

Эпизоотическая ситуация по анаплазмозу мелких жвачных животных на территории Иркутской области

Сунцова О.В.¹, Рар В.А.², Лисак О.В.¹, Мельцов И.В.³, Дорощенко Е.К.¹, Савинова Ю.С.¹,
Тикунов А.Ю.², Козлова И.В.¹

¹ ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека» (664003, г. Иркутск, ул. Тимирязева 16, Россия);

² ФГБНУ Институт химической биологии и фундаментальной медицины Сибирского отделения

Российской академии наук (630090, г. Новосибирск, пр. Лаврентьева, 8); ³ ФГБОУ ВО Иркутский государственный аграрный университет им. А.А. Ежевского (664038, Иркутская обл., Иркутский р-н, п. Молодёжный)

Автор, ответственный за переписку: Сунцова Ольга Владимировна, e-mail: olga_syntsova@list.ru

Резюме

Анаплазмозы жвачных животных – это группа природно-очаговых инфекций, вызываемых бактериями из рода *Anaplasma* семейства *Anaplasmataceae*. Основным этиологическим агентом анаплазмоза овец, коз, а также диких жвачных животных является *Anaplasma ovis*, которая паразитирует в эритроцитах этих животных. На сегодняшний день информация о наличии очагов анаплазмоза мелких жвачных животных на территории Иркутской области отсутствовала. Цель данной работы – индикация и идентификация анаплазм в крови овец и коз с помощью молекулярно-генетических методов, получение данных о широте распространения очагов анаплазмозов на территории Иркутской области. На наличие ДНК анаплазм были исследованы 20 образцов крови коз, 611 образцов крови овец и 209 клещей *Dermacentor nuttalli* из 12 районов Иркутской области. Только один вид анаплазм – *A. ovis* – был обнаружен среди генотипированных образцов. *A. ovis* была обнаружена в крови овец и коз во всех исследуемых районах Иркутской области. Доля образцов крови овец, содержащих ДНК анаплазм, варьировала от 30 % до 85 %, коз – от 10 % до 100 % в разных районах региона, составив в среднем по Иркутской области у овец – 57,8 %, у коз – 55,0 %. Заражённость *A. ovis* клещей *D. nuttalli* составила 5,7 %. *A. ovis* выявлена у домашних животных, принадлежащих различным собственникам, что свидетельствует о широком распространении очагов анаплазмоза домашних мелких жвачных животных на территории региона. Нуклеотидные последовательности образцов, выявленные в крови овец и коз на территории Иркутской области, различались между собой единичной нуклеотидной заменой и были идентичны последовательностям типового штамма Haibe, а также последовательностям *A. ovis*, обнаруженным ранее в крови овец из Монголии, оленей из Китая, а также клещей *Dermacentor niveus* и *Dermacentor nuttalli* из Китая. Эти последовательности также были идентичны последовательностям, обнаруженным ранее в крови овец из Алтая и в клещах *D. nuttalli* из Тувы, что свидетельствует о широком распространении данных геновариантов *A. ovis* на территории Сибири и о вероятной роли клещей *D. nuttalli* в качестве переносчика возбудителя анаплазмоза мелких жвачных животных в Иркутской области.

Ключевые слова: анаплазмозы жвачных животных, анаплазмы, *Anaplasma ovis*, иксодовые клещи, ген 16S рРНК, филогенетический анализ

Для цитирования: Сунцова О.В., Рар В.А., Лисак О.В., Мельцов И.В., Дорощенко Е.К., Савинова Ю.С., Тикунов А.Ю., Козлова И.В. Эпизоотическая ситуация по анаплазмозу мелких жвачных животных на территории Иркутской области. *Acta biomedica scientifica*. 2021; 6(1): 60-68. doi: 10.29413/ABS.2021-6.1.9.

Epizootic Situation on Anaplasmosis of Small Ruminants in the Irkutsk Region

Suntsova O.V.¹, Rar V.A.², Lisak O.V.¹, Meltsov I.V.³, Doroschenko E.K.¹, Savinova Yu.S.¹,
Tikunov A.Yu.², Kozlova I.V.¹

¹ Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems (Timiryazeva str. 16, Irkutsk 664003, Russian Federation); ² Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences (Lavrentyeva av. 8, Novosibirsk 630090, Russian Federation); ³ Irkutsk State University of Agriculture named after A.A. Ezhevsky (Molodezhny settlement, Irkutsk region 664038, Russian Federation)

Corresponding author: Olga V. Suntsova, e-mail: olga_syntsova@list.ru

Abstract

Anaplasmosis of ruminants is a group of natural focal infections caused by bacteria from the genus *Anaplasma* of the *Anaplasmataceae* family. The main etiological agent of anaplasmosis in sheep, goats, and wild ruminants is *Anaplasma ovis*, which parasitizes in the erythrocytes of these animals. The purpose of this study was the finding and identification of *Anaplasma* spp. in the blood of small ruminants using genetic methods and obtaining data on the distribution of anaplasmosis in the Irkutsk region. 20 goat blood samples, 611 sheep blood samples and 209 *Dermacentor nuttalli* ticks from 12 districts of the Irkutsk region were examined for the presence of *Anaplasma* spp. Only one type of *Anaplasma*, *A. ovis*, was found among the genotyped samples. *A. ovis* was found in the blood of sheep and goats in all of the studied districts of the Irkutsk region. The proportion of sheep blood samples containing *Anaplasma* DNA varied from 30 % to 85 %, in goats – from 10 % to 100 % in different districts, and averaged 57.8 % in sheep and 55.0 % in goats. Frequency of infection of *D. nuttalli* ticks with *A. ovis* was 5.7 %. The nucleotide sequences of the samples detected in the blood of small ruminants on the territory of the Irkutsk region differed from each other by a single nucleotide substitution and were identical to the sequences of the type strain Haibe, as well as the sequences of *A. ovis* previously

found in the blood of sheep from Mongolia, deer from China, and *Dermacentor niveus* and *Dermacentor nuttalli* ticks from China. These sequences were also identical to the sequences previously found in the blood of sheep from Altai and in *Dermacentor nuttalli* ticks from Tuva, which indicates the wide distribution of these *A. ovis* genovariants in Siberia and the probable role of *D. nuttalli* as a carrier of the agent of anaplasmosis of small ruminants in the Irkutsk region.

Key words: ruminant anaplasmosis, *Anaplasma*, *Anaplasma ovis*, Ixodidae ticks, 16S rRNA gene, phylogenetic analysis

For citation: Suntsova O.V., Rar V.A., Lisak O.V., Meltsov I.V., Doroschenko E.K., Savinova Yu.S., Tikunov A.Yu., Kozlova I.V. Epizootic Situation on Anaplasmosis of Small Ruminants in the Irkutsk Region. *Acta biomedica scientifica*. 2021; 6(1): 60-68. doi: 10.29413/ABS.2021-6.1.9.

ВВЕДЕНИЕ

Инфекции, передаваемые через укус иксодовых клещей, представляют собой растущую угрозу для животноводства, а также для здоровья человека во всём мире [1, 2].

Наибольшую эпизоотическую значимость среди гемопаразитов сельскохозяйственных животных имеют бактерии рода *Anaplasma*, которые относятся к классу альфа-протеобактерий, семейству Anaplasmataceae порядка Rickettsiales. Анаплазмы представляют собой мелкие грамотрицательные облигатные внутриклеточные микроорганизмы, обладающие тропизмом к различным клеткам кровеносной системы животных и человека [3, 4, 5].

Анаплазмозы мелких жвачных животных широко распространены в мире. Наиболее распространённым возбудителем анаплазмозов мелких жвачных животных является *A. ovis*, которая обнаружена у овец, коз, а также диких жвачных животных в США, Африке, Восточной и Юго-Западной Азии и некоторых странах Европы [6, 7, 8, 9]. Географическое распределение анаплазмоза мелких жвачных животных в Европе ограничивается преимущественно странами Пиренейского полуострова и Средиземноморья, в том числе Францией, Италией [1, 10], Турцией [11], Португалией [12] и Юго-Восточной Румынией. Установлено, что основными переносчиками *A. ovis* являются клещи родов *Dermacentor*, *Rhipicephalus* [8, 9, 13]. Передача возбудителя может совершаться по ходу метаморфоза клещей от одной стадии к другой (трансфазово). Предполагается, что некоторые виды клещей в одной и той же отаре могут передавать *A. ovis* жвачным животным только путём перемещения частично напитавшихся взрослых клещей от инфицированных животных к неинфицированным [14]. Этот путь передачи может объяснить, почему в некоторых эндемичных районах (юг Словакии и юг Западной Сибири) *A. ovis* не была обнаружена у клещей, несмотря на высокую распространённость возбудителя у мелких жвачных [15, 16].

A. ovis обычно вызывает лёгкое заболевание у жвачных животных [6], но при наличии коинфекций с представителями рода *Babesia*, *Theileria* или в стрессовых ситуациях клиническое течение может быть тяжёлым и характеризоваться лихорадкой, гемолитической анемией, желтухой, депрессией, анорексией и потерей веса [17, 18, 19, 20]. После острого заболевания у животных может наблюдаться длительная персистенция *A. ovis* [21]. Тяжёлая вспышка анаплазмоза овец была зарегистрирована на востоке Испании в 2014 г., где эта инфекция ранее не регистрировалась [21]. Пострадало более 30 % овцеводческих хозяйств и от 2 % до 30 % овец в каждом стаде. Клинические признаки во время вспышки были неспецифическими и включали тяжёлую анемию, крайнюю слабость, анорексию и потерю веса. Примечательно, что первый окот стал ключевым моментом, вызвавшим

клинические признаки болезни [21]. Не так давно описан случай детекции *A. ovis* в крови пациента с острова Кипр, что указывает на то, что данный возбудитель, по всей видимости, имеет не только зоонозный потенциал [22].

Анаплазмоз мелких жвачных животных может быть вызван и другими этиологическими агентами – возбудителем гранулоцитарного анаплазмоза *Anaplasma phagocytophilum* и возбудителем моноцитарного анаплазмоза *Anaplasma bovis*. При этом инфекции, вызванные *A. phagocytophilum*, наиболее распространены в северной части Европы [23], а инфекции, вызванные *A. bovis*, – в Китае [24]. Кроме того, овцы и козы могут быть инфицированы анаплазмами нового, формально не признанного вида – *Anaplasma capra* [4], а также анаплазмами, не относящимися ни к одному из известных видов [25]. Следует отметить, что наибольшее разнообразие анаплазм мелких жвачных животных наблюдается в Китае, где козы и овцы могут быть инфицированы одновременно несколькими видами анаплазм [26].

Официальная статистика по анаплазмозам мелких жвачных животных в РФ не ведётся. Случаи инфицированности овец анаплазмами были зарегистрированы на территории Ставропольского края [27, 28], а также на территории Республики Алтай [16]. На территории Иркутской области в крови овец также была обнаружена ДНК *A. ovis*, однако эти исследования были сделаны на небольшой выборке животных [29]. К настоящему времени участие других видов анаплазм в инфицировании мелких жвачных животных на территории России не установлено, возможно, из-за незначительного числа подобных исследований.

В настоящее время для диагностики анаплазмозов мелких жвачных животных применяют различные методы: микроскопические, серологические и молекулярно-генетические.

Наиболее достоверно видовая принадлежность возбудителя может быть установлена с помощью современных молекулярно-генетических методов, таких как видоспецифическая ПЦР, секвенирование или гибридизация продуктов ПЦР с олигонуклеотидными зондами. При экспериментальных исследованиях эти методы достаточно широко применяются с целью идентификации возбудителя в крови больных и переболевших животных, а также для индикации возбудителей анаплазмозов в иксодовых клещах и насекомых. Применение ПЦР особенно важно при диагностике анаплазмоза в состоянии носительства при отсутствии клинических симптомов и для идентификации геноварианта возбудителя. Однако на практике по-прежнему решающим остаётся положительный результат микроскопии, который не исключает возможности постановки неправильного диагноза.

В связи с интенсивным развитием животноводства в Иркутской области эпизоотическое и ветеринарно-санитарное благополучие территории региона в от-

ношении опасных инфекционных агентов является одним из важных факторов, определяющих социально-экономическую ситуацию в области, перспективы её развития, повышение рентабельности животноводства и перерабатывающих отраслей. Эпизоотическая безопасность – необходимое условие устойчивого развития отрасли животноводства, решения проблемы импортозамещения товаров Иркутской области. Все вышесказанное предопределило необходимость осуществления данного исследования.

ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ

Индикация и идентификация внутриэритроцитарных анаплазм в крови коз и овец с помощью современных молекулярно-генетических методов, получение данных о широте распространения очагов анаплазмозов на территории Иркутской области.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

На наличие ДНК анаплазм были исследованы 611 образцов крови овец и 20 образцов крови коз из различных сельскохозяйственных организаций, фермерских

хозяйств и частных подворий из 12 районов Иркутской области (рис. 1). Кровь от клинически здоровых сельскохозяйственных животных (по 1 мл от каждого животного) отбирали в стандартные стерильные пробирки (erpendorf 1,5 мл), содержащие по 100 мкл 0,05 М раствора ЭДТА. Также на наличие ДНК анаплазм были исследованы 209 экземпляров клещей *Dermacentor nuttalli* из 5 районов Иркутской области.

Суммарные нуклеиновые кислоты экстрагировали из образцов с помощью набора «Рибо-преп» («Амплипрайм», Москва). ДНК анаплазм выявляли методом двухраундовой ПЦР в присутствии праймеров из области гена 16SpPНК, как описано в [29]. Все образцы, содержащие ДНК анаплазм, были дополнительно проанализированы на наличие ДНК *A. phagocytophilum* посредством проведения ПЦР с видоспецифичными праймерами [31]. Видовая принадлежность анаплазм была установлена путём секвенирования полученных продуктов ПЦР длиной 450 н. о. с использованием набора реагентов BigDye Terminator v. 3.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems Inc., США). Для ряда образцов были определены нуклеотидные последовательности фрагмента гена 16S рПНК длиной

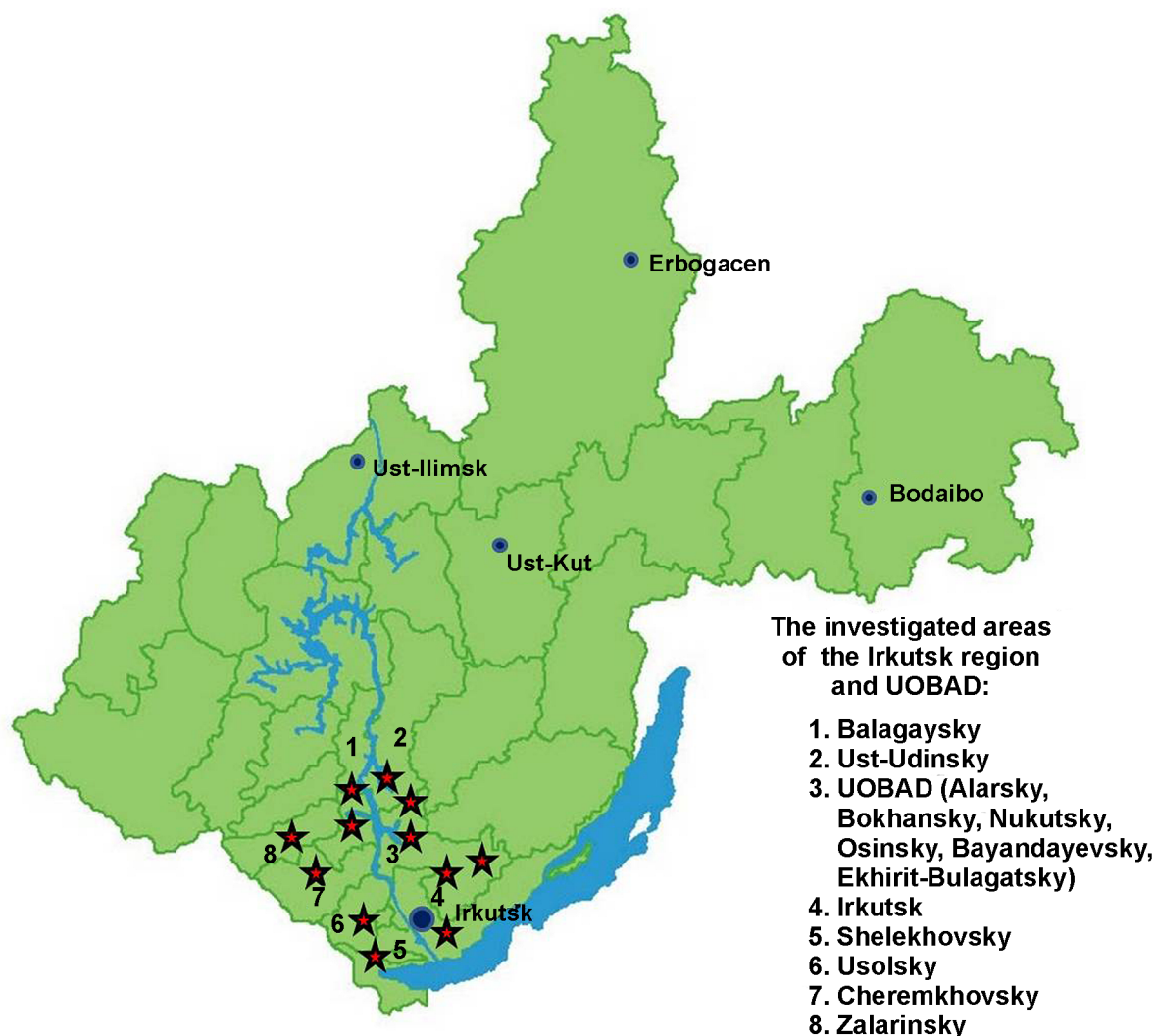


Рис. 1. Обнаружение ДНК *Anaplasma* spp. в крови мелких жвачных животных в разных районах Иркутской области
 Fig. 1. Districts of the Irkutsk region, where the study of small ruminants for the presence of *Anaplasma* spp. DNA was conducted

1300 н. о., как описано ранее [31]. Сравнение и анализ полученных нуклеотидных последовательностей выполнены с использованием программ Blastn (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>) и ClustalW (<http://www.ebi.ac.uk/clustalw/index.html>), а филогенетический анализ – с помощью пакета филогенетических программ MEGA 7.0 (<http://www.megasoftware.net/manual.html>). Нуклеотидные последовательности фрагмента гена 16S рРНК, нового для *A. ovis*, зарегистрированы в базе данных GenBank под номерами MW365551, MW365552, MW600400, MW600401, MW600402, MW600403, MW600404, MW600405, MW600406, MW600407, MW600408, MW600409, MW600410, MW600411, MW600412, MW600413.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Ведущей отраслью специализации сельского хозяйства Иркутской области является мясное и молочное животноводство.

Оно является традиционной отраслью в шести районах Усть-Ордынского Бурятского округа (УОБО), а также в Ольхонском и Заларинском районах. Наибольшее развитие оно получило в УОБО и Ольхонском районе, где имеются обширные степи. поголовье овец и коз в Иркутской области в 2019 г. достигало 115,2 тыс. голов, из них 1,2 % приходится на сельскохозяйственные организации, 24,2 % поголовья овец и коз содержится в крестьянских (фермерских) хозяйствах, 74,6 % – в личных хозяйствах населения. Концентрация животноводства преимущественно в южных и центральных районах области определила выбор исследованных нами районов.

Осуществлена детекция ДНК *Anaplasma* spp. в крови овец и коз на территории 12 районов центральной и юж-

ной частей Иркутской области. Результаты исследования приведены в таблице 1.

ДНК *Anaplasma* spp. в крови овец выявлена на территории 12 обследованных нами районов области. При этом в разных районах региона доля образцов крови овец, содержащих ДНК анаплазм, варьировала от 30,0 % до 85,0 %, составив в среднем по Иркутской области 57,8 %. В двух районах области – Аларском и Усольском – на наличие ДНК *Anaplasma* spp. исследовались образцы крови коз. Возможно, из-за небольшой выборки доля образцов, содержащих ДНК анаплазм, варьировала в широких пределах: от 10,0 % в Усольском до 100,0 % в Аларском районах. В среднем же инфицированность коз составила 55,0 %, что примерно соответствовало средней инфицированности овец (57,8 %).

При исследовании коз из различных провинций Китая в 2011–2015 гг. их инфицированность *A. ovis* варьировала от 0 до 100 % [32]. Интересно, что в Республике Алтай ДНК *A. ovis* в крови коз выявлялась в 100 % случаев [16].

В УОБО, где разведение мелких жвачных животных является традиционной отраслью животноводства, средняя инфицированность овец *Anaplasma* spp. составила 53,2 %, у коз – 100 %. Самые высокие показатели инфицированности овец в УОБО зафиксированы в Нукутском и Эхирит-Булагатском районах (77,5 и 67,5 % соответственно). В Осинском и Боханском районах УОБО инфицированность овец была значительно ниже (30 % и 38,4 % соответственно).

В Усольском районе при 80 % инфицированности овец *Anaplasma* spp. инфицированность коз составила только 10 %. Доля образцов крови овец, содержащих ДНК анаплазм, была также высокой в Качугском, Бала-

Таблица 1
Результаты детекции ДНК анаплазм в крови мелких жвачных животных на территории Иркутской области
Table 1
The results of anaplasma DNA detection in the blood and small ruminants in the Irkutsk region

Район сбора	Овцы		Козы	
	Число образцов	Число (%) образцов, содержащих ДНК анаплазм	Число образцов	Число (%) образцов, содержащих ДНК анаплазм
Усть-Ордынский Бурятский автономный округ				
Аларский	35	19 (54,3 %)	10	10 (100,0 %)
Баяндаевский	80	50 (62,5 %)	–	–
Боханский	86	33 (38,4 %)	–	–
Нукутский	40	31 (77,5 %)	–	–
Осинский	70	21 (30,0 %)	–	–
Эхирит-Булагатский	80	54 (67,5 %)	–	–
Всего	391	208 (53,2 %)	10	10 (100,0 %)
Другие районы Иркутской области				
Балаганский	30	21 (70,0 %)	–	–
Заларинский	30	18 (60,0 %)	–	–
Качугский	20	17 (85 %)	–	–
Усольский	20	16 (80 %)	10	1 (10,0 %)
Усть-Удинский	70	47 (67,1 %)	–	–
Черемховский	50	26 (52,0 %)	–	–
Всего	220	145 (65,9 %)	10	1 (10,0 %)
ВСЕГО по всем районам	611	353 (57,8 %)	20	11 (55,0 %)

ганском, Усть-Удинском, и Заларинском районах (85,0 %, 70,0 %, 67,1 % и 60 % соответственно). В Черемховском районе ДНК анаплазм обнаружена в крови 52,0 % овец. Определение видовой принадлежности анаплазм было проведено с помощью секвенирования для 24 случайно выбранных образцов из разных районов области. Все генотипированные образцы относились к одному виду – *A. ovis*.

Полученные нами результаты согласуются с литературными данными. Так, например, в Португалии средняя инфицированность овец *A. ovis*, установленная с помощью ПЦР, составила 82,5 % (91,7 % в северной части и 68,8 % в южной), в Монголии – около 70 %, в Ираке – 66,7 % [6, 8]. При этом доля образцов крови овец, содержащих ДНК *A. ovis* в северных, южных и центральных частях этих стран значительно различалась. Инфицированность овец в разных провинциях Китая варьировала в широких пределах – от 0 до 70 % [32]. В Республике Алтай инфицированность овец *A. ovis* составляет 96,7 % [16]. В то же время инфицированность овец в Иркутской области была значительно выше, чем в таких странах, как Судан (от 33,3 до 41,7 % в разные годы исследования), Италия (37,0 %) и Турция (31,4 %) [6, 33, 34].

Исследованная нами выборка овец была преимущественно представлена женскими особями (83,1 %), на долю баранов приходилось 16,9 %. Заражённость овец и баранов составила 54,3 % и 66,1 % соответственно. Статистически значимой разницы в инфицированности особей женского и мужского пола не выявлено. Нами исследовались животные разных возрастов – от 0 до 6 лет. Интересно, что инфицированность овец анаплазмами была статистически значимо ниже ($p < 0,001$) у особей молодого возраста (от 0 до 3 лет) по сравнению с животными старшего возраста (от 4 до 6 лет) – $61,5 \pm 2,4$ % и $80,0 \pm 6,3$ % соответственно. При этом отмечен рост процента инфицированности овец по мере увеличения возраста животных. Так, самые низкие показатели заражённости овец анаплазмами регистрировались у животных в возрасте до одного года – $23,5 \pm 10,3$ %. После года жизни инфицированность овец возрастала и начиная с трёх лет была статистически значимо выше по сравнению с животными в возрасте от 0 до 2 лет ($p < 0,001$).

Проведённый анализ определённых в данной работе нуклеотидных последовательностей фрагмента гена 16S рРНК показал, что циркулирующие на территории Иркутской области *A. ovis* высоко консервативны по данному

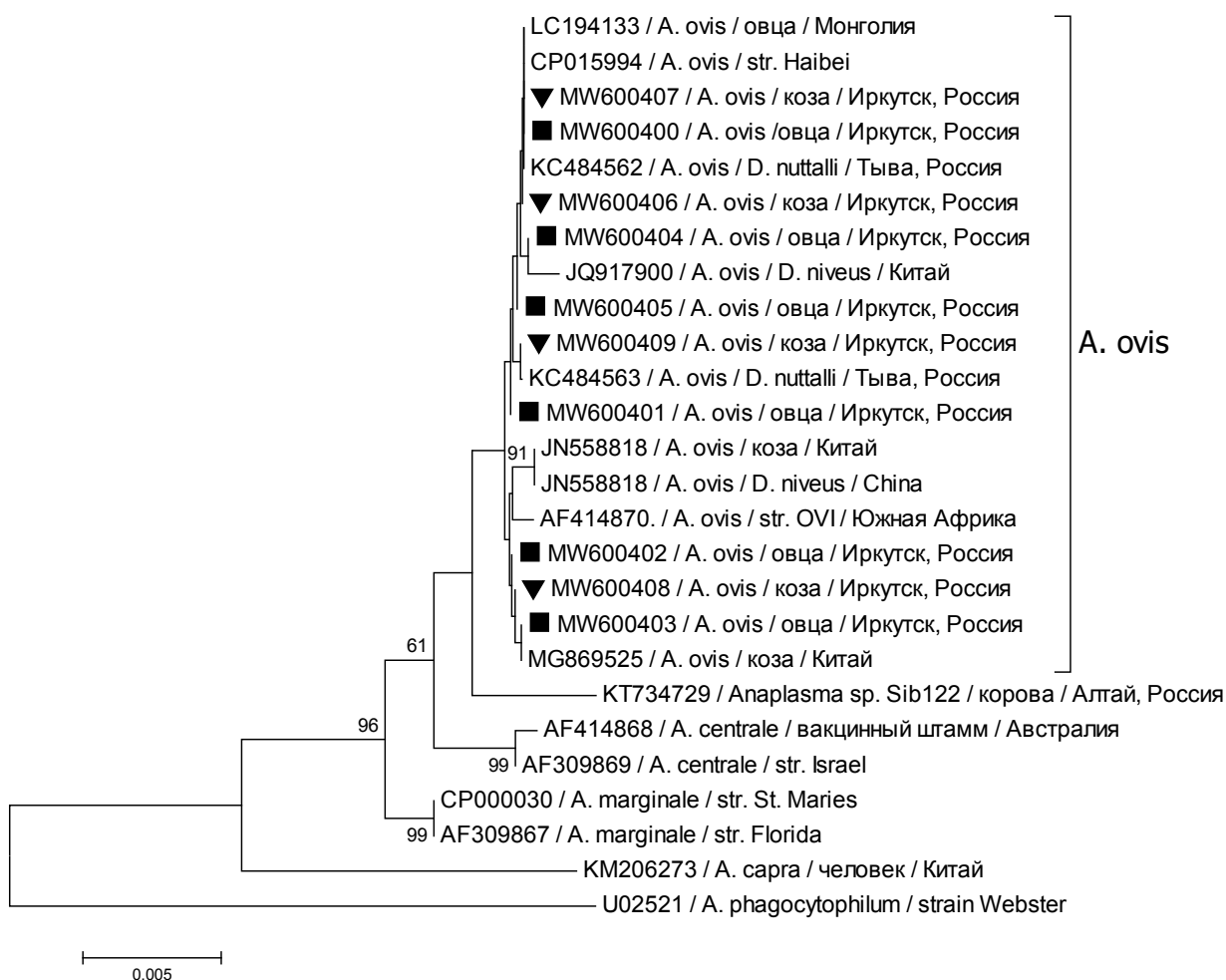


Рис. 2. Дендрограмма сходства нуклеотидных последовательностей фрагмента гена 16S рРНК *Anaplasma* spp. (длиной 1295 н. п.), построенная с использованием метода NJ. Шкала представляет 1 % дивергенции. Определённые в этой работе последовательности отмечены квадратами (овцы) и треугольниками (козы)

Fig. 2. Dendrogram of the nucleotide sequence similarity of the 16S rRNA gene fragment of *Anaplasma* spp. (1295 bp length), plotted using the NJ method. The scale represents 1 % divergence. Identified sequences in this work are marked by squares (sheep) and triangles (goats)

гену и различаются между собой единичной нуклеотидной заменой (рис. 2).

Нуклеотидные последовательности образцов, выявленные в клещах *D. nuttalli*, в крови овец и коз на территории Иркутской области, соответствовали последовательностям типового штамма *Haibe*i (CP015994), а также последовательностям *A. ovis*, обнаруженным ранее в крови овец из Алтая (Россия), Монголии (LC194133), оленей (KJ639879) и клещей *D. niveus* (JQ917876) и *D. nuttalli* (KJ410244, KJ410246) из Китая [35, 36]. Нуклеотидные последовательности *A. ovis*, выявленные в образцах на территории нашего региона, также соответствовали последовательностям, обнаруженным ранее в крови овец из Алтая и в клещах *D. nuttalli* из Тувы (KC484562, KC484563), что свидетельствует о широком распространении данных геновариантов *A. ovis* на территории Сибири (рис. 2).

Следует отметить, что *A. ovis* были обнаружены в крови овец во всех обследованных нами хозяйствах на территории всех изучаемых районов, что говорит о широком распространении очагов анаплазмоза мелких жвачных животных на территории области. Учитывая тот факт, что образцы крови у овец в основном были взяты уже после завершения периода максимальной активности клещей (сентябрь-ноябрь), полученные нами данные, свидетельствуют в пользу возможной персистенции анаплазм в крови мелких жвачных. Исследователями из Китая показано, что у коз и овец с отсутствием клинических симптомов анаплазмоза при наличии *A. ovis* в крови возбудитель может выделяться с молоком, что делает его небезопасным для употребления людьми [37]. В связи с этим требуются дальнейшие уточнения вопросы о том, способны ли выявленные в ходе исследования генетические варианты *A. ovis* вызывать у овец и коз острые формы инфекции и могут ли они проникать в молоко животных.

При исследовании 209 клещей *D. nuttalli* из пяти районов области (Эхирит-Булагатский, Баяндаевский, Боханский, Заларинский, Усть-Удинский) выявлена ДНК *A. ovis* в 12 образцах (5,7%). Установлено, что в Китае переносчиками *A. ovis* являются *D. nuttalli*, *Hyalomma asiaticum*, *R. pumilio*, *D. abaisensis*, *Haemaphysalis tibetensis* [13, 14]. Кроме того, в базе данных GenBank зарегистрированы последовательности *A. ovis*, выявленные в различных видах клещей, относящихся к родам *Dermacentor*, *Rhipicephalus*, *Hyalomma* и *Ixodes*, на территории Китая, Ирана, Турции, США, ЮАР и юга Европы. В европейской части России основным переносчиком *A. ovis* является *D. marginatus* [28]. Можно предположить, что наиболее вероятным переносчиком *A. ovis* на территории Восточной Сибири является *D. nuttalli*.

На сегодняшний момент на наличие ДНК *Anaplasma* spp. нами исследованы *I. persulcatus*, *H. concinna*, собранные на территории разных районов Иркутской области. Ни в одном из этих видов клещей ДНК *A. ovis* не обнаружена. Напротив, другой возбудитель анаплазмоза мелких жвачных животных – *A. phagocytophilum* – был обнаружен в клещах *I. persulcatus* [30]; уровень инфицированности *I. persulcatus* данным видом анаплазм на территории Иркутской области составляет $3,1 \pm 0,3$ %. Однако обнаружить ДНК *A. phagocytophilum* в крови сельскохозяйственных животных на территории области (как и в других регионах Сибири) к настоящему времени не удалось, в отличие от ряда европейских стран [23]. Вероятно, это связано с различиями биологических свойств *A. phagocytophilum*, ассоциированных с разными видами

клещей, – *I. ricinus* в Европе и *I. persulcatus* в России. Следует отметить, что в ряде азиатских и африканских стран (Китай, Тунис, Эфиопия) домашние жвачные животные могут быть инфицированы одновременно несколькими видами анаплазм, а также анаплазмами и другими видами гемопаразитов [7, 26, 38]. На сегодняшний день сведения о наличии коинфекции анаплазмоза с другими видами гемопаразитов, передаваемых через укусы иксодовых клещей, на территории Байкальского региона отсутствуют.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Таким образом, в ходе проведенного нами исследования впервые с помощью молекулярно-генетических методов на основании изучения представительной выборки образцов домашних мелких жвачных животных осуществлена индикация и идентификация анаплазм в крови овец и коз на территории Иркутской области. Только один вид анаплазм – *A. ovis* – был обнаружен среди генотипированных образцов. ДНК *A. ovis* была обнаружена в крови овец на территории 12 изучаемых районов, а также в крови коз из двух районов области. В разных районах региона доля образцов крови мелких жвачных животных, содержащих ДНК анаплазм, варьировала от 30,0 % до 85,0 % у овец, от 10,0 % до 100,0 % у коз, составив в среднем по Иркутской области 57,8 % и 55 % соответственно. Впервые в территории Иркутской области в клещах *D. nuttalli* выявлена ДНК *A. ovis*, инфицированность клещей составила 5,7 %. *A. ovis* выявлена у мелких жвачных животных, принадлежащих различным собственникам: сельскохозяйственным организациям, фермерским хозяйствам и частным лицам. Исходя из вышесказанного, можно сделать вывод о широком распространении очагов анаплазмоза мелких жвачных животных на территории региона. Так как образцы крови у большей части животных были взяты уже после завершения периода активности клещей, полученные нами данные свидетельствуют о персистенции анаплазм в крови мелких жвачных.

Нуклеотидные последовательности фрагмента гена 16S рРНК образцов *A. ovis*, выявленных в крови овец и коз, а также в клещах *D. nuttalli* на территории Иркутской области, были высоко консервативны и различались между собой единичной нуклеотидной заменой. Эти последовательности были идентичны последовательностям типового штамма *Haibe*i, а также последовательностям *A. ovis*, обнаруженным ранее в крови овец из Монголии, оленей из Китая, а также клещей *D. niveus* и *D. nuttalli* из Китая. Нуклеотидные последовательности *A. ovis*, выявленные в образцах крови овец и коз, также соответствовали последовательностям, обнаруженным ранее в крови овец из Алтая и в клещах *D. nuttalli* из Тувы, что свидетельствует о широком распространении данных геновариантов *A. ovis* на территории Сибири и о вероятной роли клещей *D. nuttalli* в качестве переносчика возбудителя анаплазмоза мелких жвачных животных в нашем регионе.

Конфликт интересов

Авторы статьи заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Финансирование

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ в рамках научного проекта № 19-016-00156. Работа частично поддержана проектом Государственного задания ИХБФМ СО РАН № 0245-2021-0008.

ЛИТЕРАТУРА

1. Torina A, Vicente J, Alongi A, Scimeca S, Turlá R, Nicosia S, et al. Observed prevalence of tick-borne pathogens in domestic animals in Sicily, Italy during 2003-2005. *Zoonoses Public Health*. 2007; 54(1): 8-15. doi: 10.1111/j.1863-2378.2007.00989.x
2. Battilani M, de Arcangeli S, Balboni A, Dondi F. Genetic epidemiology of Anaplasma. *Infect Genet Evol*. 2017; 49: 195-211. doi: 10.1016/j.meegid.2017.01.021
3. Dumler JS, Barbet AF, Bekker CP, Dasch GA, Palmer GH, Ray SC, et al. Reorganization of genera in the families Rickettsiaceae and Anaplasmataceae in the order Rickettsiales: Unification of some species of Ehrlichia with Anaplasma, Cowdria with Ehrlichia and Ehrlichia with Neorickettsia, descriptions of six new species combinations and designation of Ehrlichia equi and 'HGE agent' as subjective synonyms of Ehrlichia phagocytophila. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2001; 51(6): 2145-2165. doi: 10.1099/00207713-51-6-2145
4. Li H, Zheng YC, Ma L, Jia N, Jiang BG, Jiang RR, et al. Human infection with a novel tick-borne Anaplasma species in China: A surveillance study. *Lancet Infect Dis*. 2015; 15: 663-670. doi: 10.1016/S1473-3099(15)70051-4
5. Silaghi C, Santos AS, Gomes J, Christova I, Matei IA, Walder G, et al. Guidelines for the direct detection of Anaplasma spp. in diagnosis and epidemiological studies. *Vector Borne Zoonotic Dis*. 2017; 17(1): 12-22. doi: 10.1089/vbz.2016.1960
6. Renneker S, Abdo J, Salih DE, Karagenc T, Bilgiç H, Torina A, et al. Can Anaplasma ovis in small ruminants be neglected any longer? *Transbound Emerg Dis*. 2013; 60(Suppl 2): 105-112. doi: 10.1111/tbed.12149
7. Ben Said M, Belkahlia H, Messadi L. Anaplasma spp. in North Africa: A review on molecular epidemiology, associated risk factors and genetic characteristics. *Ticks Tick Borne Dis*. 2018; 9(3): 543-555. doi: 10.1016/j.ttbdis.2018.01.003
8. Enkhtaivan B, Narantsatsral S, Davaasuren B, Otgonsuren D, Amgalanbaatar T, Uuganbayar E, et al. Molecular detection of Anaplasma ovis in small ruminants and ixodid ticks from Mongolia. *Parasitol Int*. 2019; 69: 47-53. doi: 10.1016/j.parint.2018.11.004
9. Friedhoff KT. Tick-borne diseases of sheep and goats caused by Babesia, Theileria or Anaplasma spp. *Parassitologia*, 1997; 39(2): 99-109.
10. De la Fuente J, Massung RF, Wong SJ, Chu FK, Lutz H, Meli M, et al. Sequence analysis of the msp4 gene of Anaplasma phagocytophilum strains. *J Clin Microbiol*. 2005; 43: 1309-1317. doi: 10.1128/JCM.43.3.1309-1317.2005
11. Sayin F, Dyncer S, Karaer Z, Cakmak A, Yukary BA, Eren H, et al. Status of the tick-borne diseases in sheep and goats in Turkey. *Parassitologia*. 1997; 39(2): 153-156.
12. Pereira A, Parreira R, Nunes M, Casadinho A, Vieira ML, Campino L, et al. Molecular detection of tick-borne bacteria and protozoa in cervids and wild boars from Portugal. *Parasit Vectors*. 2016; 9(1): 251. doi: 10.1186/s13071-016-1535-0
13. Han R, Yang JF, Mukhtar MU, Chen Z, Niu QL, Lin YQ, et al. Molecular detection of Anaplasma infections in ixodid ticks from the Qinghai-Tibet Plateau. *Infect Dis Poverty*. 2019; 8(1): 12. doi: 10.1186/s40249-019-0522-z
14. Yin H, Luo J. Ticks of small ruminants in China. *Parasitol Res*. 2007; 101: 187-189. doi: 10.1007/s00436-007-0688-3
15. Derdákóvá M, Stefančíková A, Spitalská E, Taragelová V, Košťálová T, Hrklová G, et al. Emergence and genetic variability of Anaplasma species in small ruminants and ticks from Central Europe. *Vet Microbiol*. 2011; 153: 293-298. doi: 10.1016/j.vetmic.2011.05.044
16. Паp B.A., Марченко B.A., Бирюков И.В. К эпизоотологии анаплазмозов жвачных животных юга Западной Сибири. *Вестник Алтайского государственного аграрного университета*. 2019; (7): 109-115.
17. Aktas M, Özübek S. Anaplasma ovis genetic diversity detected by major surface protein 1a and its prevalence in small ruminants. *Vet Microbiol*. 2018; 217: 13-17. doi: 10.1016/j.vetmic.2018.02.026
18. Ciani E, Alloggio I, Petazzi F, Pieragostini E. Looking for prognosticators in ovine anaplasmosis: discriminant analysis of clinical and haematological parameters in lambs belonging to differently susceptible breeds experimentally infected with Anaplasma ovis. *Acta Vet Scand*. 2013; 55(1): 71. doi: 10.1186/1751-0147-55-71
19. Hornok S, Elek V, de la Fuente J, Naranjo V, Farkas R, Gábor Majoros G, et al. First serological and molecular evidence on the endemicity of Anaplasma ovis and A. marginale in Hungary. *Vet Microbiol*. 2007; 122(3-4): 316-322. doi: 10.1016/j.vetmic.2007.01.024
20. Yasini S, Khaki Z, Rahbari S, Kazemi B, Salar Amoli J, Gharabaghi A, et al. Hematologic and Clinical Aspects of Experimental Ovine Anaplasmosis Caused by Anaplasma ovis in Iran. *Iran J Parasitol*. 2012; 7(4): 91-98.
21. Jiménez C, Benito A, Arnal JL, Ortín A, Gómez M, López A, et al. Anaplasma ovis in sheep: Experimental infection, vertical transmission and colostral immunity. *Small Ruminant Research*. 2019; 178: 7-14. doi: 10.1016/j.smallrumres.2019.07.003
22. Chochlakis D, Ioannou I, Tselentis Y, Psaroulaki A. Human anaplasmosis and Anaplasma ovis variant. *Emerg Infect Dis*. 2010; 16(6): 1031-1032. doi: 10.3201/eid1606.090175
23. Stuen S, Granquist EG, Silaghi C. Anaplasma phagocytophilum – a widespread multi-host pathogen with highly adaptive strategies. *Front Cell Infect Microbiol*. 2013; 3: 31. doi: 10.3389/fcimb.2013.00031
24. Guo WP, Tie WF, Meng S, Li D, Wang JL, Du LY, et al. Extensive genetic diversity of Anaplasma bovis in ruminants in Xi'an, China. *Ticks Tick Borne Dis*. 2020; 11(5): 101477. doi: 10.1016/j.ttbdis.2020.101477
25. Guo WP, Huang B, Zhao Q, Xu G, Liu B, Wang YH, et al. Human-pathogenic Anaplasma spp., and Rickettsia spp. in animals in Xi'an, China. *PLoS Negl Trop Dis*. 2018; 12(11): e0006916. doi: 10.1371/journal.pntd.0006916
26. Liu Z, Ma M, Wang Z, Wang J, Peng Y, Li Y, et al. Molecular survey and genetic identification of Anaplasma species in goats from central and southern China. *Appl Environ Microbiol*. 2012; 78(2): 464-470. doi: 10.1128/AEM.06848-11
27. Козлова Н.П. Совершенствование методов диагностики, профилактики и лечения при ассоциированном анаплазмозе крупного рогатого скота: автореф. дис. ... канд. вет. наук. Омск; 2007.
28. Логвинов А.Н. Анаплазмоз овец: распространение, патоморфологические проявления и профилактика: автореф. дис. ... канд. вет. наук. Ставрополь: Ставропольский государственный аграрный университет; 2016.
29. Паp B.A., Епихина Т.И., Ефремова Е.А., Марченко B.A., Сунцова О.В., Лисак О.В., и др. Молекулярно-генетический анализ возбудителей анаплазмозов сельскохозяйственных животных на территории Западной и Восточной Сибири. *Acta Biomedica Scientifica (East Siberian Biomedical Journal)*. 2015; (5): 83-87.
30. Паp B.A., Епихина Т.И., Ливанова Н.Н., Панов B.B., Дорощенко Е.К., Пуховская Н.М., и др. Изучение гетерогенности гена 16S рРНК и groESL-оперона в образцах ДНК A. phagocytophilum, E. muris и «Candidatus Neoehrlichia mikurensis», выявленных в таежных клещах на территории Урала, Сибири и Дальнего Востока. *Молекулярная генетика, микробиология и вирусология*. 2011; (2): 17-23.
31. Rar VA, Pukhovskaya NM, Ryabchikova EI, Vysochina NP, Bakhmetyeva SV, Zdanovskaia NI, et al. Molecular-genetic and ultrastructural characteristics of Candidatus Ehrlichia khabarensis, a new member of the Ehrlichia genus. *Ticks Tick Borne Dis*. 2015; 6(5): 658-667. doi: 10.1016/j.ttbdis.2015.05.012
32. Han R, Yang J, Liu Z, Gao S, Niu Q, Hassan MA, et al. Characterization of Anaplasma ovis strains using the major surface protein 1a repeat sequences. *Parasit Vectors*. 2017; 10(1): 447. doi: 10.1186/s13071-017-2363-6
33. Eisawi NM, El Hussein ARM, Hassan DA, Musa AB, Husien MO, Enan KA, et al. A molecular prevalence survey on Anaplasma infection among domestic ruminants in Khartoum State, Sudan. *Trop Anim Health Prod*. 2020; 52(4): 1845-1852. doi: 10.1007/s11250-019-02176-7
34. Torina A, Galindo RC, Vicente J, Di Marco V, Russo M, Aronica V, et al. Characterization of Anaplasma phagocytophilum

and *A. ovis* infection in a naturally infected sheep flock with poor health condition. *Trop Anim Health Prod.* 2010; 42(7): 1327-1331. doi: 10.1007/s11250-010-9580-8

35. Kang YJ, Diao XN, Zhao GY, Chen MH, Xiong Y, Shi M, et al. Extensive diversity of Rickettsiales bacteria in two species of ticks from China and the evolution of the Rickettsiales. *BMC Evol Biol.* 2014; 14: 167. doi: 10.1186/s12862-014-0167-2

36. Ochirkhuu N, Konnai S, Odbileg R, Murata S, Ohashi K. Molecular epidemiological survey and genetic characterization of *Anaplasma* species in Mongolian livestock. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2017; 17(8): 539-549. doi: 10.1089/vbz.2017.2111

37. Zhang Y, Lv Y, Cui Y, Wang J, Cao S, Jian F, et al. First molecular evidence for the presence of *Anaplasma* DNA in milk from sheep and goats in China. *Parasitol Res.* 2016; 115(7): 2789-2795. doi: 10.1007/s00436-016-5028-z

38. Hailemariam Z, Krücken J, Baumann M, Ahmed JS, Clausen PH, Nijhof AM. Molecular detection of tick-borne pathogens in cattle from Southwestern Ethiopia. *PLoS One.* 2017; 12(11): e0188248. doi: 10.1371/journal.pone.0188248

REFERENCES

1. Torina A, Vicente J, Alongi A, Scimeca S, Turlá R, Nicosia S, et al. Observed prevalence of tick-borne pathogens in domestic animals in Sicily, Italy during 2003-2005. *Zoonoses Public Health.* 2007; 54(1): 8-15. doi: 10.1111/j.1863-2378.2007.00989.x

2. Battilani M, de Arcangeli S, Balboni A, Dondi F. Genetic epidemiology of *Anaplasma*. *Infect Genet Evol.* 2017; 49: 195-211. doi: 10.1016/j.meegid.2017.01.021

3. Dumler JS, Barbet AF, Bekker CP, Dasch GA, Palmer GH, Ray SC, et al. Reorganization of genera in the families Rickettsiaceae and Anaplasmataceae in the order Rickettsiales: Unification of some species of *Ehrlichia* with *Anaplasma*, *Cowdria* with *Ehrlichia* and *Ehrlichia* with *Neorickettsia*, descriptions of six new species combinations and designation of *Ehrlichia equi* and 'HGE agent' as subjective synonyms of *Ehrlichia phagocytophila*. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2001; 51(6): 2145-2165. doi: 10.1099/00207713-51-6-2145

4. Li H, Zheng YC, Ma L, Jia N, Jiang BG, Jiang RR, et al. Human infection with a novel tick-borne *Anaplasma* species in China: A surveillance study. *Lancet Infect Dis.* 2015; 15: 663-670. doi: 10.1016/S1473-3099(15)70051-4

5. Silaghi C, Santos AS, Gomes J, Christova I, Matei IA, Walder G, et al. Guidelines for the direct detection of *Anaplasma* spp. in diagnosis and epidemiological studies. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2017; 17(1): 12-22. doi: 10.1089/vbz.2016.1960

6. Renneker S, Abdo J, Salih DE, Karagenç T, Bilgiç H, Torina A, et al. Can *Anaplasma ovis* in small ruminants be neglected any longer? *Transbound Emerg Dis.* 2013; 60(Suppl 2): 105-112. doi: 10.1111/tbdis.12149

7. Ben Said M, Belkahia H, Messadi L. *Anaplasma* spp. in North Africa: A review on molecular epidemiology, associated risk factors and genetic characteristics. *Ticks Tick Borne Dis.* 2018; 9(3): 543-555. doi: 10.1016/j.ttbdis.2018.01.003

8. Enkhtaivan B, Narantsatsral S, Davaasuren B, Otgonsuren D, Amgalanbaatar T, Uuganbayar E, et al. Molecular detection of *Anaplasma ovis* in small ruminants and ixodid ticks from Mongolia. *Parasitol Int.* 2019; 69: 47-53. doi: 10.1016/j.parint.2018.11.004

9. Friedhoff KT. Tick-borne diseases of sheep and goats caused by *Babesia*, *Theileria* or *Anaplasma* spp. *Parassitologia.* 1997; 39(2): 99-109.

10. De la Fuente J, Massung RF, Wong SJ, Chu FK, Lutz H, Meli M, et al. Sequence analysis of the msp4 gene of *Anaplasma phagocytophilum* strains. *J Clin Microbiol.* 2005; 43: 1309-1317. doi: 10.1128/JCM.43.3.1309-1317.2005

11. Sayin F, Dyncer S, Karaer Z, Cakmak A, Yukary BA, Eren H, et al. Status of the tick-borne diseases in sheep and goats in Turkey. *Parassitologia.* 1997; 39(2): 153-156.

12. Pereira A, Parreira R, Nunes M, Casadinho A, Vieira ML, Campino L, et al. Molecular detection of tick-borne bacteria and protozoa in cervids and wild boars from Portugal. *Parasit Vectors.* 2016; 9(1): 251. doi: 10.1186/s13071-016-1535-0

13. Han R, Yang JF, Mukhtar MU, Chen Z, Niu QL, Lin YQ, et al. Molecular detection of *Anaplasma* infections in ixodid ticks from the Qinghai-Tibet Plateau. *Infect Dis Poverty.* 2019; 8(1): 12. doi: 10.1186/s40249-019-0522-z

14. Yin H, Luo J. Ticks of small ruminants in China. *Parasitol Res.* 2007; 101: 187-189. doi: 10.1007/s00436-007-0688-3

15. Derdákóvá M, Stefančíková A, Spitalská E, Taragelová V, Košťálová T, Hrklová G, et al. Emergence and genetic variability of *Anaplasma* species in small ruminants and ticks from Central Europe. *Vet Microbiol.* 2011; 153: 293-298. doi: 10.1016/j.vetmic.2011.05.044

16. Rar VA, Marchenko VA, Biryukov IV. Epizootology of anaplasmosis in ruminants in the south of Western Siberia. *Bulletin of Altai State Agricultural University.* 2019; (7): 109-115. (In Russ.)

17. Aktas M, Özübek S. *Anaplasma ovis* genetic diversity detected by major surface protein 1a and its prevalence in small ruminants. *Vet Microbiol.* 2018; 217: 13-17. doi: 10.1016/j.vetmic.2018.02.026

18. Ciani E, Alloggio I, Petazzi F, Pieragostini E. Looking for prognosticators in ovine anaplasmosis: discriminant analysis of clinical and haematological parameters in lambs belonging to differently susceptible breeds experimentally infected with *Anaplasma ovis*. *Acta Vet Scand.* 2013; 55(1): 71. doi: 10.1186/1751-0147-55-71

19. Hornok S, Elek V, de la Fuente J, Naranjo V, Farkas R, Gábor Majoros G, et al. First serological and molecular evidence on the endemicity of *Anaplasma ovis* and *A. marginale* in Hungary. *Vet Microbiol.* 2007; 122(3-4): 316-322. doi: 10.1016/j.vetmic.2007.01.024

20. Yasini S, Khaki Z, Rahbari S, Kazemi B, Salar Amoli J, Gharabaghi A, et al. Hematologic and Clinical Aspects of Experimental Ovine Anaplasmosis Caused by *Anaplasma ovis* in Iran. *Iran J Parasitol.* 2012; 7(4): 91-98.

21. Jiménez C, Benito A, Arnal JL, Ortín A, Gómez M, López A, et al. *Anaplasma ovis* in sheep: Experimental infection, vertical transmission and colostral immunity. *Small Ruminant Research.* 2019; 178: 7-14. doi: 10.1016/j.smallrumres.2019.07.003

22. Chochołakis D, Ioannou I, Tselentis Y, Psaroulaki A. Human anaplasmosis and *Anaplasma ovis* variant. *Emerg Infect Dis.* 2010; 16(6): 1031-1032. doi: 10.3201/eid1606.090175

23. Stuen S, Granquist EG, Silaghi C. *Anaplasma phagocytophilum* – a widespread multi-host pathogen with highly adaptive strategies. *Front Cell Infect Microbiol.* 2013; 3: 31. doi: 10.3389/fcimb.2013.00031

24. Guo WP, Tie WF, Meng S, Li D, Wang JL, Du LY, et al. Extensive genetic diversity of *Anaplasma bovis* in ruminants in Xi'an, China. *Ticks Tick Borne Dis.* 2020; 11(5): 101477. doi: 10.1016/j.ttbdis.2020.101477

25. Guo WP, Huang B, Zhao Q, Xu G, Liu B, Wang YH, et al. Human-pathogenic *Anaplasma* spp., and *Rickettsia* spp. in animals in Xi'an, China. *PLoS Negl Trop Dis.* 2018; 12(11): e0006916. doi: 10.1371/journal.pntd.0006916

26. Liu Z, Ma M, Wang Z, Wang J, Peng Y, Li Y, et al. Molecular survey and genetic identification of *Anaplasma* species in goats from central and southern China. *Appl Environ Microbiol.* 2012; 78(2): 464-470. doi: 10.1128/AEM.06848-11

27. Kozlova NP. *Improvement of methods of diagnosis, prevention and treatment of associated anaplasmosis in cattle*: Abstract of the Dissertation of Cand. Sc. (Vet.). Omsk; 2007. (In Russ.)

28. Logvinov AN. *Anaplasmosis of sheep: distribution, pathomorphological manifestations and prevention*. Abstract of the Dissertation of Cand. Sc. (Vet.). Stavropol: Stavropol State Agrarian University; 2016. (In Russ.)

29. Rar VA, Epikhina TI, Efremova EA, Marchenko VA, Suntsova OV, Lisak OV, et al. Molecular genetic analysis of anaplasmosis pathogens in farm animals in Western and Eastern Siberia. *Acta Biomedica Scientifica (East Siberian Biomedical Journal).* 2015; (5): 83-87. (In Russ.)

30. Rar VA, Epikhina TI, Livanova NN, Panov VV, Doroshenko EK, Pukhovskaya NM, et al. Study of the heterogeneity of the 16S rRNA gene and groESL-operon in DNA samples of *A. phagocytophilum*, *E. muris* and "Candidatus Neoehrlichia

mikurensis" identified in taiga ticks in the Urals, Siberia and the Far East. *Molecular genetics, microbiology and virology*. 2011; (2): 17-23. (In Russ.)

31. Rar VA, Pukhovskaya NM, Ryabchikova EI, Vysochina NP, Bakhmetyeva SV, Zdanovskaia NI, et al. Molecular-genetic and ultrastructural characteristics of *Candidatus Ehrlichia khabarensis*, a new member of the Ehrlichia genus. *Ticks Tick Borne Dis*. 2015; 6(5): 658-667. doi: 10.1016/j.ttbdis.2015.05.012

32. Han R, Yang J, Liu Z, Gao S, Niu Q, Hassan MA, et al. Characterization of *Anaplasma ovis* strains using the major surface protein 1a repeat sequences. *Parasit Vectors*. 2017; 10(1): 447. doi: 10.1186/s13071-017-2363-6

33. Eisawi NM, El Hussein ARM, Hassan DA, Musa AB, Husien MO, Enan KA, et al. A molecular prevalence survey on *Anaplasma* infection among domestic ruminants in Khartoum State, Sudan. *Trop Anim Health Prod*. 2020; 52(4): 1845-1852. doi: 10.1007/s11250-019-02176-7

34. Torina A, Galindo RC, Vicente J, Di Marco V, Russo M, Aronica V, et al. Characterization of *Anaplasma phagocytophilum*

and *A. ovis* infection in a naturally infected sheep flock with poor health condition. *Trop Anim Health Prod*. 2010; 42(7): 1327-1331. doi: 10.1007/s11250-010-9580-8

35. Kang YJ, Diao XN, Zhao GY, Chen MH, Xiong Y, Shi M, et al. Extensive diversity of Rickettsiales bacteria in two species of ticks from China and the evolution of the Rickettsiales. *BMC Evol Biol*. 2014; 14: 167. doi: 10.1186/s12862-014-0167-2

36. Ochirkhuu N, Konnai S, Odbileg R, Murata S, Ohashi K. Molecular epidemiological survey and genetic characterization of *Anaplasma* species in Mongolian livestock. *Vector Borne Zoonotic Dis*. 2017; 17(8): 539-549. doi: 10.1089/vbz.2017.2111

37. Zhang Y, Lv Y, Cui Y, Wang J, Cao S, Jian F, et al. First molecular evidence for the presence of *Anaplasma* DNA in milk from sheep and goats in China. *Parasitol Res*. 2016; 115(7): 2789-2795. doi: 10.1007/s00436-016-5028-z

38. Hailemariam Z, Krücken J, Baumann M, Ahmed JS, Clausen PH, Nijhof AM. Molecular detection of tick-borne pathogens in cattle from Southwestern Ethiopia. *PLoS One*. 2017; 12(11): e0188248. doi: 10.1371/journal.pone.0188248

Сведения об авторах

Сунцова Ольга Владимировна – кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики, ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека», e-mail: olga_syntsova@list.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4057-2890>

Рар Вера Александровна – кандидат биологических наук, научный сотрудник, ФГБНУ Институт химической биологии и фундаментальной медицины Сибирского отделения Российской академии наук, e-mail: rarv@niboch.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5930-5306>

Лисак Оксана Васильевна – младший научный сотрудник лаборатории молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики, ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека», e-mail: lisak.liza@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3909-7551>

Мельцов Иван Владимирович – кандидат ветеринарных наук, доцент, ФГБОУ ВО Иркутский государственный аграрный университет им. А.А. Ежевского, e-mail: ivanmeltsov@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8566-7004>

Дорошенко Елена Константиновна – кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики, ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека», e-mail: doroshchenko-virus@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8209-616X>

Савинова Юлия Сергеевна – младший научный сотрудник лаборатории молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики, ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека», e-mail: vippersona2389@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8183-1233>

Тикуннов Артем Юрьевич – научный сотрудник ФГБНУ Институт химической биологии и фундаментальной медицины Сибирского отделения Российской академии наук, e-mail: arttik@ngs.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5613-5447>

Козлова Ирина Валерьевна – доктор медицинских наук, заведующая лабораторией молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики, ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека», e-mail: diwerhoz@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6324-8746>

Information about the authors

Olga V. Suntsova – Cand. Sc. (Biol.), Research Officer at the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Diagnostics, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems, e-mail: olga_syntsova@list.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4057-2890>

Vera A. Rar – Cand. Sc. (Biol.), Research Officer, Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, e-mail: rarv@niboch.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5930-5306>

Oksana V. Lisak – Junior Research Officer at the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Diagnostics, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems, e-mail: lisak.liza@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3909-7551>

Ivan V. Meltsov – Cand. Sc. (Vet.), Associate Professor, Irkutsk State University of Agriculture named after A.A. Ezhevsky, e-mail: ivanmeltsov@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8566-7004>

Elena K. Doroshchenko – Cand. Sc. (Biol.), Research Officer at the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Diagnostics, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems, e-mail: doroshchenko-virus@mail.ru ORCID 0000-0002-8209-616X;

Yulia S. Savinova – Junior Research Officer at the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Diagnostics, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems, e-mail: vippersona2389@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8183-1233>

Artyom Yu. Tikunov – Research Officer, Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, e-mail: arttik@ngs.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5613-5447>

Irina V. Kozlova – Dr. Sc. (Med.), Head of the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Diagnostics, Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems, e-mail: diwerhoz@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6324-8746>

Вклад авторов

Сунцова О.В. – сбор, обработка и анализ материала, написание статьи, редактирование.

Рар В.А. – секвенирование генома положительных образцов, написание статьи, редактирование.

Лисак О.В. – сбор, обработка и анализ материала.

Мельцов И.В. – сбор и анализ материала, редактирование.

Дорошенко Е.К. – сбор, обработка и анализ материала.

Савинова Ю.С. – сбор, обработка и анализ материала.

Тикуннов А.Ю. – секвенирование генома положительных образцов.

Козлова И.В. – сбор и анализ материала, написание статьи, редактирование.

Статья получена: 29.12.2020. Статья принята: 19.02.2021. Статья опубликована: 26.02.2021.

Received: 29.12.2020. Accepted: 19.02.2021. Published: 26.02.2021.