

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-54-60

УДК 595.421:579.25

К.А. Голидонова¹, Э.И. Коренберг¹, Ю.В. Ковалевский¹, Н.Б. Горелова¹, В.А. Матросова²

Аллельные варианты локусов гена *p66* у изолятов от клещей *Ixodes persulcatus* и *I. trianguliceps* – переносчиков возбудителя иксодового клещевого боррелиоза *Borrelia bavariensis*

¹ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Российская Федерация; ²ФГБУН Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта РАН, Москва, Российская Федерация

Цель исследования – изучение генетической variability локусов гена *p66* изолятов *Borrelia bavariensis*, выделенных от имаго и нимф *Ixodes persulcatus*, а также от нимф *I. trianguliceps*. **Материалы и методы.** Исследованы 123 изолята *B. bavariensis* от нимф и имаго таежного клеща и от нимф *I. trianguliceps*, отловленных в 1993–2003 гг. в природном очаге иксодового клещевого боррелиоза (ИКБ) Пермского края. Нуклеотидные последовательности получены методом полимеразной цепной реакции с последующим секвенированием ампликонов локусов гена *p66*. Результаты проанализированы с использованием сервиса BLAST. Дендрограмма построена методом максимального правдоподобия в MEGA11 (bootstrap 1000 повторов). **Результаты и обсуждение.** Среди исследованных изолятов обнаружены 8 аллельных вариантов локусов гена *p66* *B. bavariensis*, 6 из которых – у имаго таежного клеща. Изоляты от нимф *I. trianguliceps* имеют практически сходный набор таких вариантов с изолятами от нимф и имаго *I. persulcatus*. У изолятов от нимф (70,0±7,2 %) и имаго (67,2±6,2 %) таежного клеща чаще встречались аллельные варианты № 1 и 2. Они также преобладали среди изолятов от нимф *I. trianguliceps* (76,0±17,4 %). В исследуемом природном очаге клещи *I. persulcatus* и *I. trianguliceps* поддерживают циркуляцию различных аллельных вариантов *B. bavariensis*, что подтверждается наличием у них соответствующих локусов гена *p66*. Варианты аллелей № 1 и 2 по гену *p66* идентичны обнаруженным ранее у изолятов *B. bavariensis* от людей с ИКБ (К. Golidonova et al., 2022). Значительное преобладание двух выявленных аллельных вариантов боррелий у клещей-переносчиков при циркуляции возбудителя в природном очаге объясняет наиболее частые заражения людей ИКБ именно этими вариантами.

Ключевые слова: *Borrelia bavariensis*, иксодовые клещи, ген *p66*, аллельные варианты.

Корреспондирующий автор: Голидонова Кристина Андреевна, e-mail: kristi.dekor@mail.ru.

Для цитирования: Голидонова К.А., Коренберг Э.И., Ковалевский Ю.В., Горелова Н.Б., Матросова В.А. Аллельные варианты локусов гена *p66* у изолятов от клещей *Ixodes persulcatus* и *I. trianguliceps* – переносчиков возбудителя иксодового клещевого боррелиоза *Borrelia bavariensis*. Проблемы особо опасных инфекций. 2025; 4:54–60. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-54-60

Поступила 28.07.2025. Отправлена на доработку 11.11.2025. Принята к публикации 17.11.2025.

К.А. Golidonova¹, E.I. Korenberg¹, Yu.V. Kovalevsky¹, N.B. Gorelova¹, V.A. Matrosova²

Allelic Variants of the *p66* Gene Loci in Isolates from *Ixodes persulcatus* and *I. trianguliceps* Ticks, Vectors of the Causative Agent of Tick-Borne Borreliosis, *Borrelia bavariensis*

¹National Research Center of Epidemiology and Microbiology named after Honorary Academician N.F. Gamaleya, Ministry of Health of the Russian Federation, Moscow, Russian Federation;

²Institute of Molecular Biology named after V.A. Engelhardt of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russian Federation

Abstract. The aim of the study was to investigate the genetic variability of *p66* gene loci in *Borrelia bavariensis* isolates obtained from adults and nymphs of *Ixodes persulcatus* ticks, as well as from nymphs of *I. trianguliceps*. **Materials and methods.** 123 isolates of *B. bavariensis* from nymphs and adults of taiga tick and from nymphs of *I. trianguliceps* collected in 1993–2003 in the natural focus of Ixodid tick-borne borreliosis (ITBB) of Perm Territory were studied. Nucleotide sequences were obtained using polymerase chain reaction followed by sequencing of *p66* gene loci amplicons. The results were analyzed applying BLAST service. The dendrogram was constructed using the maximum likelihood method in MEGA11 software (a bootstrap value of 1000 repeats). **Results and discussion.** Among the studied isolates, 8 allelic variants of *p66* gene loci of *B. bavariensis* were found, 6 of which were in the adult taiga ticks. Isolates from nymphs of *I. trianguliceps* have an almost similar set of such variants as isolates from nymphs and adults of *I. persulcatus*. In isolates from nymphs (70.0±7.2 %) and adults (67.2±6.2 %) of the taiga tick, allelic variants No. 1 and 2 were more frequent. They also prevailed among isolates from *I. trianguliceps* nymphs (76.0±17.4 %). In the studied natural focus, *I. persulcatus* and *I. trianguliceps* ticks maintain the circulation of various allelic variants of *Borrelia bavariensis*, which is confirmed by the presence of corresponding *p66* gene loci in them. Variants No. 1 and 2 are identical to those previously detected in isolates *B. bavariensis* from humans with ITBB (Golidonova et al., 2022). The significant prevalence of the two identified allelic variants of *Borrelia* in tick vectors during circulation of the pathogen in the natural focus explains the most frequent infections of population with ITBB by these variants.

Key words: *Borrelia bavariensis*, Ixodid ticks, *p66* gene, allelic variants.

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

Funding: The work was carried out within the framework of the state assignment of the Ministry of Health of the Russian Federation “Study of ecological and genetic factors of increased pathogenicity of Ixodidae tick-borne borreliosis agents as a basis for predicting their epidemic hazard in the development of laboratory diagnostic tools” (121030900383-2).

Corresponding author: Kristina A. Golidonova, e-mail: kristi.dekor@mail.ru.

Citation: Golidonova K.A., Korenberg E.I., Kovalevsky Yu.V., Gorelova N.B., Matrosova V.A. Allelic Variants of the *p66* Gene Loci in Isolates from *Ixodes persulcatus* and *I. trianguliceps* Ticks, Vectors of the Causative Agent of Tick-Borne Borreliosis, *Borrelia bavariensis*. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 4:54–60. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-4-54-60

Received 28.07.2025. Revised 11.11.2025. Accepted 17.11.2025.

Golidonova K.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4832-6248>

Korenberg E.I., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4452-4231>

Kovalevsky Yu.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1936-7868>

Matrosova V.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2325-8584>

Иксодовые клещевые боррелиозы (ИКБ) – группа спирохетозных природно-очаговых облигатно-трансмиссивных инфекций. Возбудители ИКБ – комплекс спирохет *Borrelia burgdorferi* sensu lato, включающий более 22 видов, семь из которых патогенны для человека [1]. В России наибольшее эпидемиологическое значение, наряду с *B. garinii* и *B. afzelii* [1, 2], имеет *B. bavariensis*, ранее известная как *B. garinii* генетической подгруппы NT29 и распространенная в природных очагах Евразии [3, 4]. Боррелии, вызывающие ИКБ, формируют сложные трехчленные паразитарные системы, неразрывно связанные с жизненными схемами циклов развития основных переносчиков – таежного (*Ixodes persulcatus* Schulze 1930) и европейского лесного (*I. ricinus* Linnaeus 1758) клещей, широко распространенных в Евразии [1]. Клещ *I. trianguliceps* Birula 1895 не нападает на человека, но вовлекается в циркуляцию возбудителей ИКБ и распространен в лесной зоне от Калининграда до Байкала [2].

Факторы патогенности *B. bavariensis*, как и других возбудителей ИКБ, – поверхностные белки мембраны бактерий. Инфекционный процесс «запускается» адгезией боррелий к клеткам млекопитающих. Для этого процесса большое значение имеет белок P66, контролируемый одноименным геном [1, 5, 6].

В Пермском крае, где выделены исследованные изоляты боррелий, заражения людей ИКБ, как правило, происходят в результате нападения голодного инфицированного имаго таежного клеща. Предимагинальные фазы клещей *I. persulcatus* и *I. trianguliceps* кормятся на мелких млекопитающих сходного набора видов, причем нередко особи клещей обоих видов паразитируют совместно на одном зверьке [2].

Цель исследования – изучение генетической вариабельности локусов гена *p66* изолятов *B. bavariensis*, выделенных от имаго и нимф *I. persulcatus*, а также от нимф *I. trianguliceps*.

Материалы и методы

Исследованы 123 изолята *B. bavariensis* из музеев боррелий на базе Государственной коллекции микроорганизмов – возбудителей инфекционных болезней человека II–IV групп патогенности (Москва). Они получены в 1993–2003 гг. от нимф и имаго кле-

щей *I. persulcatus*, а также от нимф *I. trianguliceps* (табл. 1) в природном очаге ИКБ в горно-таежных лесах Чусовского района Пермского края (58.32° с.ш., 57.43° в.д.). В исследованной экосистеме также циркулируют *B. afzelii* и *B. garinii* [2]. Отлов нимф и имаго *I. persulcatus* проведен на флаг с наземной растительности [7]. Нимфы *I. trianguliceps* собраны с мелких млекопитающих, пойманных живоловками Шермана [2]. Определения видовой принадлежности клещей, посев на среду BSK-комплекса их внутренних органов для изоляции боррелий, культивирование посевов, а также выделение ДНК, проведение ПЦР, очистка ПЦР-продуктов, праймеры, фланкирующие locus гена *p66* размером 280 п.н., описаны ранее [2, 7, 8]. Ампликоны секвенированы в Центре коллективного пользования «Геном» (ИМБ РАН, Москва). Результаты проанализированы с использованием сервиса BLAST, программ Chromas, MEGA11 и Jalview. Дендрограмма построена в MEGA11 с помощью 3-параметровой эволюционной модели Тамуры методом максимального правдоподобия при величине bootstrap 1000 повторов. В базу данных NCBI GenBank депонированы 33 нуклеотидные последовательности (Н.П.) локуса гена *p66* изолятов от клещей двух видов (номера доступа OR183688 – OR183707, PP940149 – PP940161). Статистическая обработка данных выполнена для $p=0,95$ в программе Microsoft Excel.

Результаты и обсуждение

Проведен филогенетический анализ последовательностей локусов гена *p66* всех 123 изолятов *B. bavariensis* от *I. persulcatus* и *I. trianguliceps*. На построенной дендрограмме все исследуемые локусы группировались в 9 кластеров, каждый из которых представляют от 1 до 27 изолятов (рис. 1). В связи с большим объемом этой рабочей дендрограммы, рис. 1, подготовленный для наглядности, отражает ее сокращенный вариант, который включает Н.П., принадлежащие не более чем 3 изолятам из каждого обнаруженного кластера. Нуклеотидные последовательности локуса гена *p66* внутри кластеров были сходными на 99,6–100 %, а различия между кластерами достигали 2,9 %.

Нуклеотидные последовательности ряда изолятов от *I. persulcatus* (например, изоляты Ip-891 и др.,

Таблица 1 / Table 1

Количество исследованных изолятов от клещей двух видов
и число выявленных среди них вариантов нуклеотидных последовательностей локусов гена *p66*

The number of studied isolates from ticks of two species
and the number of variants of the nucleotide sequences of *p66* gene loci identified among them

Вид и фаза развития клещей Species and phase of development of ticks	Исследовано изолятов Isolates analyzed	Из них, число каждого с одним из 8 [9] выявленных вариантов Н.П. локусов гена <i>p66</i> Of these, the number of each with one of the 8 [9] identified variants of the nucleotide sequences of <i>p66</i> gene loci								
		1	2	3	4	5	6	7	8	9
Нимфа / Nymph <i>I. persulcatus</i>	40	21	7	–	2	–	1	4	3	2
Имаго / Adult <i>I. persulcatus</i>	58	27	12	–	6	–	4	7	2	–
Нимфа / Nymph <i>I. trianguliceps</i>	25	8	11	–	1	2	–	1	2	–

рис. 1) и нимф *I. trianguliceps* (Itn-2083 и др.) оказались на 99,5 % и более сходными с последовательностями локусов гена *p66* аллельного варианта № 1 (изоляты Hs-1 и Hs-10), который выявлен нами ранее у людей, больных ИКБ [8]. Последовательности другой части изолятов от клещей обоих этих видов (изоляты от Ip-1502 до Ip-1539, рис. 1) были на 99,6–100 % сходными с аллельным вариантом № 2 изолятов от больных (например, с Hs-6). Последовательность изолята Hs-139, полученного от пациента с ИКБ и принадлежащего единичному аллельному варианту № 3, у клещей не выявлена [8]. На дендрограмме (рис. 1) в вариант № 7 объединены три ветви, включающие изоляты от Cg-1205 до Ip-2951, а также Mo-665 и Cg-2691, поскольку их нуклеотидное сходство последовательностей гена *p66* составило 99,5–100 % [9]. Нуклеотидные последовательности локуса гена *p66* изолятов Cg-2692 и Sb-3174 отличались больше чем на 1,1 %, поэтому они разделяются на варианты № 9 и 12 соответственно [9]. Варианты аллелей с номерами 10, 11 и 12, обнаруженные у изолятов от мелких млекопитающих, у изолятов от иксодовых клещей двух видов не найдены. Таким образом, у исследованных членистоногих обнаружены 8 кластеров (рис. 1, табл. 1), которые можно считать четко выраженными аллельными вариантами (А.В.) локусов гена *p66* *B. bavariensis*. Порядковые номера этих аллелей соответствуют их номерам у обнаруженных ранее изолятов от людей с ИКБ и резервуарных хозяев боррелий [8, 9].

Последовательности локуса гена *p66* аллельных вариантов, выявленных у изолятов от клещей двух видов из Пермского края, оказались сходными на 99,6–100 % с последовательностями ряда изолятов, имеющимися в базе данных NCBI GenBank (табл. 2). Для сокращения объема этой таблицы из каждого региона приведены по 1 изоляту, но звездочкой отмечены те, для которых в базе данных GenBank имеется более одного изолята из данного региона с аналогичной нуклеотидной последовательностью локуса гена *p66*. В совокупности эти данные свидетельствуют о широком распространении в Евразии различных А.В. гена *p66* *B. bavariensis*, которые

выявлены нами у иксодовых клещей двух видов из Среднего Урала.

Выравнивание некоторых аминокислотных последовательностей от клещей, выбранных случайным образом и представляющих 8 аллельных вариантов, а также варианты 10–12 от мелких млекопитающих [9], позволило продемонстрировать их различия (рис. 2). Аминокислотные выражения изолятов А.В. № 1 от клещей, людей и мелких млекопитающих оказались тождественными. У изолятов варианта № 2 аминокислотные последовательности также оказались идентичными (из-за синонимичных нуклеотидных замен), хотя на дендрограмме (рис. 1) они образовывали две ветви. Среди прочих вариантов были идентифицированы различные аминокислотные замены. Примечательно, что изолят Sb-3174 характеризовался наличием вставки триплета, как было установлено ранее [9], что приводило к inserции дополнительной аминокислоты в полипептидную последовательность. Это позволяет подтвердить разделение исходного кластера на рис. 1 на отдельные варианты № 9 и 12. Выравнивание последовательностей фрагментов белка Р66 изолятов *B. bavariensis* от клещей, как и от больных людей и от мелких млекопитающих – резервуарных хозяев боррелий [8, 9], выявило идентичный гетерогенный участок (рис. 2, позиции А.П. с 45-й по 62-ю), состоящий из 31 аминокислоты, где значительная часть замен произошла со сменой полярности определенных аминокислот. Такие замены аминокислот могут влиять на структуру петли белка Р66 и, предположительно, на его функции, включая степень адгезивности боррелий к клеткам человека, что требует дальнейших специальных исследований.

У изолятов от нимф и имаго *I. persulcatus* имеется практически сходный набор аллельных вариантов. Наиболее часто у таких изолятов встречались А.В. № 1 и 2 (табл. 1): у нимф – (70,0±13,2) %, у имаго – (67,2±6,2) %. Отличия между приведенными показателями оказались недостоверными ($t=0,87$; $t<1,98$). Это показывает, что голодные взрослые таежные клещи получают разные варианты аллелей

гена *p66* *B. bavariensis* при их трансфазовой передаче от инфицированных напивавшихся и успешно метаморфизировавших нимф, что подтверждают данные других исследователей [1, 2, 10]. Преобладание этих

двух аллельных вариантов *B. bavariensis* у инфицированных взрослых таежных клещей в природных очагах определяет их роль как этиологического агента заболеваний ИКБ на Среднем Урале [2].

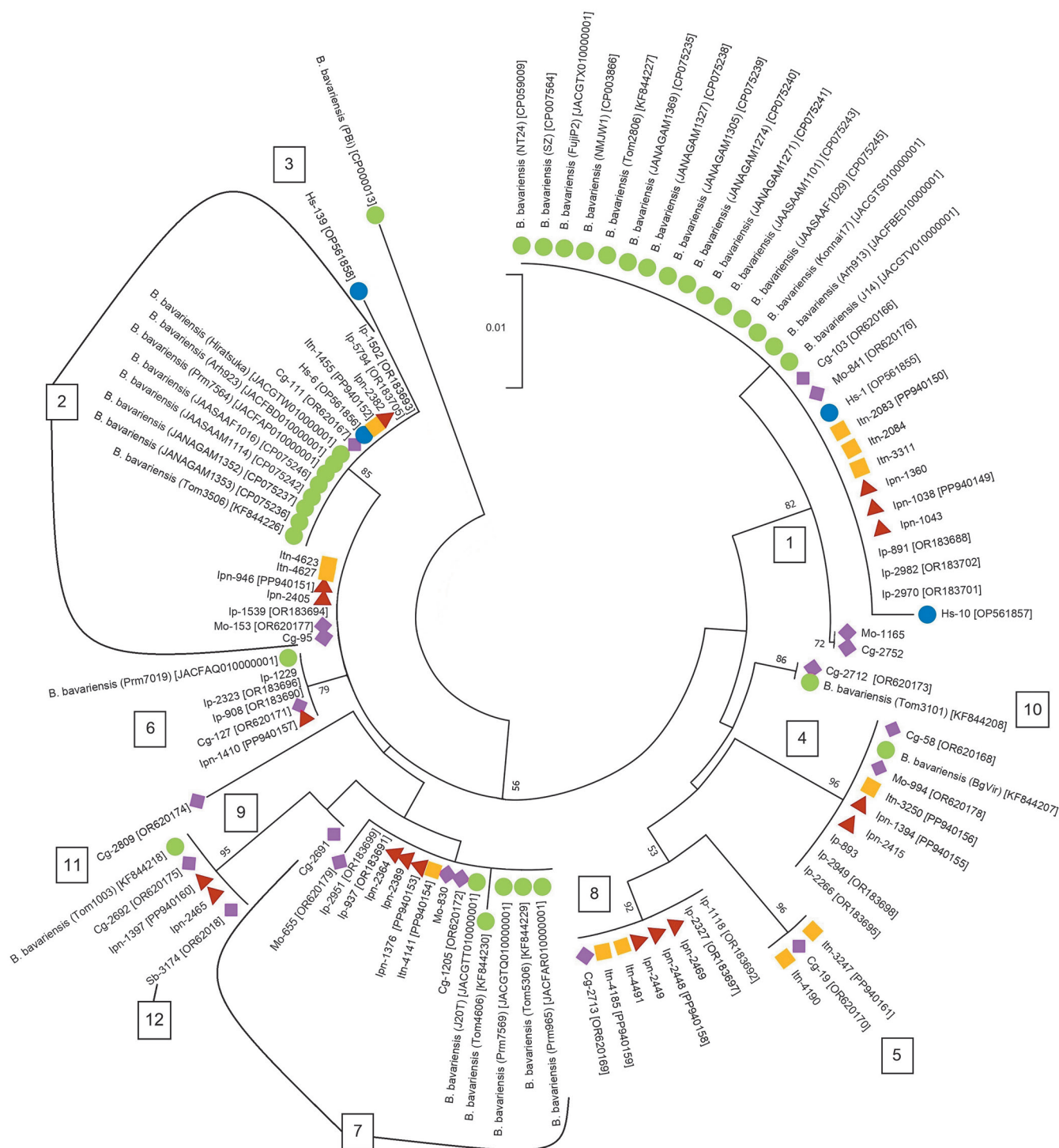


Рис. 1. Дендрограмма Н.П. локусов гена *p66* *B. bavariensis* от голодных нимф (17 изолятов) и имаго *I. persulcatus* (16), от нимф *I. trianguliceps* (12). Изоляты от нимф таежного клеща обозначены красными треугольниками; от нимф *I. trianguliceps* – желтыми квадратами; 20 изолятов от мелких млекопитающих – фиолетовыми ромбами; 4 изолята от людей с ИКБ – синими кружками. Сходные с выявленными в данном исследовании Н.П. локусов гена *p66* у 33 штаммов *B. bavariensis*, обнаруженных в GenBank, отмечены зелеными кружками. В круглых скобках – наименование изолятов боррелий; в квадратных скобках – номера доступа в GenBank; в квадратах – порядковые номера А.Б.

Fig. 1. Dendrogram of nucleotide sequences of *p66* *B. bavariensis* gene loci from unfed nymphs (17 isolates) and *I. persulcatus* imago (16), from *I. trianguliceps* nymphs (12). Isolates from nymphs of the taiga tick are marked with red triangles; from nymphs of *I. trianguliceps* – with yellow squares; 20 isolates from small mammals – with violet diamonds; 4 isolates from humans with ITBB – with blue circles. Similar to nucleotide sequences of *p66* gene loci identified in this study in 33 strains of *B. bavariensis*, found in GenBank, are marked with green circles. In parentheses – the name of *Borrelia* isolates; in square brackets – access numbers to GenBank; in squares – ordinal numbers of allelic variants

Таблица 2 / Table 2

Последовательности локусов гена *p66* *B. bavariensis* в базе NCBI GenBank (на 20.07.2025), сходные с выявленными нами на Среднем Урале (номера доступа – на рис. 1)

The sequences of *p66* gene loci of *B. bavariensis* in the NCBI GenBank (as of 20 July 2025), similar to those identified by us in the Middle Urals (access numbers – in Fig. 1)

Номер А.В. исследованных изолятов боррелий по табл. 1 и рис. 1 No. of allelic variant of the studied <i>Borrelia</i> isolates according to table 1 and fig. 1	Штаммы с аналогичными Н.П. из NCBI GenBank Strains with similar nucleotide sequences in the NCBI GenBank		
	Наименование Name	Источник изоляции Source of isolation	Страна, регион / Country, region
1	Arh913, Tom2806	<i>I. persulcatus</i>	Россия: Архангельская, Томская области Russia: Arkhangelsk, Tomsk Regions
	NMJW1		Китай / China
	NT24*, FujiP2, JAASAAF1029*, Konnai17		Япония: Нагано, Сидзуока, Хоккайдо Japan: Nagano, Shizuoka, Hokkaido
	SZ	<i>Dermacentor</i> sp.	Китай / China
	J14	Человек / Human	Япония: Хоккайдо / Japan: Hokkaido
2	Arh923, Prm7564, Tom3506	<i>I. persulcatus</i>	Россия: Архангельская и Томская области, Пермский край Russia: Arkhangelsk and Tomsk Regions, Perm Territory
	JANAGAM1352*, JAASAAF1016*		Япония: Нагано, Хоккайдо / Japan: Nagano, Hokkaido
	Hiratsuka	Человек / Human	Япония: Ниигата / Japan: Niigata
4	BgVir	<i>I. persulcatus</i>	Россия: Томская область / Russia: Tomsk Region
6	Prm7019	<i>I. persulcatus</i>	Россия: Пермский край / Russia: Perm Territory
7	Tom4606*, Prm965*	<i>I. persulcatus</i>	Россия: Пермский край, Томская область Russia: Perm Territory, Tomsk Region
	J20T	Человек / Human	Япония: Хоккайдо / Japan: Hokkaido
9	Tom1003	<i>I. persulcatus</i>	Россия: Томская область / Russia: Tomsk Region

Примечание: * изоляты, для которых в базе данных GenBank имеется более одного изолята из данного региона с аналогичной нуклеотидной последовательностью локуса гена *p66*.

Note: * isolates for which there is one or more similar isolates from the given region with analogous nucleotide sequence of *p66* gene locus contained in NCBI GenBank.

Изоляты от нимф *I. trianguliceps* содержат сходный спектр аллельных вариантов с изолятами от имаго и нимф таежного клеща (рис. 1, табл. 1). Среди них преобладают (76,0±17,4 %) варианты № 1 и 2 последовательностей локусов гена *p66*, как и среди изолятов от нимф *I. persulcatus* (70,0±13,2 %), причем отличия между этими двумя показателями недостоверны ($t=0,27$; $t<2,0$). Приведенные данные свидетельствуют об участии предимагинальной фазы развития клеща *I. trianguliceps* в эпизоотическом процессе и поддержании генетической гетерогенности возбудителя ИКБ в паразитарной системе, основное значение которой имеют *I. persulcatus*, а также об отсутствии предпочтения аллельных вариантов *B. bavariensis* к одному из этих двух видов клещей.

Набор и соотношение А.В. локусов гена *p66* у изолятов от предимагинальных фаз клещей *I. persulcatus* и *I. trianguliceps* оказались практически идентичными таковым у изолятов от мелких млекопитающих [9]. Эти результаты показывают, что предимагинальные фазы клещей *I. persulcatus* и *I. trianguliceps*, имеющие сходный круг основных хозяев [2, 7], получают различные варианты аллелей *B. bavariensis* при раздельном или совместном пита-

нии на инфицированных зверьках-прокормителях. По нашим данным (табл. 1), подтверждающимся другими исследованиями [7, 10], *I. trianguliceps* не влияют на частоту и соотношение различных аллельных вариантов *B. bavariensis*. Нимфы *I. persulcatus* – ключевое звено вертикальной передачи и сохранения гетерогенности *B. bavariensis* (видимо, и других возбудителей ИКБ *B. burgdorferi* s.l.) голодным имаго основного переносчика этого вида. Незараженные нимфы таежного клеща, имеющие широкий круг прокормителей [7], могут получать боррелий от их зараженных резервуарных хозяев и передавать таким зверькам эти спирохеты. Поскольку трансвариальная передача маловероятна [10], голодные личинки основного переносчика заражаются при питании на мелких млекопитающих – носителях боррелий и могут передать их при метаморфозе нимфам. Таким образом, клещи *I. persulcatus* и *I. trianguliceps* сохраняют и поддерживают циркуляцию в природном очаге различных аллельных вариантов локусов гена *p66* *Borrelia bavariensis*, включая два аллеля, наиболее часто заражающие человека.

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

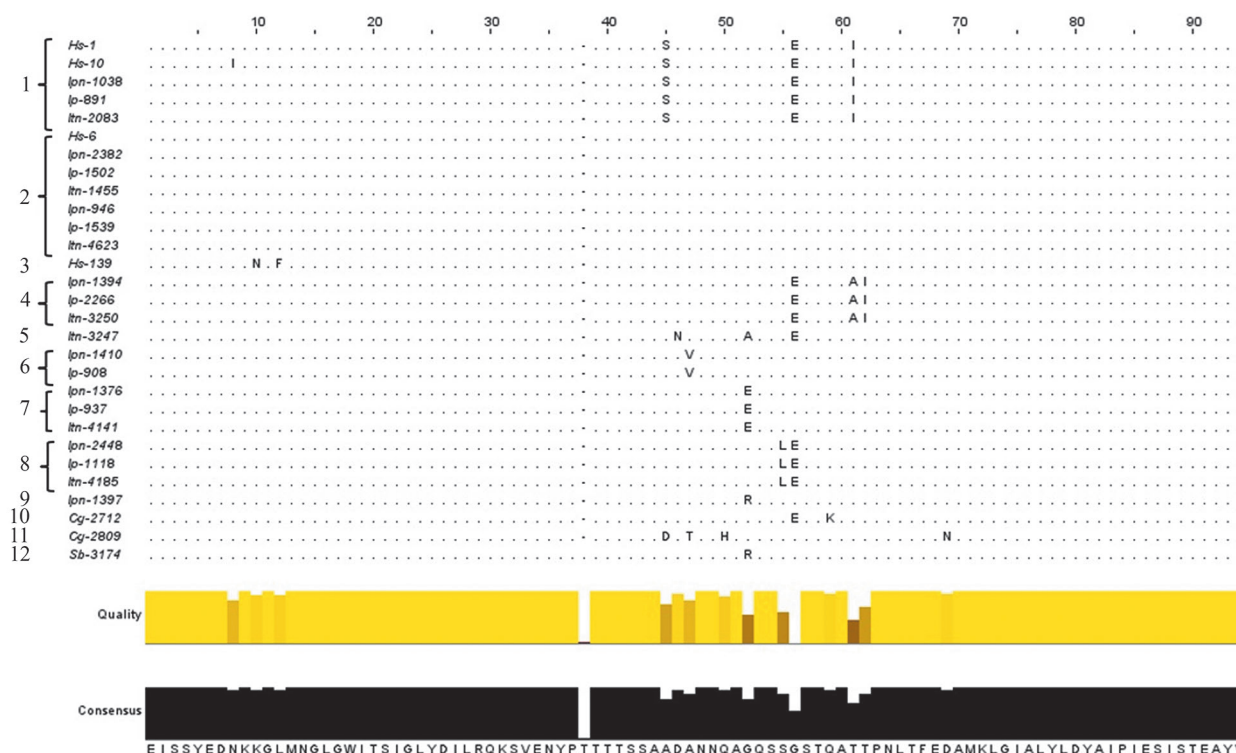


Рис. 2. Выравнивание аминокислотных последовательностей у выборочных изолятов от нимф (Ipn) и имаго (Ip) таежного клеща, от нимф клеща *I. trianguliceps* (Itn), которые представляют выявленные у клещей аллельные варианты *B. bavariensis*. На множественном выравнивании также представлены аминокислотные последовательности изолятов от людей с ИКБ (Hs) и от мелких млекопитающих (Cg и Sb), представляющие прочие варианты боррелий этого вида. Порядковые номера их A.B. приведены по вертикали перед номерами изолятов. Quality – качество выравнивания, Consensus – консенсусная последовательность

Fig. 2. Alignment of amino acid sequences in selected isolates from nymphs (Ipn) and adults (Ip) of the taiga tick, from nymphs of *I. trianguliceps* tick (Itn), which represent allelic variants of *B. bavariensis* identified in ticks. The amino acid sequences of isolates from humans with ITBB (Hs) and from small mammals (Cg and Sb), representing other variants of this *Borrelia* species, are also provided in multiple alignment. The sequence numbers of their allelic variants are given vertically before the isolate numbers. Quality – quality of the alignment, Consensus – consensus sequence

Финансирование. Работа выполнена в рамках государственного задания Минздрава России «Изучение эколого-генетических факторов повышенной патогенности возбудителей иксодовых клещевых боррелиозов как основа прогнозирования их эпидемической опасности в разработке средств лабораторной диагностики» (121030900383-2).

Список литературы

1. Hunfeld K.-P., Gray J., editors. Lyme Borreliosis. Springer International Publishing; 2022. P. 1–30.
2. Korenberg E.I., Kovalevskii Y.V., Gorelova N.B., Nefedova V.V. Comparative analysis of the roles of *Ixodes persulcatus* and *I. trianguliceps* ticks in natural foci of ixodid tick-borne borrelioses in the Middle Urals, Russia. *Ticks Tick Borne Dis.* 2015; 6(3):316–21. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2015.02.004.
3. Рудакова С.А., Теслова О.Е., Муталинова Н.Е., Рудаков Н.В., Пенъевская Н.А., Кузьменко Ю.Ф., Транквилевский Д.В. Эпидемиологическая ситуация по иксодовым клещевым боррелиозам в Российской Федерации в 2010–2024 гг. и прогноз на 2025 г. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2025; (2):39–46. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-2-39-46.
4. Margos G., Fingerle V., Reynolds S. *Borrelia bavariensis*: vector switch, niche invasion, and geographical spread of a tick-borne bacterial parasite. *Front. Ecol. Evol.* 2019; 7:401. DOI: 10.3389/fevo.2019.00401.
5. Tan X., Castellanos M., Chaconas G. Choreography of Lyme disease spirochete adhesins to promote vascular escape. *Microbiol. Spectr.* 2023; 11(4):e0125423. DOI: 10.1128/spectrum.01254-23.
6. Kumar D., Ristow L.C., Shi M., Mukherjee P., Caine J.A., Lee W.Y., Kubes P., Coburn J., Chaconas G. Intravital imaging of vascu-

lar transmigration by the Lyme spirochete: requirement for the integrin binding residues of the *B. burgdorferi* P66 protein. *PLoS Pathog.* 2015; 11(12):e1005333. DOI: 10.1371/journal.ppat.1005333.

7. Ковалевский Ю.В., Коренберг Э.И., Горелова Н.Б. Многолетняя динамика эпизоотического процесса природных очагов иксодовых клещевых боррелиозов в горно-таежных лесах Среднего Урала. *Паразитология.* 2004; 38(2):105–21.

8. Golidonova K., Korenberg E., Krupinskaya E., Matrosova V., Gintsburg A. Allelic variants of *P66* gene in *Borrelia bavariensis* isolates from patients with ixodid tick-borne borreliosis. *Microorganisms.* 2022; 10(12):2509. DOI: 10.3390/microorganisms10122509.

9. Голитонова К.А., Коренберг Э.И., Ковалевский Ю.В., Горелова Н.Б., Матросова В.А. Аллельные варианты локусов гена *p66* у изолятов от мелких млекопитающих – резервуарных хозяев возбудителя иксодового клещевого боррелиоза *Borrelia bavariensis*, циркулирующего в природных очагах среднего Урала. *Бактериология.* 2025; 10(1):50–7. DOI: 10.20953/2500-1027-2025-1-50-57.

10. Григорьева Л.А., Митева О.А., Самойлова Е.П. Паразитарная система *Ixodes persulcatus* (Ixodinae) – *Borrelia garinii* – мелкие млекопитающие на северо-западе России. *Труды Зоологического института РАН.* 2024; 328(2):308–22. DOI: 10.31610/trudyzin/2024.328.2.308.

References

1. Hunfeld K.-P., Gray J., editors. Lyme Borreliosis. Springer International Publishing; 2022. P. 1–30.
2. Korenberg E.I., Kovalevskii Y.V., Gorelova N.B., Nefedova V.V. Comparative analysis of the roles of *Ixodes persulcatus* and *I. trianguliceps* ticks in natural foci of ixodid tick-borne borrelioses in the Middle Urals, Russia. *Ticks Tick Borne Dis.* 2015; 6(3):316–21. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2015.02.004.
3. Rudakova S.A., Teslova O.E., Mutalino N.E., Rudakov N.V., Pen'evskaya N.A., Kuz'menko Yu.F., Trankvilevsky D.V.

[Review of the epidemiological situation on ixodidae tick-borne borrelioses in the Russian Federation in 2010–2024 and forecast for 2025]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; (2):39–46. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-2-39-46.

4. Margos G., Fingerle V., Reynolds S. *Borrelia bavariensis*: vector switch, niche invasion, and geographical spread of a tick-borne bacterial parasite. *Front. Ecol. Evol.* 2019; 7:401. DOI: 10.3389/fevo.2019.00401.

5. Tan X., Castellanos M., Chaconas G. Choreography of Lyme disease spirochete adhesins to promote vascular escape. *Microbiol. Spectr.* 2023; 11(4):e0125423. DOI: 10.1128/spectrum.01254-23.

6. Kumar D., Ristow L.C., Shi M., Mukherjee P., Caine J.A., Lee W.Y., Kubes P., Coburn J., Chaconas G. Intravital imaging of vascular transmigration by the Lyme spirochete: requirement for the integrin binding residues of the *B. burgdorferi* P66 protein. *PLoS Pathog.* 2015; 11(12):e1005333. DOI: 10.1371/journal.ppat.1005333.

7. Kovalevskii Yu.V., Korenberg E.I., Gorelova N.B. [Long-term dynamics of epizootic process in natural foci of Ixodidae tick-borne borrelioses in the mountain taiga forests of the middle Urals]. *Parazitologiya [Parasitology]* 2004; 38(2):105–21.

8. Golidonova K., Korenberg E., Krupinskaya E., Matrosova V., Gintsburg A. Allelic variants of *P66* gene in *Borrelia bavariensis* isolates from patients with ixodid tick-borne borreliosis. *Microorganisms*. 2022; 10(12):2509. DOI: 10.3390/microorganisms10122509.

9. Golidonova K.A., Korenberg E.I., Kovalevskii Yu.V., Gorelova N.B., Matrosova V.A. [Allelic variants of the *p66* gene loci in isolates from small mammals – reservoir hosts of the tick-borne

borreliosis agent *Borrelia bavariensis* circulating in natural foci of the middle Urals]. *Bakteriologiya [Bacteriology]*. 2025; 10(1):50–7. DOI: 10.20953/2500-1027-2025-1-50-57.

10. Grigor'eva L.A., Miteva O.A., Samoilova E.P. [Parasitic system *Ixodes persulcatus* (Ixodinae) – *Borrelia garinii* – small mammals in the northwest of Russia]. *Trudy Zoologicheskogo Instituta Rossiiskoi Akademii Nauk [Proceedings of the Zoological Institute of RAS]*. 2024; 328(2):308–22. DOI: 10.31610/trudyzin/2024.328.2.308.

Authors:

Golidonova K.A., Korenberg E.I., Kovalevskiy Yu.V., Gorelova N.B. National Research Center of Epidemiology and Microbiology named after Honorary Academician N.F. Gamaleya. 18, Gamaleya St., Moscow, 123098, Russian Federation. E-mail: info@gamaleya.org.

Matrosova V.A. Institute of Molecular Biology named after V.A. Engelhardt. 32, Vavilova St., Moscow, 119334, Russian Federation. E-mail: isinfo@eimb.ru.

Об авторах:

Голидонова К.А., Коренберг Э.И., Ковалевский Ю.В., Горелова Н.Б. Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф. Гамалеи. Российская Федерация, 123098, Москва, ул. Гамалеи, 18. E-mail: info@gamaleya.org.

Матросова В.А. Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта. Российская Федерация, 119334, Москва, ул. Вавилова, 32. E-mail: isinfo@eimb.ru.