



ГЕНОТИПИРОВАНИЕ РИККЕТСИЙ, ЦИРКУЛИРУЮЩИХ НА ТЕРРИТОРИЯХ РЕСПУБЛИКИ АЛТАЙ И ХАБАРОВСКОГО КРАЯ

С.В. Штрек^{1,2}, Н.В. Рудаков^{1,2}, С.Н. Шпынов^{1,2}, А.В. Санников¹, И.Е. Самойленко¹,
Л.Д. Щучинова³, О.Е. Троценко⁴, А.Г. Драгомерецкая⁴, Е.В. Матушченко^{1,2}

¹ ФБУН Омский НИИ природно-очаговых инфекций Роспотребнадзора, г. Омск, Россия

² ФГБОУ ВО Омский государственный медицинский университет Минздрава России, г. Омск, Россия

³ Управление Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по Республике Алтай, г. Горно-Алтайск, Россия

⁴ Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, г. Хабаровск, Россия

Резюме. Цель — верификация возбудителя сибирского клещевого тифа (СКТ) при микст-инфицированности иксодовых клещей на территории Республики Алтай и Хабаровского края с применением комплексного молекулярно-биологического подхода. *Материалы и методы.* Материалом для исследования служили 304 имаго иксодовых клещей шести видов. Сбор клещей проводился на территории Республики Алтай и Хабаровского края в 2014–2022 гг. ДНК риккетсий идентифицировали методом двухраундовой ПЦР с использованием родо- и видоспецифических праймеров генов *gltA* и *ompA* с последующим секвенированием и с помощью ПЦР с использованием наборов реагентов «РеалБест ДНК R. sibirica/R. heilongjiangensis» (ЗАО «Вектор-Бест», Новосибирск). *Результаты.* Частота выявления ДНК риккетсий в иксодовых клещах в Республике Алтай составила 82,6% (ДИ: 69,1–96,1), в Хабаровском крае — 53,1% (ДИ: 44,9–61,3). Видовой состав риккетсий в различных видах иксодовых клещей на этих территориях, эндемичных по сибирскому клещевому тифу, характеризуется наличием микст-инфицированности. ДНК *Rickettsia sibirica* и *R. raoultii* удалось обнаружить в клещах *Dermacentor nuttalli*, *Haemaphysalis concinna*, *D. silvarum*. В клещах *Ixodes persulcatus*, *I. pavlovskyi* и в гибридах *I. pavlovskyi/persulcatus* выявлена ДНК только *Candidatus R. tarasevichiae*. ДНК *R. heilongjiangensis* обнаружена в клещах *H. concinna* в Хабаровском крае. В клещах *D. nuttalli* и *H. concinna* из Республики Алтай выявлена только ДНК *Candidatus R. tarasevichiae*. ДНК «классического» патогенного вида — *R. sibirica* выявлена в клещах *D. nuttalli* и *H. concinna* в Республике Алтай, клещах *D. silvarum*, *H. concinna* и *H. japonica douglasi* — в Хабаровском крае. Кроме того, в Хабаровском крае в клещах *H. concinna* обнаружена ДНК — *R. heilongjiangensis*, в клещах *H. japonica douglasi* выявлен фрагмент ДНК, общий для *R. sibirica* subsp. *mongolitimonae* и *R. conorii*, что требует дальнейшего изучения. ДНК *Candidatus R. tarasevichiae* детектирована в клещах рода *Ixodes* (*I. persulcatus*, *I. pavlovskyi* и их гибридах), в Республике Алтай — в клещах *D. nuttalli* и *H. concinna*. ДНК *R. raoultii* выявлена в клещах рода *Dermacentor* — *D. nuttalli* — в Республике Алтай и *D. silvarum* в Хабаровском крае. *Выводы.* При молекулярно-биологическом мониторинге риккетсий на эндемичных территориях выявление *R. raoultii* «маскирует» присутствие этиологического агента СКТ — *R. sibirica*. Этот феномен позволяет объяснить высокий уровень заболеваемости СКТ на изучаемых территориях при редкой выявляемости ДНК *R. sibirica* при молекулярно-биологическом скрининге в иксодовых клещах.

Ключевые слова: *Rickettsia sibirica*, *Rickettsia heilongjiangensis*, *Candidatus Rickettsia tarasevichiae*, *Rickettsia raoultii*, Республика Алтай, Хабаровский край.

Адрес для переписки:

Штрек Сергей Владимирович
644080, Россия, г. Омск, пр. Мира, 7, ФБУН Омский
НИИ природно-очаговых инфекций Роспотребнадзора.
Тел.: 8 (3812) 65-14-77. E-mail: studi1990@mail.ru

Contacts:

Sergey V. Shtrek
644080, Russian Federation, Omsk, Mira pr., 7,
Omsk Research Institute of Natural Focal Infections.
Phone: +7 (3812) 65-14-77. E-mail: studi1990@mail.ru

Для цитирования:

Штрек С.В., Рудаков Н.В., Шпынов С.Н., Санников А.В., Самойленко И.Е.,
Щучинова Л.Д., Троценко О.Е., Драгомерецкая А.Г., Матушченко Е.В.
Генотипирование риккетсий, циркулирующих на территориях
Республики Алтай и Хабаровского края // Инфекция и иммунитет. 2023.
Т. 13, № 1. С. 100–106. doi: 10.15789/2220-7619-GOR-2014

Citation:

Shtrek S.V., Rudakov N.V., Shpynov S.N., Sannikov A.V., Samoylenko I.E.,
Shchuchinova L.D., Trotsenko O.E., Dragomeretskaya A.G.,
Matushchenko E.V. Genotyping of rickettsias circulating in the territories
of the Altai Republic and Khabarovsk Krai // Russian Journal of Infection
and Immunity = Infektsiya i imunitet, 2023, vol. 13, no. 1, pp. 100–106.
doi: 10.15789/2220-7619-GOR-2014

GENOTYPING OF RICKETTSIAS CIRCULATING IN THE TERRITORIES OF THE ALTAI REPUBLIC AND KHABAROVSK KRAI

Shtrek S.V.^{a,b}, Rudakov N.V.^{a,b}, Shpynov S.N.^{a,b}, Sannikov A.V.^a, Samoylenko I.E.^a, Shchuchinova L.D.^c, Trotsenko O.E.^d, Dragomeretskaya A.G.^d, Matushchenko E.V.^{a,b}

^a Omsk Research Institute of Natural-Focal Infections, Omsk, Russian Federation

^b Omsk State Medical University of the Ministry of Health of Russia, Omsk, Russian Federation

^c Office of the Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing in the Altai Republic, Gorno-Altaisk, Russian Federation

^d Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology of Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, Khabarovsk, Russian Federation

Abstract. The aim of the study was to verify the causative agent of Siberian tick-borne typhus (STT) upon ixodic tick mixed infection on the territory of the Altai Republic and Khabarovsk Krai using an integrated molecular biological approach. *Materials and methods.* The material for the study was presented as 304 imago of ixodic mites of six species. The ticks were collected on the territory of the Altai Republic and the Khabarovsk Krai in the years 2014–2022. Rickettsia DNA was identified by two-round PCR using genus- and species-specific primers for *gltA* and *ompA* genes, followed by sequencing and using PCR reagent kits “RealBest DNA R. sibirica/R. heilongjiangensis” (Vector-Best, Novosibirsk). *Results.* The detection of rickettsia in ticks in the Altai Republic was 82.6% (CI: 69.1–96.1), in the Khabarovsk Krai — 53.1% (CI: 44.9–61.3). The species composition of rickettsias in various species of ixodic mites in these territories, endemic to Siberian tick typhus, is characterized by the presence of mixed forms. *Rickettsia sibirica* and *R. raoultii* were found in ticks *Dermacentor nuttalli*, *Haemaphysalis concinna*, *D. silvarum*. Only *Candidatus R. tarasevichiae* were detected in *Ixodes persulcatus*, *I. pavlovsky* mites and *I. pavlovsky/persulcatus* hybrids. The DNA of *R. heilongjiangensis* was found in *H. mites. concinna* in the Khabarovsk Krai. The DNA of *Candidatus R. tarasevichiae* is also present in the ticks of *D. nuttalli* and *H. concinna* from the Altai Republic. The DNA of the “classic” pathogenic species, *R. sibirica*, was detected in ticks *D. nuttalli* and *H. concinna* in the Altai Republic, ticks *D. silvarum*, *H. concinna* and *H. japonica douglasi* in the Khabarovsk Krai. In addition, in the Khabarovsk Krai, the DNA of *R. heilongjiangensis* was detected in *H. concinna* ticks, and a DNA fragment common to *R. sibirica* subsp. *mongolitimonae* and *R. conorii* was detected in *H. japonica douglasi* ticks, which requires further study. *Candidatus R. tarasevichiae* is common in *Ixodes mites* (*I. persulcatus*, *I. pavlovsky* and their hybrids), in the Altai Republic in *D. nuttalli* and *H. concinna*. *R. mites. raoultii* was detected in ticks of the genus *Dermacentor* — *D. nuttalli* in the Altai Republic and *D. silvarum* in the Khabarovsk Krai. *Conclusions.* During molecular biological monitoring of rickettsias in endemic territories, the detection of *R. raoultii* “masks” the presence of the etiological agent of STT — *R. sibirica*. This phenomenon makes it possible to explain the high incidence of STT in the studied territories, with the rare detectability of *R. sibirica* DNA during molecular biological screening in ixodic mites.

Key words: *Rickettsia sibirica*, *Rickettsia heilongjiangensis*, *Candidatus Rickettsia tarasevichiae*, *Rickettsia raoultii*, Altai Republic, Khabarovsk Krai.

Введение

Впервые описанные случаи ранее неизвестного риккетсиального заболевания, возникающего на эндемичных территориях Азиатской части России после присасывания клещей и протекающего с высокой температурой, первичным аффектом, розеолезно-петехиальной сыпью, изменениями со стороны центральной нервной системы, выявлены практически одновременно (1934–1935 гг.) в Приморье — «клещевая лихорадка Приморья», в Хабаровском крае — « дальневосточная сыпная клещевая лихорадка », в Красноярском крае — « клещевая сыпная лихорадка » [6].

Планомерное изучение новой инфекции в 1937–1938 гг. в Красноярском крае под руководством М.К. Кронтовской позволило выделить клещевой сыпной тиф (в настоящее время регистрируют как сибирский клещевой тиф — СКТ) в самостоятельную нозологическую форму. Установлена риккетсиозная этио-

логия заболевания (по современной номенклатуре *Rickettsia sibirica* subsp. *sibirica*), классический переносчик — клещи *Dermacentor nuttalli* Ol., основные эпидемиологические закономерности. В 1940 г. экспедицией, возглавляемой М.К. Кронтовской, в Хабаровском крае выделены штаммы риккетсий от больных, клещей *Haemaphysalis concinna* и *Dermacentor silvarum* [4].

В результате многолетних исследований выявлен широкий нозоареал СКТ с наибольшим эпидемическим потенциалом очагов на юге Сибири и Дальнего Востока России. Применительно к эндемичным территориям число эпидемически значимых переносчиков в очагах колеблется от одного-двух (*D. nuttalli* — горные степи Алтая, лесостепи Минусинской и Канской котловин, Тувы, Предбайкалья и Забайкалья; *D. marginatus* и в меньшей степени *D. reticulatus* — равнинные степные и лесостепные ландшафты Западно-Сибирской низменности, *D. silvarum* и *H. concinna* — лесостепи Салаира, Кузнецкой котловины, юга Дальнего

Востока) до четырех видов (*D. marginatus*, *H. concinna*, *D. silvarum*, *D. reticulatus* — северная лесостепь Алтайского края, Северный Алтай) [7]. В Республике Алтай находятся наиболее эпидемически активные очаги СКТ и отмечается наиболее высокий уровень заболеваемости в России: среднемноголетний показатель заболеваемости достигает 72 на 100 тыс. населения, что примерно в 50 раз превышает аналогичный показатель по РФ [9].

Уже в первый период изучения клещевых риккетсиозов (КР) возникли вопросы об отличиях циркулирующих на очаговых территориях штаммов риккетсий. Удалось установить этиологию случаев КР на юге Хабаровского края как вызванных *R. heilongjiangensis* [2, 17]. Эта риккетсия выявлена в «пятнах» *H. concinna* в пределах нозоареала КР в Приморском, Хабаровском, Алтайском и Красноярском краях, в последнем — также в клещах *D. nuttalli* [18, 19]. В Хабаровском крае в клещах *Ixodes persulcatus* молекулярными методами выявляли *Candidatus R. tarasevichiae*, *R. helvetica* и *R. heilongjiangensis* [1, 3].

По современным представлениям, основанным на многолетнем изучении штаммов риккетсий из коллекции Омского НИИ природно-очаговых инфекций, на Дальнем Востоке России, наряду с классическим возбудителем СКТ *R. sibirica* subsp. *sibirica*, циркулируют *R. heilongjiangensis* и геновариант *R. sibirica* subsp. *BJ-90* [5].

Целью данного исследования является верификация возбудителя СКТ при микст-инфицированности риккетсиями иксодовых клещей на территории Республики Алтай и Хабаровского края с применением комплексного молекулярно-биологического подхода.

Материалы и методы

Материалом для исследования служили 304 имаго клещей шести видов (*D. nuttalli*, *D. silvarum*, *H. concinna*, *H. japonica douglasi*, *I. persulcatus*, *I. pavlovskyi*, *I. pavlovskyi/persulcatus*). Сбор клещей проводился на флаг на территории Республики Алтай и Хабаровского края в 2014–2022 гг. (табл. 1). Идентификацию клещей осуществляли по морфологическим признакам по Филипповой [10]. Из клещей, полученных в 2014, 2018 и 2019 гг. готовили гомогенизированную суспензию, у клещей, собранных в 2022 г., для исследования забирали гемолимфу с последующим выделением ДНК.

Выделение нуклеиновых кислот проводили наборами «АмплиПрайм РИБО-преп» компании «ИнтерЛабСервис» (Москва, Россия) и набором реагентов «РеалБест экстракция 100» ЗАО «Вектор-Бест» (Новосибирск, Россия). ДНК риккетсий выявляли (табл. 2) методом двухраундовой ПЦР с использованием родо-

и видоспецифических праймеров генов *gltA* и *ompA* [15] с последующим секвенированием и в ПЦР-РВ с помощью наборов реагентов «РеалБест ДНК *R. sibirica/R. heilongjiangensis*» (ЗАО «Вектор-Бест», Новосибирск).

95% доверительный интервал (ДИ) уровня выявляемости риккетсий в клещах был рассчитан в программе MS Excel.

Результаты

В результате ПЦР-анализа установлена суммарная выявляемость ДНК риккетсий в 82,6% (ДИ: 69,1–96,1) иксодовых клещей на территории Республики Алтай. ДНК риккетсий была выявлена в 84,4% (ДИ: 69,0–99,8) исследованных клещей *D. nuttalli*. Самым распространенным видом риккетсий в клещах этого вида оказалась *R. raoultii*, обнаруженная в 47,4% (ДИ: 38,8–56,0) иксодид. В *D. nuttalli* также в высоком количестве выявлена ДНК *R. sibirica* в 35,3% (ДИ: 28,9–41,7) и Са. *R. tarasevichiae* в 1,7% (1,4–2,0). В 21,6% (ДИ: 17,7–25,5) этого вида клещей установлена микст-инфицированность *R. sibirica* и *R. raoultii*. ДНК риккетсий была выявлена в 73,9% (ДИ: 43,7–100) клещей *H. concinna*. Среди выявленных риккетсий преобладающим видом была Са. *R. tarasevichiae* (39,1%; ДИ: 23,2–55,0). Реже была выявлена ДНК *R. sibirica* и *R. raoultii*. В одной пробе выявлены одновременно Са. *R. tarasevichiae* и *R. raoultii*. В клещах *I. persulcatus* идентифицировали только Са. *R. tarasevichiae*.

При исследовании клещей, собранных на флаг в 2018 г. на территории Хабаровского края, уровень выявляемости ДНК риккетсий составил 53,1% (ДИ: 44,9–61,3). ДНК риккетсий была выявлена в 22,2% (ДИ: 11,9–32,5) исследованных клещей *H. concinna*. Чаще всего в клещах этого вида выявлялась ДНК *R. sibirica*, в одном экземпляре генотипировали *R. heilongjiangensis*. ДНК риккетсий была обнаружена в 13,0% (ДИ: 7,7–18,3) исследованных клещей *H. japonica douglasi*. Чаще выявлялась ДНК *R. sibirica*, фрагмент последовательности гена *gltA* у одного из образцов был идентичен последовательности *R. sibirica* subsp. *mongolitimonae/R. conorii* (GenBank: KT345979.1). В 60,0% (ДИ: 47,6–72,4) исследованных клещей *I. pavlovskyi* была выявлена ДНК риккетсий, идентифицированная как Са. *R. tarasevichiae*. Схожая картина наблюдалась в клещах *I. persulcatus* и гибридах *I. pavlovskyi/persulcatus*, где так же выявляли ДНК Са. *R. tarasevichiae*, уровень выявляемости составил 90,9% (ДИ: 37,2–100), и 68,8% (ДИ: 35,1–100) соответственно. В клещах *D. silvarum* выявлена ДНК *R. sibirica*, в том числе одновременно с *R. raoultii*.

Обсуждение

В данной работе установлено, что у основных переносчиков возбудителя СКТ (*D. nuttalli*, *H. concinna*, *D. silvarum*) [7] с применением комплексного молекулярно-биологического подхода ДНК *R. sibirica* выявляется значительно чаще при микст-инфицированности с *R. raoultii*, чем индивидуально. В единичных случаях может встречаться микст-инфицированность *Ca. R. tarasevichiae* и *R. raoultii* клещей вида *H. concinna*, при этом первый вид риккетсий является преобладающим. В одном экземпляре клеща *H. japonica douglasi* из Хабаровского края получен сиквенс фрагмента (512 п.о.) гена цитратсинтазы (*gltA*) имеющий 100% гомологии по 501 нуклеотиду с *R. sibirica* subsp. *mongolitimonae* и с *R. conorii*, что требует дальнейшего изучения.

Установлена суммарная выявляемость риккетсий в 82,6% (ДИ: 69,1–96,1) клещей на территории Республики Алтай, что подтверждает полученные нами ранее данные при исследовании иксодовых клещей на наличие антигенов риккетсий группы КПЛ с помощью разработанной ИФА тест-системы [11].

Удалось доказать ранее высказанное предположение о недостаточной информативности применения ПЦР с «классическими» (*gltA*, *OmpA*) праймерами в очагах СКТ [20], не позволяющее выявлять в индивидуальных пробах иксодовых клещей *R. sibirica* при более массовом присутствии копий ДНК *R. raoultii* [8].

При очевидных преимуществах метода секвенирования по Сэнгеру, на этапе ПЦР с применением родоспецифичных праймеров осуществляется амплификация варианта гена только одного вида риккетсий, при этом ДНК остальных видов не выявляется. Комплексный подход, основанный на применении различных модификаций ПЦР с разными видами праймеров, включая родо- и видоспецифичные, с последующим секвенированием позволило получить более объективную информацию при скрининге ДНК различных видов риккетсий в индивидуальных пробах иксодовых клещей. В результате применения этого подхода ДНК «классического» патогенного вида — *R. sibirica* выявлена в клещах *D. nuttalli* и *H. concinna* в Республике Алтай, клещах *D. silvarum*, *H. concinna* и *H. japonica douglasi* в Хабаровском крае. В то же время при генотипировании риккетсий в пробах клинического материала от пациентов в очагах СКТ в Республике Алтай, Алтайском и Хабаровском краях удалось выявить ДНК *R. sibirica* и *R. heilongjiangensis* [12, 13, 16]. При этом на территории Новосибирской области в пробах клинического материала от пациентов с подозрением на «клещевые» инфекции ДНК *R. sibirica* выявлялась в 2,3 раза чаще, чем *R. raoultii* [14].

Выводы

При молекулярно-биологическом мониторинге риккетсий на эндемичных территориях выявление *R. raoultii* «маскирует» присутствие этиоло-

Таблица 1. Характеристика исследованных клещей

Table 1. Characteristics of the studied ticks

Вид клещей Species of ticks	Год сбора Year of collection	Место сбора Gathering place	Количество Quantity
<i>D. nuttalli</i>	2014	Кош-Агачский р-н Р.А.*/Kosh-Agachsky district A.R.*	65
	2019	Усть-Коксинский р-н Р.А./Ust-Koksinsky district A.R.	1
	2022	Онгудайский р-н Р.А./Ongudai district A.R.	50
<i>H. concinna</i>	2019	Горно-Алтайский р-н Р.А./Gorno-Altaisky district A.R.	3
		Майминский р-н Р.А./Maiminsky district A.R.	4
		Чойский р-н Р.А./Choysky district A.R.	16
	2018	Хабаровский р-н Х.К.**/Khabarovsk district Kh.K.**	18
<i>I. persulcatus</i>	2019	Чойский р-н Р.А./Choysky district A.R.	5
	2018	Хабаровский р-н Х.К./Khabarovsk district Kh.K.	9
		Р-н имени Лазо Х.К./Lazo District Kh.K.	2
<i>H. japonica douglasi</i>	2018	Хабаровский р-н Х.К./Khabarovsk district Kh.K.	23
<i>I. pavlovskyi</i>	2018	Хабаровский р-н Х.К./Khabarovsk district Kh.K.	63
		Р-н имени Лазо Х.К./Lazo District Kh.K.	27
<i>I. pavlovskyi/persulcatus</i>	2018	Хабаровский р-н Х.К./Khabarovsk district Kh.K.	12
		Р-н им. Лазо Х.К./Lazo District Kh.K.	4
<i>D. silvarum</i>	2018	Р-н им. Лазо Х.К./Lazo District Kh.K.	2

Примечание. *Республика Алтай; **Хабаровский край.

Note. *Altai Republic; **Khabarovsk Krai.

Таблица 2. Результаты исследования иксодовых клещей, собранных на территориях Республики Алтай и Хабаровского края на наличие ДНК риккетсий
 Table 2. The results of the study of ixodic ticks collected in the territories of the Altai Republic and the Khabarovsk Krai for the presence of Rickettsia DNA

		Республика Алтай/Altai Republic				Хабаровский край/Khabarovsk Krai			
Вид клеща Species of tick	Вид возбудителя Species of pathogen	Количество Quantity	% (ДИ/С)	Вид возбудителя Species of pathogen	Количество Quantity	% (ДИ/С)			
<i>D. nuttalli</i>	<i>R. sibirica</i> *	16	13,8% (11,7–15,9)						
	<i>Candidatus R. tarasevichiae</i> **	2	1,7% (1,5–2,0)						
	<i>R. raoultii</i> *	55	47,4% (40,1–54,8)	Данный вид клещей отсутствует на указанной территории This species of ticks is not present in the specified territory					
	<i>R. sibirica</i> ***/ <i>R. raoultii</i> *	25	21,6% (18,2–24,9)						
<i>H. concinna</i>	<i>R. sibirica</i> ****	1	4,4% (2,8–5,9)	<i>R. sibirica</i> ****	3	16,7% (10,1–23,2)			
	<i>R. raoultii</i> ****	5	21,7% (14,2–29,3)	<i>R. heilongjiangensis</i> ****	1	5,6% (3,4–7,7)			
	<i>Candidatus R. tarasevichiae</i> **	8	34,8% (22,7–46,9)						
	<i>R. sibirica</i> ****/ <i>R. raoultii</i> ****	2	8,7% (5,7–11,7)	Риккетсия не идентифицирована* Rickettsia has not been identified					
<i>I. persulcatus</i>	<i>R. raoultii</i> ****/ <i>R. tarasevichiae</i> **	1	4,4% (2,8–5,9)	<i>Candidatus R. tarasevichiae</i> **	10	5,6% (3,4–7,7)			
			80,0% (20,3–100)	<i>R. sibirica</i> subsp. <i>mongolitimonae</i> / <i>R. conorii</i> **		90,9% (45,2–100)			
				<i>R. sibirica</i> ****	1	4,4% (2,8–5,9)			
					2	8,7% (5,7–11,7)			
<i>H. japonica</i> <i>douglasi</i>				<i>Candidatus R. tarasevichiae</i> **	54	60,0% (49,5–70,6)			
<i>I. pavlovskyi</i> <i>persulcatus</i>				<i>Candidatus R. tarasevichiae</i> **	11	68,8% (40,1–97,5)			
<i>D. silvarum</i>				<i>R. sibirica</i> ****	1	50,0% (0–100)			
				<i>R. sibirica</i> ****/ <i>R. raoultii</i> **	1	50,0% (0–100)			

Примечание.* — ПЦР с видоспецифическими праймерами к гену *ompA*; ** — ПЦР+секвенирование фрагмента гена *gltA*; *** — ПЦР+секвенирование фрагмента гена *ompA*; **** — Наборов реагентов для ПЦР в режиме реального времени «РеальноКест ДНК *R. sibirica*/*R. heilongjiangensis*».
 Note. * — PCR with species-specific primers for the OmpA gene; ** — PCR+sequencing of *ompA* gene fragment; *** — PCR+sequencing of *gltA* gene fragment; **** — Sets of reagents for real-time PCR “RealBest DNA *R. sibirica*/*R. heilongjiangensis*”.

гического агента СКТ — *R. sibirica*. Этот феномен позволяет объяснить высокий уровень заболеваемости СКТ на изучаемых территориях при редкой выявляемости ДНК *R. sibirica* при молекулярно-биологическом скрининге в иксодовых клещах.

Необходимо внедрение комплексного молекулярно-биологического подхода для совершенствования эпидемиологического надзора за природными очагами СКТ за счет молеку-

лярно-биологического скрининга ДНК риккетсий в иксодовых клещах и изучения значимости различных видов риккетсий в структуре региональной инфекционной патологии.

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Список литературы/References

- Бондаренко Е.И., Мокрецова Е.В., Здановская Н.И., Высоцина Н.П., Пуховская Н.М., Тимофеев Д.И., Иванов М.К. Выявление возбудителей клещевого риккетсиоза в клещах и крови пациентов на Дальнем Востоке с помощью ПЦР-анализа в режиме реального времени. Поликлиника. 2014. № 4–1. С. 44–48. [Bondarenko E.I., Mokrecova E.V., Zdanovskaya N.I., Vysochina N.P., Puhovskaya N.M., Timofeev D.I., Ivanov M.K. Detection of tick-borne rickettsiosis pathogens in ticks and blood of patients in the Far East using real-time PCR analysis. *Poliklinika = Polyclinic*, 2014, no. 4–1, pp. 44–48. (In Russ.)]
- Григорьева Я.Е., Карань Л.С., Мокрецова Е.В., Щучинова Л.Д., Федорова М.В., Журенкова О.Б., Шипулин Г.А., Малеев В.В. Сравнительный анализ ПЦР- и ИФА-методов в лабораторной диагностике риккетсиозов группы КПЛ на примере трехлетних исследований в Республике Алтай и Хабаровском крае // Молекулярная диагностика. 2017. Т. 2. С. 192–194. [Grigor'eva Ya.E., Karan' L.S., Mokrecova E.V., Shchuchinova L.D., Fedorova M.V., Zhurenkova O.B., Shipulin G.A., Maleev V.V. Comparative analysis of PCR and ELISA methods in laboratory diagnostics of rickettsioses of the KPL group on the example of three-year studies in the Altai Republic and Khabarovsk Krai. *Molekul'jarnaya diagnostika = Molecular Diagnostics*, 2017, vol. 2, pp. 192–194. (In Russ.)]
- Иголкина Я.П., Бондаренко Е.И., Рар В.А., Епишина Т.И., Панов В.В., Высоцина Н.П., Пуховская Н.М., Малькова М.Г., Василенко А.Г., Якименко В.В., Танцев А.К., Иванов М.К., Тикунова Н.В. Молекулярно-генетический анализ риккетсий, передаваемых клещами *Ixodes persulcatus schulze* на территории юга Западной Сибири и Дальнего Востока // Национальные приоритеты России. 2014. № 3 (13). С. 100–103. [Igolkina Y.P., Bondarenko E.I., Rar V.A., Epikhina T.I., Panov V.V., Vysochina N.P., Pukhovskaya N.M., Malkova M.G., Vasilenko A.G., Yakimenco V.V., Tantsev A.K., Ivanov M.K., Tikunova N.V. Molecular genetic analysis of *Rickettsia* spp. Transmitted by *Ixodes persulcatus* ticks in the south-Western Siberia and the Far East. *Nacional'nye prioritetnye Rossii = Russia's National Priorities*, 2014, no. 3 (13), pp. 100–103. (In Russ.)]
- Рудаков Н.В. К 75-летию открытия *Rickettsia sibirica* – возбудителя клещевого сыпного тифа: история изучения и современные представления // Эпидемиология и вакцинопрофилактика. 2014. № 1. С. 4–5. [Rudakov N.V. 75th anniversary of the *Rickettsia sibirica* discovery: history of study and modern ideas. *Epidemiologiya i vaktsinoprofilaktika = Epidemiology and Vaccine Prevention*, 2014, no. 1, pp. 4–5. (In Russ.)]
- Рудаков Н.В. Риккетсии и риккетсиозы: руководство для врачей. Омск: ИЦ «Омский научный вестник», 2016. 424 с. [Rudakov N.V. *Rickettsia* and rickettsioses: a guidebook for doctors. *Omsk: Omsk Science Bulletin*, 2016. 424 p. (In Russ.)]
- Рудаков Н.В., Оберт А.С. Клещевой риккетсиоз. Омск: Изд-во Омской государственной медицинской академии, 2001. 120 с. [Rudakov N.V., Obert A.S. Tick-borne rickettsiosis. *Omsk: Omsk State Medical Academy Publishing*, 2001. 120 p. (In Russ.)]
- Рудаков Н.В., Рудакова С.А. Клещевые трансмиссивные инфекции Сибири. Практическое руководство. Омск: ООО ИЦ «Омский научный вестник», 2019. 146 с. [Rudakov N.V., Rudakova S.A. Tick-borne vector-borne infections of Siberia. Practical guide. *Omsk: LLC Omskiy nauchnyy vestnik Publishing Center*, 2019. 146 p. (In Russ.)]
- Рудаков Н.В., Самойленко И.Е., Решетникова Т.А. Проблемы лабораторной диагностики риккетсиозов группы клещевой пятнистой лихорадки в России // Клиническая лабораторная диагностика. 2015. № 1. С. 50–52. [Rudakov N.V., Samoilenco I.E., Reshetnikova T.A. The problems of laboratory diagnostic of rickettsiosis of group spott ed tick-bite fever in Russia. *Clinicheskay laboratornay diagnostika = Russian Clinical Laboratory Diagnostics*, 2015, no. 1, pp. 50–52. (In Russ.)]
- Рудаков Н.В., Шпынов С.Н., Транквилевский Д.В., Пакскина Н.Д., Савельев Д.А., Самойленко И.Е., Решетникова Т.А., Кумпан Л.В., Пеньевская Н.А. Особенности эпидемической ситуации по сибирскому клещевому тифу и другим клещевым риккетсиозам в Российской Федерации, прогноз на 2019 г. // Проблемы особо опасных инфекций. 2019. № 1. С. 89–97. [Rudakov N.V., Shpynov S.N., Trankvilevsky D.V., Pakskina N.D., Savel'ev D.A., Samoylenko I.E., Reshetnikova T.A., Kumpan L.V., Pen'evskaya N.A. Features of the epidemiological situation on siberian tick typhus and other tick-borne rickettsioses in the Russian Federation, prognosis for. *Problemy osobo opasnyh infekcij = Problems of Particularly Dangerous Infections*, 2019, no. 1, pp. 89–97. (In Russ.)] doi: 10.21055/0370-1069-2019-1-89-97
- Филиппова Н.А. Таксономическая внутривидовая дифференциация у иксодовых клещей (Acari: Ixodidae) с позиций морфологической концепции вида // Паразитология. 2007. Т. 41, № 6. С. 409–427. [Filippova N.A. Intraspecific taxonomic differentiation in ticks (Acari: Ixodidae) in the view of the morphological conception of species. *Parazitologiya = Parasitology*, 2007, vol. 41, no. 6, pp. 409–427. (In Russ.)]
- Шпынов С.Н., Рудаков Н.В. Иммуноферментная тест-система для выявления риккетсий группы клещевой пятнистой лихорадки // Лабораторное дело. 1991. № 11. С. 67–69. [Shpynov S.N., Rudakov N.V., Enzyme immunoassay system for detecting rickettsias of the tick-spot fever group. *Laboratornoe delo = Laboratornoe Delo*, 1991, no. 11, pp. 67–69. (In Russ.)]
- Щучинова Л.Д., Злобин В.И., Ечешева А.В., Бондаренко Е.И. Современные эпидемиологические черты сибирского клещевого тифа в Республике Алтай // Современные проблемы науки и образования. 2017. № 6. [Schuchinova L.D., Zlobin V.I., Echesheva A.V., Bondarenko E.I. Modern epidemiological features of the siberian tick typhus in the Altai Republic. *Sovremennye problemy nauki i obrazovaniya = Modern Problems of Science and Education*, 2017, no. 6. (In Russ.)] URL: <https://science-education.ru/ru/article/view?id=27089> (19.02.2023)

13. Granitov V., Shpynov S., Beshlebova O., Arsenjeva I., Dedkov V., Safonova M., Stukolova O., Pantjukhina A., Tarasevich I. New evidence on tick-borne rickettsioses in the Altai region of Russia using primary lesions, serum and blood clots of molecular and serological study. *Microbes Infect.*, 2015, vol. 17, no. 11–12, pp. 862–865. doi: 10.1016/j.micinf.2015.08.011
14. Igolkina Y., Krasnova E., Rar V., Savelieva M., Epikhina T., Tikunov A., Khokhlova N., Provorova V., Tikunova N. Detection of causative agents of tick-borne rickettsioses in Western Siberia, Russia: identification of *Rickettsia raoultii* and *Rickettsia sibirica* DNA in clinical samples. *Clin. Microbiol. Infect.*, 2018, vol. 24, no. 2, pp. 199.e9–199.e12. doi: 10.1016/j.cmi.2017.06.003
15. Igolkina Y., Rar V., Yakimenko V., Malkova M., Tancev A., Tikunov A., Epikhina T., Tikunova N. Genetic variability of *Rickettsia* spp. in *Ixodes persulcatus*/*Ixodes trianguliceps* sympatric areas from Western Siberia, Russia: Identification of a new *Candidatus Rickettsia* species. *Infection, Genetics and Evolution*, 2015, no. 34, pp. 88–93. doi: 10.1016/j.meegid.2015.07.015
16. Mediannikov O., Sidelnikov Y., Ivanov L., Fournier P.E., Tarasevich I., Raoult D. Far eastern tick-borne rickettsiosis: identification of two new cases and tick vector. *Ann. NY Acad. Sci.*, 2006, vol. 1078, pp. 80–88. doi: 10.1196/annals.1374.010
17. Mediannikov O., Sidelnikov Y., Ivanov L., Mokretsova E., Fournier P.-E., Tarasevich I., Raoult D. Acute tick-borne rickettsiosis caused by *Rickettsia heilongjiangensis* in Russian Far East. *Emerg. Infect. Dis.*, 2004, vol. 10, no. 5, pp. 810–817. doi: 10.3201/eid1005.030437
18. Shpynov S., Fournier P.E., Rudakov N., Tankibaev M., Tarasevich I., Raoult D. Detection of a rickettsia closely related to *Rickettsia aeschlimannii*, “*Rickettsia heilongjiangensis*”, *Rickettsia* sp. strain RPA4, and *Ehrlichia muris* in ticks collected in Russia and Kazakhstan. *J. Clin. Microbiol.*, 2004, vol. 42, no. 5, pp. 2221–2223. doi: 10.1128/JCM.42.5.2221-2223.2004
19. Shpynov S., Fournier P.E., Rudakov N., Tarasevich I., Raoult D. Detection of members of the genera *Rickettsia*, *Anaplasma*, and *Ehrlichia* in ticks collected in the Asiatic part of Russia. *Ann. NY Acad. Sci.*, 2006, vol. 1078, pp. 378–383. doi: 10.1196/annals.1374.075
20. Shpynov S., Parola P., Rudakov N., Samoilenco I., Tankibaev M., Tarasevich I., Raoult D. Detection and identification of spotted fever group rickettsiae in Dermacentor ticks from Russia and central Kazakhstan. *Eur. J. Clin. Microbiol. Infect. Dis.*, 2001, vol. 20, no. 12, pp. 903–905. doi: 10.1007/s10096-001-0638-4

Авторы:

Штрек С.В., к.м.н., старший научный сотрудник, зав. лабораторией зоонозных инфекций отдела природно-очаговых бактериальных зоонозов ФБУН Омский НИИ природно-очаговых инфекций Роспотребнадзора, г. Омск, Россия; доцент кафедры микробиологии, вирусологии и иммунологии ГБОУ ВПО Омский государственный медицинский университет, г. Омск, Россия;

Рудаков Н.В., д.м.н. профессор, директор ФБУН Омский НИИ природно-очаговых инфекций Роспотребнадзора, г. Омск, Россия; зав. кафедрой микробиологии, вирусологии и иммунологии ГБОУ ВПО Омский государственный медицинский университет, г. Омск, Россия;

Шпынов С.Н., д.м.н., главный научный сотрудник лаборатории зоонозных инфекций отдела природно-очаговых бактериальных зоонозов (ПОБЗ) ФБУН Омский НИИ природно-очаговых инфекций Роспотребнадзора, г. Омск, Россия; профессор кафедры микробиологии, вирусологии и иммунологии ГБОУ ВПО Омский государственный медицинский университет, г. Омск, Россия;

Санников А.В., младший научный сотрудник лаборатории зоонозных инфекций отдела ПОБЗ ФБУН Омский НИИ природно-очаговых инфекций Роспотребнадзора, г. Омск, Россия;

Самойленко И.Е., к.м.н., ведущий научный сотрудник лаборатории зоонозных инфекций отдела ПОБЗ ФБУН Омский НИИ природно-очаговых инфекций Роспотребнадзора, г. Омск, Россия;

Щучинова Л.Д., д.м.н., начальник отдела Управления Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по Республике Алтай, г. Горно-Алтайск, Республика Алтай;

Троценко О.Е., д.м.н., директор ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, г. Хабаровск, Россия;

Драгомерецкая А.Г., к.м.н., начальник отдела природно-очаговых инфекций ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, г. Хабаровск, Россия;

Матушченко Е.В., к.м.н., доцент кафедры микробиологии, вирусологии и иммунологии ГБОУ ВПО Омский государственный медицинский университет, г. Омск, Россия.

Authors:

Shtrek S.V., PhD (Medicine), Senior Researcher, Head of the Laboratory of Zoonotic Infections, Department of Natural Focal Bacterial Zoonoses, Omsk Research Institute of Natural Focal Infections, Omsk, Russian Federation; Associate Professor, Department of Microbiology and Virology and Immunology, Omsk State Medical University, Omsk, Russian Federation;

Rudakov N.V., DSc (Medicine), Professor, Director of Omsk Research Institute of Natural Focal Infections, Omsk, Russian Federation; Head of the Department of Microbiology and Virology and Immunology, Omsk State Medical University, Omsk, Russian Federation;

Shpynov S.N., DSc (Medicine), Head Researcher, Laboratory of Natural Focal Infections, Department of Natural Focal Bacterial Zoonoses, Omsk Research Institute of Natural Focal Infections, Omsk, Russian Federation; Professor, Department of Microbiology and Virology and Immunology, Omsk State Medical University, Omsk, Russian Federation;

Sannikov A.V., Junior Researcher, Laboratory of Natural Focal Infections, Department of Natural Focal Bacterial Zoonoses, Omsk Research Institute of Natural Focal Infections, Omsk, Russian Federation;

Samoylenko I.E., PhD (Medicine), Leading Researcher, Laboratory of Natural Focal Infections, Department of Natural Focal Bacterial Zoonoses, Omsk Research Institute of Natural Focal Infections, Omsk, Russian Federation;

Shchuchinova L.D., DSc (Medicine), Head of the Department of the Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare in the Republic of Altai, Gorno-Altaisk, Russian Federation;

Trotsenko O.E., DSc (Medicine), Director of Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology of the Rospotrebnadzor, Khabarovsk, Russian Federation;

Dragomericetskaya A.G., PhD (Medicine), Head of the Department of Natural Focal Infections, Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Khabarovsk, Russian Federation;

Matuschenko E.V., PhD (Medicine), Associate Professor, Department of Microbiology and Virology and Immunology, Omsk State Medical University, Omsk, Russian Federation.