

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-3-160-169

УДК 616-07:616.9(477.72+477.64)

Д.В. Ульшина, О.В. Васильева, О.А. Гнусарева, Ю.В. Сирица, А.С. Волюнкина,
М.Е. Михайлова, Л.И. Шапошникова, А.Н. Куличенко

Выявление возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней бактериальной природы в отдельных районах Херсонской и Запорожской областей в 2023 г.

ФКУЗ «Ставропольский научно-исследовательский противочумный институт», Ставрополь, Российская Федерация

Цель работы – определение видовой принадлежности и генетического разнообразия возбудителей бактериальных природно-очаговых инфекций для уточнения спектра циркулирующих патогенов в отдельных районах Херсонской и Запорожской областей. **Материалы и методы.** Проведено эпизоотологическое обследование территории Верхнерогачикского, Генического, Новотроицкого районов Херсонской области, Акимовского, Бердянского, Васильевского, Веселовского, Мелитопольского, Пологовского районов Запорожской области. Исследование полевого материала осуществлялось молекулярно-генетическими, серологическим, биологическим методами. Выполнено секвенирование изолятов ДНК боррелий по фрагменту гена *16S rRNA*, фрагментов генов (*gltA*, *ompB*) изолятов ДНК *Rickettsia* spp., MLVA-25-типирование штаммов *Francisella tularensis*. Статистический анализ результатов лабораторных исследований проводили с использованием программы Microsoft Excel 2010. Картографическим методом данные проанализировали с применением программы ArcGIS 10.3. **Результаты и обсуждение.** Установлена циркуляция возбудителей туляремии, лептоспироза (*Leptospira icterohaemorrhagiae*, *L. grippityphosa*), риккетсиозов (*Rickettsia aeschlimannii*, *R. heilongjiangensis*, *R. conorii*, *R. slovaca*, *R. vini*), иксодового клещевого боррелиоза (*Borrelia afzelii*, *B. miyamotoi*) на территории отдельных районов Херсонской и Запорожской областей. В Запорожской области выявлены маркеры *Anaplasma phagocytophilum*. Полученные данные свидетельствуют о возможной совместной циркуляции возбудителей лептоспироза, клещевых риккетсиозов, иксодового клещевого боррелиоза в Геническом районе Херсонской области; туляремии, лептоспироза, клещевых риккетсиозов, иксодового клещевого боррелиоза, гранулоцитарного анаплазмоза человека в Мелитопольском районе Запорожской области; лептоспироза, клещевых риккетсиозов, иксодового клещевого боррелиоза, гранулоцитарного анаплазмоза человека в Бердянском районе Запорожской области. Получена информация о циркуляции возбудителей туляремии, лептоспироза, риккетсиозов, иксодового клещевого боррелиоза на территории отдельных районов Херсонской и Запорожской областей, что позволяет предположить наличие очагов сочетанных инфекций. На обследованной территории возможна вспышечная и спорадическая заболеваемость природно-очаговыми инфекциями. Для оценки эпидемического потенциала территорий требуется дальнейшее эпизоотологическое обследование, оценка численности и видового состава носителей и переносчиков возбудителей природно-очаговых инфекций, анализ заболеваемости.

Ключевые слова: природно-очаговые инфекции, идентификация, Херсонская область, Запорожская область, туляремия, лептоспироз, клещевые риккетсиозы, иксодовый клещевой боррелиоз.

Корреспондирующий автор: Ульшина Диана Васильевна, e-mail: vladidiana@yandex.ru.

Для цитирования: Ульшина Д.В., Васильева О.В., Гнусарева О.А., Сирица Ю.В., Волюнкина А.С., Михайлова М.Е., Шапошникова Л.И., Куличенко А.Н. Выявление возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней бактериальной природы в отдельных районах Херсонской и Запорожской областей в 2023 г. Проблемы особо опасных инфекций. 2025; 3:160–169. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-3-160-169

Поступила 24.07.2024. Отправлена на доработку 09.08.2024. Принята к публикации 27.06.2025.

D.V. Ul'shina, O.V. Vasil'eva, O.A. Gнусарева, Yu.V. Siritsa, A.S. Volynkina,
M.E. Mikhailova, L.I. Shaposhnikova, A.N. Kulichenko

Identification of Pathogens of Natural Focal Infectious Diseases of Bacterial Origin in Certain Areas of the Kherson and Zaporozhe Regions in 2023

Stavropol Research Anti-Plague Institute, Stavropol, Russian Federation

Abstract. The aim of the study was to determine the species affiliation and genetic diversity of pathogens of bacterial natural focal infections in order to refine the spectrum of circulating agents in certain areas of the Kherson and Zaporozhe Regions. **Materials and methods.** An epizootiological survey of the territory of Verkhnerogachik, Genichesk, Novotroitsk districts of the Kherson Region, Akimov, Berdyansk, Vasilievsk, Veselovsky, Melitopol, Pologovsky districts of the Zaporozhe Region was conducted. The study of field material was carried out by molecular-genetic, serological, and biological methods. Sequencing of *Borrelia* DNA isolates by a fragment of the *16S rRNA* gene, fragments of genes (*gltA*, *ompB*) of *Rickettsia* spp. DNA isolates, MLVA-25 typing of *Francisella tularensis* strains were performed. Statistical analysis of the laboratory test results was performed using Microsoft Excel 2010. The data were analyzed using the cartographic method applying ArcGIS 10.3. **Results and discussion.** The circulation of pathogens of tularemia, leptospirosis (*Leptospira icterohaemorrhagiae*, *L. grippityphosa*), rickettsiosis (*Rickettsia aeschlimannii*, *R. heilongjiangensis*, *R. conorii*, *R. slovaca*, *R. vini*), Ixodidae tick-borne borreliosis (*Borrelia afzelii*, *B. miyamotoi*) in individual areas of the Kherson and Zaporozhe Regions has been established. Markers of *Anaplasma phagocytophilum* have been identified in the Zaporozhe Region. The data obtained indicate a possible joint circulation of pathogens of leptospirosis, tick-borne rickettsiosis, Ixodidae tick-borne borreliosis in the Genichesk district of the Kherson Region; tularemia,

leptospirosis, tick-borne rickettsiosis, Ixodidae tick-borne borreliosis, human granulocytic anaplasmosis in the Melitopol district of the Zaporozhe Region; leptospirosis, tick-borne rickettsiosis, Ixodidae tick-borne borreliosis, human granulocytic anaplasmosis in the Berdyansk district of the Zaporozhe Region. Based on the results of the conducted studies, information on the circulation of pathogens of tularemia, leptospirosis, rickettsiosis, Ixodidae tick-borne borreliosis in certain areas of the Kherson and Zaporozhe Regions has been obtained, which suggests the presence of foci of combined infections. Outbreak and sporadic incidence of natural focal infections is possible in the surveyed area. To assess the epidemic potential of territories, further epizootiological examination, assessment of the number and species composition of carriers and vectors of pathogens of natural focal infections, and an analysis of morbidity are required.

Key words: natural focal infections, identification, Kherson Region, Zaporozhe Region, tularemia, leptospirosis, tick-borne rickettsiosis, Ixodidae tick-borne borreliosis.

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

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

Corresponding author: Diana V. Ul'shina, e-mail: vladidiana@yandex.ru.

Citation: Ul'shina D.V., Vasil'eva O.V., Gnusareva O.A., Siritsa Yu.V., Volynkina A.S., Mikhailova M.E., Shaposhnikova L.I., Kulichenko A.N. Identification of Pathogens of Natural Focal Infectious Diseases of Bacterial Origin in Certain Areas of the Kherson and Zaporozhe Regions in 2023. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii* [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2025; 3:160–169. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-3-160-169

Received 24.07.2024. Revised 09.08.2024. Accepted 27.06.2025.

Ul'shina D.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7754-2201>

Vasil'eva O.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8882-6477>

Gnusareva O.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9044-1808>

Siritsa Yu.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9442-6966>

Volynkina A.S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5554-5882>

Mikhailova M.E., ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-3647-2550>

Shaposhnikova L.I., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3207-6742>

Kulichenko A.N., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9362-3949>

Вхождение в состав Российской Федерации Донецкой и Луганской народных республик (ДНР, ЛНР), Запорожской и Херсонской областей определило необходимость планирования, организации и осуществления эпизоотологического обследования этих территорий на наличие маркеров возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней. Проведение обследования позволит определить эпидемиологические риски по природно-очаговым инфекциям (ПОИ) на данных территориях.

Херсонская и Запорожская области расположены преимущественно в степной природно-ландшафтной зоне с характерными для нее природными очагами следующих бактериальных инфекций: туляремия, лихорадка Ку и лептоспироз. По фрагментарным ретроспективным данным, заболеваемость лихорадкой Ку у людей на протяжении 2009–2013 гг. регистрировалась только в Одесской, Донецкой областях и г. Севастополе, в 2009 г. были обнаружены природные очаги коксиеллеза уже в 11 районах Киевской области [1]. Имеется информация о выявлении маркеров возбудителей иксодового клещевого боррелиоза (ИКБ), туляремии, грануляцитарного анаплазмоза человека (ГАЧ) на территории Украины [2, 3].

По данным ретроспективного анализа, природный очаг **туляремии** расположен на территории Запорожской и Херсонской областей. Энзоотичны по данной инфекционной болезни в Херсонской области Бериславский и Горностаевский районы, где в четырех прибрежных селах в 1949 г. зарегистрирована эпизоотия туляремии в популяции водяных полевок, что стало причиной заболевания людей (18 случаев). В сентябре 2017 г. установили циркуляцию *Francisella tularensis* при эпизоотологическом обследовании острова Бирючий. С помощью молекулярно-генетических методов, в частности полимеразной цепной реакции (ПЦР), маркеры возбудителя туляремии были выявлены в пробах органов мышевидных грызунов. Биологическим методом

культуры не выделены. Также начиная с 2016 г. и по настоящее время на территории ДНР, которая граничит с Запорожской областью, отмечалась ежегодная регистрация случаев заболеваемости людей туляремией: в 2016 г. – 9 случаев, 2017 г. – 2, 2019 г. – 5, 2021 г. – 2, 2022 г. – 10 [4].

Природный очаг **лихорадки Ку** охватывает 2 района Запорожской (2 населенных пункта) и 7 районов Херсонской (8 населенных пунктов) областей. На протяжении 2009–2013 гг. sporadическая заболеваемость людей лихорадкой Ку преимущественно регистрировалась в ДНР (в 2018 г. – 1 случай, 2019 г. – 16, 2020 г. – 1, 2021 г. – 4, 2022 г. – 37), которая граничит с Запорожской областью. В 2019 г. с помощью иммуноферментного анализа (ИФА) обнаружили антитела к возбудителю коксиеллеза в ходе эпизоотического обследования поголовья крупного и мелкого рогатого скота в хозяйствах Николаевской и Херсонской областей. При анализе сывороток крови сельскохозяйственных животных из Запорожской области антител к возбудителю *Coxiella burnetii* не выявили [5]. Информация о sporadической заболеваемости людей лихорадкой Ку на территории Запорожской и Херсонской областей в свободном доступе отсутствовала.

В период с 2010 по 2017 г. на территории Херсонской области отмечалась заболеваемость людей **лептоспирозом**, ее показатели были выше, чем в других южных областях [6]. Заболевание было вызвано представителями шести серогрупп: *Leptospira icterohaemorrhagiae* (14,81 %), *L. hebdomadis* (14,48 %), *L. grippityphosa* (10,99 %), *L. pomona* (6,59 %), *L. tarassovi* (6,59 %), *L. canicola* (5,49 %). Случаи регистрации лептоспироза на территориях Запорожской области отмечены в 2016 г. (2), 2018 г. (1), в 2021 г. – в Херсонской области (2). Ввиду отсутствия информации о заболеваемости людей и животных с 2021 по 2023 г. в Херсонской и Запорожской областях, для оценки ситуации ис-

пользовали данные о результатах исследования поголовья свиней в восточной и центральной частях Украины в 2022 г., в ходе которого определено, что самые высокие показатели заболеваемости лептоспирозом были вызваны сероварами *copenhageni*, *polonica* и *kabura* [7]. В Республике Крым, сопряженной с Херсонской областью, отмечена циркуляция не менее пяти сероваров лептоспир, наиболее встречаемыми из которых являлись *L. grippotyphosa*, *L. icterohaemorrhagiae* и *L. hebdomadis* [8]. В ДНР, граничащей с Запорожской областью, выявляли *L. sejroe*, *L. icterohaemorrhagiae* [9].

За 2020 г. случаи **иксодового клещевого боррелиоза (ИКБ)** активно регистрировались в Херсонской и Запорожской областях и на сопредельных Ростовской области территориях [10]. В ДНР установлено 80 случаев заболевания, в Черниговской области – 49, Херсонской, Запорожской, Днепропетровской, Полтавской и Черкасской областях – порядка 325, Тернопольской – 68 и единичные – в Винницкой и Волынской областях. За последние два десятилетия на Украине наблюдалась тенденция к росту заболеваемости людей ИКБ [11]. На основании опубликованных данных пик заболеваемости зафиксирован в 2018 г. – 12,77 случая на 100 тыс. населения. За пять лет, с 2018 по 2022 г., на Украине уровень заболеваемости уже составлял 45,16 случая на 100 тыс. населения, что статистически превышало показатели заболеваемости в 2003–2007 гг. (2,86 случая на 100 тыс. населения) и 2008–2012 гг. (13,33 случая на 100 тыс. населения). Представленная информация подтверждает тенденцию к увеличению распространенности заболевания. В центральных регионах Украины реги-

стрировалось наибольшее количество случаев заболевания, в Одесской, Николаевской и Херсонской областях заболеваемость ИКБ была значительно ниже.

Информация о распространенности возбудителей **клещевого риккетсиоза** на территории Херсонской и Запорожской областей в свободном доступе отсутствовала. Имеются сведения об обнаружении нескольких видов *Rickettsia* spp., в том числе возбудителя клещевой пятнистой лихорадки (КПЛ), в сопредельных с указанными регионами [12]. В частности, в Республике Крым, где расположены природные очаги КПЛ, описана циркуляция *Rickettsia conorii* [13]. Помимо *R. conorii*, важно отметить присутствие нескольких видов риккетсий из группы КПЛ с доказанной и пока не установленной патогенностью для человека, ранее выявленных на этой территории (*R. raoultii*, *R. aeschlimannii*, *R. slovaca*).

Данные, представленные в литературе, не позволяют получить объективную картину и оценить риски по ПОИ в Запорожской и Херсонской областях.

Цель работы – определение видовой принадлежности и генетического разнообразия возбудителей бактериальных природно-очаговых инфекций для уточнения спектра циркулирующих патогенов в отдельных районах Херсонской и Запорожской областей.

Материалы и методы

Обследуемая территория. Сбор материала осуществляли на территории отдельных районов Херсонской и Запорожской областей с февраля по ноябрь 2023 г. (рис. 1).



Рис. 1. Районы Херсонской и Запорожской областей с указанием точек отбора проб для выявления маркеров возбудителей бактериальных природно-очаговых инфекций

Fig. 1. Districts of the Kherson and Zaporozhye Regions with sampling points for detection of markers of pathogens of bacterial natural focal infections

Материал для исследования. Собрано 1908 экземпляров клещей (458 пулов) следующих видов: *Dermacentor marginatus*, *D. reticulatus*, *Haemaphysalis punctata*, *Hyalomma marginatum*, *H. scupense*, *Ixodes redikorzevi*, *I. ricinus*, *Rhipicephalus annulatus*, *Rh. rossicus*, *Rh. turanicus*; 445 экземпляров млекопитающих 12 видов: *Crocidura suaveolens*, *Mus spicilegus*, *Apodemus uralensis*, *A. witherbyi*, *M. musculus*, *A. sylvaticus*, *Microtus socialis*, *M. arvalis*, *Cricetulus migratorius*, *Rattus norvegicus*, *Erinaceus concolor*, *Vulpes vulpes*; 158 экземпляров блох (47 пулов) следующих видов: *Ctenophthalmus orientalis*, *Ct. secundus*, *Nosopsyllus mokrzeckyi*, *N. consimilis*, *Pulex irritans*, *Rhadinopsylla ucrainica*; 2563 экземпляра комаров (99 пулов) 6 видов: *Aedes caspius*, *Anopheles hyrcanus*, *A. maculipennis*, *Coquillettidia richiardii*, *Culex pipiens*, *C. modestus*; 9 погадок хищных птиц; кровь крупного (КРС) и мелкого (МРС) рогатого скота – 153 и 16 образцов соответственно.

Методы индикации. Выявление нуклеиновых кислот возбудителей ПОИ бактериальной этиологии проводили при исследовании полевого материала (клещи, блохи, органы мелких млекопитающих) методом ПЦР с помощью наборов регентов «АмплиСенс® TBEV, *B. burgdorferi* s.l., *A. phagocytophillum*, *E. chaffeensis*/*E. muris*-FL», «АмплиСенс® Риккетсии группы КПП-FL», «АмплиСенс® *Coxiella burnetii*-FL», «АмплиСенс® Набор «ЛПС» выявление патогенных лептоспир» (ФБУН ЦНИИЭ Роспотребнадзора, Россия). Детекцию и идентификацию изолятов *Rickettsia* spp. в полевом материале (пулы клещей, комаров и блох) проводили с использованием праймеров *gltA*-F:CGAAGCTTACCGCTATTAGAATG и *gltA*-R:CTTTAAGAGCGATAGCTTCAAG [14, 15]. Индикацию возбудителя туляремии в полевом материале (пулы клещей, комаров и блох, органы мелких млекопитающих) проводили с использованием набора реагентов для выявления ДНК *Francisella tularensis* методом ПЦР с гибридационно-флуоресцентным учетом результатов в режиме реального времени (ФКУН Российский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора, Россия). Детекцию возбудителя туляремии в погадках хищных птиц осуществляли серологическим методом с использованием диагностикума эритроцитарного туляремийного антигенного жидкого «РНГА-Тул-Аг-СтавНИПЧИ» (ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора, Россия). Экстракцию РНК/ДНК из образцов полевого материала проводили с помощью набора реагентов «РИБО-преп» (ФБУН ЦНИИЭ Роспотребнадзора, Россия).

Обнаружение антител (Ат) к возбудителю лептоспирозов в смывах с грудной полости грызунов проводили методом микроагглютинации (РМА) с помощью стандартного набора типовых диагностических штаммов лептоспир.

В сыворотках крови от КРС и МРС выявление ДНК *C. burnetii* методом ПЦР проводили с помощью

«АмплиСенс® *Coxiella burnetii*-FL» (ФБУН ЦНИИЭ Роспотребнадзора, Россия).

Для выделения культур возбудителя туляремии из ПЦР-позитивных образцов полевого материала использовали биологический метод с соблюдением правил биобезопасности, регламентированных МУ 3.1.2007-05 «Эпидемиологический надзор за туляремией».

Культивирование изолятов *F. tularensis* проводили на FT-агаре (ФБУН ГНЦ ПМБ, Россия). Определение чувствительности исследуемых культур возбудителя туляремии к антибактериальным препаратам осуществляли с помощью диско-диффузионного метода в соответствии с МУК 4.2.2495-09 «Определение чувствительности возбудителей опасных бактериальных инфекций (чума, сибирская язва, холера, туляремия, бруцеллез, сальмонеллез, мелиоидоз) к антибактериальным препаратам».

Методы генетического типирования. Молекулярно-генетическое типирование штамма *F. tularensis* выполняли методом MLVA на основании анализа 25 локусов в соответствии с методикой Johansson (2004 г.) [16].

Идентификацию изолятов *Rickettsia* spp. осуществляли по нуклеотидным последовательностям фрагментов генов *gltA* (552 п.н.) и *ompB* (720 п.н.) [16]. Видовую идентификацию боррелий проводили на основе анализа фрагмента гена *16S rRNA* [17].

Секвенирование выполняли в приборе “3500 Genetic Analyser” (Applied Biosystems, США) с набором реагентов “Big Dye Terminator Kit v.3.1” (Thermo Fisher Scientific, США).

Сборку последовательности ДНК выполняли в программе Vector NTI. Видовую идентификацию боррелий и риккетсий проводили с использованием данных базы GenBank по алгоритму BLAST [18]. Для сравнения результатов MLVA-типирования штаммов *F. tularensis* использовали данные онлайн-базы MLVAbank for Microbes Genotyping [19].

Дополнительные методы. Расчет доверительного интервала уровня инфицированности клещей возбудителями бактериальных инфекций (ДИ=95 %; $\alpha=0,05$; $z\text{-score}=1,96$) проводили в программе Microsoft Excel 2010. Оценку уровня зараженности клещей определяли с помощью минимального индекса инфицированности (МИИ) на 1000 эктопаразитов (применяется при исследовании объединенных проб). МИИ рассчитывали по стандартной формуле: (количество положительных пулов / общее количество исследованных клещей) · 1000. Картографический анализ проведен посредством программы ArcGIS 10.3.

Результаты и обсуждение

Индикация возбудителей природно-очаговых инфекций. ДНК *F. tularensis* обнаружена в одном пуле *C. pipiens*, отловленных в с. Новогригоровка

Генического района Херсонской области (1 % исследованных проб). Из пробы трупа грызуна *M. socialis*, обнаруженного в с. Приазовском Мелитопольского района Запорожской области, изолировали культуру возбудителя туляремии.

Оценку эпизоотологической ситуации по лихорадке Ку на территории отдельных районов Херсонской и Запорожской областей проводили на основе данных ПЦР-анализа полевого и биологического материала: пулы клещей, пробы органов (печень) мелких млекопитающих, сыворотки крови от КРС и МРС. Маркер *C. burnetii* не выявлен.

Методом ПЦР получены отрицательные результаты при детектировании лептоспир в пробах почек мелких млекопитающих.

В смывах с грудной полости антитела к возбудителю лептоспироза методом РМА выявлены в 0,9 % образцов от *A. uralensis* (4/437; 95 % ДИ 0,1–1,8), 1 пробе *A. witherbyi* (0,2 %; 95 % ДИ 0,1–0,7), 1 – *M. socialis* (0,2 %; 95 % ДИ 0,1–0,7). Обнаружили антитела к лептоспирам *L. icterohaemorrhagiae*, *L. grippotyphosa* (по 3). Маркеры *L. grippotyphosa* выявили в пробах *A. uralensis* в Геническом районе Херсонской области, Мелитопольском районе Запорожской области (по одной), *M. socialis* – в Бердянском районе Запорожской области. Присутствие антител к *L. icterohaemorrhagiae* установили в пробах *A. uralensis* из Запорожской области, *A. witherbyi* из Мелитопольского района, *A. uralensis* из Бердянского района (1,4 %; 95 % ДИ 0,3–2,5).

На клещевой риккетсиоз методом ПЦР исследованы пробы клещей, комаров, блох. Уровень инфицированности риккетсиями клещей, собранных в отдельных районах Херсонской и Запорожской

областей, составил 13,3 % (61/458; 95 % ДИ 10,2–16,4). В частности, в Мелитопольском (34), Бердянском (15), Васильевском (2) районах Запорожской области ДНК риккетсий выявлена в 14,9 % пулов клещей (51/342; 95 % ДИ 11,1–18,7); в Геническом (9), Новотроицком (1) районах Херсонской области – в 8,6 % (10/116; 95 % ДИ 3,5–13,7).

ДНК *Rickettsia* spp. выявлена в клещах: *R. rossicus* – 29,5 % (18/61; 95 % ДИ 18,1–40,9), *H. marginatum* – 27,9 % (17/61; 95 % ДИ 16,6–39,2), *I. redikorzevi* – 18,0 % (11/61; 95 % ДИ 8,6–28,0), *H. punctata* – 11,4 % (7/61; 95 % ДИ 3,5–19,5), *D. reticulatus* – 11,4 % (7/61; 95 % ДИ 3,5–19,5), *H. scupense* – 1,8 % (1/61; 95 % ДИ 1,5–4,8). Большинство положительных на риккетсиоз клещей собрано с КРС – 60,7 % (37/61; 95 % ДИ 48,4–72,9). Также зараженных риккетсиями клещей собирали на флаг – 9,8 % (6/61; 95 % ДИ 2,3–17,3), с собак – 8,2 % (5/61; 95 % ДИ 1,3–15,0), с *M. spicilegus* – 4,9 % (3/61; 95 % ДИ 0,5–10,3), с *A. uralensis*, *A. witherbyi*, *Cricetulus migratorius*, *Erinaceus concolor* – по 3,3 % (2/61; 95 % ДИ 1,18–7,7), с *Crocidura suaveolens*, *M. arvalis* – по 1,6 % (1/61; 95 % ДИ 1,5–4,8). Общая зараженность клещей риккетсиями составляла 31,9/1000 (от общего количества исследованных экземпляров), данные представлены в таблице.

На зараженность возбудителями ИКБ исследовали клещей, пробы органов (печень) мелких млекопитающих. Маркер возбудителей ИКБ обнаружили в полевом материале (*I. redikorzevi*, *I. ricinus* и органы мелких млекопитающих), поступившем с территории Генического района Херсонской области (в пробах суспензии клещей – 4, органах мелких млекопитающих – 6), Бердянского района (в пробах суспензии

Выявление генетических маркеров возбудителей ПОИ в различных видах иксодовых клещей, собранных в отдельных районах Херсонской и Запорожской областей

Identification of genetic markers of pathogens of NFI in various species of Ixodidae ticks collected in certain areas of the Kherson and Zaporozhe Regions

Наименование выявленного патогена Type of pathogen detected	Вид клещей Species of ticks	Количество пулов (экз.) Number of samples (specimens)	Выявление генетических маркеров (ДНК/РНК) ПОИ в пробах клещей; %; (ДИ) Identification of genetic markers (DNA/RNA) of NFI in samples of ticks; %; (CI)	МИИ на 1000 клещей для каждого вида (95 % ДИ) Minimum infection index per 1000 ticks of each species (95 % CI)	Общий для возбудителя МИИ (95 % ДИ) Common for pathogen minimum infection index per 1000 ticks (95 % CI)
<i>Rickettsia</i> spp.	<i>D. reticulatus</i>	22 (78)	7; 31,8; (12,3–51,2)	89,7 (82,9–96,4)	31,9 (29,8–33,9)
	<i>H. punctata</i>	80 (446)	7; 8,8; (2,6–14,9)	15,7 (12,3–19,0)	
	<i>H. marginatum</i>	120 (361)	17; 14,6; (7,8–20,1)	47,1 (41,9–52,2)	
	<i>H. scupense</i>	2 (4)	1; 50; (41,1–58,9)	250,0 (174,3–325,3)	
	<i>I. redikorzevi</i>	39 (113)	11; 28,2; (14,0–42,3)	97,3 (94,3–100,2)	
	<i>D. marginatus</i>	2 (2)	0	0	
	<i>I. ricinus</i>	3 (4)	0	0	
	<i>Rh. rossicus</i>	161 (749)	18; 11,1; (6,3–16,0)	24,0 (20,9–27,0)	
	<i>Rh. annulatus</i>	11 (88)	0	0	
	<i>Rh. turanicus</i>	18 (66)	0	0	
<i>B. burgdorferii</i> s.l.	<i>I. redikorzevi</i>	39 (113)	21; 53,8; (38,1–69,4)	185 (113,4–256,5)	11,5 (10,1–12,9)
	<i>I. ricinus</i>	3 (4)	1; 33,3; (27,2–39,4)	250,0 (174,3–325,3)	
<i>A. phagocytophilum</i>	<i>I. redikorzevi</i>	39 (113)	6; 15,4; (4,0–26,7)	53,1 (43,7–62,2)	3,14 (2,35–3,9)

клещей – 4, органах мелких млекопитающих – 14), а также Мелитопольского района Запорожской области (в пробах суспензии клещей – 14, органах мелких млекопитающих – 15). Уровень инфицированности боррелиями клещей составлял 51,2 % (22/43; 95 % ДИ 36,2–66,1). РНК *Borrelia burgdorferi* s.l. выявлена в 8,9 % (40/445; 95 % ДИ 6,3–11,6) проб органов мелких млекопитающих. Пулы клещей *I. redikorzevi* составили 97,9 % (42/43; 95 % ДИ 93,0–99,9) положительных проб, из них 92,8 % (39/42; 95 % ДИ 85,0–99,9) очесаны с прокормителей и 7,2 % (3/42; 95 % ДИ 0,6–14,9) собраны на флаг. Прокормителями зараженных возбудителями боррелиоза клещей *I. redikorzevi* являлись *M. spicilegus* (35,8 %; 95 % ДИ 15,7–55,8), *A. witherbyi* (22,8 %; 95 % ДИ 5,2–40,2), *A. uralensis* (18,2 %; 95 % ДИ 11,2–29,4), *M. arvalis* (13,6 %; 95 % ДИ 4,0–23,2), *A. witherbyi* (4,8 %; 95 % ДИ 0,8–8,8). Один положительный на ИКБ пул объединил нимф клещей, собранных с двух особей *M. arvalis* и особи *M. socialis*, отловленных в одной точке (4,8 %; 95 % ДИ 0,8–8,8). Маркеры возбудителей ИКБ выявлены в одной пробе клещей *I. ricinus*, собранных с КРС. Общая зараженность клещей боррелиями составляла 11,5/1000 (от общего количества исследованных экземпляров).

Методом ПЦР ДНК *A. phagocytophilum* выявили в клещах (*I. redikorzevi*, *I. ricinus*) при обследовании территории Мелитопольского (4) и Бердянского (2) районов Запорожской области (рис. 1), процент положительных пулов клещей составлял 14,0 % (6/43; 95 % ДИ 3,6–24,1). Из них на флаг собрано 2,3 % клещей (1/43; 95 % ДИ 2,2–6,8), по 4,7 % очесаны с *M. arvalis* и *A. witherbyi* (2/43; 95 % ДИ 1,6–10,9),

16,7 % с *M. spicilegus* (1/43; 95 % ДИ 2,2–6,8). Маркеры возбудителей моноцитарного эрлихиоза человека (МЭЧ) в исследованном материале не выявлены. Общая зараженность клещей возбудителем анаплазмоза составляла 3,14/1000.

Генетическое типирование возбудителей природно-очаговых инфекций

F. tularensis. Методом MLVA-25 выполнено молекулярно-генетическое типирование штамма *F. tularensis*, выделенного из материала, собранного в ходе эпизоотологического обследования в с. Приазовском Мелитопольского района Запорожской области. Установлена принадлежность полученной культуры к *F. tularensis* subsp. *holarctica* биовара II (рис. 2).

Повторы в локусах составили: Ft-M1 – 3 повтора, Ft-M2 – 2, Ft-M3 – 15, Ft-M4 – 4, Ft-M5 – 2, Ft-M6 – 4, Ft-M7 – 2, Ft-M8 – 2, Ft-M9 – 2, Ft-M10 – 2, Ft-M11 – 5, Ft-M12 – 2, Ft-M13 – 1, Ft-M14 – 3, Ft-M15 – 3, Ft-M16 – 1, Ft-M17 – 2, Ft-M18 – 2, Ft-M19 – 1, Ft-M20 – 3, Ft-M21 – 2, Ft-M22 – 4, Ft-M23 – 1, Ft-M24 – 2, Ft-M25 – 4.

Полученные данные сравнили с результатами молекулярно-генетического типирования штаммов туляремии, выделенных на территории Юга России (Ростовская область, Ставропольский край) [20, 21]. Существенное отличие выделенного штамма от изолятов, циркулирующих в Ростовской области и Ставропольском крае, состояло в наличии 15 повторов по локусу Ft-M3.

По данным результатов сравнения секвенированных последовательностей со сведениями базы GenBank [18], идентичные штаммы возбудителя

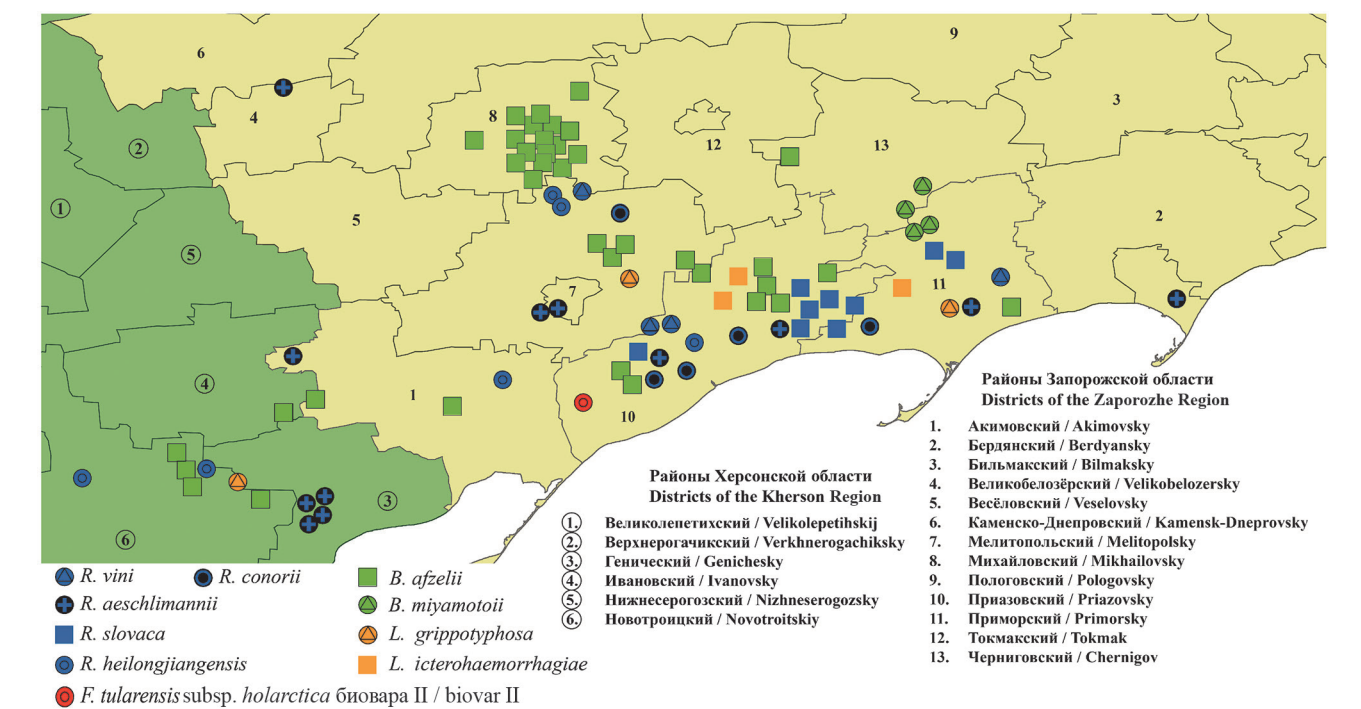


Рис. 2. Территориальное распространение видов риккетсий, боррелий, генетических вариантов *F. tularensis*, серогрупп *Leptospira* spp. в отдельных районах Херсонской и Запорожской областей

Fig. 2. Territorial distribution of *Rickettsia* species, *Borrelia*, genetic variants of *F. tularensis*, serogroups of *Leptospira* spp. in certain areas of the Kherson and Zaporozhzhia Regions

туляремии выявляли в России (1966 г.), Швеции (1998 г.), Германии (2012, 2016 гг.).

***Rickettsia* spp.** На основании результатов секвенирования нуклеотидных последовательностей фрагментов генов *gltA* и *ompB* установлена видовая принадлежность для 37 ДНК изолятов *Rickettsia* spp., выявленных в пробах клещей. На территории Генического района Херсонской области уровень инфицированности клещей риккетсиями *R. aeschlimannii* составил 13,5 % (5/37; 95 % ДИ 2,5–24,5), *R. heilongjiangensis* – 5,4 % (2/37; 95 % ДИ 1,8–12,7). В Запорожской области установили циркуляцию риккетсий пяти видов: *R. slovaca* (10 проб), *R. aeschlimannii* (7), *R. conorii*, *R. heilongjiangensis*, *R. vini* (по 4 пробы). Инфицированность для клещей *H. marginatum* составляла: *R. aeschlimannii* – 5,0 % (6/120; 95 % ДИ 1,1–8,9), *R. slovaca* – 5,0 % (6/120; 95 % ДИ 1,1–8,9), *R. conorii* – 0,8 % (1/120; 95 % ДИ 0,7–2,4). В 28 % (11/39; 95 % ДИ 13,9–42,0) клещей *I. redikorzevi* обнаружены виды: *R. heilongjiangensis* – 6 проб (15,3 %; 95 % ДИ 4,0–26,6), *R. vini* – 4 (10,2 %; 95 % ДИ 0,7–19,7), *R. slovaca* – 1 (2,5 %; 95 % ДИ 2,4–7,5). Уровень инфицированности клещей *R. rossicus* видами *R. conorii* и *R. slovaca* составлял по 1,2 % (2/161; 95 % ДИ 0,4–3,0). В 9,0 % клещей *D. reticulatus* (2/22; 95 % ДИ 2,9–20,9) обнаружили ДНК риккетсий, которую генотипировали как *R. conorii*. Для клещей *H. scupense* и *H. punctate* отмечен уровень инфицированности риккетсиями видов *R. aeschlimannii* и *R. slovaca* по одной пробе соответственно.

***Borrelia* spp.** Проведено секвенирование последовательностей фрагмента гена *16S rRNA* для 40 положительных образцов (24 – выявлены в пробах мелких млекопитающих, 16 – в суспензиях клещей). Методом секвенирования в пробах суспензий клещей обнаружен один вид боррелий – *B. afzelii*, тогда как в ходе анализа проб органов мелких млекопитающих выявлены бактерии рода *Borrelia* двух видов: *B. afzelii* и *B. miyamotoi*. Уровни инфицированности боррелиями вида *B. afzelii* клещей *I. redikorzevi*, собранных на территории Херсонской и Запорожской областей, составляли 18 % (2/11; 95 % ДИ 4,7–40,7) и 43,8 % (14/32; 95 % ДИ 25,8–60,1) соответственно. Генетические маркеры *B. afzelii* также выявлены в пробах органов мелких млекопитающих (*M. spicilegus* и *A. uralensis*), собранных на территории Херсонской – 3 пробы (7,7 %; 95 % ДИ 1,5–16,9) и Запорожской – 17 проб (11,2 %; 95 % ДИ 6,1–16,2) областей. В 4 из 18 проб органов мелких млекопитающих (*M. spicilegus* и *A. uralensis*), поступивших с территории Бердянского района Запорожской области, на основании данных секвенирования выявлены боррелии, относящиеся к виду *B. miyamotoi* (22,2 %; 95 % ДИ 3,0–41,4).

Данные индикации и идентификации бактериальных природно-очаговых инфекций, проанализированные картографическим методом в программе ArcGIS, позволили установить присутствие мар-

керов двух и более возбудителей ПОИ в 12 точках забора.

В Геническом районе Херсонской области выявлены маркеры *B. burgdorferi* s.l., *R. aeschlimannii* – в г. Геническое, *L. grippotyphosa*, *B. afzelii* – в с. Сивашское.

На основании полученных данных в Мелитопольском районе Запорожской области циркулируют следующие виды возбудителей ПОИ: *R. heilongjiangensis*, *B. afzelii*, *A. phagocytophilum* – в селах Гамовка, Терпение; *R. aeschlimannii*, *R. slovaca* – в с. Девнинское; *F. tularensis* subsp. *holarctica* биовара II, *L. grippotyphosa*, *L. icterohaemorrhagiae*, *R. vini*, *B. afzelii* – в с. Приазовское; *R. heilongjiangensis*, *B. afzelii* – в с. Терпение, *R. vini*, *B. afzelii* – в с. Троицкое.

На территории Бердянского района Запорожской области обнаружили присутствие возбудителей ПОИ: *L. grippotyphosa*, *L. icterohaemorrhagiae* – в с. Камышеватка; *R. slovaca*, *B. afzelii*, *B. miyamotoi*, *A. phagocytophilum* – в с. Орловка; *R. vini*, *B. afzelii*, *A. phagocytophilum* – в г. Приморске; *R. aeschlimannii*, *R. slovaca* – в с. Райновка.

Показано, что клещи вида *I. redikorzevi* могут являться переносчиками двух и более возбудителей ПОИ.

Зараженность двумя возбудителями инфекции (ГАЧ и клещевой риккетсиоз) установили для одного пула клещей, очесанных с *M. spicilegus* (с. Орловка Бердянского района Запорожской области). Маркеры возбудителей ГАЧ и ИКБ выявлены в пуле клещей, собранных на территории с. Терпение Мелитопольского района Запорожской области с *M. arvalis*. Маркеры двух возбудителей инфекции (ИКБ и клещевой риккетсиоз) обнаружили в двух пулах клещей, очесанных с *A. uralensis* (грызуны отловлены в селах Терпение и Приазовское), в индивидуально исследованном клеще, очесанном с *M. spicilegus* (с. Приазовское Мелитопольского района Запорожской области).

Случаи микст-инфицированности тремя возбудителями ПОИ одновременно (ИКБ, ГАЧ, клещевые риккетсиозы) выявлены в индивидуально исследованном клеще, собранном на флаг в с. Гамовка Мелитопольского района Запорожской области, пулах клещей, очесанных с *M. arvalis* (с. Терпение Мелитопольского района Запорожской области) и с *A. witherbyi* (г. Приморск Бердянского района Запорожской области).

Таким образом, на обследованных территориях отмечена циркуляция возбудителей природно-очаговых инфекций II–IV групп патогенности. На территории отдельных районов Херсонской и Запорожской областей выявлены: *F. tularensis*, представители патогенных для человека сероваров лептоспир *L. grippotyphosa*, *L. icterohaemorrhagiae*. Обнаружены пять видов риккетсий: *R. aeschlimannii*, *R. heilongjiangensis*, *R. conorii*, *R. slovaca*, *R. vini*. Четыре из них – *R. aeschlimannii*, *R. heilongjiangensis*,

R. conorii, *R. slovaca* – патогенны для человека. Наибольшее эпидемическое значение может иметь циркуляция *R. conorii* [22, 23]. Из всех положительных на клещевой риккетсиоз проб 60,7 % сняты с КРС, что повышает риск заражения клещевым риккетсиозом лиц, занятых животноводством.

На территории обследованных областей выявлены боррелии патогенных видов: *B. afzelii*, способной вызывать ИКБ у людей, *B. miyamotoii* – возбудитель возвратной лихорадки, клинически схожей с безэритемной формой ИКБ [24]. В Запорожской области отмечена циркуляция *A. phagocytophilum*.

Установленное в ходе мониторинга микст-заражение пулов и индивидуальных особей клещей возбудителями ПОИ свидетельствует о возможном наличии на территории указанных районов Запорожской и Херсонской областей сочетанных природных очагов. По данным исследования, наибольшее распространение получили возбудители риккетсиоза и ИКБ.

В природных и природно-антропоургических очагах отдельных районов Запорожской и Херсонской областей обнаружены маркеры возбудителей туляремии, лептоспироза, клещевых риккетсиозов, ИКБ, в Бердянском районе Запорожской области дополнительно выявлена ДНК *A. phagocytophilum*.

Отмечена сочетанность природных очагов следующих инфекционных болезней: лептоспироза, клещевых риккетсиозов, ИКБ – в Геническом районе Херсонской области; туляремии, лептоспироза, клещевых риккетсиозов, ИКБ, гранулацитарного анаплазмоза человека – в Мелитопольском районе Запорожской области; лептоспироза, клещевых риккетсиозов, ИКБ, гранулацитарного анаплазмоза человека – в Бердянском районе Запорожской области. Данное обстоятельство может привести к регистрации на территории областей случаев смешанных заболеваний. Наличие общих путей и механизмов передачи не исключает возможности одновременного заражения возбудителями таких ПОИ, как лептоспироз и туляремия, ИКБ, ГАЧ и клещевой риккетсиоз.

Возбудители туляремии, лептоспироза, клещевого риккетсиоза, ИКБ, анаплазмоза, присутствие которых установлено в ходе исследования полевого материала, могут вызывать заболевания у людей. Полученные данные не позволяют определить границы природных очагов. Требуется дальнейшее регулярное эпизоотологическое обследование, увеличение площади обследуемых территорий за счет ранее не изученных районов.

На территории отдельных районов Запорожской и Херсонской областей обнаружены боррелии патогенных видов. Для оценки рисков требуется оценить численность основного переносчика ИКБ клеща *I. ricinus*, зараженность и видовой состав боррелий.

Из выявленных пяти видов риккетсий: *R. aeschlimannii*, *R. heilongjiangensis*, *R. conorii*, *R. slovaca* и *R. vini* – наибольшее эпидемическое значение для человека имеет *R. conorii*. Требуется про-

ведение субвидового типирования изолятов ДНК, содержащих данный вид риккетсий.

В ходе обследования территорий указанных областей ДНК *S. burnetii* не обнаружена. В связи с данными о наличии природных очагов возбудителя лихорадки Ку в Херсонской и Запорожской областях, регистрацией заболеваемости в ДНР, сопряженной с обследуемыми территориями, требуется проведение дальнейших исследований для получения более полной информации о распространении данного патогена.

Таким образом, представляется актуальным проведение систематического эпизоотологического мониторинга на территории Запорожской и Херсонской областей, осуществление профилактических мероприятий, обеспечивающих регулирование популяции мелких млекопитающих и снижение численности иксодовых клещей, в совокупности с повышением грамотности населения в вопросах профилактики инфекций, передающихся клещами.

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. Дедок Л.А., Марущак Л.В., Полупан И.Н., Меженский А.А. Серологический мониторинг лихорадки Ку среди поголовья сельскохозяйственных животных на территории Украины. *Ветеринарна біотехнологія*. 2020; (37):31–6.
2. Hightower J., Kracalik I.T., Vydayko N., Goodin D., Glass G., Blackburn J.K. Historical distribution and host-vector diversity of *Francisella tularensis*, the causative agent of tularemia, in Ukraine. *Parasit. Vectors*. 2014; 7:453. DOI: 10.1186/s13071-014-0453-2.
3. Kovryha N., Tsyhankova A., Zelenuchina O., Mashchak O., Terekhov R., Rogovskyy A.S. Prevalence of *Borrelia burgdorferi* and *Anaplasma phagocytophilum* in ixodid ticks from Southeastern Ukraine. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2021; 21(4):242–6. DOI: 10.1089/vbz.2020.2716.
4. Романенко Т.А., Скрипка Л.В. Анализ заболеваемости туляремией населения Донецкого региона. *Университетская клиника*. 2021; 4(41):100–7. DOI: 10.26435/uc.v0i4(41).750.
5. Сокиркина Е.Н., Носков А.К., Пичурина Н.Л., Цай А.В., Симакова Д.И., Ковалев Е.В. Современная эпизоотолого-эпидемиологическая ситуация по коксиеллезу на территориях Южного, Северо-Кавказского федеральных округов, Донецкой, Луганской Народных Республик, Запорожской и Херсонской областей. *Медицинский вестник Юга России*. 2024; 15(2):142–54. DOI: 10.21886/2219-8075-2024-15-2-142-154.
6. Мельник О.А. Проблемные вопросы лептоспироза (на примере Северного Причерноморья). *Клиническая инфектология и паразитология*. 2019; 8(4):476–83.
7. Ukhovskiy V., Pyskun A., Kornienko L., Aliekseieva H., Moroz O., Pyskun O., Kyivska G., Mezhen'skiy A. Serological prevalence of *Leptospira* serovars among pigs in Ukraine during the period of 2001–2019. *Vet. Med. (Praha)*. 2022; 67(1):13–27. DOI: 10.17221/50/2021-VETMED.
8. Полищук С.В., Быченко Д.Д. Ландшафтно-географические и природно-климатические условия для формирования природных очагов лептоспироза в Республике Крым на примере Джанкойского района и Присивашья. *Известия сельскохозяйственной науки Тавриды*. 2021; (28):125–37.
9. Pyskun A., Ukhovskiy V., Pyskun O., Nedosekov V., Kovalenko V., Nychyk S., Sytiuk M., Iwaniak W. Presence of antibodies against *Leptospira interrogans* serovar *hardjo* in serum samples from cattle in Ukraine. *Pol. J. Microbiol.* 2019; 68(3):295–302. DOI: 10.33073/pjm-2019-031.
10. Темякова С.Ю., Водопьянов А.С., Писанов Р.В. Молекулярно-генетический анализ штамма *B. afzelii*, выделенного на территории ДНР в 2023 году. В кн.: Проблемы и перспективы развития инновационных технологий. СПб.; 2023. С. 5–8. DOI: 10.37539/230922.2023.26.36.003.

11. Panteleienko O.V., Chernenko L.M., Vydayko N.B., Ukhovskiy V.V., Melnyk A.Y., Tsarenko T.M. Lyme borreliosis in humans and dogs: One Health perspective. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*. 2023; 14(4):570–5. DOI: 10.15421/022383.
 12. Иващенко Ю.Г., Ермачкова П.А. Исследование распространённости *Rickettsia* spp. в клещах в Крыму с использованием ПЦР в режиме реального времени. В кн.: Теоретические и практические аспекты современной медицины: Материалы Всероссийской научно-практической конференции с международным участием, посвященной проведению Международного года фундаментальных наук в интересах устойчивого развития (26 апреля 2022 г., Симферополь). Симферополь: Медицинская академия имени С.И. Георгиевского; 2022. С. 108–10.
 13. Гафарова М.Т., Бондаренко Е.И., Малый К.Д., Алиева Э.Э., Евстафьев И.Л., Товпинец Н.Н., Малая Н.К., Кубышкин А.В. Распространённость возбудителей трансмиссивных клещевых риккетсиозов на Крымском полуострове. *Клиническая лабораторная диагностика*. 2022; 67(3):170–6. DOI: 10.51620/0869-2084-2022-67-3-170-176.
 14. Yin X., Guo S., Ding C., Cao M., Kawabata H., Sato K., Ando S., Fujita H., Kawamori F., Su H., Shimada M., Shimamura Y., Masuda S., Ohashi N. Spotted fever group *Rickettsiae* in Inner Mongolia, China, 2015–2016. *Emerg. Infect. Dis.* 2018; 24(11):2105–7. DOI: 10.3201/eid2411.162094.
 15. Wijnveld M., Shhötta A.-M., Pinter A., Stockinger H., Stanek G. Novel *Rickettsia raoultii* strain isolated and propagated from Austrian *Dermacentor reticulatus* ticks. *Parasit. Vectors*. 2016; 9(1):567. DOI: 10.1186/s13071-016-1858-x.
 16. Johansson A., Farlow J., Larsson P., Dukerich M., Chambers E., Byström M., Fox J., Chu M., Forsman M., Sjöstedt A., Keim P. Worldwide genetic relationships among *Francisella tularensis* isolates determined by multiple-locus variable-number tandem repeat analysis. *J. Bacteriol.* 2004; 186(17):5808–18. DOI: 10.1128/JB.186.17.5808-5818.2004.
 17. 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.
 18. Basic Local Alignment Search Tool. [Электронный ресурс]. URL: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>.
 19. MLVAbank for Microbes Genotyping. [Электронный ресурс]. URL: <https://microbesgenotyping.i2bc.paris-saclay.fr/databases/view/524/2?panel=911>.
 20. Гнусарева О.А., Котенев Е.С., Волынкина А.С., Чишениук Т.И., Куличенко А.Н. Молекулярно-эпидемиологический анализ вспышки туляремии в Ставропольском крае в 2017 г. *Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение*. 2018; 7(3):57–61. DOI: 10.24411/2305-3496-2018-13008.
 21. Цимбалистова М.В., Сорокин В.М., Аронова Н.В., Анисимова А.С., Пичурина Н.Л., Пасюкова Н.И., Селянская Н.А., Водопьянов С.О., Водопьянов А.С., Писанов Р.В., Павлович Н.В., Ковалев Е.В., Носков А.К. Биологические свойства и генетическая характеристика штаммов *Francisella tularensis*, изолированных на территории Ростовской области в 2020 г. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2021; (3):134–40. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-3-134-140.
 22. Рудаков Н.В., Самойленко И.Е. Риккетсии и риккетсиозы группы клещевой пятнистой лихорадки. *Инфекционные болезни: новости, мнения, обучения*. 2007; (2):43–8.
 23. Гафарова М.Т., Еремеева М.Е. History and current status of Mediterranean Spotted Fever (MSF) in the Crimean Peninsula and neighboring regions along the Black Sea coast. *Pathogens*. 2023; 12(9):1161. DOI: 10.3390/pathogens12091161.
 24. Рудакова С.А., Теслова О.Е., Канешова Н.Е., Штрек С.В., Якименко В.В., Пенъевская 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.
- ## References
1. Dedok L.A., Marushchak L.V., Polupan I.N., Mezhenyskiy A.A. [The serological monitoring of Q fever in farm animals in Ukraine]. *Veterinarna Biotehnologiya [Veterinary Biotechnology]*. 2020; (37):31–6.
 2. Hightower J., Kracalik I.T., Vydayko N., Goodin D., Glass G., Blackburn J.K. Historical distribution and host-vector diversity of *Francisella tularensis*, the causative agent of tularemia, in Ukraine. *Parasit. Vectors*. 2014; 7:453. DOI: 10.1186/s13071-014-0453-2.
 3. Kovryha N., Tsyhankova A., Zelenuchina O., Mashchak O., Terekhov R., Rogovskiy A.S. Prevalence of *Borrelia burgdorferi* and *Anaplasma phagocytophilum* in ixodid ticks from Southeastern Ukraine. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2021; 21(4):242–6. DOI: 10.1089/vbz.2020.2716.
 4. Romanenko T.A., Skripka L.V. [The analysis of the incidence of tularemia in the population of the Donetsk region]. *Universitetskaya Klinika [University Clinic]*. 2021; 4(41):100–7. DOI: 10.26435/uc.v0i4(41).750.
 5. Sokirina E.N., Noskov A.K., Pichurina N.L., Tsay A.V., Simakova D.I., Kovalev Y.V. [The current epizootic and epidemiological situation of coxiellosis in the territories of the Southern, North Caucasian Federal Districts, Donetsk, Lugansk People's Republics, Zaporizhe and Kherson regions]. *Meditsinsky Vestnik Yuga Rossii [Medical Herald of the South of Russia]*. 2024; 15(2):142–54. DOI: 10.21886/2219-8075-2024-15-2-142-154.
 6. Melnik O. [Problem issues of leptospirosis (on the example of the northern Black Sea coast)]. *Klinicheskaya Infektologiya i Parazitologiya [Clinical Infectology and Parasitology]*. 2019; 8(4):476–83.
 7. Ukhovskiy V., Pyskun A., Kornienko L., Aliekseieva H., Moroz O., Pyskun O., Kyivska G., Mezhenyskiy A. Serological prevalence of *Leptospira* serovars among pigs in Ukraine during the period of 2001–2019. *Vet. Med. (Praha)*. 2022; 67(1):13–27. DOI: 10.17221/50/2021-VETMED.
 8. Polishchuk S.V., Bychenko D.D. [Landscape-geographical and climatic conditions for the formation of natural foci of leptospirosis in the Republic of Crimea on the example of Dzhanik district and Prisivashye]. *Izvestiya Sel'skokhozyaistvennoy Nauki Tavriy [Bulletin of Taurida Agricultural Science]*. 2021; (28):125–37.
 9. Pyskun A., Ukhovskiy V., Pyskun O., Nedosekov V., Kovalenko V., Nychyk S., Sytiuk M., Iwaniak W. Presence of antibodies against *Leptospira interrogans* serovar *hardjo* in serum samples from cattle in Ukraine. *Pol. J. Microbiol.* 2019; 68(3):295–302. DOI: 10.33073/pjm-2019-031.
 10. Temyakova S.Yu., Vodopyanov A.S., Pisanov R.V. [Molecular genetic analysis of the *B. afzelii*, strain isolated in the DPR territory in 2023]. In: [Problems and Prospects for the Development of Innovative Technologies]. St. Petersburg; 2023. P. 5–8. DOI: 10.37539/230922.2023.26.36.003.
 11. Panteleienko O.V., Chernenko L.M., Vydayko N.B., Ukhovskiy V.V., Melnyk A.Y., Tsarenko T.M. Lyme borreliosis in humans and dogs: One Health perspective. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*. 2023; 14(4):570–5. DOI: 10.15421/022383.
 12. Ivashchenko Yu.G., Ermachkova P.A. [A study of the prevalence of *Rickettsia* spp. in ticks in Crimea using real-time PCR]. In: [Theoretical and Practical Aspects of Modern Medicine: Proceedings of the All-Russian Scientific and Practical Conference with International Participation Dedicated to the International Year of Fundamental Sciences for Sustainable Development (April 26, 2022, Simferopol)]. Simferopol: S.I. Georgievsky Medical Academy; 2022. P. 108–10.
 13. Гафарова М.Т., Бондаренко Е.И., Малий К.Д., Алиева Э.Э., Евстафьев И.Л., Товпинец Н.Н., Малая Н.К., Кубышкин А.В. [Prevalence of causative agents of transmissible tick-borne rickettsioses in the Crimean peninsula]. *Klinicheskaya Laboratornaya Diagnostika [Russian Clinical Laboratory Diagnostics]*. 2022; 67(3):170–6. DOI: 10.51620/0869-2084-2022-67-3-170-176.
 14. Yin X., Guo S., Ding C., Cao M., Kawabata H., Sato K., Ando S., Fujita H., Kawamori F., Su H., Shimada M., Shimamura Y., Masuda S., Ohashi N. Spotted fever group *Rickettsiae* in Inner Mongolia, China, 2015–2016. *Emerg. Infect. Dis.* 2018; 24(11):2105–7. DOI: 10.3201/eid2411.162094.
 15. Wijnveld M., Shhötta A.-M., Pinter A., Stockinger H., Stanek G. Novel *Rickettsia raoultii* strain isolated and propagated from Austrian *Dermacentor reticulatus* ticks. *Parasit. Vectors*. 2016; 9(1):567. DOI: 10.1186/s13071-016-1858-x.
 16. Johansson A., Farlow J., Larsson P., Dukerich M., Chambers E., Byström M., Fox J., Chu M., Forsman M., Sjöstedt A., Keim P. Worldwide genetic relationships among *Francisella tularensis* isolates determined by multiple-locus variable-number tandem repeat analysis. *J. Bacteriol.* 2004; 186(17):5808–18. DOI: 10.1128/JB.186.17.5808-5818.2004.
 17. 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.
 18. Basic Local Alignment Search Tool. [Internet]. Available from: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>.
 19. MLVAbank for Microbes Genotyping. [Internet]. Available from: <http://microbesgenotyping.i2bc.paris-saclay.fr/databases/view/524/2?panel=911>.
 20. Gnasareva O.A., Kotenev E.S., Volynkina A.S., Chishenyuk T.I., Kulichenko A.N. [Molecular-epidemiological analysis of the tularemia outbreak in the Stavropol Territory in 2017]. *Infektsionnye Bolezni: Novosti, Mneniya, Obuchenie [Infectious Diseases: News, Opinions, Training]*. 2018; 7(3):57–61. DOI: 10.24411/2305-3496-2018-13008.
 21. Tsimbalistova M.V., Soroikin V.M., Aronova N.V., Anisimova A.S., Pichurina N.L., Pasukova N.I., Selyanskaya N.A., Vodopyanov S.O., Vodopyanov A.S., Pisanov R.V., Pavlovich N.V., Kovalev E.V., Noskov A.K. [Biological properties and genetic characteristics of *Francisella tularensis* strains isolated in the territory

of the Rostov Region in 2020]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2021; (3):134–40. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-3-134-140.

22. Rudakov N.V., Samoylenko I.E. [Rickettsiae and rickettsioses of spotted fever group]. *Infektsionnye Bolezni: Novosti, Mneniya, Obuchenie. [Infectious Diseases: News, Opinions, Training]*. 2007; (2):43–8.

23. Gafarova M.T., Ereemeeva M.E. History and current status of Mediterranean Spotted Fever (MSF) in the Crimean Peninsula and neighboring regions along the Black Sea coast. *Pathogens*. 2023; 12(9):1161. DOI: 10.3390/pathogens12091161.

24. 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.

Authors:

Ul'shina D.V., Vasil'eva O.V., Gnusareva O.A., Siritsa Yu.V., Volynkina A.S., Mikhailova M.E., Shaposhnikova L.I., Kulichenko A.N. Stavropol Research Anti-Plague Institute. 13–15, Sovetskaya St., Stavropol, 355035, Russian Federation. E-mail: stavnipchi@mail.ru.

Об авторах:

Ульшина Д.В., Васильева О.В., Гнусарева О.А., Сирица Ю.В., Волюнкина А.С., Михайлова М.Е., Шапошникова Л.И., Куличенко А.Н. Ставропольский научно-исследовательский противочумный институт. Российская Федерация, 355035, Ставрополь, ул. Советская, 13–15. E-mail: stavnipchi@mail.ru.