и методы.** Использовали 77 штаммов *F. tularensis*, изолированных в период с 1960 по 2024 г. на территориях современных республик Казахстан и Узбекистан, Алтайского края и Республики Алтай Российской Федерации. Для определения подвида применяли метод INDEL-типирования. VNTR-генотипирование проводили по пяти локусам. Выявление клональных комплексов осуществляли методом MST. **Результаты и обсуждение.** Сравнительный анализ VNTR-генотипов 42 штаммов *F. tularensis* subsp. *mediasiatica*, циркулирующих в природных очагах Алтая с 2011 по 2024 г., позволил выявить три клональных комплекса (CC1 – CC3), представленных соответственно 13, 14 и 7 индивидуальными генотипами. Штаммы (27) «казахстанской» популяции штаммов *F. tularensis* subsp. *mediasiatica* представлены отдельным клональным комплексом CC4. Впервые установлено, что «алтайская» популяция штаммов *F. tularensis* подвида *mediasiatica* представлена тремя клональными комплексами CC1 – CC3. На одних и тех же территориях Алтайского региона в разное время могут циркулировать штаммы различных клональных комплексов. Отмечено высокое генетическое разнообразие «алтайской» популяции штаммов среднеазиатского подвида (индекс разнообразия Нея $DI = 0,991$). Впервые проведен сравнительный филогенетический анализ «казахстанской» и «алтайской» популяций возбудителя туляремии среднеазиатского подвида. Показано, что «казахстанская» популяция образует отдельный клональный комплекс CC4 и связана с «алтайскими» клональными комплексами через разные клоны. Результаты генотипирования указывают на возможное происхождение «алтайской» популяции штаммов подвида *mediasiatica*.

Ключевые слова: *Francisella tularensis*, subsp. *mediasiatica*, VNTR, клональный комплекс, филогенетический анализ.

Корреспондирующий автор: Сорокин Владимир Михайлович, e-mail: sorokin_vm@antiplague.ru.

Для цитирования: Сорокин В.М., Павлович Н.В., Цимбалистова М.В., Аронова Н.В., Водопьянов А.С., Писанов Р.В. Генетическая гетерогенность штаммов *Francisella tularensis* subspecies *mediasiatica*. Проблемы особо опасных инфекций. 2025; 3:154–159. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-3-154-159

Поступила 28.02.2025. Отправлена на доработку 24.03.2025. Принята к публикации 14.04.2025.

V.M. Sorokin, N.V. Pavlovich, M.V. Tsimbalistova, N.V. Aronova, A.S. Vodop'yanov, R.V. Pisanov

Genetic Heterogeneity of *Francisella tularensis* Subspecies *mediasiatica* Strains

Rostov-on-Don Research Anti-Plague Institute, Rostov-on-Don, Russian Federation

Abstract. The aim of the study was to conduct comparative phylogenetic analysis of *Francisella tularensis* subsp. *mediasiatica* strains isolated in different territories of contemporary Republics of Kazakhstan, Uzbekistan, Altai Territory, and the Altai Republic in the period between 1960 and 2024. **Materials and methods.** We used 77 *F. tularensis* strains isolated in the territories of Kazakhstan, Uzbekistan, Altai Territory and the Altai Republic of the Russian Federation in the period from 1960 to 2024. To determine the subspecies, the INDEL typing method was used. VNTR genotyping was carried out at 5 loci. Identification of clonal complexes was carried out using the MST method. **Results and discussion.** Comparative analysis of VNTR genotypes of 42 *F. tularensis* subsp. *mediasiatica* strains circulating in natural foci of Altai between 2011 and 2024 made it possible to identify three clonal complexes (CC1-CC3), represented by 13, 14 and 7 individual genotypes, respectively. Strains of the “Kazakhstan” population of *F. tularensis* subsp. *mediasiatica* are represented by a separate clonal complex CC4. It has been established for the first time that the “Altai” population of *F. tularensis* strains of the subspecies *mediasiatica* is represented by three clonal complexes CC1-CC3. In the same territories of the Altai region, strains of different clonal complexes can circulate at different times. High genetic diversity of the Altai population subsp. *mediasiatica* was noted (Nei diversity index $DI = 0.991$). For the first time, a comparable phylogenetic analysis of the “Kazakhstan” and “Altai” populations of the causative agent of tularemia subsp. *mediasiatica* has been carried out. It is shown that the “Kazakhstan” population forms a separate clonal complex CC4 and it is connected with the Altai clonal complexes through different clones. The results of genotyping indicate the possible origin of the “Altai” population of *mediasiatica* subspecies.

Key words: *Francisella tularensis*, subsp. *mediasiatica*, VNTR, clonal complex, phylogenetic analysis.

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

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

Corresponding author: Vladimir M. Sorokin, e-mail: sorokin_vm@antiplague.ru.

Citation: Sorokin V.M., Pavlovich N.V., Tsimbalistova M.V., Aronova N.V., Vodop'yanov A.S., Pisanov R.V. Genetic Heterogeneity of *Francisella tularensis* Subspecies *mediasiatica* Strains. Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2025; 3:154–159. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-3-154-159

Received 28.02.2025. Revised 24.03.2025. Accepted 14.04.2025.

Sorokin V.M., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1835-1496>
Pavlovich N.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8287-4294>
Tsimbalistova M.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4091-649X>
Aronova N.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7772-9276>

Vodop'yanov A.S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9056-3231>
Pisanov R.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7178-8021>

Туляремия – опасный зооноз, природные очаги которого широко распространены в Северном полушарии, включая территорию Российской Федерации. Возбудитель туляремии – *Francisella tularensis* – подразделяется на четыре подвида: *F. tularensis* subsp. *tularensis*, *F. tularensis* subsp. *holarctica*, *F. tularensis* subsp. *mediasiatica*, *F. tularensis* subsp. *novicida*, – которые различаются по своей патогенности и приуроченности к ландшафтно-географическим зонам [1]. Исторически такое разделение обусловлено различными ареалами циркуляции штаммов, их отличиями в биохимической активности и патогенности для разных хозяев [2, 3].

F. tularensis subsp. *tularensis* высоковирулентна для кроликов; *F. tularensis* subsp. *holarctica* менее вирулентна, а *F. tularensis* subsp. *mediasiatica* с ограниченным распространением в Центральной Азии (Казахстан и Туркменистан) [2, 3], Алтайском крае и Республике Алтай по вирулентности для кроликов сходна с возбудителем туляремии subsp. *holarctica* [1]. Генетическое разнообразие подвидов *tularensis* и *holarctica* достаточно хорошо описано в литературе благодаря их широкому распространению и установленной патогенности для человека. Подвид *mediasiatica* наименее изучен в силу доступности для исследования лишь единичных штаммов этого подвида. В экспериментах по изучению патогенного потенциала штаммов разных подвидов с использованием иммунизированных белых мышей установлено, что культуры подвида *mediasiatica* проявляют промежуточную вирулентность между штаммами подвида *tularensis* и *holarctica* [4].

В последние годы ситуация изменилась в связи с выделением штаммов среднеазиатского подвида на территории Алтайского края Российской Федерации [5]. Показано, что три изолята подвида *mediasiatica* отличаются от штаммов, ранее выделенных на территории Средней Азии. В 2013–2014 гг. в Алтайском крае были выделены еще 15 штаммов подвида *mediasiatica*. Проведено сравнительное исследование их MLVA-генотипов по 11 VNTR-локусам, а также изолятов, обнаруженных ранее в Средней Азии. На основании полученных результатов предложено разделение штаммов подвида *mediasiatica* на три филогенетических подгруппы: М.І, М.ІІ и М.ІІІ [6]. Подгруппа М.І представлена классическими штаммами из Центральной Азии, подгруппа М.ІІ состоит из «алтайских» штаммов, а подгруппа М.ІІІ представлена единственным штаммом, выделенным в Узбекской ССР в 1960 г. Позднее культура среднеазиатского подвида с генотипом, идентичным «алтайскому» штамму, обнаружена в Красноярском крае на расстоянии более 500 км от точки выделения указанного штамма [4]. По данным полногеномного SNP-анализа удалось разделить подгруппу М.ІІ на

две подгруппы [4]. В 2024 г. опубликованы результаты филогенетического исследования 27 штаммов возбудителя туляремии среднеазиатского подвида, выделенных в Казахской ССР и на территории современной Республики Казахстан с 1965 по 2004 г. [7]. В 2022–2024 гг. в коллекцию Ростовского-на-Дону противочумного института поступило 25 штаммов *F. tularensis* subsp. *mediasiatica*, выделенных в Алтайском крае и Республике Алтай.

Цель исследования – сравнительный филогенетический анализ штаммов *F. tularensis* subsp. *mediasiatica*, изолированных в период с 1960 по 2024 г. на территориях современных республик Казахстан и Узбекистан, Алтайского края и Республики Алтай Российской Федерации.

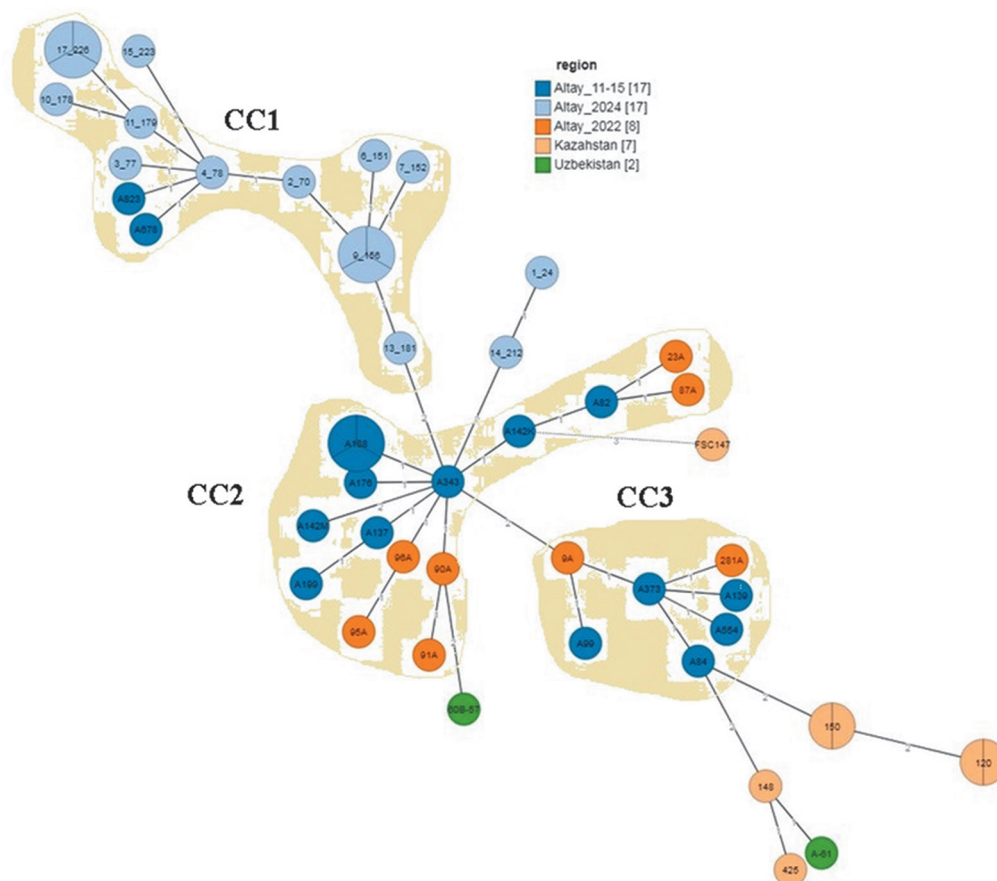
Материалы и методы

В работе использованы данные о VNTR-генотипах 77 штаммов *F. tularensis* подвида *mediasiatica*, изолированных из различных объектов в период с 1960 по 2024 г., а также данные VNTR-генотипов из MLVAbank [8]. Для детекции VNTR-локусов ПЦР проводили отдельно для каждого из 5 локусов, как описано ранее [9]. Кластерный анализ и построение филогенетического дерева проводили с использованием программы GrapeTree (алгоритм MST) [10]. Для подтверждения подвидовой принадлежности применяли метод INDEL-типирования [9, 11, 12].

Результаты и обсуждение

На первом этапе исследования проведено генотипирование 50 штаммов *F. tularensis* subsp. *mediasiatica* по пяти VNTR-локусам, как описано ранее [9]. Предварительно для всех изученных штаммов подтвержден среднеазиатский подвид методом INDEL-типирования. В работе использованы как результаты собственных исследований, так и данные из MLVAbank [8]. Филогенетический анализ MLVA-генотипов методом MST (minimum spanning tree) позволил разделить изученные штаммы на три клональных комплекса (рис. 1).

Клональный комплекс CC1 представлен 15 из 17 штаммов, выделенных в Республике Алтай в 2024 г. и 2 штаммами из природных очагов Алтайского края (2011–2015 гг.). Кластер CC2 включал 9 из 15 «алтайских» штаммов (2011–2015 гг.) и 6 штаммов, выделенных в Республике Алтай в 2022 г. В комплекс CC3 вошли 2 штамма из Алтайского края (2011–2015 гг.) и 5 штаммов, выделенных в 2011–2015 гг. и 2022 г. на территории Республики Алтай. Проведенное исследование не позволило установить принадлежность 8 штаммов из очагов Казахстана и Узбекистана ни к одному из клональных комплексов.



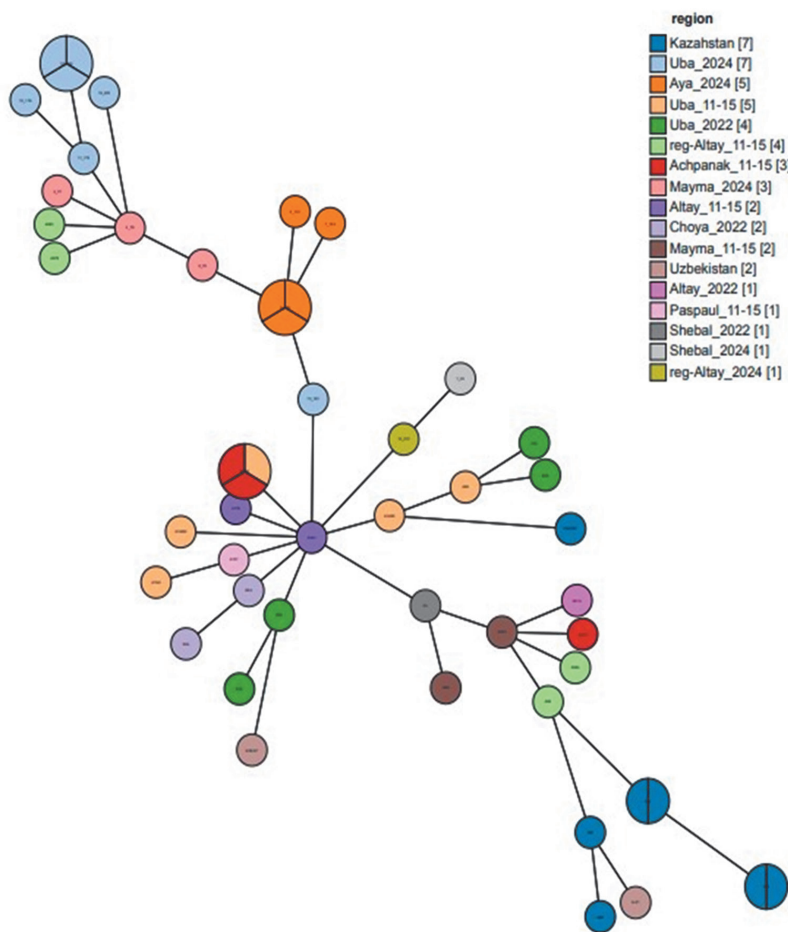


Рис. 2. Географическое распределение клональных комплексов *F. tularensis*
Fig. 2. Geographical distribution of *F. tularensis* clonal complexes

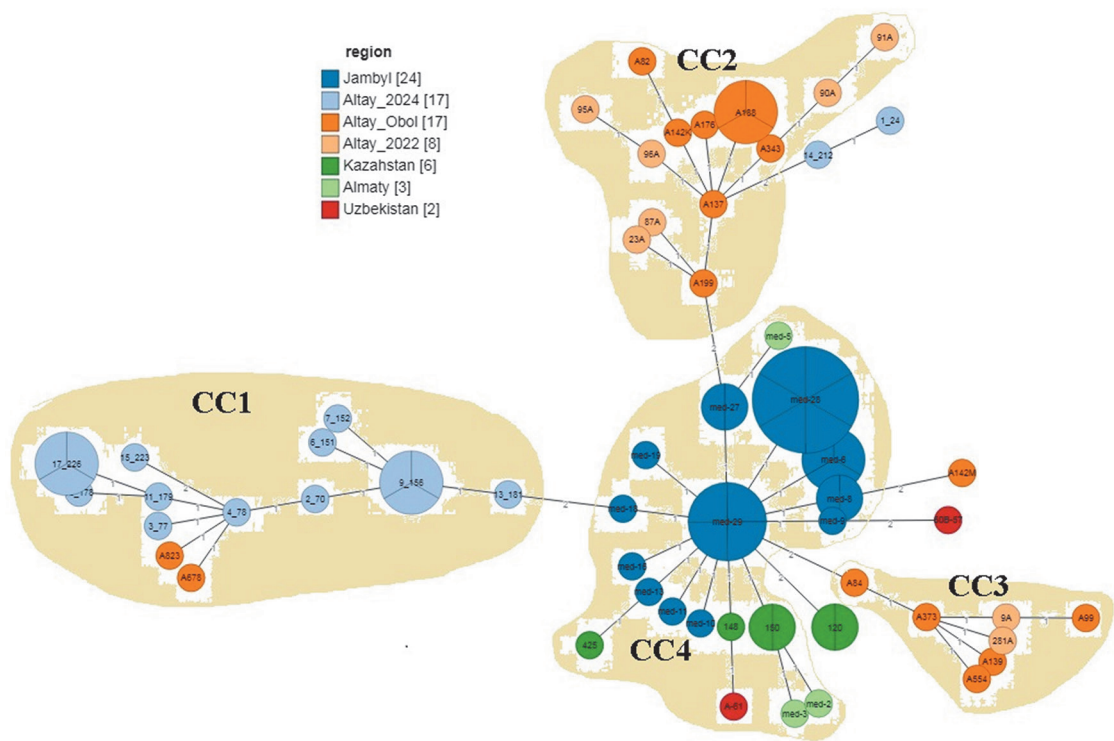


Рис. 3. Структура клональных комплексов, выявленная при MST-анализе MLVA-генотипов «алтайской» и «казахстанской» популяций штаммов *F. tularensis* subsp. *mediasiatica*
Fig. 3. The structure of clonal complexes revealed through MST analysis of MLVA genotypes in the “Altai” and “Kazakhstan” populations of *F. tularensis* subsp. *mediasiatica* strains

тыре генетические сублинии [7]. Наблюдается частичное соответствие между этими сублиниями и генетическими линиями кластера CC4. Центральным клон принадлежит к линии M.I_1, линии M.I_3 соответствует линия, содержащая штаммы med-2(S2), med-3(S3) и два «казахстанских» штамма из нашей коллекции, а линия M.I_4 включает все остальные штаммы комплекса CC4. Комплекс CC4 занимает центральную позицию и связан с алтайскими популяциями через разные клоны. Ранее предложены две гипотезы происхождения «алтайской» популяции подвида *mediasiatica*: недавнее случайное распространение за пределы ареала или слабая изученность распространения этого подвида [4]. Полученные нами данные позволяют предположить, что предшественником «алтайской» популяции штаммов подвида *mediasiatica* является «казахстанская» популяция, причем у каждого из клональных комплексов CC1 – CC3 имеется свой клон-предшественник. Самая многочисленная сублиния M.I_4 близкородственных изолятов «казахстанской» популяции представлена штаммами, выделенными, по крайней мере, в течение пяти эпизоотий за 40-летний период на двух независимых территориях, удаленных друг от друга на расстояние около 500 км. Ранее показано, что штамм подвида *mediasiatica* с генотипом, идентичным «алтайскому», был выделен в Красноярском крае на расстоянии более 500 км от точки изоляции указанного штамма [4]. Этот факт свидетельствует о более широком ареале циркуляции подвида *mediasiatica* на территории Российской Федерации.

Возможно, расширение ареала связано с ежегодными миграционными потоками перелетных птиц и их потенциальной ролью в качестве транспортеров инфицированных возбудителем туляремии переносчиков [13, 14] либо этиологических агентов [15, 16] с их последующим включением в паразитарные системы природных очагов Алтая.

Таким образом, нами впервые показано, что «алтайская» популяция штаммов *F. tularensis* подвида *mediasiatica* представлена тремя клональными комплексами CC1 – CC3. На одних и тех же территориях Алтайского региона в разное время могут циркулировать штаммы туляремийного микроба различных клональных комплексов. Отмечено высокое генетическое разнообразие «алтайской» популяции штаммов среднеазиатского подвида (индекс разнообразия Нея $DI = 0,991$). Впервые проведен сравнительный филогенетический анализ «казахстанской» и «алтайской» популяций возбудителя туляремии среднеазиатского подвида. Показано, что «казахстанская» популяция образует отдельный клональный комплекс CC4 и связана с «алтайскими» клональными комплексами через разные клоны. Результаты генотипирования указывают на возможное происхождение «алтайской» популяции штаммов подвида *mediasiatica*. Подтверждено расширение ареала и генетического разнообразия *F. tularensis* subsp. *mediasiatica* на территории Российской Федерации.

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. Keim P., Johansson A., Wagner D.M. Molecular epidemiology, evolution, and ecology of *Francisella*. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 2007; 1105:30–66. DOI: 10.1196/annals.1409.0111.
2. Aikimbaev M.A. Taxonomy of the genus *Francisella*. *Rep. Acad. Sci. Kaz. SSR Ser. Biol.* 1966; 5:42–4.
3. Olsufjev N.G., Meshcheryakova I.S. Subspecific taxonomy of *Francisella tularensis* McCoy and Chapin 1912. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 1983; 33(4):872–4. DOI: 10.1099/00207713-33-4-87221.
4. Timofeev V., Bakhteeva I., Mokrievich A., Vakhrameeva G., Gritskova E., Anisimov Yu., Rozhdestvensky E., Bazarova G., Zhumakaev R., Dyatlov I., Vergnaud G. The first finding of *Francisella tularensis* subsp. *mediasiatica* in Krasnoyarsk Territory, Siberia, and an update of the subspecies genetic diversity. *Bacteria*. 2022; 1(4):242–49. DOI: 10.3390/bacteria1040018.
5. Мокриевич А.Н., Тимофеев В.С., Кудрявцева Т.Ю., Уланова Г.И., Карбышева С.Б., Миронова Р.И., Вахрамеева Г.М., Губарева Т.И., Павлов В.М., Дятлов И.А. Выделение среднеазиатского подвида туляремийного микроба на территории Алтайского края. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2013; (1):66–9. DOI: 10.21055/0370-1069-2013-1-66-69.
6. Timofeev V., Bakhteeva I., Titareva G., Kopylov P., Christiany D., Mokrievich A., Dyatlov I., Vergnaud G. Russian isolates enlarge the known geographic diversity of *Francisella tularensis* subsp. *mediasiatica*. *PLoS One*. 2017; 12(9):e0183714. DOI: 10.1371/journal.pone.0183714.
7. Shevtsov A., Izbanova U., Amirgazin A., Kairzhanova A., Dauletov A., Kiyon V., Vergnaud G. Genetic homogeneity of *Francisella tularensis* subsp. *mediasiatica* strains in Kazakhstan. *Pathogens*. 2024; 13(7):581. DOI: 10.3390/pathogens13070581.
8. MLVAbank. Public Databases. [Электронный ресурс]. URL: <https://microbesgenotyping.i2bc.paris-saclay.fr/databases/> (дата обращения 26.07.2024).
9. Сорокин В.М., Павлович Н.В., Цимбалистова М.В., Водопьянов А.С., Писанов Р.В., Базарова Г.Х., Рождественский Е.Н., Носков А.К. Генетическое разнообразие штаммов *Francisella tularensis* подвида *mediasiatica*. *Вестник биотехнологии и физико-химической биологии им. Ю.А. Овчинникова*. 2023; 19(4):21–7.
10. Zhou Z., Alikhan N.F., Sergeant M.J., Luhmann N., Vaz C., Francisco A.P., Carriço J.A., Achtman M. GrapeTree: visualization of core genomic relationships among 100,000 bacterial pathogens. *Genome Res.* 2018; 28(9):1395–404. DOI: 10.1101/gr.232397.f17.
11. Сорокин В.М., Водопьянов А.С., Цимбалистова М.В., Павлович Н.В. Дифференциация подвидов *Francisella tularensis* методом INDEL-типирования. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунологии*. 2022; 99(2):193–201. DOI: 10.36233/0372-9311-189.
12. Сорокин В.М., Водопьянов А.С., Павлович Н.В., Цимбалистова М.В. Способ определения подвидов *Francisella tularensis* методом мультипраймерной ПЦР. Патент РФ № 2765495, опубл. 31.01.2022.
13. Hasle G., Bjune G., Edvardsen E., Jakobsen C., Linnehol B., Røer J.E., Mehl R., Røed K.H., Pedersen J., Leinaas H.P. Transport of ticks by migratory passerine birds to Norway. *J. Parasitol.* 2009; 95(6):1342–51. DOI: 10.1645/GE-2146.1.
14. Pito A., Bukor B., Györfi E., Brlik V., Kontschán J., Keve G., Takács N., Hornok S. Investigations of the tick burden on passeriform, water-associated and predatory birds reveal new tick-host associations and habitat-related factors of tick infestation. *Parasit. Vectors*. 2024; 17(1):144. DOI: 10.1186/s13071-024-06229-1.
15. Padeshki P.I., Ivanov I.N., Popov B., Kantardjiev T.V. The role of birds in dissemination of *Francisella tularensis*: first direct molecular evidence for bird-to-human transmission. *Epidemiol. Infect.* 2010; 138(3):376–9. DOI: 10.1017/S0950268809990513.
16. Lopes de Carvalho I., Zé-Zé L., Alves A.S., Pardal S., Lopes R.J., Mendes L., Nuncio M.S. *Borrelia garinii* and *Francisella tularensis* subsp. *holarctica* detected in migratory shorebirds in Portugal. *Eur. J. Wildl. Res.* 2012; 58(5):857–61. DOI: 10.1007/s10344-012-0617-3.

References

1. Keim P., Johansson A., Wagner D.M. Molecular epidemiology, evolution, and ecology of *Francisella*. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 2007; 1105:30–66. DOI: 10.1196/annals.1409.0111.

2. Aikimbaev M.A. Taxonomy of the genus *Francisella*. *Rep. Acad. Sci. Kaz. SSR Ser. Biol.* 1966; 5:42–4.
3. Olsufjev N.G., Meshcheryakova I.S. Subspecific taxonomy of *Francisella tularensis* McCoy and Chapin 1912. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 1983; 33(4):872–4. DOI: 10.1099/00207713-33-4-87221.
4. Timofeev V., Bakhteeva I., Mokrievich A., Vakhrameeva G., Gritskova E., Anisimov Yu., Rozhdestvensky E., Bazarova G., Zhumakaev R., Dyatlov I., Vergnaud G. The first finding of *Francisella tularensis* subsp. *mediasiatica* in Krasnoyarsk Territory, Siberia, and an update of the subspecies genetic diversity. *Bacteria*. 2022; 1(4):242–49. DOI: 10.3390/bacteria1040018.
5. Mokrievich A.N., Timofeev V.S., Kudryavceva T.Yu., Ulanova G.I., Karbysheva S.B., Mironova R.I., Vakhrameeva G.M., Gubareva T.I., Pavlov V.M., Dyatlov I.A. [Isolation of the Central Asian subspecies of the tularemia microbe in the Altai Territory]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2013; (1):66–9. DOI: 10.21055/0370-1069-2013-1-66-69.
6. Timofeev V., Bakhteeva I., Titareva G., Kopylov P., Christiany D., Mokrievich A., Dyatlov I., Vergnaud G. Russian isolates enlarge the known geographic diversity of *Francisella tularensis* subsp. *mediasiatica*. *PLoS One*. 2017; 12(9):e0183714. DOI: 10.1371/journal.pone.0183714.
7. Shevtsov A., Izbanova U., Amirgazin A., Kairzhanova A., Dauletov A., Kiyan V., Vergnaud G. Genetic homogeneity of *Francisella tularensis* subsp. *mediasiatica* strains in Kazakhstan. *Pathogens*. 2024; 13(7):581. DOI: 10.3390/pathogens13070581.
8. MLVAbank. Public Databases. (Cited 26 July 2024). [Internet]. Available from: <https://microbesgenotyping.i2bc.paris-saclay.fr/databases/>.
9. Sorokin V.M., Pavlovich N.V., Cimbalistova M.V., Vodop'yanov A.S., Pisanov R.V., Bazarova G.H., Rozhdestvenskiy E.N., Noskov A.K. [Genetic diversity of *Francisella tularensis* subspecies *mediasiatica* strains]. *Vestnik Biotehnologii i Fiziko-Khimicheskoi Biologii im. Yu.A. Ovchinnikova [Bulletin of Biotechnology and Physicochemical Biology named after Yu.A. Ovchinnikov]*. 2023; 19(4):21–7.
10. Zhou Z., Alikhan N.F., Sergeant M.J., Luhmann N., Vaz C., Francisco A.P., Carriço J.A., Achtman M. GrapeTree: visualization of core genomic relationships among 100,000 bacterial pathogens. *Genome Res*. 2018; 28(9):1395–404. DOI: 10.1101/gr.232397.117.
11. Sorokin V.M., Vodop'yanov A.S., Tsimbalistova M.V., Pavlovich N.V. [Differentiation of the *Francisella tularensis* subspecies by the INDEL typing method]. *Zhurnal Mikrobiologii, Epidemiologii i Immunobiologii [Journal of Microbiology, Epidemiology and Immunobiology]*. 2022; 99(2):193–202. DOI: 10.36233/0372-9311-189.
12. Sorokin V.M., Vodop'yanov A.S., Pavlovich N.V., Tsimbalistova M.V. [Method for determining *Francisella tularensis* subspecies using multi-primer PCR]. RF Patent No. 2765495, publ. 31 Jan 2022.
13. Hasle G., Bjune G., Edvardsen E., Jakobsen C., Linnehol B., Røer J.E., Mehl R., Røed K.H., Pedersen J., Leinaas H.P. Transport of ticks by migratory passerine birds to Norway. *J. Parasitol.* 2009; 95(6):1342–51. DOI: 10.1645/GE-2146.1.
14. Pito A., Bukor B., Györgi E., Brlik V., Kotschán J., Keve G., Takács N., Hornok S. Investigations of the tick burden on passeriform, water-associated and predatory birds reveal new tick-host associations and habitat-related factors of tick infestation. *Parasit. Vectors*. 2024; 17(1):144. DOI: 10.1186/s13071-024-06229-1.
15. Padeshki P.I., Ivanov I.N., Popov B., Kantardjiev T.V. The role of birds in dissemination of *Francisella tularensis*: first direct molecular evidence for bird-to-human transmission. *Epidemiol. Infect.* 2010; 138(3):376–9. DOI: 10.1017/S0950268809990513.
16. Lopes de Carvalho I., Zé-Zé L., Alves A.S., Pardal S., Lopes R.J., Mendes L., Nuncio M.S. *Borrelia garinii* and *Francisella tularensis* subsp. *holarctica* detected in migratory shorebirds in Portugal. *Eur. J. Wildl. Res.* 2012; 58(5):857–61. DOI: 10.1007/s10344-012-0617-3.

Authors:

Sorokin V.M., Pavlovich N.V., Tsimbalistova M.V., Aronova N.V., Vodop'yanov A.S., Pisanov R.V. Rostov-on-Don Research Anti-Plague Institute. 117/40, M. Gor'kogo St., Rostov-on-Don, 344002, Russian Federation. E-mail: plague@aaanet.ru.

Об авторах:

Сорокин В.М., Павлович Н.В., Цимбалистова М.В., Аронова Н.В., Водопьянов А.С., Писанов Р.В. Ростовский-на-Дону научно-исследовательский противочумный институт. Российская Федерация, 344002, Ростов-на-Дону, ул. М. Горького, 117/40. E-mail: plague@aaanet.ru.