

## МИКРОБИОЛОГИЯ И ВИРУСОЛОГИЯ

УДК 579.253.2

В.А. Рар<sup>1</sup>, В.В. Якименко<sup>2</sup>, М.Т. Макенов<sup>2</sup>, А.Ю. Тикуннов<sup>1</sup>, Т.И. Епихина<sup>1</sup>, А.К. Танцев<sup>2</sup>,  
О.А. Боброва<sup>2</sup>, Н.В. Тикуннова<sup>1</sup>

ИНФИЦИРОВАННОСТЬ БАБЕЗИЯМИ МЕЛКИХ МЛЕКОПИТАЮЩИХ ЮЖНОЙ ТАЙГИ  
ОМСКОЙ ОБЛАСТИ

<sup>1</sup> ФГБУН «Институт химической биологии и фундаментальной медицины» СО РАН, Новосибирск, Россия  
<sup>2</sup> ФБУН «Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций» Роспотребнадзора,  
Омск, Россия

На наличие бабезий были исследованы образцы крови от 541 грызуна, отловленных в 2013–2015 годах в Омской области в зоне симпатрии клещей *Ixodes persulcatus* и *Ixodes trianguliceps*. ДНК *Babesia microti* была обнаружена в 31,3 % образцов (5,3–61,6 % в разные периоды отлова). Выявленные образцы *B. microti* относились к двум генетическим группам – *B. microti* 'US'-type и *B. microti* 'Munich'-type; при этом непатогенные *B. microti* 'Munich'-type были обнаружены более чем у 90 % инфицированных особей. Наиболее вероятным переносчиком *B. microti* 'Munich'-type являются клещи *I. trianguliceps*.

**Ключевые слова:** *Babesia microti*, *Ixodes persulcatus*, *Ixodes trianguliceps*, лесные полевки, генетические варианты

BABESIA INFECTION OF SMALL MAMMALS FROM SOUTHERN TAIGA  
OF OMSK REGION

V.A. Rar<sup>1</sup>, V.V. Yakimenko<sup>2</sup>, M.T. Makenov<sup>2</sup>, A.Y. Tikunov<sup>1</sup>, T.I. Epikhina<sup>1</sup>, A.K. Tantsev<sup>2</sup>,  
O.A. Bobrova<sup>2</sup>, N.V. Tikunova<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine SB RAS, Novosibirsk, Russia  
<sup>2</sup> Omsk Research Institute of Natural Foci Infections, Omsk, Russia

Blood samples were taken from 541 small mammal captured in 2013–2015 in Znamensky district of Omsk region from *Ixodes persulcatus* and *Ixodes trianguliceps* sympatric area and examined for the *Babesia* spp. presence by nested PCR with subsequent sequencing of positive samples. *Babesia microti* DNA was found in 31,1 % of positive samples; a proportion of infected mammals varied from 5,3 % to 61,6 % in different sampling periods. *B. microti* DNA was found in samples from three prevailing *Myodes* species as well as from a root vole (*Microtus oeconomus*), field voles (*Microtus argestis*) and Siberian chipmunks (*Tamias sibiricus*). It was shown that identified *B. microti* samples belong to two genetic groups: *B. microti* 'US'-type and *B. microti* 'Munich'-type; notably that > 90 % infected mammals contained DNA of nonpathogenic for human *B. microti* 'Munich'-type. We suppose that *I. trianguliceps* tick is the most probable vector of *B. microti* 'Munich'-type.

**Key words:** *Babesia microti*, *Ixodes persulcatus*, *Ixodes trianguliceps*, voles, genetic variants

Простейшие внутриэритроцитарные паразиты *Babesia microti* (порядок *Piroplasmida*, *suborder Apicomplexa*) являются возбудителями острого инфекционного заболевания – бабезиоза человека. Жизненный цикл *B. microti* включает стадии размножения в клещах *Ixodes* spp., являющихся основными переносчиками данного вида бабезий, а также в мышевидных грызунах и насекомоядных. *B. microti* переносятся трансстадийно, но не трансвариально, поэтому роль мелких млекопитающих в качестве резервуара данной инфекции очень велика [10].

*B. microti* представляет собой гетерогенный вид, состоящий из отдельных генетических групп, которые иногда рассматриваются как отдельные виды [13]. Группа *B. microti* 'US'-type широко распространена в Евразии и США и объединяет штаммы и изоляты, выделенные от людей, мышевидных грызунов и клещей рода *Ixodes* [10, 15]. Представители группы *B. microti*

'Munich'-type обнаружены в клещах *Ixodes ricinus* в Польше, а также в мышевидных грызунах в Польше, Хорватии, Финляндии и Германии [7, 11, 14]. Две группы – *B. microti* 'Kobe'-type и *B. microti* 'Hobetsu'-type – были обнаружены только в Японии. В настоящее время имеются данные о патогенности для людей *B. microti* только двух групп: 'US'-type и 'Kobe'-type [10].

В России были выявлены две генетические группы *B. microti*. *B. microti* 'US'-type обнаружены в образцах от мышевидных грызунов и таежных клещей *Ixodes persulcatus* на территории Западной и Восточной Сибири, а также Дальнего Востока [3, 5, 15]. В зонах совместного обитания клещей *I. persulcatus* и *Ixodes trianguliceps* в образцах крови мелких млекопитающих на территории Свердловской области выявлена ДНК *B. microti* 'Munich'-type, а на территории Пермской и Омской областей – ДНК двух генетических групп *B. microti*: 'US'-type и 'Munich'-type [2, 3, 4].

Клещ *I. trianguliceps* широко распространен на территории Евразии – от Великобритании до Байкала. Как правило, *I. trianguliceps* обитает совместно с клещами других видов – *I. ricinus* и *I. persulcatus*. Все стадии *I. trianguliceps* прокармливаются преимущественно на мелких млекопитающих. *I. trianguliceps* не присасывается к людям, однако в ряде работ высказано предположение, что при совместном прокармливании на одном том же хозяине клещи *I. ricinus* и *I. persulcatus* способны воспринимать инфекционные агенты, циркулирующие в *I. trianguliceps*, и впоследствии инфицировать ими людей. Показано участие *I. trianguliceps* в переносе *B. microti* мышевидным грызунам в Великобритании, но переносимые *I. trianguliceps* бабезии генетически не охарактеризованы [8].

Так как в России *B. microti* 'Munich'-type были обнаружены в грызунах только в зонах симпатрии клещей *I. persulcatus* и *I. trianguliceps*, но не были выявлены вне ареала последнего вида, было сделано предположение о роли *I. trianguliceps* в трансмиссии *B. microti* 'Munich'-type в популяции грызунов [4].

**Целью** данной работы являлось изучение распространения разных генетических групп *B. microti* в мышевидных грызунах в области симпатрии двух видов клещей – *I. persulcatus* и *I. trianguliceps* – на территории Омской области в течение нескольких лет.

#### МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Все работы с дикими животными в природе (отлов, очёс, забор крови) проводились в соответствии с требованиями МУ 3.1.1029-01 «Отлов, учет и прогноз численности мелких млекопитающих и птиц в природных очагах инфекций» и СП 1.3.3118-13 «Безопасность работы с микроорганизмами I–II групп патогенности (опасности)».

Сбор образцов проводился на участке, расположенном в подзоне южной тайги (57° 23' с. ш., 73° 40' в. д.) на территории Знаменского района Омской области в окрестности реки Шиш с июля 2013 г. по сентябрь 2015 г. Отловы проводились в течение восьми периодов продолжительностью 2–3 недели каждый и охватывали бесснежный период каждого года.

Зверьков отлавливали живоловками со стандартной приманкой, которые выставлялись линиями по 75 или 100 штук через 5 м одна от другой, а также на контрольной площадке с расстоянием между соседними ловушками в 10 м. Ловушки осматривались 2 раза в сутки. Вид, пол, относительный возраст и генеративное состояние отловленных зверьков были определены по стандартным морфологическим признакам.

Собранные при очесе иксодиды сохранялись в герметичных пробирках типа «Eppendorf» в сосудах Дьюара при температуре жидкого азота. Определение видовой принадлежности членистоногих проводили с использованием стереомикроскопа MC-800 (Micros, Austria) по морфологическим признакам [6]. Для оценки численности иксодовых клещей, собранных при очесе, использовались стандартные зоопаразитологические индексы: встречаемости (В, %) – доля хозяев, на которых обнаружены клещи; обилия (Ио; экз./ос.) – среднее число особей паразитов на одну

особь хозяина; размах, min-max – минимальное и максимальное число клещей на одну особь хозяина. Показатели статистической ошибки выборочной доли (mp) рассчитывали по стандартным методикам.

Образцы крови, по 100 мкл от каждого животного, брали из подкожной вены задней ноги и собирали в стерильные пробирки, содержащие по 15 мкл 0,5 М раствора ЭДТА, добавляли по 200 мкл буфера для лизиса (4 М гуанидин тиоционат; 0,1 М Трис-HCl pH 6,4; 0,045 М ЭДТА pH 8,0; 1,3% Тритон X-100), перемешивали и хранили при температуре не выше +12 °С в полевых условиях и при +4 °С в стационарной лаборатории. Для выделения ДНК использовали по 100 мкл полученной суспензии.

Выделение ДНК из образцов крови проводили с использованием набора реагентов «Проба НК» (ЗАО «ДНК-технология», Москва) в соответствии с инструкцией производителя. ДНК бабезий выявляли методом двухраундовой ПЦР в присутствии родоспецифичных праймеров из области гена 18S рРНК, как описано ранее [3]. Полученные продукты ПЦР были очищены с использованием GFX Columns (Amersham Biosciences, USA), нуклеотидные последовательности были определены с использованием ABI 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, USA) и проанализированы с помощью программы BLASTN (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>).

#### РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Проведенное в течение трех сезонов изучение популяции грызунов на ключевом участке, находящемся на территории Знаменского района Омской области, показало, что структура населения мелких млекопитающих в районе исследований типична для подзоны южной тайги Западной Сибири. Среди грызунов преобладали лесные полевки рода *Myodes* (*Clethrionomys*) (91,3 ± 1,3 % в отловах). В 2013 г. доминировала рыжая полевка (*Myodes* (*Clethrionomys*)  *glareolus*) – доля в отловах 34,4 % (от 30,6 % до 37,0 % в разные сезоны); содоминантом была красно-серая полевка (*M. (Cl.) rufocanus*) – 31,1 % (23,3–42,9 %); на третьем месте – красная полевка (*M. (Cl.) rutilus*) – 25,4 % (24,5–26,0 %). В 2014–2015 гг. доминировала красная полевка – 49,0 % (от 40,6 % до 56,8 % в разные сезоны); содоминант – рыжая полевка – 9,3 % (16,7–40,0 %); на третьем месте – красно-серая полевка – 12,2 % (0–31,1 %).

Была определена видовая принадлежность клещей, снятых с 544 лесных полевков и 29 темных полевков (*Microtus agrestis*), отловленных в 2013–2015 гг. Всего было идентифицировано 485 клещей *I. persulcatus* и 628 клещей *I. trianguliceps*, причем оба вида клещей были активны во все периоды отлова грызунов. Среднее число клещей *I. trianguliceps*, снятых с одной полевки, варьировало от 0,49 до 1,78 (табл. 1). Число прокармливающихся на грызунах *I. persulcatus*, варьировало гораздо сильнее – от 0,05 до 3,98, что связано как с сезонным спадом активности *I. persulcatus* в сентябре, так и с многолетней цикличностью их численности. Кроме того, низкая численность неполовозрелых фаз развития *I. persulcatus* в 2015 году связана с сильным весенним

Таблица 1

Пораженность лесных и темных полевков клещами разных видов

Период отлова, показатели	<i>Ixodes persulcatus</i>		<i>Ixodes trianguliceps</i>		
	Личинки	Нимфы	Личинки	Нимфы	Имаго
<b>Июль, 2013</b>					
В, % ± т <sub>p</sub>	41,7 ± 7,1	27,1 ± 6,4	27,1 ± 6,4	22,9 ± 6,1	2,1 ± 2,1
Ио, экз./ос.	3,58	0,40	1,15	0,38	0,04
Размах, min–max	0–25	0–5	0–34	0–3	0–2
<b>Сентябрь, 2013</b>					
В, % ± т <sub>p</sub>	26,5 ± 5,4	10,3 ± 3,7	35,3 ± 5,8	39,7 ± 5,9	10,3 ± 3,7
Ио, экз./ос.	0,56	0,10	1,22	0,53	0,15
Размах, min–max	0–6	0–1	0–13	0–3	0–4
<b>Июнь, 2014</b>					
В, % ± т <sub>p</sub>	31,7 ± 7,3	43,9 ± 7,8	29,3 ± 7,1	31,7 ± 7,3	2,4 ± 2,4
Ио, экз./ос.	1,10	1,49	1,24	0,49	0,05
Размах, min–max	0–12	0–14	0–22	0–5	0–2
<b>Июль, 2014</b>					
В, % ± т <sub>p</sub>	21,6 ± 4,4	38,6 ± 5,2	10,2 ± 3,2	10,2 ± 3,2	10,2 ± 3,2
Ио, экз./ос.	0,45	0,58	0,20	0,19	0,10
Размах, min–max	0–10	0–4	0–5	0–4	0–1
<b>Сентябрь, 2014</b>					
В, % ± т <sub>p</sub>	0,0	3,9 ± 1,7	17,1 ± 3,3	3,9 ± 1,7	3,1 ± 1,5
Ио, экз./ос.	0,00	0,05	0,41	0,05	0,03
Размах, min–max	0	0–2	0–8	0–2	0–1
<b>Май, 2015</b>					
В, % ± т <sub>p</sub>	5,3 ± 5,1	10,5 ± 7,0	15,8 ± 8,4	21,1 ± 9,4	5,3 ± 5,1
Ио, экз./ос.	0,11	0,11	0,79	0,21	0,11
Размах, min–max	0–2	0–1	0–12	0–1	0–2
<b>Июль, 2015</b>					
В, % ± т <sub>p</sub>	8,1 ± 2,9	15,1 ± 3,9	20,9 ± 4,4	16,3 ± 4,0	17,4 ± 4,1
Ио, экз./ос.	0,14	0,20	0,42	0,33	0,29
Размах, min–max	0–4	0–4	0–7	0–6	0–5
<b>Сентябрь, 2015</b>					
В, % ± т <sub>p</sub>	9,6 ± 3,0	0,0	31,9 ± 4,8	4,3 ± 2,1	2,1 ± 1,5
Ио, экз./ос.	0,13	0,00	1,35	0,04	0,02
Размах, min–max	0–2	0	0–23	0–1	0–1

половодьем, которое привело к гибели значительной части популяции клещей на исследуемом участке.

Образцы крови от 541 грызуна были проанализированы методом двухраундовой ПЦР на наличие ДНК бабезий. Всего ДНК *B. microti* была обнаружена в 171 образце (31,6 %). В разные периоды доля инфицированных грызунов колебалась от 5,3 до 61,6 % (табл. 2). Анализ последовательностей гена 18S рРНК показал, что подавляющее большинство образцов относится к непатогенной для людей генетической группе *B. microti* 'Munich'-типе. Патогенные *B. microti* 'US'-типе выявлялись лишь в единичных случаях, и только в сентябре 2015 г. доля грызунов,

инфицированных *B. microti* 'US'-типе, составила 18,9 % от общего числа инфицированных особей (11,6 % от общего числа образцов) (табл. 2).

ДНК *B. microti* 'Munich'-типе была обнаружена у грызунов разных видов, среди доминирующих видов полевков бабезии данной генетической группы значительно чаще ( $p = 0,001$ ) выявлялись у *M. rutilus* (38,9 %), более редко – у *M. rufocanus* (25,3 %) и *M. glareolus* (22,3 %). Кроме того, ДНК *B. microti* была обнаружена в 13 из 25 образцов от темных полевков, в единственном образце от полевки-экономки (*Microtus oeconomus*) и в 2 из 15 образцов от сибирских бурундуков (*Tamias sibiricus*) (табл. 3). ДНК *B. microti*

Таблица 2

Выявление ДНК бабезий в образцах крови грызунов

Период отлова грызунов	Число исследованных образцов	Число (%) положительных образцов	Число (%) образцов, содержащих ДНК <i>B. microti</i>	
			'Munich'-type	'US'-type
Июль, 2013	38	2 (5,3)	2 (5,3)	0
Сентябрь, 2013	59	16 (27,1)	15 (25,4)	1 (1,7)
Июнь, 2014	40	11 (27,5)	11 (27,5)	0
Июль, 2014	91	14 (15,4)	14 (15,4)	0
Сентябрь, 2014	122	29 (23,8)	28 (23,0)	1 (0,8)
Май, 2015	20	10 (50,0)	10 (50,0)	0
Июль, 2015	85	36 (42,4)	36 (42,4)	0
Сентябрь, 2015	86	53 (61,6)	43 (50,0)	10 (11,6)
<b>Всего</b>	<b>541</b>	<b>171 (31,6)</b>	<b>159 (29,4)</b>	<b>12 (2,2)</b>

Таблица 3

Выявление ДНК бабезий в образцах крови различных видов грызунов

Вид грызунов	Число исследованных образцов	Число (%) положительных образцов	Число (%) образцов, содержащих ДНК <i>B. microti</i>	
			'Munich'-type	'US'-type
<i>Myodes rutilus</i>	250	97 (38,9)	94 (37,6)	3 (1,2)
<i>M. glareolus</i>	166	37 (22,3)	31 (18,7)	6 (3,6)
<i>M. rufocanus</i>	83	21 (25,3)	20 (24,1)	1 (1,2)
<i>Tamias sibiricus</i>	15	2 (13,3)	2 (13,3)	0 (0,0)
<i>Microtus argestis</i>	25	13 (52,0)	11 (44,0)	2 (8,0)
<i>Microtus oeconomus</i>	1	1 (100,0)	1 (100,0)	0 (0,0)
<i>Apodemus agrarius</i>	1	0 (0,0)	0 (0,0)	0 (0,0)
<b>Все виды</b>	<b>541</b>	<b>171 (31,6)</b>	<b>159 (29,4)</b>	<b>12 (2,2)</b>

'US'-типе была обнаружена в образцах от всех трех видов лесных полевок, а также от темных полевок. Полученные результаты соответствуют данным о выявлении *B. microti* в большинстве исследуемых видов мелких млекопитающих в природном очаге на территории Западного Урала [1].

Определенные в данной работе последовательности гена 18S рПНК *B. microti* 'Munich'-типе были идентичны последовательностям бабезий референсного штамма Munich (номер доступа в базе данных GenBank AB071177) и последовательностям бабезий, выявленным ранее в грызунах из Свердловской области (GenBank AY943958). Определенные последовательности *B. microti* 'US'-типе были идентичны последовательностям бабезий, выявленным ранее в клещах *I. persulcatus* и крови грызунов на территории Новосибирской области и Хабаровского края (GenBank AY943958, GU057384). Интересно, что идентифицированные на азиатской части России последовательности гена 18S рПНК *B. microti* 'US'-типе были идентичны последовательностям штаммов *B. microti* из США, переносимых клещами *Ixodes scapularis*, но отличались единичными заменами от последовательностей европейских изолятов *B. microti*, переносимых как *I. ricinus*, так и *I. persulcatus* [9, 12].

Наблюдаемый высокий уровень инфицированности грызунов *B. microti* 'Munich'-типе соответствует

данным об инфицированности грызунов на других исследованных участках, находящихся в области симпатрии *I. persulcatus* и *I. trianguliceps*. Так, на двух участках, расположенных в Тевризском и Большеуковском районах Омской области, и на участке, расположенном в заповеднике «Денежкин камень» в Свердловской области, доля инфицированных бабезиями зверьков составляла 33–42 %, и более 89 % положительных образцов содержало ДНК *B. microti* 'Munich'-типе (табл. 4) [3, 4].

Интересно, что на участке, также находящемся в области симпатрии *I. persulcatus* и *I. trianguliceps* в Пермской области, в крови грызунов наиболее часто выявлялись патогенные *B. microti* 'US'-типе при общем высоком уровне инфицирования (45 %) бабезиями мелких млекопитающих [2]. Другая картина наблюдалась на участках, расположенных в зоне обитания *I. persulcatus* вне ареала *I. trianguliceps*. Многолетнее изучение мелких млекопитающих, отловленных на территории Новосибирской области и Хабаровского края, показало, что доля инфицированных бабезиями грызунов составляет 5–8 % и что все обнаруженные бабезии относятся к *B. microti* 'US'-типе (табл. 4) [3].

Таким образом, на основании проведенного трехлетнего исследования была показана высокая инфицированность различных видов мышевидных

Таблица 4

Сравнение доли инфицированных бабезиями мелких млекопитающих из разных областей России

Место отлова грызунов	Год	Число исследованных образцов	Число (%) положительных образцов	Число (%) образцов, содержащих ДНК <i>B. microti</i>		Ссылки
				'Munich'-type	'US'-type	
Омская область (Знаменский район)*	2013–2015	541	171 (31,6)	159 (29,4)	12 (2,2)	Собственное исследование
Омская область (Тевризский район)*	2011	60	20 (33,3)	18 (30,0)	2 (3,3)	[4]
Омская область (Большеуковский район)*	2011	50	21 (42,0)	19 (38,0)	2 (4,0)	[4]
Свердловская область*	2004, 2005	196	71(36,2)	71 (36,2)	0	[3]
Новосибирская область	2003, 2006, 2007	285	15 (5,3)	0	15 (5,3)	[3]
Хабаровский край	2006–2008	463	38 (8,2)	0	38 (8,2)	[3]

Примечание. \* – области симпатрии клещей *I. persulcatus* и *I. trianguliceps*.

грызунов из области симпатрии клещей *I. persulcatus* и *I. trianguliceps* простейшими гемопаразитами *B. microti*. Выявленные образцы *B. microti* относились к двум генетическим группам – *B. microti* 'US'-типе и *B. microti* 'Munich'-типе; при этом непатогенные *B. microti* 'Munich'-типе были обнаружены у более 90 % инфицированных особей. Полученные результаты подтверждают сделанное ранее предположение об участии *I. trianguliceps* в переносе *B. microti* 'Munich'-типе грызунам. Дальнейшее исследование клещей *I. persulcatus* и *I. trianguliceps* на инфицированность *B. microti* необходимо для более строгого подтверждения данной гипотезы.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ (проект № 14-04-00567) и Минобрнауки (проект VI.55.1.1).

**ЛИТЕРАТУРА  
REFERENCES**

1. Морозов А.В., Ковалевский Ю.В., Коренберг Э.И., Горелова Н.Б., Подлесный Л.А. Предварительные результаты выявления ДНК *Babesia microti* у мелких млекопитающих природного очага на Среднем Урале // Бюл. ВСНЦ СО РАМН. – 2006. – № 5. – С. 136–138.

Morozov AV, Kovalevskiy YV, Korenberg EI, Gorelova NB, Podlesnyi LA (2006). Preliminary results of *Babesia microti* DNA detection in small mammals inhabiting natural foci in Middle Ural [Predvaritelnyie rezultaty vyiyavleniya DNK Babesia microti u melkih mlekopitayuschih prirodnogo ochaga na Srednem Urале]. Bjul. VSNC SO RAMN, 5, 136-138.

2. Нефедова В.В., Коренберг Э.И., Ковалевский Ю.В., Самохвалов М.В., Горелова Н.Б. Роль личинок клеща *Ixodes trianguliceps* в поддержании циркуляции *Babesia microti* на Среднем Урале // Зоол. журн. – 2012. – Т. 91, Вып. 9. – С. 1034–1042.

Nefedova VV, Korenberg EI, Kovalevskiy YV, Samokhvalov MV, Gorelova NB (2012). The role of *Ixodes trianguliceps* tick larvae in circulation of *Babesia microti* in the Middle Urals [Rol' lichinok kleshha *Ixodes trianguliceps* v podderzhanii cirkuljacji Babesia microti na Srednem Urале]. Zool. zhurn, 91 (9), 1034-1042.

3. Рар В.А., Епихина Т.И., Ливанова Н.Н., Панов В.В., Пуховская Н.М., Высочина Н.П., Иванов Л.И. Выявление ДНК бабезий у мелких млекопитающих

и иксодовых клещей в трех различных природных очагах Северного Урала, Западной Сибири и Дальнего Востока // Молекул. генетика, микробиология и вирусология. – 2010. – № 3. – С. 26–30.

Rar VA, Epikhina TI, Livanova NN, Panov VV, Pukhovskaya NM, Vysochina NP, Ivanov LI (2010). Detection of *Babesia* spp. DNA in small mammals and ixodic ticks on the territory of North Ural, West Siberia and Far East of Russia [Vyjavlenie DNK babezij u melkih mlekopitajushhih i iksodovyh kleshhej v treh razlichnyh prirodnyh ochagah Severnogo Urала, Zapadnoj Sibiri i Dal'nego Vostoka]. Molekul. genetika, mikrobiologija i virusologija, 3, 26-30.

4. Рар В.А., Епихина Т.И., Тикунова Н.В., Бондаренко Е.И., Иванов М.К., Якименко В.В., Малькова М.Г., Танцев А.К. Выявление ДНК переносимых иксодовыми клещами патогенов в крови мелких млекопитающих из лесной зоны Среднего Прииртышья (Омская область, Западная Сибирь) // Паразитология. – 2014. – Т. 48, № 1. – С. 37–53.

Rar VA, Epikhina TI, Tikunova NV, Bondarenko EI, Ivanov MK, Yakimenko VV, Malkova MG, Tantsev AK (2014). DNA detection of pathogens transmitted by Ixodid ticks in blood of small mammals inhabiting the forest biotopes in Middle Irtysh Area (Omsk Region, West Siberia) [Vyjavlenie DNK perenosimyh iksodovymi kleshhami patogenov v krvi melkih mlekopitajushhih iz lesnoj zony Srednego Priirtysh'ja (Omskaja oblast', Zapadnaja Sibir')]. Parazitologija, 1 (48), 37-53.

5. Федулина О.О., Рар В.А., Сунцова О.В., Козлова И.В. Результаты рекогносцировочных исследований по обнаружению очагов бабезиоза на территории Иркутской области // Бюл. ВСНЦ СО РАМН. – 2013. – № 2, Ч. 2. – С. 130–133.

Fedulina OO, Rar VA, Suntsova OV, Kozlova IV (2013). Results of reconnaissance studies on detection of Babesiosis foci in the Irkutsk region [Rezultaty rekoognoscirovochnyh issledovanij po obnaruzheniju ochagov babezioza na territorii Irkutskoj oblasti]. Bjul. VSNC SO RAMN, 2 (2), 130-133.

6. Филиппова Н.А. Иксодовые клещи подсем. Ixodinae. Фауна СССР. – Л.: Наука, 1977. – Т. 4, Вып. 4. – 396 с.

Filippova NA (1977). Ixodid ticks of the subfamily Ixodinae. The Fauna of the USSR [Iksodovyje kleshhi podsem. Ixodinae. Fauna SSSR], 4 (4), 396.

7. Beck R, Vojta L, Curković S, Mrljak V, Margaletić J, Habrun B (2011). Molecular survey of *Babesia microti* in wild rodents in central Croatia. *Vector Borne Zoonotic Dis.*, 11, 81-83.

8. Bown KJ, Lambin X, Telford GR, Ogden N, Telfer S, Woldehiwet Z, Birtles R (2008). Relative importance of *Ixodes ricinus* and *Ixodes trianguliceps* as vectors for *Anaplasma phagocytophilum* and *Babesia microti* in field vole (*Microtus agrestis*) populations. *Appl. Environ. Microbiol.*, 74, 7118-7125.

9. Capligina V, Berzina I, Bormane A, Salmane I, Vilks K, Kazarina A, Bandere D, Baumanis V, Ranka R (2015). Prevalence and phylogenetic analysis of *Babesia* spp. in *Ixodes ricinus* and *Ixodes persulcatus* ticks in Latvia. *Exp. Appl. Acarol.*

10. Gray J, Zintl A, Hildebrandt A, Hunfeld K, Weiss L (2010). Zoonotic babesiosis: Overview of the disease and novel aspects of pathogen identity. *Ticks Tick Borne Dis.*, 1, 3-10.

11. Kallio ER, Begon M, Birtles RJ, Bown KJ, Koskela E, Mappes T, Watts PC (2014). First report of *Anaplasma*

*phagocytophilum* and *Babesia microti* in rodents in Finland. *Vector Borne Zoonotic Dis.*, 14, 389-933.

12. Katargina O, Geller J, Vasilenko V, Kuznetsova T, Järvekülg L, Vene S, Lundkvist Å, Golovljova I (2011). Detection and characterization of *Babesia* species in *Ixodes* ticks in Estonia. *Vector Borne Zoonotic Dis.*, 11, 923-928.

13. Nakajima R, Tsuji M, Oda K, Zamoto-Niikura A, Wei Q, Kawabuchi-Kurata T, Nishida A, Ishihara C (2009). *Babesia microti*-group parasites compared phylogenetically by complete sequencing of the CCTeta gene in 36 isolates. *J. Vet. Med. Sci.*, 71, 55-68.

14. Welc-Falęciak R, Bajer A, Paziewska-Harris A, Baumann-Popczyk A, Siński E (2012). Diversity of *Babesia* in *Ixodes ricinus* ticks in Poland. *Adv. Med. Sci.*, 57, 364-369.

15. Zamoto A, Tsuji M, Wei Q, Cho SH, Shin EH, Kim TS, Leonova GN, Hagiwara K, Asakawa M, Kariwa H, Takashima I, Ishihara C (2004). Epizootiologic survey for *Babesia microti* among small. *J. Vet. Med. Sci.*, 66, 785-792.

#### Сведения об авторах Information about the authors

**Рар Вера Александровна** – кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии ФГБУН «Институт химической биологии и фундаментальной медицины» СО РАН (630090, г. Новосибирск, пр. Академика Лаврентьева, 8; тел.: 8 (3832) 363-51-37; e-mail: rarv@niboch.nsc.ru)

**Rar Vera Aleksandrovna** – Candidate of Biological Sciences, Research Officer of the Laboratory of Molecular Microbiology of the Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine SB RAS (630090, Novosibirsk, pr. Akademika Lavrentjeva, 8; tel.: +7 (3832) 363-51-37; e-mail: rarv@niboch.nsc.ru)

**Якименко Валерий Викторович** – доктор биологических наук, заведующий лабораторией арбовирусных инфекций ФБУН «Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций» Роспотребнадзора (644080, г. Омск, пр. Мира, 7; тел.: 8 (3812) 65-03-04; e-mail: yakimenko@oniipi.org)

**Yakimenko Valeriy Viktorovich** – Doctor of Biological Sciences, Head of the Laboratory of Arbovirus Infections of Omsk Research Institute of Natural Foci Infections (644080, Omsk, pr. Mira, 7; tel.: +7 (3812) 65-03-04; e-mail: yakimenko@oniipi.org)

**Макенов Марат Темирханович** – кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории арбовирусных инфекций ФБУН «Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций» Роспотребнадзора (e-mail: makenov@oniipi.org)

**Makenov Marat Temirkhanovich** – Candidate of Biological Sciences, Senior Research Officer of the Laboratory of Arbovirus Infections of Omsk Research Institute of Natural Foci Infections (e-mail: makenov@oniipi.org)

**Тикунев Артем Юрьевич** – кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии ФГБУН «Институт химической биологии и фундаментальной медицины» СО РАН (e-mail: artik@ngs.ru)

**Tikunov Artem Yurjevich** – Candidate of Biological Sciences, Research Officer of the Laboratory of Molecular Microbiology of the Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine SB RAS (e-mail: artik@ngs.ru)

**Епихина Тамара Ивановна** – ведущий инженер лаборатории молекулярной микробиологии ФГБУН «Институт химической биологии и фундаментальной медицины» СО РАН (e-mail: tiepikhina@gmail.com)

**Epikhina Tamara Ivanovna** – Leading Engineer of the Laboratory of Molecular Microbiology of the Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine SB RAS (e-mail: tiepikhina@gmail.com)

**Танцев Алексей Константинович** – научный сотрудник лаборатории зоонозных инфекций ФБУН «Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций» Роспотребнадзора (e-mail: mail@oniipi.org)

**Tantsev Aleksey Konstantinovich** – Research Officer of the Laboratory of Zoogenous Infections of Omsk Research Institute of Natural Foci Infections (e-mail: mail@oniipi.org)

**Боброва Оксана Алексеевна** – младший научный сотрудник лаборатории зоонозных инфекций ФБУН «Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций» Роспотребнадзора (e-mail: mail@oniipi.org)

**Bobrova Oksana Alekseevna** – Junior Research Officer of Zoogenous Infections of Omsk Research Institute of Natural Foci Infections (e-mail: mail@oniipi.org)

**Тикунова Нина Викторовна** – доктор биологических наук, доцент, заведующая лабораторией молекулярной микробиологии ФГБУН «Институт химической биологии и фундаментальной медицины» СО РАН (e-mail: tikunova@niboch.nsc.ru)

**Tikunova Nina Viktorovna** – Doctor of Biological Sciences, Docent, Head of the Laboratory of Molecular Microbiology of the Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine SB RAS (e-mail: tikunova@niboch.nsc.ru)