

КРАТКИЕ СООБЩЕНИЯ BRIEF REPORTS

DOI: 10.29413/ABS.2019-4.5.22

Морфологические, физиологические и генетические особенности популяций основного носителя чумы *Rhombomys opimus* Licht., 1823 в Центрально-Азиатском пустынном природном очаге чумы

Нуртазин С.Т.¹, Шевцов А.², Луцай В.², Раманкулов Е.М.², Саякова З.З.³, Абдирасилова А.А.³, Жунусова А.С.³, Кабышева Н.П.³, Рысбекова А.К.³, Садовская В.П.³, Есжанов А.Б.³, Утепова И.Б.³, Бердибеков А.Т.⁴, Кулемин М.В.⁵, Катуюва Ж.У.⁶, Атшабар Б.Б.³

¹ Казахский Национальный университет им. аль-Фараби Министерства образования и науки РК (050040, г. Алматы, проспект Аль-Фараби, 71, Казахстан); ² Национальный центр биотехнологии Министерства образования и науки РК (010000, г. Нур-Султан, Кургалжинское шоссе 13/5, Казахстан); ³ РГП «Казахский научный центр карантинных и зоонозных инфекций им. М. Айкимбаева» МЗ РК (А35РОКЗ, г. Алматы, ул. Жакангер, 14, Казахстан); ⁴ РГУ «Талдыкорганская противочумная станция» КККБТУ МЗ РК (040000, г. Талдыкорган, проспект Нурсултан Назарбаев, 104, Казахстан); ⁵ РГУ «Шымкентская противочумная станция» КККБТУ МЗ РК (160013, г. Шымкент, ул. Дулати М., 114, Казахстан); ⁶ РГУ «Актюбинская противочумная станция» КККБТУ МЗ РК (030000, г. Актобе, п. Заречный-2, ул. Кайдауыл батыра, 10, Казахстан)

Автор, ответственный за переписку: Атшабар Бакыт Бахияулы, e-mail: batshabar@gmail.com

Резюме

Описывается выявленное разнообразие популяций основного носителя чумы *Rhombomys opimus* Licht., 1823 в пустынном природном очаге Центральной Азии по морфологическим (краниометрическим) признакам, физиологическому статусу и генетическому разнообразию.

Выявлены отличия в параметрах черепа *R. opimus* из различных популяций ареала. Показано, что песчанки из Мойынкумов являются отдельной автономной группой популяций. Образцы из Мойынкумов и Мангышлака отличались от других образцов. В Балхаш-Алакольской впадине существует два региональных комплекса: Прибалхашский и Джунгарский.

Результаты изучения уровня свободных аминокислот в сыворотке крови *R. opimus*, полученные при газо-жидкостной хроматографии сывороток крови *R. opimus*, отловленных в разных зонах Центрально-Азиатского пустынного очага чумы, дают статистически значимые различия содержания свободных аминокислот. Филогенетический анализ последовательностей от *R. opimus* кластеризовал в три крупных кластера. Первый кластер объединил последовательности *R. opimus*, отловленных в Казахстане и Китае, при этом большая песчанка, отловленная в Казахстане, располагается отдельной кладой. Второй и третий кластер включает последовательности большой песчанки, отловленной в Иране.

Ключевые слова: природный очаг, чума, большая песчанка, популяция, ДНК, секвенирование

Для цитирования: Нуртазин С.Т., Шевцов А., Луцай В., Раманкулов Е.М., Саякова З.З., Абдирасилова А.А., Жунусова А.С., Кабышева Н.П., Рысбекова А.К., Садовская В.П., Есжанов А.Б., Утепова И.Б., Бердибеков А.Т., Кулемин М.В., Катуюва Ж.У., Атшабар Б.Б. Морфологические, физиологические и генетические особенности популяций основного носителя чумы *Rhombomys opimus* Licht., 1823 в Центрально-Азиатском пустынном природном очаге чумы. *Acta biomedica scientifica*. 2019; 4(5): 139-143. doi: 10.29413/ABS.2019-4.5.22

Morphological, Physiological and Genetic Characteristics of Populations of the Main Plague Host *Rhombomys opimus* Licht., 1823 in the Central Asian Desert Natural Focus of Plague

Nurtazin S.T.¹, Shevtsov A.², Lutsay V.², Ramankulov E.M.², Sayakova Z.Z.³, Abdirasilova A.A.³, Zhunusova A.S.³, Kabysheva N.P.³, Rysbekova A.K.³, Sadovskaya V.P.³, Yeszhanov A.B.³, Uteпова I.B.³, Berdibekov A.T.³, Kulemin M.V.³, Katuova Zh.U.³, Atshabar B.B.³

¹ Al-Farabi Kazakh National University of the Ministry of Education and Science of the Republic of Kazakhstan (Al-Farabi av. 71, Almaty 050040, Kazakhstan); ² National Center for Biotechnology of the Ministry of Education and Science of the Republic of Kazakhstan (Kurgalzhinskoye Highway 13/5, Nur-Sultan 010000, Kazakhstan); ³ M. Aikimbaev's Kazakh Scientific Centre for Quarantine and Zoonotic Diseases (Zhakhanger str. 14 Almaty A35ROK3, Kazakhstan); ⁴ Taldykorgan Anti-Plague Station (Nursultan Nazarbayev av. 104, 040000, Taldykorgan, Kazakhstan); ⁵ Shymkent Anti-Plague Station (M. Dulati str. 114, Shymkent 160013, Kazakhstan); ⁶ Aktyubinsk Anti-Plague Station (Kaidauyl Batyr str. 10, Zarechny-2, Aktobe 030000, Kazakhstan)

Corresponding author: Bakyt B. Atshabar, e-mail: batshabar@gmail.com

Abstract

Revealed by morphological characters, physiological status, and genetic diversity of populations of the main plague host *Rhombomys opimus* Licht., 1823 in Central Asia desert natural focus is described.

Differences in the skull parameters of *R. opimus* from different populations were revealed. It's shown that gerbils from Moyunkum are separate autonomous populations group. Samples from Moyunkum and Mangyshlak differed from other samples. In Balkhash-Alakol depression found two regional complexes: Pre-Balkhash and Dzungarian.

Study results of free amino acids level in *R. opimus* blood serum obtained by gas-liquid chromatography of blood sera from animals captured in different zones of Central Asian focus gave statistically significant differences.

To determine genetic variability in ecological and geographical isolation of *R. opimus* populations the DNA was genotyped. DNA samples analysis combined the studied gerbil from the desert focus into four clusters with eighteen haplotypes. *R. opimus* sequence analysis taking into account data from territories of Iran, Kazakhstan and China, clustered into three large clusters. First cluster combined the sequences of Kazakhstan and China samples, while great gerbil captured in Kazakhstan is located in a separate treasure. Second and third clusters include sequences of a great gerbil captured in Iran.

Key words: natural focus, plague, great gerbil, populations, DNA, sequencing

For citation: Nurtazin S.T., Shevtsov A., Lutsay V., Ramankulov E.M., Sayakova Z.Z., Abdirasilova A.A., Zhunusova A.S., Kabysheva N.P., Rysbekova A.K., Sadovskaya V.P., Yeszhanov A.B., Utepova I.B., Berdibekov A.T., Kulemin M.V., Katuova Zh.U., Atshabar B.B. Morphological, Physiological and Genetic Characteristics of Populations of the Main Plague Host *Rhombomys opimus* Licht., 1823 in the Central Asian Desert Natural Focus of Plague. *Acta biomedica scientifica*. 2019; 4(5): 139-143. doi: 10.29413/ABS.2019-4.5.22

ВВЕДЕНИЕ

Известно, что функционирование природных очагов инфекций как сложных многоуровневых паразитарных систем определяется взаимодействием членов энзоотической триады (популяций носителей, переносчиков и возбудителя) в конкретных экологических условиях на основе процессов саморегуляции.

Основным носителем чумы в Центрально-Азиатском пустынном очаге чумы является *Rhombomys opimus* [1]. Активное вовлечение в эпизоотию второстепенных носителей имеет обычно более локальный характер, тогда как, к примеру, в Кызылкумском и Устюртском очагах в целом от *R. opimus* за время обследования, с 1949 по 1990 г., выделено 95,6 % всех штаммов [2].

Большая песчанка в силу массовости, семейно-колониального образа жизни, наличия сложных нор-колоний, активной роющей деятельности является ландшафтообразующим видом. Богатая фауна эктопаразитов в её норах и посещение их практически всеми животными, являющимися потенциальными носителями чумной инфекции, создают благоприятные условия для межвидового обмена эктопаразитами, прежде всего блохами [3].

Неравнозначность для жизнедеятельности чумного микроба отдельных внутривидовых группировок основного носителя и связанных с ним сообществ переносчиков обуславливает тот или иной характер эпизоотической активности очага, его пространственную организацию и эпидемическую значимость [4]. Это обуславливает важность изучения сформировавшихся в ходе ко-эволюции популяций возбудителя, переносчика и носителя в природном очаге.

Доказано, что, опираясь на краниометрические показатели, возможно выявить достоверные различия между популяциями [5].

Ареал *R. opimus* охватывает зону пустынь умеренного пояса. Она встречается на территории Казахстана, Туркмении, Узбекистана, а также в пустынях северной Монголии, северо-западном Китае, на востоке Ирана, севере Афганистана и Пакистана [3].

Популяции *R. opimus*, обитающие на территории Ирана и Китая, генотипированы [6, 7]. Типирование генома *R. opimus* Центрально-Азиатского пустынного очага чумы не проводилось.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Исследованы черепа половозрелых больших песчанок (самцов и самок) из музейной коллекции Казахского научного центра карантинных и зоонозных инфекций. Параметры черепов больших песчанок сравнивались по методу сравнительных компонент и критерию Колмогорова-Смирнова. Расчёт значений статистики проводился при помощи функции ks.test из пакета R [R Documentation. Kolmogorov – Smirnov Tests; <https://stat.ethz.ch/R-manual/R-devel/library/stats/html/ks.test.html>]. Для расчёта критических значений использовалась аппроксимация [8].

Метод определения свободных аминокислот основан на получении летучих N-бутил-N-трифторацетил-эфиров аминокислот с последующим введением их в газо-жидкостный хроматограф [9].

Количество аминокислот определяли методом газо-жидкостной хроматографии на одной стеклянной колонке с параметрами 1,5 м × 4 мм на хроматографе Chrome-4 (Czech Republic) с водородным пламенно-ионизационным детектором [10].

В работе использовалась ДНК выделенная из печени 90 особей *R. opimus*, отловленных из трёх основных ареалов.

Определение нуклеотидной последовательности *cytB* гена

Фрагмент *cytB* гена протяжённостью 583 п.н. (без учёта праймеров) был амплифицирован и секвенирован с праймеров UNFOR403 (5'-TGAGGACAAATATCATCTGAGG-3') и UNREV1025 (5'-GGTTGTCCTCCAATTCATGTTA-3') [11]. Условия амплификации ранее описаны Н. Bakhshi с соавт. [7]. Секвенирование проводили с использованием BigDye v. 3.1 с последующим разделением на автоматическом генетическом анализаторе 3730xl. Филогенетический анализ выполняли с MEGA 6.0, используя метод «ближайших соседей» (NJ-метод).

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

На основе морфометрических методов были изучены краниометрические показатели большой песчанки, принадлежащей к различным региональным комплексам и популяциям из низовий р. Урал, пустыни Мойнкум, Таукумского, Прибалхашского, Илийского

межгорного и Приалакольского очагов чумы, расположенных в Балхаш-Алакольской впадине юго-востока Казахстана.

Показано, что песчанки из Мойынкумов являются отдельной автономной группой популяций, а в Балхаш-Алакольской впадине существует два региональных комплекса: Прибалхашский и Джунгарский.

По результатам изучения уровня свободных аминокислот в сыворотке крови *R. orimus* получены данные газо-жидкостной хроматографии сывороток крови *R. orimus*, отловленных в разных зонах Центрально-Азиатского пустынного очага чумы: Устюрта, песков Мойынкумов и пустыни Кызылкум, дают статистически

значимые различия содержания свободных аминокислот (более чем двукратное превышение содержания в мг%). Амплитуда колебаний значений доходила до 150–200 % и более. Это подтверждает физиологические особенности популяций грызунов одного вида.

Филогенетический анализ проб ДНК объединил 90 исследуемых образцов в 4 кластера с 18 гаплотипами (рис. 1). Первый кластер включает в себя 20 образцов от особей, отловленных в Южном Прибалхашье. Данные образцы кластеризовались в 6 гаплотипов, три из которых представлены единичными особями, два гаплотипа объединили в себя по 3 особи, самый крупный гаплотип объединил 11 особей.

Второй кластер объединил 29 особей, из которых 25 отловлены в Западной Бетпакдале и 4 – в Восточном Предустюртье. 25 особей из Западной Бетпакдале дифференцируются на 3 гаплотипа, самый крупный гаплотип объединяет 16 особей, 2 оставшихся гаплотипа сформировались 5 и 4 особями соответственно. 4 особи, отловленные в Восточном Предустюртье второго кластера, представляют отдельный гаплотип.

Третий кластер представлен 23 особями, 5 из которых отловлены в Западной Бетпакдале, остальные – в Восточном Предустюртье. В данном кластере два гаплотипа с характерной кластеризацией особей относительно географической локализации.

Четвёртый кластер формируется последовательностями *сутВ* гена от 18 особей, отловленных в Восточном Предустюртье. Данный кластер представлен 7 гаплотипами, 4 из которых представлены отдельными особями: 2 гаплотипа по 2 особи, 1 гаплотип – 3 особи, самый крупный генотип – 7 особей.

Таким образом, наблюдается корреляция гаплотипов *R. orimus* с географическим распределением. Последующий анализ с географическими координатами отлова песчанок и динамики численности позволит лучше понять распределение гаплотипов.

Финансирование

Исследования выполнены в рамках гранта Министерства образования и науки Республики Казахстан AP05133153 «Популяционные экологические варианты носителя, переносчика и возбудителя чумы в Среднеазиатском природном пустынном очаге чумы».

ЛИТЕРАТУРА

1. Бурделов А.С., Петров В.С., Хрущелевский В.П. Место большой песчанки в биоценозах пустынь СССР. *Материалы VII научной конференции противочумных учреждений Средней Азии и Казахстана*. Алма-Ата; 1971. с. 283–285.
2. Асенов Г.А., Кенжебаев А.Я., Сабилаев А.С., Копцев Л.С., Кудеков М.К., Руденко Р.Д. Место и значение отдельных видов носителей в эпизоотологии Кызылкумского и Устюртского очагов чумы. *Современные аспекты эпидемиологического надзора за особо опасными инфекциями: Тезисы XIII конференции противочумных учреждений Средней Азии и Казахстана*. Алматы; 1990: 12-14.
3. Атшабар Б.Б., Бурделов Л.А., Садовская В.П. *Атлас распространения особо опасных инфекций в Республике Казахстан*. Алматы; 2012.
4. Попков А.Ф., Вержущий Д.Б., Корзон В.М., Инокентьева Т.И., Чипанин Е.В., Вершинин Е.А., и др. Итоги популяционно-экологических исследований природной очаговости чумы в Сибири. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2007; (2): 33-36.
5. Есжанов А.Б., Нуртазин С.Т., Атшабар Б.Б., Бурделов Л.А., Сапожников В.И., Беляев А.И. Проблема изучения

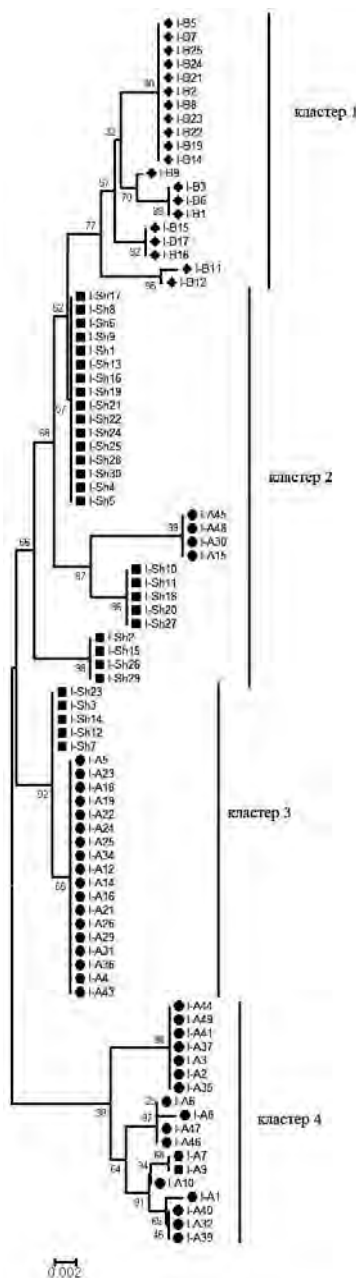


Рис. 1. Филогенетический анализ 90 образцов ДНК *R. orimus* из трёх автономных очагов Центрально-Азиатского пустынного очага чумы.

Fig. 1. Phylogenetic analysis of 90 DNA samples of *R. orimus* from three autonomous foci of the Central Asian desert foci of plague.

подвидовой структуры большой песчанки (*Rhombomys opimus* Licht). *Вестник КазНУ им. аль-Фараби. Серия экологическая*. 2013; 3(39): 66.

6. Wang Y, Liu W, Wang GM, Zhong W, Wan X. Genetic consequences of group living in Mongolian gerbils. *Journal of Heredity*. 2011; 102(5): 554-561. doi: 10.1093/jhered/esr069

7. Bakhshi H, Oshaghi MA, Abai MR, Rassi Y, Akhavan AA, Mohebbali M, et al. MtDNA CytB structure of *Rhombomys opimus* (*Rodentia: Gerbillidae*), the main reservoir of cutaneous Leishmaniasis in the borderline of Iran-Turkmenistan. *J Arthropod Borne Dis*. 2013; 7(2): 173-184.

8. Мюллер П., Нойман П., Шторм Р. *Таблицы по математической статистике*. М.: Финансы и статистика; 1982.

9. Gehrke CW, Kuo K, Zumwalt RW. The complete gas-liquid chromatographic separation of the twenty protein amino acids. *J Chromatogr*. 1971; 57: 209-217. doi: 10.1016/0021-9673(71)80034-1

10. Атачабаров Б.Б., Мартиневский И.Л., Исин Ж.М., Узбеков Б.К., Попов В.С., Алманиязова К.К. Аминокислотный состав сыворотки крови большой песчанки. *Материалы XI межреспубликанской конференции противочумных учреждений Средней Азии и Казахстана*. Алматы; 1981: 20-22.

11. Kent RJ, Norris DE. Identification of mammalian blood meals in mosquitoes by a multiplexed polymerase chain reaction targeting cytochrome B. *Am J Trop Med Hyg*. 2005; 73(2): 336-342

REFERENCES

1. Burdelov AS, Petrov VS, Khurstselevsky VP. The place of the great gerbil in the biocenoses of the USSR deserts. *Materialy VII nauchnoy konferentsii protivochumnykh uchrezhdeniy Sredney Azii i Kazakhstana*. Alma-Ata; 1971: 283-285. (In Russ.)

2. Asenov GA, Kenzhebaev AYa, Sabilyayev AS, Koptsev LS, Kudekov MK, Rudenko RD. The place and importance of certain species of hosts in the epizootology of the Kyzylkum and Usturtyn plague foci. *Sovremennyye aspekty epidemiologicheskogo nadzora za osobo opasnymi infektsiyami: Tezisy XIII konferentsii protivoch-*

umnykh uchrezhdeniy Sredney Azii i Kazakhstana. Алматы; 1990: 12-14. (In Russ.)

3. Atshabar BB, Burdelov LA, Sadovskaya VP. *Atlas of the spread of especially dangerous infections in the Republic of Kazakhstan*. Алматы; 2012. (In Russ.)

4. Popkov AF, Verzhutsky DB, Korzun VM, Innokentieva TI, Chipanin EV, Vershinin EA, et al. Summing-up the results of the populational and ecological investigations into plague natural focality in Siberia carried out in 2001-2005. *Problemy osobo opasnykh infektsii*. 2007; (2): 33-36. (In Russ.)

5. Yeszhanov AB, Nurtazin ST, Atshabar BB, Burdelov LA, Sapozhnikov VI, Belyaev AI. The problem of studying the subspecies structure of the large gerbil (*Rhombomys opimus* Licht). *Vestnik Kazakhskogo natsionalnogo universiteta. Seriya ekologicheskaya*. 2013; 3(39): 66. (In Russ.)

6. Wang Y, Liu W, Wang GM, Zhong W, Wan X. Genetic consequences of group living in Mongolian gerbils. *Journal of Heredity*. 2011; 102(5): 554-561. doi: 10.1093/jhered/esr069

7. Bakhshi H, Oshaghi MA, Abai MR, Rassi Y, Akhavan AA, Mohebbali M, et al. MtDNA CytB structure of *Rhombomys opimus* (*Rodentia: Gerbillidae*), the main reservoir of cutaneous Leishmaniasis in the borderline of Iran-Turkmenistan. *J Arthropod Borne Dis*. 2013; 7(2): 173-184.

8. Muller P, Neumann P, Storm R. *Math statistics tables*. Moscow: Finansy i statistika. 1982. (In Russ.)

9. Gehrke CW, Kuo K, Zumwalt RW. The complete gas-liquid chromatographic separation of the twenty protein amino acids. *J Chromatogr*. 1971; 57: 209-217. doi: 10.1016/0021-9673(71)80034-1

10. Atchabarov BB, Martinevsky IL, Isin JM, Uzbekov BK, Popov VS, Almaniayova KK. Amino acid composition of the blood serum of the great gerbil. *Materialy XI mezhrеспубликанской konferentsii protivochumnykh uchrezhdeniy Sredney Azii i Kazakhstana*. Алматы; 1981: 20-22. (In Russ.)

11. Kent RJ, Norris DE. Identification of mammalian blood meals in mosquitoes by a multiplexed polymerase chain reaction targeting cytochrome B. *Am J Trop Med Hyg*. 2005; 73(2): 336-342

Сведения об авторах

Нуртазин Сабир Темиргалиевич – доктор биологических наук, профессор кафедры биоразнообразия и биоресурсов, Казахский Национальный университет им. аль-Фараби Министерства образования и науки РК, e-mail: sabyr.nurtazin@kaznu.kz; nurtazin.sabir@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-4969-6323>

Шевцов Александр Борисович – кандидат биологических наук, заведующий лабораторией прикладной генетики, Национальный центр биотехнологии Министерства образования и науки РК, e-mail: ncbshevtsov@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-0307-1053>

Луцай Виктория Борисовна – младший научный сотрудник лаборатории прикладной генетики, Национальный центр биотехнологии Министерства образования и науки РК, e-mail: shvedyk_vika@mail.ru

Раманкулов Ерлан Мирхайдарович – PhD, Генеральный директор, Национальный центр биотехнологии Министерства образования и науки РК, e-mail: ramankulov@biocenter.kz, <https://orcid.org/0000-0001-6791-4497>

Саякова Зауре Зинуровна – кандидат биологических наук, заведующая лабораторией зоологии и паразитологии с музеем и инсектарием, РГП «Казахский научный центр карантинных и зоонозных инфекций им. М. Айкимбаева» МЗ РК, e-mail: zsayakova@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1107-6345>

Абдирасилова Айгуль Акзамовна – заведующая лабораторией молекулярной диагностики и генетики, РГП «Казахский научный центр карантинных и зоонозных инфекций им. М. Айкимбаева» МЗ РК, e-mail: aigul.abdirasilova@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7308-2113>

Жунусова Айгуль Сагындыковна – врач-микробиолог лаборатории молекулярной диагностики и генетики, РГП «Казахский научный центр карантинных и зоонозных инфекций им. М. Айкимбаева» МЗ РК, e-mail: aigul700@mail.ru, <http://orcid.org/0000-0003-3569-0569>

Кабышева Наиля Патигулаевна – врач-микробиолог лаборатории молекулярной диагностики и генетики, РГП «Казахский научный центр карантинных и зоонозных инфекций им. М. Айкимбаева» МЗ РК, e-mail: nailya.kabyшева@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-5507-4045>

Рысбекова Алтын Канатовна – врач-микробиолог лаборатории молекулярной диагностики и генетики, РГП «Казахский научный центр карантинных и зоонозных инфекций им. М. Айкимбаева» МЗ РК, e-mail: rysbekova23@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8684-3425>

Садовская Вероника Петровна – заведующая лабораторией, РГП «Казахский научный центр карантинных и зоонозных инфекций им. М. Айкимбаева» МЗ РК, e-mail: sadovskaya@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-8389-9362>

Есжанов Айдын Бауржанович – PhD, ведущий научный сотрудник лаборатории зоологии и паразитологии с музеем и инсектарием, РГП «Казахский научный центр карантинных и зоонозных инфекций им. М. Айкимбаева» МЗ РК, e-mail: aidyn.eszhanov@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-6572-5668>

Утепова Ирина Балпановна – кандидат медицинских наук, ведущий научный сотрудник лаборатории биологической безопасности и биологической защиты, РГП «Казахский научный центр карантинных и зоонозных инфекций им. М. Айкимбаева» МЗ РК, e-mail: utepib@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8088-638X>

Бердибеков Алмас Токтамысович – руководитель, РГУ «Талдыкорганская противочумная станция» КККБТУ МЗ РК, e-mail: almas_74_18@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8296-8362>

Кулемин Максим Владимирович – заведующий лабораторией эпизоотологии и профилактики особо опасных инфекций, РГУ «Шымкентская противочумная станция» КККБТУ МЗ РК, e-mail: kmaxim.75@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8839-9276>

Катуова Жанылдык Умирзакована – зоолог, РГУ «Актюбинская противочумная станция» КККБТУ МЗ РК, e-mail: katuova@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5210-5347>

Атшабар Бақыт Бахияулы – доктор медицинских наук, главный научный сотрудник, РГП «Казахский научный центр карантинных и зоонозных инфекций им. М. Айкимбаева» МЗ РК, e-mail: batshabar@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-5533-8805>

Information about the authors

Sabir T. Nurtazin – Dr. Sc. (Med.), Professor at the Department of Biodiversity and Bioresources, Al-Farabi Kazakh National University of the Ministry of Education and Science of the Republic of Kazakhstan, e-mail: sabir.nurtazin@kaznu.kz; nurtazin.sabir@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-4969-6323>

Aleksandr B. Shevtsov – Cand. Sc. (Biol.), Head of the Laboratory of Applied Genetics, National Center for Biotechnology of the Ministry of Education and Science of the Republic of Kazakhstan, e-mail: nbshevtsov@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-0307-1053>

Viktoria B. Lutsay – Junior Research Officer at the Laboratory of Applied Genetics, National Center for Biotechnology of the Ministry of Education and Science of the Republic of Kazakhstan, e-mail: shvedyk_vika@mail.ru

Erlan M. Ramankulov – PhD, Executive Director, National Center for Biotechnology of the Ministry of Education and Science of the Republic of Kazakhstan, e-mail: ramankulov@biocenter.kz, <https://orcid.org/0000-0001-6791-4497>

Zaure Z. Sayakova – Cand. Sc. (Biol.), Head of the Laboratory of Zoology and Parasitology with Museum and Insectarium, M. Aikimbaev's Kazakh Scientific Centre for Quarantine and Zoonotic Diseases, e-mail: zsayakova@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1107-6345>

Aigul A. Abdrasilova – Head of the Laboratory of Molecular Diagnostics and Genetics, M. Aikimbaev's Kazakh Scientific Centre for Quarantine and Zoonotic Diseases, e-mail: aigul.abdirasilova@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7308-2113>

Aigul S. Zhunusova – Microbiologist at the Laboratory of Molecular Diagnostics and Genetics, M. Aikimbaev's Kazakh Scientific Centre for Quarantine and Zoonotic Diseases, e-mail: aigul700@mail.ru, <http://orcid.org/0000-0003-3569-0569>

Nailya P. Kabysheva – Microbiologist at the Laboratory of Molecular Diagnostics and Genetics, M. Aikimbaev's Kazakh Scientific Centre for Quarantine and Zoonotic Diseases, e-mail: nailya.kabysheva@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-5507-4045>

Altyn K. Rysbekova – Microbiologist at the Laboratory of Molecular Diagnostics and Genetics, M. Aikimbaev's Kazakh Scientific Centre for Quarantine and Zoonotic Diseases, e-mail: rysbekova23@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8684-3425>

Veronika P. Sadovskaya – Head of the Laboratory, M. Aikimbaev's Kazakh Scientific Centre for Quarantine and Zoonotic Diseases, e-mail: versadovskaya@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-8389-9362>

Aidyn B. Eszhanov – PhD, Leading Research Officer at the Laboratory of Zoology and Parasitology with Museum and Insectarium, M. Aikimbaev's Kazakh Scientific Centre for Quarantine and Zoonotic Diseases, e-mail: aidyn.eszhanov@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-6572-5668>

Irina B. Utepova – Cand. Sc. (Med.), Leading Research Officer at the Laboratory of Biosecurity and Biological Control, M. Aikimbaev's Kazakh Scientific Centre for Quarantine and Zoonotic Diseases, e-mail: utepib@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8088-638X>

Almas T. Berdibekov – Head, Taldykorgan Anti-Plague Station, e-mail: almas_74_18@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8296-8362>

Maksim V. Kulemin – Head of the Laboratory of Epizootology and Prevention of Highly Infectious Diseases, Shymkent Anti-Plague Station, e-mail: kmaxim.75@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8839-9276>

Zhandyldyk U. Katuova – Zoologist, Aktyubinsk Anti-Plague Station, e-mail: katuova@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5210-5347>

Bakyt B. Atshabar – Dr. Sc. (Med.), Chief Research Officer, M. Aikimbaev's Kazakh Scientific Centre for Quarantine and Zoonotic Diseases, e-mail: batshabar@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-5533-8805>

Статья получена: 13.03.2019. Статья принята: 04.09.2019. Статья опубликована: 26.10.2019.

Received: 13.03.2019. Accepted: 04.09.2019. Published: 26.10.2019.