

Распространение вирусных и бактериальных агентов в популяциях клеща *Ixodes persulcatus* на северной и южной границах его ареала

Научный руководитель – Белова Оксана Андреевна

Zaitseva A.Y.¹, Яковлев А.С.², Полленко А.Е.³

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Москва, Россия, *E-mail: ya-annushka@mail.ru*; 2 - Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова, Москва, Россия, *E-mail: Alex-montreal@yandex.ru*; 3 - Федеральный научный центр исследований и разработки иммунобиологических препаратов им. М.П. Чумакова РАН, Москва, Россия, *E-mail: polienko.ae@yandex.ru*

Иксодовые клещи (Acari: Ixodidae) являются паразитами наземных позвоночных животных и переносчиками возбудителей ряда заболеваний вирусной, бактериальной и протозойной этиологии. Наиболее значимыми в эпидемиологическом отношении и широко распространенными в Европе и Азии являются лесной клещ *Ixodes ricinus* и таежный клещ *I. persulcatus*. Ареал *I. persulcatus* вместе с *I. ricinus* совпадает с ареалом вируса клещевого энцефалита (ВКЭ) - возбудителя природноочаговой инфекции, клещевого энцефалита [2].

Большую часть своего жизненного цикла клещи проводят в окружающей среде [1] и вынуждены приспосабливаться к различным климатическим условиям, что, в свою очередь, определяет особенности биологии и физиологии таежных клещей, обитающих в разных регионах. Подобные межпопуляционные различия в биологии иксодид могут влиять на зараженность клещей различными патогенами.

Для проверки этой теории были исследованы клещи *I. persulcatus*, собранные в двух регионах на северной и южной границе ареала, различающихся по природным условиям - в республиках Карелия и Тыва.

В результате исследования получены следующие результаты:

1) Исследовано более 800 клещей из республик Карелия и Тыва. Детектировано два изолята ВКЭ в клещах из республики Карелия и выделено четыре штамма вируса в республике Тыва. По отсекающей части генома, кодирующей белок E, вирус относится к сибирскому генотипу.

2) В клещах удалось выявить вирус *Jingmenvirus*, описанный в 2014 году на территории Китая. Вирус имеет оцРНК (+) сегментированный геном из четырёх сегментов, два из которых связаны с неструктурными генами рода *Flavivirus* (семейство *Flaviviridae*), тогда как остальные сегменты являются уникальными для этого вируса [3]. Выявлено два изолята *Jingmenvirus* в республике Тыва и один в республике Карелия.

3) В результате исследования клещевых суспензий на четыре инфекции (набор АмплиСенс® ТБЕВ, *B. burgdorferi* s.l., *A. phagocytophillum*, *E. chaffeensis* / *E. muris*-FL) был посчитан минимальный процент заражённости клещей в республике Карелия: ВКЭ - 7,1%, *B. burgdorferi* s.l. - 14,9%, *A. phagocytophillum* и *E. chaffeensis* / *E. muris* не обнаружены.

Источники и литература

- 1) Балашов Ю.С. Иксодовые клещи - паразиты и переносчики инфекций. СПб.: Наука. 1998.
- 2) Злобин В.И., Горин О.З. Клещевой энцефалит. Этиология, эпидемиология и профилактика в Сибири. Новосибирск: Наука. 1996.

- 3) Xu J., Shi M, Tian JH, Lin XD, Gao DY, He JR, Wang JB, Li CX, Kang YJ, Yu B, Zhou DJ, Xu J, Plyusnin A, Holmes EC, Zhang YZ. A tick-borne segmented RNA virus contains genome segments derived from unsegmented viral ancestors // Proceedings of the National Academy of Sciences, 2014. №111(18). С. 6744–6749.