

DOI: 10.21055/0370-1069-2026-1-137-144

УДК 616.995.7:595.421(672.4)

Е.В. Найденова¹, К.С. Захаров¹, А.П. Смолина¹, И.М. Шпак², G. Dzeret Indolo³,
F. Koukouikila-Koussounda³, W.S. Mouellet³, С.Д. Катышев¹, Я.М. Краснов¹, Т.А. Полунина¹,
Н.В. Котова¹, E. Okemba Ongagna⁴, F. Kangoula-Dia-Kikoudi³, P.I. Mayengue³,
F.R. Niama³, В.В. Кутырев¹

Результаты выявления генетических маркеров возбудителей инфекционных болезней, передаваемых иксодовыми клещами, на территории отдельных районов Республики Конго

¹Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб», Саратов, Российская Федерация; ²Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт, Волгоград, Российская Федерация; ³Национальная лаборатория Института общественного здравоохранения, Браззавиль, Республика Конго; ⁴Центр оперативного реагирования на чрезвычайные ситуации в области общественного здравоохранения, Браззавиль, Республика Конго

Исследование проводилось с целью выявления генетических маркеров (РНК, 16S рРНК или ДНК) возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней бактериальной, вирусной и риккетсиозной природы в пробах иксодовых клещей, собранных на территории отдельных регионов Республики Конго. **Материалы и методы.** Наличие маркеров возбудителей лихорадки Ку, риккетсиозов, анаплазмозов, эрлихиозов, туляремии, Крымской геморрагической лихорадки, клещевого энцефалита определяли методом полимеразной цепной реакции с использованием диагностических препаратов российского производства. Исследовано 509 пулов эктопаразитов 5 видов, собранных в департаментах Пул, Кувет и окрестностях г. Браззавиль в 2025 г. **Результаты и обсуждение.** В материале от клещей обнаружены: РНК вируса Крымской-Конго геморрагической лихорадки (ККГЛ) (0,9 % от всех исследуемых проб), кДНК *Borrelia burgdorferi* s.l. (3,9 %), ДНК *Coxiella burnetii* (1,8 %) и риккетсии группы клещевых пятнистых лихорадок (45,2 %). Положительные результаты зарегистрированы в 264 пробах из 509 (51,9 %). Генетические маркеры возбудителей клещевого энцефалита, эрлихиоза, анаплазмоза и туляремии не обнаружены. Некоторые образцы, в которых были выявлены маркеры вируса ККГЛ, *Rickettsia* spp. и *Coxiella burnetii* в высокой концентрации, подвергали генетическому анализу методом высокопроизводительного секвенирования через нанопоры на платформе MinIon (Oxford Nanopore Technologies, Великобритания), в результате чего доказано их отношение к заявленным таксономическим группам. На основании генетического анализа последовательностей S-сегмента изолятов вируса ККГЛ продемонстрирована их принадлежность к генотипу «Африка-1» со степенью гомологии от 98,8 до 100 %. Полученные сведения показывают необходимость продолжения изучения распространения возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней, передаваемых клещами, на территории Республики Конго и организации систематического эпизоотологического мониторинга.

Ключевые слова: иксодовые клещи, Центральная Африка, Республика Конго, полимеразная цепная реакция, полимеразная цепная реакция с обратной транскрипцией, вирус Крымской-Конго геморрагической лихорадки, вирус клещевого энцефалита, риккетсии группы клещевых пятнистых лихорадок, *Coxiella burnetii*, *Borrelia burgdorferi* s.l., *Francisella tularensis*, возбудители эрлихиоза, возбудители анаплазмоза.

Корреспондирующий автор: Найденова Екатерина Владимировна, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

Для цитирования: Найденова Е.В., Захаров К.С., Смолина А.П., Шпак И.М., Dzeret Indolo G., Koukouikila-Koussounda F., Mouellet W.S., Катышев С.Д., Краснов Я.М., Полунина Т.А., Котова Н.В., Okemba Ongagna E., Kangoula-Dia-Kikoudi F., Mayengue P.I., Niama F.R., Кутырев В.В. Результаты выявления генетических маркеров возбудителей инфекционных болезней, передаваемых иксодовыми клещами, на территории отдельных районов Республики Конго. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2026; 1:137–144. DOI: 10.21055/0370-1069-2026-1-137-144

Поступила 03.03.2026. Принята к публикации 11.03.2026.

Е.В. Naidenova¹, К.С. Zakharov¹, А.П. Smolina¹, И.М. Shpak², G. Dzeret Indolo³,
F. Koukouikila-Koussounda³, W.S. Mouellet³, S.D. Katyshev¹, Ya.M. Krasnov¹, T.A. Polunina¹,
N.V. Kotova¹, E. Okemba Ongagna⁴, F. Kangoula-Dia-Kikoudi³, P.I. Mayengue³,
F.R. Niama³, V.V. Kutyrav¹

The Results of Detecting Genetic Markers of Infectious Disease Pathogens Transmitted by Ixodidae Ticks in Certain Regions of the Republic of the Congo

¹Russian Research Anti-Plague Institute “Microbe”, Saratov, Russian Federation;

²Volgograd Research Anti-Plague Institute, Volgograd, Russian Federation;

³National Laboratory of the Institute of Public Health, Brazzaville, Republic of the Congo;

⁴Public Health Emergency Response Center, Brazzaville, Republic of the Congo

Abstract. This study was conducted in order to identify genetic markers of pathogens (RNA, 16S rRNA or DNA) of natural-focal infectious diseases of bacterial, viral and rickettsial origin in suspensions of Ixodidae ticks collected in certain regions of the Republic of the Congo. **Materials and methods.** The presence of markers of Q fever, rickettsiosis, anaplasmosis, ehrlichiosis, tularemia, Crimean hemorrhagic fever, tick-borne encephalitis agents was determined applying polymerase chain reaction using Russian-made diagnostic drugs. A total of 509 combined samples of ectoparasites of 5 species collected in the prefectures of Pool, Cuvette and the vicinity of Brazzaville in 2025 were studied. **Results and discussion.** As a result of the work, RNA of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus (0.9 % of all samples studied),

cDNA of *Borrelia burgdorferi* s.l. (3.9 %), DNA of *Coxiella burnetii* (1.8 %) and rickettsia of the tick-borne spotted fever group (45.2 %) were detected in the material from ticks. Positive results were recorded in 264 out of 509 samples (51.9 %). No genetic markers of tick-borne encephalitis, ehrlichiosis, anaplasmosis and tularemia agents were found. Some samples in which markers of the Crimean-Congo hemorrhagic fever virus, *Rickettsia* spp., and *Coxiella burnetii* in high concentrations had been identified were subjected to genetic analysis using high-throughput sequencing via nanopores on the MinIon platform (Oxford Nanopore Technologies, Great Britain); their taxonomic appurtenance to the stated systematic groups was confirmed. Based on the genetic analysis of the S segment sequences of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus isolates, their belonging to the Africa-1 genotype with a degree of homology ranging from 98.8 % to 100 % was demonstrated. The data obtained evidences the need to continue studying the prevalence of natural-focal infectious diseases transmitted by ticks in the Republic of the Congo and implement systematic epizootiological monitoring.

Key words: Ixodidae ticks, Central Africa, Republic of the Congo, polymerase chain reaction, reverse transcription polymerase chain reaction, Crimean-Congo hemorrhagic fever virus, tick-borne encephalitis virus, rickettsia of the tick-borne spotted fever group, *Coxiella burnetii*, *Borrelia burgdorferi* s.l., *Francisella tularensis*, pathogens of ehrlichiosis, and pathogens of anaplasmosis.

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

Funding: The research was conducted in accordance with the Russian Government Decree No. 1563-r dated June 13, 2023, on assisting African countries in ensuring the sanitary and epidemiological well-being of the population and prevention and control of infectious diseases.

Acknowledgements: The authors express their gratitude to the Heads and staff of veterinary services in the surveyed regions of the Republic of the Congo for their assistance in collecting biological samples.

Corresponding author: Ekaterina V. Naidenova, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

Citation: Naidenova E.V., Zakharov K.S., Smolina A.P., Shpak I.M., Dzeret Indolo G., Koukouikila-Koussounda F., Mouellet W.S., Katyshev S.D., Krasnov Ya.M., Polunina T.A., Kotova N.V., Okemba Ongagna E., Kangoula-Dia-Kikoudi F., Mayengue P.I., Niama F.R., Kutryev V.V. The Results of Detecting Genetic Markers of Infectious Disease Pathogens Transmitted by Ixodidae Ticks in Certain Regions of the Republic of the Congo. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2026; 1:137–144. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2026-1-137-144

Received 03.03.2026. Accepted 11.03.2026.

Naidenova E.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6474-3696>

Zakharov K.S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4726-309X>

Smolina A.P., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9600-3801>

Shpak I.M., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6446-0274>

Katyshev S.D., ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-7575-653X>

Krasnov Ya.M., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4909-2394>

Polunina T.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2234-2760>

Kotova N.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9270-523X>

Kutryev V.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3788-3452>

Изучение распространения природно-очаговых инфекционных болезней, передающихся трансмиссивным путем, и внедрение эффективных мер их профилактики – это одни из самых актуальных задач здравоохранения большинства стран мира. Известно, что наиболее распространенными переносчиками возбудителей инфекционных заболеваний человека остаются кровососущие комары. По данным Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ), в 2025 г. в эндемичных районах тропического пояса Африки, Азии и Южной Америки зарегистрированы более 200 млн случаев заболевания малярией, десятки тысяч больных лихорадками денге, чикунгунья, Оропуш, Зика и др. [1–3].

Различные виды иксодовых клещей также являются активными переносчиками широкого спектра патогенов, что становится причиной более чем 150 тыс. случаев заболеваний жителей Африканского континента каждый год [4]. Целый ряд возбудителей опасных инфекций, передающихся клещами, могут поражать как людей, так и животных. По статистике, более 80 % мирового поголовья крупного рогатого скота страдает от таких заболеваний, что наносит значительный финансовый урон экономике государств, основной сельскохозяйственной деятельностью которых является животноводство. Но реальную ситуацию оценить очень сложно, так как во многих странах отсутствует настороженность

медицинской и ветеринарной служб в отношении трансмиссивных инфекций, передающихся клещами, и нет четких данных о спектре циркулирующих возбудителей [5].

В разные годы на Африканском континенте была установлена циркуляция возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней бактериальной, вирусной и риккетсиозной этиологии, связанных с иксодовыми клещами [6–8]. Постоянно увеличивающееся влияние человеческой деятельности на природные экосистемы, вызванное вырубкой тропических лесов и освоением новых сельскохозяйственных площадей, усилило взаимодействие между населением и дикой природой [5], что, в свою очередь, привело и к расширению ареала природных очагов уже известных инфекционных болезней, и к выявлению новых, ранее не регистрируемых, видов возбудителей [9, 10]. В связи со все более увеличивающимся потоком туристов за последние десятилетия выросло и количество завозных случаев инфекций, передающихся клещами, в основном риккетсиозов, из Африки на неэндемичные территории [11–13]. Но в большей части африканских стран в настоящее время практически отсутствует система выявления всплеск заболеваний, переносчиками которых могут являться клещи семейства Ixodidae, и недостаточно скоординирована схема эпидемиологического надзора [5].

На территории Центральной Африки описаны результаты выявления как молекулярно-генетических, так и иммуносерологических маркеров возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней, передающихся клещами, в том числе вирусов Крымской-Конго геморрагической лихорадки (ККГЛ), Дугбе, синего языка овец Найроби, боррелий, риккетсий, коксии и др. [14–18].

Республика Конго расположена в Центральной Африке, в зоне тропических лесов, ее территория простирается от Атлантического океана вглубь континента, столицей государства является город Браззавиль. Население государства на начало 2026 г. насчитывает 6,2 млн человек [19]. Согласно литературным данным, на территории страны проводились исследования по изучению циркуляции отдельных видов возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней, но эпидемиологическая ситуация, складывающаяся в настоящее время в отношении заболеваний, в распространении которых принимают участие иксодовые клещи, до конца не выяснена [20].

Целью работы являлось выявление генетических маркеров (РНК, 16S рРНК или ДНК) возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней бактериальной, вирусной и риккетсиозной природы в пробах иксодовых клещей, собранных на территории отдельных регионов Республики Конго.

Материалы и методы

Иксодовых клещей собирали во время совместных экспедиционных выездов на территории департаментов Пул (Pool), Кювет (Cuvette) и в окрестностях г. Браззавиль в 2025 г. (рисунок). Эктопаразитов снимали вручную с людей, крупного и мелкого рогатого скота, домашних собак. Всего собрано 1482 экземпляра клещей 5 видов: *Amblyomma variegatum* Fabricius, 1794; *Haemaphysalis leachi* Audouin, 1826; *Rhipicephalus (Boophilus) decoloratus* Koch, 1844; *Rhipicephalus (Boophilus) annulatus* Say, 1821; *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* Canestrini, 1888, которых объединили в 509 проб [21]. Пулы формировали с учетом места сбора, вида, половой принадлежности, фазы развития и упитанности отдельных особей, в соответствии с методическими документами, регламентирующими данный вид работы (МР 3.1.0322-23 «Сбор, учет и подготовка к лабораторному исследованию кровососущих членистоногих в природных очагах опасных инфекционных болезней»). Пробы готовили к исследованию в соответствии с МУ 1.3.2569-09 «Организация работы лабораторий, использующих методы амплификации нуклеиновых кислот при работе с материалом, содержащим микроорганизмы I–IV групп патогенности» и инструкциями фирм – производителей диагностических комплектов, используемых в данной работе.



Места сбора материала для исследования:

1 – окрестности г. Ойо; 2 – окрестности п. Чикапика; 3 – окрестности п. Имбими; 4 – окрестности г. Браззавиль, п. Кинтеле

Sites where the material for research was collected:

1 – suburbs of the city of Oyo; 2 – vicinities of the village of Tchikapika; 3 – vicinities of the village of Imbimi; 4 – surroundings of Brazzaville, the village of Kintele

Диагностические исследования осуществлялись на базе мобильной лаборатории, переданной Российской Федерацией в дар Республике Конго в соответствии с приказом Роспотребнадзора от 28.08.2023 № 525 «О реализации Распоряжения Правительства Российской Федерации № 1563-р от 13.06.2023 г.».

Выделение нуклеиновых кислот проводили с помощью комплекта реагентов «РИБО-преп», а реакцию обратной транскрипции – с «РЕВЕРТА-L» (оба препарата производства ФБУН ЦНИИЭ, Россия). Полученный материал тестировали методами полимеразной цепной реакции (ПЦР) и полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР) с использованием наборов реагентов для выявления генетических маркеров следующих видов возбудителей: РНК вируса ККГЛ – «АмплиСенс® ССНФV-FL» (ФБУН ЦНИИЭ, Россия); кДНК вируса клещевого энцефалита (КЭ), *Borrelia burgdorferi* s.l., *Ehrlichia chaffeensis* / *Ehrlichia muris* и ДНК *Anaplasma phagocytophilum* – «АмплиСенс® ТБЕV, *B. burgdorferi* sl, *A. phagocytophilum*, *E. chaffeensis* / *E. muris*-FL» (ФБУН ЦНИИЭ, Россия); ДНК *Coxiella burnetii* – «АмплиСенс® *Coxiella burnetii*-FL» (ФБУН ЦНИИЭ, Россия); ДНК риккетсий группы клещевой пятнистой лихорадки (КПЛ) *Rickettsia* spp. – «Набор реагентов АмплиСенс® *Rickettsia* spp. SFG-FL» (ФБУН ЦНИИЭ, Россия) и ДНК *Francisella tularensis* – «Ген *Francisella tularensis*-РГФ» (ФКУН Российский противочумный институт «Микроб», Россия).

В качестве дополнительного метода идентификации для клещей *Rh. (Boophilus) microplus* использовали ПЦР со специфическими праймерами, предложенными L. Lempereur et al. [22].

Отдельные образцы, в которых были выявлены маркеры вируса ККГЛ, *Rickettsia* spp. и *Coxiella burnetii* в высокой концентрации, подвергали дальнейшему генетическому анализу методом высокопроизводительного секвенирования через нанопоры на платформе MinIon (Oxford Nanopore Technologies, Великобритания) с использованием панелей специфических олигонуклеотидных праймеров.

При статистической обработке материала рассчитывали долю выявленных положительных образцов в каждой выборке и 95 % доверительные интервалы (ДИ) по методу Уилсона. При оценке уровня зараженности клещей использовали минимальный индекс инфицированности (МИИ) на 1000 эктопаразитов, который применяется при обработке результатов исследований объединенных проб. МИИ и 95 % ДИ полученных значений вычисляли с учетом количества протестированных пулов, количества клещей в каждом из них и количества положительных результатов при помощи программного обеспечения PooledInfRate версии 4.0 [23]. Все выборки исследовали методом максимального правдоподобия с коррекцией искажений и уточненным анализом 95 % ДИ с поправкой на асимметрию.

Результаты и обсуждение

Известно, что на территории Республики Конго зарегистрированы 30 видов иксодовых клещей [24]. В настоящей работе исследованы пробы, сформированные из представителей 5 видов, относящихся к 3 родам (табл. 1). Фактом, заслуживающим особого внимания в данном исследовании, стало преобладание в массовых сборах клещей вида *Rh. microplus*

Таблица 1 / Table 1

Результаты выявления генетических маркеров инфекционных болезней, передающихся клещами, на территории Республики Конго
Results of detecting genetic markers of tick-borne infectious diseases in the Republic of the Congo

Виды клещей Species of ticks	Количество проб (экземпляров) Number of samples (specimens)	Выявление генетических маркеров (ДНК/РНК) возбудителей природно-очаговых инфекций, абс.; %; (ДИ) Identification of genetic markers (DNA/RNA) of natural focal infections pathogens, abs.; %; (DI)								Общее количество положительных проб Total number of positive samples
		Вирусной природы Viral nature		Риккетсиозной природы Rickettsial nature				Бактериальной природы Bacterial nature		
		Вирус ККГЛ ССНФV	Вирус КЭ ТБЕV	Риккетсии группы КПЛ <i>Rickettsia</i> of TBSF group	<i>An. phagocytophilum</i>	<i>B. burgdorferi</i> s.l.	<i>E. chaffeensis</i> / <i>E. muris</i>	<i>F. tularensis</i>	<i>C. burnetii</i>	
<i>Rh. microplus</i>	368 (1160)	2; 0,54; (0,15–1,96)	0	159; 43,2; (38,2–48,3)	0	18; 4,9; (3,1–7,6)	0	0	2; 0,54; (0,15–1,96)	181; 49,2; (44,5–54,3)
<i>Rh. annulatus</i>	9 (42)	0	0	1; 11,1; (1,9–43,5)	0	0	0	0	0	1; 11,1; (1,9–43,5)
<i>Rh. decoloratus</i>	61 (135)	1; 1,6; (0,3–8,7)	0	23; 37,7; (26,6–50,3)	0	2; 3,3; (0,9–11,2)	0	0	0	26; 42,6; (31,0–55,1)
<i>Ha. leachi</i>	10 (24)	0	0	0	0	0	0	0	6; 60,0; (31,3–83,18)	6; 60,0; (31,3–83,18)
<i>Am. variegatum</i>	61 (121)	2; 3,3; (0,9–11,2)	0	47; 77,1; (65,1–85,8)	0	0	0	0	1; 1,6; (0,3–8,7)	50; 81,9; (70,5–89,6)
Итого Total	509 (1482)	5; 0,9; (0,4–2,3)	0	230; 45,2; (40,9–49,5)	0	20; 3,9; (2,6–6,0)	0	0	9; 1,8; (0,9–3,3)	264; 51,9; (47,5–56,2)

(72,3 % от общего количества собранных проб), интродуцированных в Африку из стран Центральной Азии в конце прошлого столетия и в настоящее время расселяющихся по всему континенту [25]. Основными хозяевами этого вида эктопаразитов являются крупный и мелкий рогатый скот, буйволы, собаки, олени и лошади, но он также может нападать и на людей. Кроме того, клещи *Rh. microplus* принимают активное участие в распространении возбудителей вновь возникающих и повторно появляющихся инфекционных болезней, имеющих важное значение для здоровья человека и животных, таких как: *Anaplasma marginale*, *A. phagocitophilum*, *Borrelia theileri*, *B. garinii*, *Coxiella burnetii*, *Ehrlichia canis*, *E. chaffeensis*, а также вируса ККГЛ (*Orthonairovirus haemorrhagiae*) и недавно выделенного вируса Даби (*Bandavirus dabiense*, сем. *Phenuiviridae*), который вызывает у людей в странах Центральной и Юго-Восточной Азии тяжелые лихорадки с тромбоцитопенией [26].

В отдельных публикациях отмечается возможность включения представителей *Rh. microplus* в цепочку циркуляции возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней вирусной, бактериальной и риккетсиозной природы, как ранее регистрируемых, так и выявленных впервые в разных странах Африки [27].

На территории Республики Конго представители иксодовых клещей данной систематической группы ранее не регистрировались. Для подтверждения полученной информации и в качестве способа дополнительной идентификации были проведены молекулярно-генетические исследования части образцов, во всех случаях обнаружена ДНК вида *Rh. microplus*. Полученные во время работы сведения позволяют сделать предположение не только о широком распространении нового вида клещей семейства Ixodidae на территории Республики Конго, но и активном вытеснении местных популяций эктопаразитов.

Во время работы генетические маркеры (РНК, 16S рРНК или ДНК) возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней выявлены в 264 из 509 проб иксодовых клещей (51,9 %), в том числе: ДНК риккетсий группы КПЛ – в 230 (45,2 % от всех исследуемых образцов), ДНК *C. burnetii* – в 9 (1,8 %), кДНК *B. burgdorferi* s.l. – в 20 (3,9 %) и РНК вируса ККГЛ – в 5 (0,9 %). Положительные находки отмечались среди всех видов иксодовых клещей, представленных в работе, но в пулах, сформированных из клещей вида *Am. variegatum*, процент выявленных патогенов был максимальным и составил 81,9 %. Во всех исследуемых пробах ДНК/РНК возбудителей туляремии, анаплазмозов, эрлихиозов и КЭ не обнаружены. Общие сведения о видах клещей, количестве проб и результаты проведенных исследований указаны в табл. 1.

Выявление РНК вируса ККГЛ. Крымская геморрагическая лихорадка (КГЛ) – природно-очаговая

инфекционная болезнь, широко распространенная во многих странах Африки, а также в Азии и Европе, возбудителем которой является вирус ККГЛ (*Orthonairovirus haemorrhagiae*, сем. *Nairoviridae*). В циркуляции вируса в природных очагах принимают участие иксодовые клещи родов *Hyalomma*, *Haemaphysalis*, *Rhipicephalus*, *Dermacentor* и *Amblyomma* [8]. Для большинства стран Центральной Африки инфекция считается эндемичной, но эпидемиологические особенности циркуляции возбудителя на данной территории изучены недостаточно.

По итогам настоящего исследования положительные результаты зарегистрированы в 5 пробах, что составило 0,9 % от их общего количества. Участие в циркуляции вируса ККГЛ, по нашим данным, могут принимать 3 вида клещей из 5 изученных: *Am. variegatum*, *Rh. microplus* и *Rh. decoloratus* (табл. 1). Наибольший уровень зараженности вирусом ККГЛ установлен для вида *Am. variegatum* – 16,6/1000 клещей, а в среднем МИИ составляет 3,4/1000 (табл. 1).

В результате секвенирования выявленных изолятов продемонстрирована их принадлежность к генотипу «Африка-1» со степенью гомологии от 98,8 до 100 % последовательностей участков (350–500 п.н.) на основании генетического анализа S-сегмента вируса ККГЛ.

Выявление РНК вируса клещевого энцефалита. Вирус клещевого энцефалита (ВКЭ), относящийся к семейству *Flaviviridae*, широко распространен в ряде европейских и азиатских стран, ежегодно вызывая большое количество случаев заболевания людей. На территории Африканского континента сведений о выявлении маркеров ВКЭ в настоящее время нет, но данный раздел работы был выполнен с использованием набора реагентов для выявления генетических маркеров возбудителей инфекционных болезней, передающихся клещами, «АмплиСенс® ТБЕВ, *B. burgdorferi* sl, *A. phagocitophilum*, *E. chaffeensis* / *E. muris*-FL», в состав которого добавлены специфические праймеры для обнаружения РНК ВКЭ. При проведении тестирования во всех пробах получен отрицательный результат.

Выявление ДНК возбудителя анаплазмоза. Ранее рядом авторов показано, что на территории Африки широко распространены риккетсии рода *Anaplasma* (сем. *Ehrlichia*) – *A. platys* и *A. phagocitophilum*, патогенные как для человека, так и для домашних животных. Среди домашнего скота в качестве этиологического агента анаплазмоза наиболее широкое распространение в африканских странах имеет *A. marginale* [6]. Данных о выявлении этого вида патогенов на территории Республики Конго в доступных источниках найти не удалось. Во всех образцах, взятых в настоящее исследование, генетические маркеры возбудителя анаплазмоза не обнаружены.

Выявление ДНК возбудителей эрлихиозов. По сведениям, указанным в литературе, установлено, что микроорганизмы рода *Ehrlichia* (сем. *Ehrlichia*),

способные вызывать заболевания как у людей, так и у сельскохозяйственных животных, достаточно часто встречаются на территории Африки. Одним из эндемичных и широко распространенных представителей данной группы является *Eh. ruminantium* [6], но данные о других видах эрлихий, циркулирующих в различных географически районах континента, позволяют расширить эпидемиологические знания об эрлихиозах и определить риск инфицирования населения африканских стран. В настоящем исследовании во всех случаях получены отрицательные результаты.

Выявление ДНК риккетсий группы клещевых пятнистых лихорадок. Известно, что риккетсиозы (сем. *Rickettsiaceae*) являются одними из наиболее широко распространенных зоонозных заболеваний человека, передающихся трансмиссивным путем [6], и считаются одной из самых частых причин развития лихорадочных состояний у путешественников, вернувшихся из стран Африки, уступая в этом плане только малярии [11].

По данным литературы, на территории Африканского континента в общей сложности было обнаружено 25 видов риккетсий, передаваемых клещами. Наиболее распространенным представителем данной систематической группы на всем континенте, в том числе и в странах Центральной Африки, является *Rickettsia africae* – возбудитель африканской клещевой лихорадки, далее следуют *R. aeschlimanni*, *R. massiliae* и *R. conorii* [27].

Риккетсии вида *R. africae* выявлены у 26 видов иксодовых клещей, собранных в 17 африканских странах, в большинстве своем – у *Am. variegatum* [27]. Но, несмотря на высокий уровень иммунной прослойки населения к данному виду возбудителя среди коренных африканцев, почти все острые случаи вызываемого ими заболевания, описанные в литературе (более 250), зарегистрированы у путешествующих жителей Европы или Америки [11].

В настоящей работе ДНК риккетсий группы КПЛ обнаружена в 230 образцах, что составило 45,2 % от общего количества проб. Положительные находки зарегистрированы во всех видах собранных эктопаразитов (табл. 1), но наибольший уровень зараженности риккетсиями наблюдается у клещей вида *Am. variegatum* – 518,7/1000 клещей, и средние показатели МИИ достаточно высоки (табл. 2).

В последующем проведено определение видовой принадлежности риккетсий, циркулирующих на территории Республики Конго, для чего 10 положительных проб с максимальной концентрацией образцов ДНК исследовали методом секвенирования специфического фрагмента *gltA*, в результате чего во всех образцах выявлена ДНК *R. africae*. Очевидно, что полученная информация не является окончательной, и в дальнейшем будет проведена работа по уточнению спектра представителей рода *Rickettsia*, циркулирующих на территории Республики Конго.

Выявление РНК возбудителя боррелиоза. Боррелии (сем. *Spirochaetaceae*), передаваемые иксодовыми клещами, представляют собой группу зоонозных инфекций, которые характеризуются возможностью затяжного и хронического течения. На территории некоторых стран Центральной Африки в разные годы были выявлены маркеры (ДНК или антиген) разных представителей рода *Borrelia* как в материале от лихорадящих пациентов, так и в суспензиях клещей [27].

При исследовании проб из Республики Конго с целью выявления генетических маркеров *Borrelia burgdorferi* положительные результаты получены в 20 (3,9 %) пробах (табл. 1), представленных эктопаразитами видов *Rh. microplus* и *Rh. decoloratus*. МИИ боррелиями для этих видов определен примерно на одном уровне и в среднем составляет 13,7/1000 клещей (табл. 2).

Выявление ДНК возбудителя туляремии. Туляремия – особо опасное природно-очаговое

Таблица 2 / Table 2

Уровень зараженности иксодовых клещей возбудителями природно-очаговых инфекционных болезней
The level of infection of Ixodidae ticks with pathogens of natural-focal infectious diseases

Вид выявленного патогена Type of pathogen detected	Вид клещей Species of ticks	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)
Вирус ККГЛ CCHFV	<i>Rh. microplus</i>	1,7 (0,3–5,6)	3,4 (1,3–7,4)
	<i>Am. variegatum</i>	16,6 (2,9–52,9)	
	<i>Rh. decoloratus</i>	7,4 (0,4–35,4)	
Риккетсии группы КПЛ Rickettsia of TBSF group	<i>Rh. microplus</i>	166,3 (143,5–191,5)	186,1 (165,3–208,7)
	<i>Am. variegatum</i>	518,7 (419,5–622,8)	
	<i>Rh. decoloratus</i>	187,9 (127,3–263,8)	
	<i>Rh. annulatus</i>	23,6 (1,4–110,5)	
<i>B. burgdorferi</i> s.l.	<i>Rh. microplus</i>	15,8 (9,7–24,3)	13,7 (8,6–20,7)
	<i>Rh. decoloratus</i>	14,9 (2,7–47,7)	
<i>C. burnetii</i>	<i>Rh. microplus</i>	1,7 (0,3–5,6)	6,1 (3,0–11,1)
	<i>Am. variegatum</i>	8,2 (0,5–38,9)	
	<i>Ha. leachi</i>	300,1 (138,8–538,0)	

инфекционное заболевание человека, возбудителем которого является *Francisella tularensis* (сем. *Francisellaceae*). Передача патогена происходит преимущественно при контакте с дикими грызунами, а также трансмиссивным путем, в том числе через иксодовых клещей.

Данных о распространении возбудителя туляремии на Африканском континенте не так уж много, имеются публикации отдельных авторов о единичных случаях выявления ДНК *F. tularensis* в пробах клещей, относящихся к родам *Hyalomma* и *Amblyomma*, собранных в разные годы на территориях Северной и Восточной Африки [28, 29]. В наших исследованиях генетические маркеры возбудителя туляремии в пробах иксодовых клещей методом ПЦР не обнаружены, но для получения более достоверных сведений необходимо проведение дальнейшего изучения этой проблемы.

Выявление ДНК возбудителя лихорадки Ку. Коксиеллез, или лихорадка Ку (Q-fever), – опасное зооантропонозное заболевание, представляющее важную медицинскую и ветеринарную проблему практически для всех стран Африки [7]. Возбудителем лихорадки Ку являются бактерии *Coxiella burnetii*, относящиеся к сем. *Coxiellaceae*. Резервуаром возбудителя в природе считаются аргасовые и иксодовые клещи, а также дикие и сельскохозяйственные животные.

По итогам настоящего исследования удалось установить присутствие ДНК *C. burnetii* в 9 пробах, что составило 1,8 % от их общего количества. В большинстве случаев положительными были пробы, сформированные из клещей вида *Ha. leachi*, для которых уровень зараженности составил 300,1/1000 клещей, при среднем МИИ 6,1/1000 клещей (табл. 2).

Все полученные положительные образцы были подготовлены для проведения последующего генетического типирования методом высокопроизводительного секвенирования. В результате определена нуклеотидная последовательность 16S рРНК возбудителя лихорадки Ку и подтверждена таксономическая принадлежность выделенных изолятов к виду *C. burnetii*, которая на 100 % совпадает с референсным штаммом (GCA_005280755.1), представленным в базе данных NCBI GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>).

При анализе полученных результатов установлено, что в некоторых пробах присутствуют молекулярно-генетические маркеры сразу нескольких видов возбудителей: РНК вируса ККГЛ + ДНК риккетсий группы КПЛ – в 1 (0,2 % от общего количества проб) случае, ДНК *C. burnetii* + ДНК риккетсий группы КПЛ – в 2 (0,4 %), ДНК риккетсий группы КПЛ + кДНК *B. burgdorferi* s.l. – в 4 (0,8 %).

Таким образом, в результате проведенной работы в суспензиях иксодовых клещей, собранных на территории департаментов Пул, Кювет и в окрестностях г. Браззавиль (Республика Конго), обнаружены ДНК риккетсий группы КПЛ (45,2 % от всех ис-

следуемых образцов), ДНК *C. burnetii* (1,8 %), кДНК *B. burgdorferi* s.l. (3,9 %) и РНК вируса ККГЛ (0,9 %). Генетические маркеры возбудителей туляремии, анаплазмозов, эрлихиозов и клещевого энцефалита в настоящем исследовании не выявлены. Данные об индивидуальной зараженности каждой группы иксодовых клещей отдельными видами патогенов представлены в табл. 2.

При анализе уровня зараженности показано, что МИИ по многим возбудителям, рассмотренным в данной работе, для *Rh. microplus* является наиболее существенным (табл. 2), что подтверждает необходимость проведения дальнейших исследований, уточнения ареала данного вида эктопаразитов на территории Центральной Африки и его вовлеченности в циркуляцию опасных патогенов.

Полученные во время работы сведения позволили определить возможный спектр инфекций, передаваемых иксодовыми клещами, в отдельных административных регионах Республики Конго, доказали необходимость расширения обследуемых территорий и организации регулярного эпизоотологического мониторинга для дальнейшего изучения распространения возбудителей природно-очаговых инфекционных болезней в Центральной Африке в рамках интегрированного подхода «Единое здоровье» («One Health»), а также дали основание обратить внимание сотрудников медицинских и ветеринарных служб на возможность выявления случаев заболевания людей и животных зооантропонозными инфекциями.

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

Финансирование. Исследования проводились в рамках выполнения распоряжения Правительства Российской Федерации от 13 июня 2023 г. № 1563-р по оказанию содействия странам Африки в обеспечении санитарно-эпидемиологического благополучия населения, профилактики и борьбы с инфекционными заболеваниями.

Благодарности. Авторский коллектив выражает благодарность за помощь в сборе образцов биологического материала руководителям и сотрудникам ветеринарных служб в обследуемых регионах Республики Конго.

References / Список литературы

1. Africa CDC. Roadmap for the implementation of malaria genomic surveillance in Africa. (Cited 20 Feb 2026). [Internet]. Available from: <https://africacdc.org/download/roadmap-for-the-implementation-of-malaria-genomic-surveillance-in-africa/>.
2. WHO. Oropouche virus disease. (Cited 20 Feb 2026). [Internet]. Available from: <https://www.who.int/ru/news-room/factsheets/detail/oropouche-virus-disease>.
3. WHO. Chikungunya virus disease – Global situation. (Cited 20 Feb 2026). [Internet]. Available from: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2025-DON581>.
4. Van Vuuren M., Penzhorn B.L. Geographic range of vector-borne infections and their vectors: the role of African wildlife. *Rev. Sci. Tech.* 2015; 34(1):139–49. DOI: 10.20506/rst.34.1.2350.
5. Tawana M., Onyiche T.E., Ramatla T., Mtshali S., Thekisoe O. Epidemiology of ticks and tick-borne pathogens in domestic ruminants across Southern African Development

- Community (SADC) Region from 1980 until 2021: A systematic review and meta-analysis. *Pathogens*. 2022; 11(8):929. DOI: 10.3390/pathogens11080929.
6. Parola Ph. Rickettsioses in sub-Saharan Africa. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 2006; 1078:42–7. DOI: 10.1196/annals.1374.005.
7. Vanderburg S., Rubach M.P., Halliday J.E., Cleaveland S., Reddy E.A., Crump J.A. Epidemiology of *Coxiella burnetii* infection in Africa: a OneHealth systematic review. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2014; 8(4):e2787. DOI: 10.1371/journal.pntd.0002787.
8. Papa A., Mirazimi A., Köksal I., Estrada-Pena A., Feldmann H. Recent advances in research on Crimean-Congo hemorrhagic fever. *J. Clin. Virol.* 2015; 64:137–43. DOI: 10.1016/j.jcv.2014.08.029.
9. Kartashov M.Yu., Krivosheina E.I., Naidenova E.V., Zakharov K.S., Shvalov A.N., Boumbaly S., Ternovoi V.A., Loktev V.B. Simultaneous detection and genome analysis of the Kindia tick virus in cattle and *Rhipicephalus* ticks in the Republic of Guinea. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2025; 25(7):470–5. DOI: 10.1089/vbz.2024.0056.
10. Kiwan P., Lopez E., Gasparine M., Piorowski G., Colmant A., Pagueu A., Mvodo S., Thirion L., de Lamballerie X., Charrel R., Falchi A. First detection and molecular characterization of Jingmen tick virus with a high occurrence in *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* collected from livestock in Cameroon (2024). *Parasit. Vectors*. 2025; 18(1):41. DOI: 10.1186/s13071-025-06670-w.
11. Jensenius M., Davis X., von Sonnenburg F., Schwartz E., Keystone J.S., Leder K., Lopéz-Véléz R., Caumes E., Cramer J.P., Chen L., Parola Ph.; GeoSentinel Surveillance Network. Multicenter GeoSentinel analysis of rickettsial diseases in international travelers, 1996–2008. *Emerg. Infect. Dis.* 2009; 15(11):1791–8. DOI: 10.3201/eid1511.090677.
12. Leblebicioglu H., Ozaras R., Fletcher T.E., Beeching N.J.; ESCMID Study Group for Infections in Travellers and Migrants (ESGITM). Crimean-Congo haemorrhagic fever in travellers: A systematic review. *Travel Med. Infect. Dis.* 2016; 14(2):73–80. DOI: 10.1016/j.tmaid.2016.03.002.
13. Jensenius M., Parola Ph., Raoult D. Threats to international travellers posed by tick-borne diseases. *Travel Med. Infect. Dis.* 2006; 4(1):4–13. DOI: 10.1016/j.tmaid.2004.11.003.
14. Yadav P.D., Vincent M.J., Khristova M., Kale Ch., Nichol S.T., Mishra A.C., Mourya D.T. Genomic analysis reveals Nairobi sheep disease virus to be highly diverse and present in both Africa, and in India in the form of the Ganjam virus variant. *Infect. Genet. Evol.* 2011; 11(5):1111–20. DOI: 10.1016/j.meegid.2011.04.001.
15. Sureau P., Cornet J.P., Germain M., Camicas J.L., Robin Y. [Surveys of tick-borne arboviruses in the Central African Republic (1973–1974). Isolation of Dugbe, CHF/Congo, Jos and Bhanja viruses]. *Bull. Soc. Pathol. Exot. Filiales*. 1976; 69(1):28–33.
16. Grard G., Drexler J.F., Fair J., Muyembe J.-J., Wolfe N.D., Drosten Ch., Leroy E.M. Re-emergence of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in Central Africa. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2011; 5(10):e1350. DOI: 10.1371/journal.pntd.0001350.
17. Boumbanda Koyo C.S., Oyegue-Liabagui S.L., Mediannikov O., Cortaredona S., Kouina L.Ch., Raoult D., Lekana-Douki J.B., Fenollar F. High circulation of malaria and low prevalence of bacteremia in febrile and afebrile children in northeastern Gabon. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2020; 102(1):121–9. DOI: 10.4269/ajtmh.19-0368.
18. Haynes E., Garrett K.B., Grunert R.K.A., Bryan J.A., Sidouin M., Oaukou Ph.T., Ngandolo B.N.R., Yabsley M.J., Cleveland C.A. Surveillance of tick-borne pathogens in domestic dogs from Chad, Africa. *BMC Vet. Res.* 2024; 20(1):417. DOI: 10.1186/s12917-024-04267-6.
19. [The population of the Republic of the Congo]. (Cited 20 Feb 2026). [Internet]. Available from: <https://countrymeters.info/ru/Congo>.
20. Malonga G.A., Maiga A.I., Moudiongui Mbougou Malanda D., Saliou M., Malanda-Kiminou J.P., Dolo O., Boumba A.L.M., Ba A., Murphy R., Peko J.F., Marcelin A.-G., Calvez V., Marot S. Seroprevalence of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus among people living with HIV in Brazzaville, Congo and among blood donors in Bamako, Mali. *Ticks Tick Borne Dis.* 2024; 15(1):102276. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2023.102276.
21. Walker A.R., Bouattour A., Camicas J.-L., Estrada-Peña A., Horak I.G., Latif A.A., Pegram P.G., Preston P.M. Ticks of Domestic Animals in Africa: a Guide to Identification of Species. Edinburgh: Bioscience Reports; 2014. 227 p.
22. Lempereur L., Geysen D., Madder M. Development and validation of a PCR-RFLP test to identify African *Rhipicephalus (Boophilus)* ticks. *Acta Trop.* 2010; 114(1):55–8. DOI: 10.1016/j.actatropica.2010.01.004.
23. Biggerstaff B. PooledInfRate, Version 4.0: An Excel® Add-In to Compute Infection Rates from Pooled Data. Centers for Disease Control and Prevention Fort Collins: Colorado. 2016. [Internet]. Available from: <https://github.com/CDCgov/PooledInfRate>.
24. Morel P.-C., Finelle P. Les tiques des animaux domestiques du Centrafrique. *Rev. Elev. Méd. Vét. Pays Trop.* 1961; 14(2):191–7. DOI: 10.19182/remvt.7111.
25. Awa D.N., Adakal H., Luogbou N.D.D., Wachong K.H., Leinyuy L., Achukwi M.D. Cattle ticks in Cameroon: is *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* absent in Cameroon and the Central African region? *Ticks Tick Borne Dis.* 2015; 6(2):117–22. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2014.10.005.
26. Lusiano A., Jallow B.J.J., Liu M., Ma Y., Miambo R.D., Meng F. Distribution of *Rhipicephalus microplus* and *Hyalomma lusitanicum*, and the pathogens they are carrying: A systematic review. *Parasite Epidemiol. Control.* 2025; 30:e00437. DOI: 10.1016/j.parepi.2025.e00437.
27. Gabriel A.N.A., Wang X.-Y., Fornah L., Belete A.G., Russo M.T., Lota L.K., Mekonnen T.D., Shimbire M.S. Tick diversity, emerging tick-borne pathogens, and public health implications across Africa: A systematic review. *Acta Parasitol.* 2025; 70(6):214. DOI: 10.1007/s11686-025-01160-6.
28. Szigeti A., Kreizinger Z., Hornok S., Abichu G., Gyuranecz M. Detection of *Francisella*-like endosymbiont in *Hyalomma rufipes* from Ethiopia. *Ticks Tick Borne Dis.* 2014; 5(6):818–20. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2014.06.002.
29. Mohamed S.E.R., Mubarak A.I., Alfarooq L.O. *Francisella tularensis* bacteremia: a case report from Sudan. *Case Rep. Infect. Dis.* 2012; 2012:405737. DOI: 10.1155/2012/405737.

Authors:

Naidenova E.V., Zakharov K.S., Smolina A.P., Katyshev S.D., Krasnov Ya.M., Polunina T.A., Kotova N.V., Kuttyrev V.V. Russian Research Anti-Plague Institute “Microbe”. 46, Universitetskaya St., Saratov, 410005, Russian Federation. E-mail: rusrap@microbe.ru.

Shpak I.M. Volgograd Research Anti-Plague Institute. 7, Golubinskaya St., Volgograd, 400066, Russian Federation. E-mail: info@vniptchi.rosptrebznadzor.ru.

Dzeret Indolo G., Koukouikila-Koussounda F., Mouellet W.S., Kangoula-Dia-Kikoudi F., Mayengue P.I., Niama F.R. National Laboratory of the Institute of Public Health. Brazzaville, Republic of the Congo.

Okemba Ongagna E. Public Health Emergency Response Center. Brazzaville, Republic of the Congo.

Об авторах:

Найденова Е.В., Захаров К.С., Смолина А.П., Катышев С.Д., Краснов Я.М., Полунина Т.А., Котова Н.В., Кутырев В.В. Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб». Российская Федерация, 410005, Саратов, ул. Университетская, 46. E-mail: rusrap@microbe.ru.

Шпак И.М. Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт. Российская Федерация, 400066, Волгоград, ул. Голубинская, 7. E-mail: info@vniptchi.rosptrebznadzor.ru.

Дзерет Индоло Г., Куккуикила-Куусунда Ф., Муеллет В.С., Кангула-Диа-Кикуди Ф., Майенгю П.И., Ниам Ф.Р. Национальная лаборатория Института общественного здравоохранения. Республика Конго, Браззавиль.

Окемба Онгagna Э. Центр оперативного реагирования на чрезвычайные ситуации в области общественного здравоохранения. Республика Конго, Браззавиль.