

Встречаемость и генетическое разнообразие вируса Кемерово в иксодовых клещах Западной Сибири¹

С.Е. Ткачев¹ (tkachev@niboch.nsc.ru), А.Ю. Тикунов¹, И.В. Бабкин¹,
Н.Н. Ливанова^{1,2}, С.Г. Ливанов², В.В. Панов², В.В. Якименко³,
А.К. Танцев³, Д.Е. Тараненко², Н.В. Тикунова¹

¹ ФГБУН «Институт химической биологии и фундаментальной медицины» СО РАН, г. Новосибирск

² ФГБУН «Институт систематики и экологии животных СО РАН», г. Новосибирск

³ ФБУН «Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций» Роспотребнадзора, г. Омск

Резюме

Вирус Кемерово (ВК), представитель семейства Reoviridae, род Orbivirus, переносится иксодовыми клещами и может вызывать поражения центральной нервной системы человека. Встречаемость и генетическое разнообразие ВК в Западной Сибири остаются слабо изученными, поэтому целью данной работы являлось изучение распространенности и генетической вариативности ВК в иксодовых клещах в Западной Сибири. На присутствие РНК вируса клещевого энцефалита (ВКЭ) и ВК было проанализировано 1958 клещей *Ixodes persulcatus*, *I. pavlovskyi* и их гибридов из Новосибирской и Омской областей и Республики Алтай (Россия) и Восточно-Казахстанской области (Казахстан). Было показано, что ареал ВК в Западной Сибири шире, чем полагали ранее, и включает в себя Северный и Северовосточный Алтай, в дополнение к Омской и Новосибирской областям. Впервые ВК был найден на территории Казахстана. Встречаемость ВК была статистически ниже, чем ВКЭ на большинстве исследуемых территорий Западной Сибири. ВК был найден как в клещах *I. persulcatus* и *I. pavlovskyi*, так и их гибридах. Варианты вируса, выявленные в 2010-е годы, генетически отличались от таковых, выделенных в 60-е годы прошлого столетия. Анализ последовательностей фрагментов сегментов 1 и 2 генома выявленных изолятов ВК указывает на возможную реассортацию вируса.

Ключевые слова: вирус Кемерово, вирус клещевого энцефалита, *Ixodes persulcatus*, *Ixodes pavlovskyi*, гибриды, Западная Сибирь, Казахстан

Occurrence and Genetic Diversity of Kemerovo Virus in Ixodid Tick of Western Siberia

S.E. Tkachev¹ (tkachev@niboch.nsc.ru), A.Yu. Tikunov¹, I.V. Babkin¹, N.N. Livanova^{1,2}, S.G. Livanov², V.V. Panov², V.V. Yakimenko³,
A.K. Tantsev³, D.E. Taranenko², N.V. Tikunova¹

¹ Federal State Budgetary Institution of Science «Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine» Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia

² Federal State Budgetary Institution of Science «Institute of Systematics and Ecology of Animals» Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia

³ Federal State Institution of Science «Omsk Research Institute of Natural Foci Infections», Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, Omsk, Russia

Abstract

Kemerovo virus (KEMV), a member of Reoviridae family, Orbivirus genus, is transmitted by ixodes ticks and can cause the damage of human central nervous system. The occurrence and genetic diversity of KEMV in Western Siberia still remained poorly studied, so, the aim of this work was to investigate the prevalence and genetic variability of KEMV in ixodid ticks from Western Siberia. A total of 1958 *Ixodes persulcatus*, *I. pavlovskyi* ticks and their hybrids from Novosibirsk and Omsk provinces, Altai Republic (Russia) and East Kazakhstan province (Kazakhstan) were analyzed for the presence of KEMV and tick-borne encephalitis virus (TBEV) RNA. It was shown that KEMV distribution area in Western Siberia was wider and included Northern and Northeastern Altai in addition to Omsk and Novosibirsk provinces. For the first time this virus was found in Kazakhstan. The occurrence of KEMV was statistically lower than TBEV in most locations in Western Siberia. KEMV was found both in *I. persulcatus* and *I. pavlovskyi* ticks and in their hybrids. Notably, KEMV variants found in 2010s genetically differ from those isolated in 1960s. Moreover, the possibility of reassortment for KEMV was demonstrated for the first time.

Key words: Kemerovo virus, tick-borne encephalitis virus, *Ixodes persulcatus*, *Ixodes pavlovskyi*, hybrids, Western Siberia, Kazakhstan

¹ Доложено на научно-практической конференции, посвященной 95-летию ФБУН «Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций» Роспотребнадзора: Актуальные проблемы эпидемиологии, микробиологии, природной очаговости болезни человека. Омск, 15 – 16 ноября 2016 г.

Введение

В настоящее время, на территории Европы известно около 30 вирусов – возбудителей заболеваний человека и животных, переносимых клещами [1]. Одним из них является вирус клещевого энцефалита (ВКЭ), вызывающий поражения центральной нервной системы человека [2]. Другой вирусный патоген, вирус Кемерово (ВК), был впервые выделен в 1962 году в Кемеровской области из клещей *Ixodes persulcatus* и клинических образцов [3, 4]. За последние годы ВК помимо Кемеровской области был обнаружен в девяти регионах России: в европейской части (Московская, Вологодская и Костромская области и Республика Удмуртия), на Урале (Свердловская и Курганская области), в Западной (Омская и Новосибирская области) и Восточной Сибири (Иркутская область). На этих территориях ВК был найден в клещах *I. persulcatus* и *I. ricinus* и, впервые, в клещах *Ixodes pavlovskyi* и *Dermacentor reticulatus* [5, 6].

Тем не менее, встречаемость и генетическое разнообразие вируса Кемерово в Западной Сибири до сих пор слабо изучены, поэтому **цель данной работы** – исследование генетической изменчивости и распространенности ВК в различных регионах Западной Сибири.

Материалы и методы

Имаго иксодовых клещей были собраны в периоды их высокой активности на территории Западной Сибири в 2011 – 2015 годах (табл. 1). Суммарные ДНК/РНК были выделены наборами Проба-НК («ДНК-технология», Россия). Молекулярное видотипирование клещей осуществляли с использованием праймеров, соответствующих последовательностям митохондриального гена субъединицы I цитохром-оксидазы (COI) клещей *I. persulcatus* и *I. pavlovskyi* и ядерного внутреннего транскрибируемого спейсера 2 (ITS2) клещей *Ixodes* spp. [7, 8]. кДНК получали с использованием наборов «RevertA-100» («Амплисенс», Россия). Для детекции ВК использовали праймеры, соответствующие фрагменту сегмента 1 генома ВК (Kem1s_1: 5'-attcaaattacgacacgcacatgac-3' и Kem1s_2: 5'-gtatcgctgcccgcacgtacatctc-3'; Kem1s_3: 5'-gctcatcgaagcgggatacgg-3' и Kem1s_4: 5'-gcgtaggttctctcccgacagatg-3'), а также праймеры, соответствующие фрагменту сегмента 2 генома ВК [6]. Для детекции ВКЭ использовали праймеры, соответствующие фрагментам генов E-NS1 [9]. Последовательности ПЦР-фрагментов определяли с использованием наборов BigDye Terminator Cycling Sequencing kit v. 3.1 (Applied Biosystems, USA). Для анализа последовательностей использовали базу данных Genbank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>). Молекулярно-генетический анализ осуществляли с помощью программ Unipro UGENE v. 1.22 [10], MEGA 6.0 [11]. Статистический анализ проводили с использованием t-критерия Стьюдента с помощью программы MS Office Excel 2007.

Результаты и обсуждение

Было проанализировано 1958 иксодовых клещей с территории Новосибирской и Омской областей, Республики Алтай и Восточно-Казахстанской области Казахстана. На основании ПЦР-анализа последовательностей ITS2 и гена COI было показано, что в окрестностях г. Новосибирска, Северном и Северо-Восточном Алтае, а также Казахстане были найдены как клещи *I. persulcatus* и *I. pavlovskyi*, так и их гибриды, в то время как на Салаирском кряже Новосибирской области и в Омской области обнаруживались только клещи *I. persulcatus* (табл. 1).

Было показано, что встречаемость как ВК, так и ВКЭ в клещах *I. persulcatus*, *I. pavlovskyi* и их гибридах была различной на исследуемых территориях (см. табл. 1). В большинстве случаев, встречаемость ВК была достоверно меньшей ($p < 0.05$), чем ВКЭ, и составляла от 0,3 до 11,1%.

Для выявленных изолятов ВК были определены последовательности фрагментов сегмента 1 генома. Было обнаружено четыре генетических варианта (ГВ) последовательностей фрагмента сегмента 1 ВК:

- изоляты ВК из Ботанического сада и один – из окрестностей реки Шадриха;
- изолят ВК из окрестностей реки Шадриха;
- изоляты ВК, найденные на Северной Алтае;
- изоляты ВК из Омской области, Салаирского кряжа, Северо-Восточного Алтая и Казахстана.

Внутри каждой группы часть изолятов ВК были выделены в разные годы, тем не менее, все они обладали стопроцентной гомологией последовательностей внутри каждого генетического варианта.

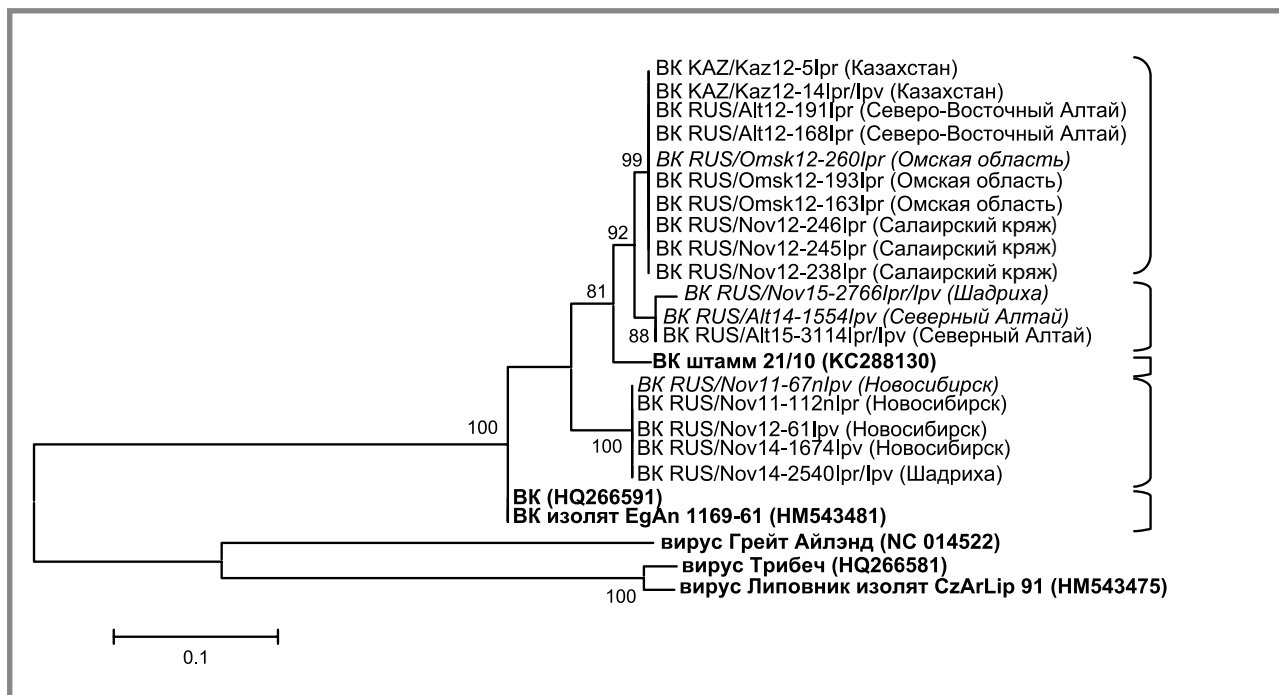
В настоящее время в базе данных GenBank содержится три последовательности сегмента 1 генома ВК: штамм EgAn 1169-61 (HM543481, HQ266591), выделенный в Египте в 1961 году из горихвостки *Phoenicurus ochruros*, и штамм 21/10 (KC288130), выделенный из клещей *I. persulcatus* в Кемеровской области в 1968 году. Как и следовало ожидать, последовательности исследуемых изолятов ВК из Новосибирской (окрестности реки Шадриха и Салаирский Кряж) и Омской областей, Северного и Северо-Восточного Алтая и Казахстана демонстрировали наибольший уровень гомологии (95 – 96%) с последовательностью штамма 21/10 ВК из Западной Сибири. Тем не менее, последовательности изолятов ВК, найденных в Ботаническом саду пригорода г. Новосибирска и окрестностях реки Шадриха Новосибирской области, обладали большей гомологией (93%) со штаммом EgAn 1169-61 ВК из Египта. Следует отметить, что последовательности исследуемых изолятов ВК, выявленные в данной работе, существенно отличались от представленных в базе данных GenBank штаммов ВК, выделенных в 60-ых годах прошлого столетия, но вследствие малой представленности последних и отсутствия штаммов ВК, выделенных на тех же территориях, что и исследуемые изоляты,

Таблица 1.

Территория	Год	I.persulcatus				I.pavlovskyi				Гибриды I.persulcatus+ I.pavlovskyi				Всего		
		Кол-во об-разцов клещей	Кол-во положит. образцов (% от общего кол-ва)			Кол-во об-разцов клещей	Кол-во положит. образцов (% от общего кол-ва)			Кол-во об-разцов клещей	Кол-во положит. образцов (% от общего кол-ва)			Кол-во об-разцов клещей	ВК	ВКЗ
			ВК	ВКЗ			ВК	ВКЗ			ВК	ВКЗ				
Ботанический сад, пригород г. Новосибирска, Новосибирская область, Россия	2011	16	1 (6,3)	0 (0,0)	104	1 (1,0)	7 (6,7)	–	–	–						
	2012	–	–	–	218	1 (0,5)	1 (0,5)	–	–	–						
	2014	36	0 (0,0)	2 (5,6)	329	1 (0,3)	17 (5,2)	52	0 (0,0)	1 (1,9)						
Окрестности реки Шадриха, пригород г. Новосибирска, Новосибирская область, Россия	2014	59	0 (0,0)	2 (3,4)	60	0 (0,0)	1 (1,7)	65	1 (1,5)	6 (9,2)						
	2015	71	0 (0,0)	8 (11,3)	50	0 (0,0)	9 (18,0)	89	1 (1,1)	2 (2,2)						
Салаирский кряж, Новосибирская область, Россия	2012	30	3 (10,0)	0 (0,0)	–	–	–	–	–	–						
Окрестности деревни Тевриз, Омская область, Россия	2011	151	0 (0,0)	5 (3,3)	–	–	–	–	–	–						
	2012	128	3 (2,3)	12 (9,4)	–	–	–	–	–	–						
Северный Алтай, Республика Алтай, Россия	2012	60	0 (0,0)	0 (0,0)	17	0 (0,0)	1 (5,9)	2	0 (0,0)	0 (0,0)						
	2014	104	0 (0,0)	5 (4,8)	108	1 (0,9)	12 (11,1)	39	0 (0,0)	2 (5,1)						
	2015	52	0 (0,0)	2 (3,8)	6	0 (0,0)	0 (0,0)	9	1 (11,1)	0 (0,0)						
Северо-Восточный Алтай, Республика Алтай, Россия	2012	36	2 (5,6)	0 (0,0)	37	0 (0,0)	0 (0,0)	6	0 (0,0)	1 (16,7)						
Юго-Западный Алтай, Восточно-Казахстанская область, Казахстан	2012	12	1 (8,3)	1 (8,3)	4	0 (0,0)	0 (0,0)	10	1 (10,0)	1 (10,0)						

Рисунок 1.

Дендрограмма филогенетического сходства изолятов ВК, найденных в иксодовых клещах с различных территорий Западной Сибири, построенная методом максимального правдоподобия (*maximum likelihood*) на основании последовательностей фрагментов сегмента 1 генома ВК (1891-2128 н.о.)



невозможно сделать однозначный вывод, связаны ли наблюдаемые различия в геномах ВК с изменением вируса во времени или с географической изменчивостью.

Анализируемые последовательности фрагмента сегмента 1 генома ВК формировали три кластера на дендрограмме (рис. 1). Кластер I включал в себя изоляты ВК из Омской области, Салаирского кряжа, Северо-Восточного Алтая и Казахстана. Кластер II содержал изоляты окрестностей реки Шадриха и Северного Алтая. Кластер III соответствовал изолятам ВК, найденным в Ботаническом саду и окрестностях реки Шадриха пригорода г. Новосибирска. Штаммы ВК из GenBank формировали отдельные кластеры IV и V, не включающие ни один из изучаемых изолятов ВК.

Для исследования генетического разнообразия изолятов ВК, были также определены последовательности фрагментов сегмента 2 изолятов вируса, выделенных в Ботаническом саду пригорода г. Новосибирска, окрестностей реки Шадриха, Омской области и Северного Алтая в 2011 – 2015 годах. Анализ уровней гомологии последовательностей показал, что изоляты ВК из окрестностей реки Шадриха, Омской области и Северного Алтая имели наибольший уровень гомологии фрагментов сегмента 1 генома со штаммом 21/10 из Западной Сибири (95%), в то время как последовательности фрагментов сегмента 2 имели больший уровень гомологии со штаммом EgAn 1169-61 из Египта (97 – 98%), что может свидетельствовать о возможной реассортации сегментов генома ВК. В это же время, изолят ВК из Ботанического сада при-

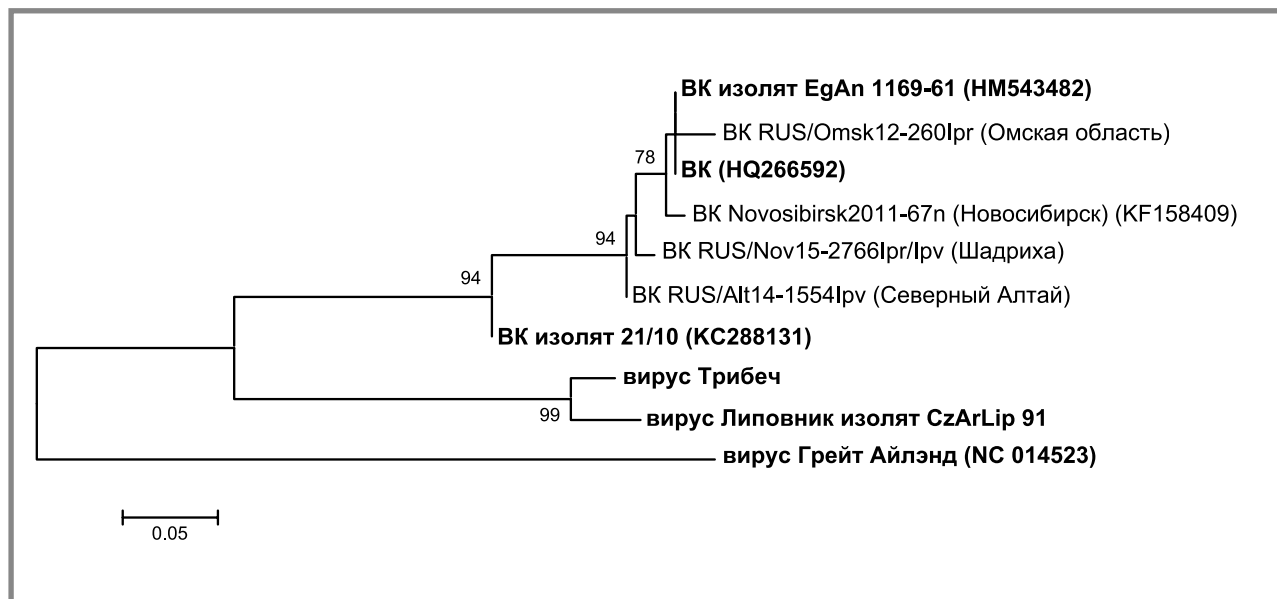
города г. Новосибирска имел высокий уровень гомологии фрагментов сегментов 1 и 2 со штаммом EgAn 1169-61 (93 и 98% соответственно). Также, возможная реассортация исследуемых изолятов ВК была подтверждена при анализе дендрограмм, основанных на последовательностях фрагментов сегментов 1 и 2 генома ВК (рис. 1, 2). Было показано, что дендрограммы имеют различную топологию, что было подтверждено статистически значимыми уровнями индексов поддержки. Полученные данные могут свидетельствовать о возможной реассортации предковых вариантов ВК в Западной Сибири, при которой произошла фиксация определенной последовательности сегмента 2 генома, кодирующего белок VP3.

Выводы

1. Показано, что ареал ВК в Западной Сибири шире, чем полагали ранее, и в дополнение к Омской и Новосибирской областям, включает в себя Северный и Северо-восточный Алтай. Также, ВК был впервые найден на территории Казахстана.
2. На большинстве исследуемых территорий Западной Сибири встречаемость ВК была достоверно меньшей, чем ВКЭ.
3. ВК был найден как в клещах *I. persulcatus* и *I. pavlovskyi*, так и в их гибридах.
4. Варианты вируса, выявленные в 2010-е годы, генетически отличаются от таковых, выделенных в 60-е годы прошлого столетия.
5. Анализ последовательностей фрагментов сегментов 1 и 2 генома выявленных изолятов

Рисунок 2.

Дендрограмма филогенетического сходства изолятов ВК, найденных в иксодовых клещах с различных территорий Западной Сибири, построенная методом максимального правдоподобия (maximum likelihood) на основании последовательностей фрагментов сегмента 2 генома ВК (357-552 н.о.)



ВК указывает на возможную реассортацию вируса.

Работа была поддержана грантом Российского научного фонда (№ 15-14-20020) (иссле-

дование клещей с территории Новосибирской области и Алтая) и грантом Министерства образования и науки (проект № № VI.55.1.1) (исследование клещей с территории Омской области и Казахстана).

Литература

- Hubalek Z., Rudolf I. Tick-borne viruses in Europe. Parasitol. Res. 2012; 111(1): 9-36. doi: 10.1007/s00436-012-2910-1.
- Gritsun T.S., Lashkevich V.A., Gould E.A. Tick-borne encephalitis. Antiviral Res. 2003; 57 (1 – 2): 129 – 146. doi: 10.1016/S0166-3542(02)00206-1.
- Chumakov M.P. Report on isolation from *Ixodes persulcatus* ticks and from patients in Western Siberia of a virus differing from agent of tick-borne encephalitis. Acta Virol. 1963; 7 (1): 82 – 83.
- Libikova H., Mayer V., Kozuch O., Rehacek J., Ernek E., Albrecht P. Isolation from *Ixodes persulcatus* ticks of cytopathic agents (Kemerovo virus) differing from tick-borne encephalitis virus and some of their properties. Acta Virol. 1964; 8: 289 – 301.
- Dedkov V.G., Markelov M.L., Gridneva K.A., Bekova M.V., Gmyl A.P., Kozlovskaya L.I., et al. Prevalence of Kemerovo virus in ixodid ticks from the Russian Federation. Ticks Tick Borne Dis. 2014; 5(6): 651-655. doi: 10.1016/j.ttbdis.2014.04.01.
- Tkachev S., Panov V., Dobler G., Tikunova N. First detection of Kemerovo virus in *Ixodes pavlovskyi* and *Ixodes persulcatus* ticks collected in Novosibirsk region, Russia. Ticks Tick-Borne Dis. 2014; 5(5): 494 – 496. doi: 10.1016/j.ttbdis.2014.03.003.
- Tkachev S.E., Livanova N.N. Разработка системы молекулярного видотипирования клещей *Ixodes persulcatus* и *Ixodes pavlovskyi*. Бюллетень ВШНЦ СО РАМН. 2012; 5(1): 325 – 327.
- Livanova N.N., Tikunov A.Yu., Kurilshikov A.M., Livanov S.G., Fomenko N.V., Taranenko D.E., et al. Genetic diversity of *Ixodes pavlovskyi* and *I. persulcatus* (Acari: Ixodidae) from the sympatric zone in the south of Western Siberia and Kazakhstan. Exp. Appl. Acarol. 2015; 67: 441–456. doi: 10.1007/s10493-015-9947-7.
- Tkachev S.E., Demina T.V., Dzhiroev Yu.P., Kozlova I.V., Verkhovina M.M., Doroshchenko E.K., et al. Genetic studies of tick-borne encephalitis virus strains from Western and Eastern Siberia. In: Flavivirus encephalitis (Ed. R. ek, D.). Croatia: InTech; 2011: 235 – 254.
- Okonechnikov K., Golosova O., Fursov M., the UGENE team. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. Bioinformatics. 2012; 28: 1166-1167. doi:10.1093/bioinformatics/bts091.
- Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipksi A., Kumar S. MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. Mol. Biol. Evol. 2013; 30: 2725-2729. doi: 10.1093/molbev/mst197.

References

- Hubalek Z., Rudolf I. Tick-borne viruses in Europe. Parasitol. Res. 2012; 111(1): 9-36. doi: 10.1007/s00436-012-2910-1.
- Gritsun T.S., Lashkevich V.A., Gould E.A. Tick-borne encephalitis. Antiviral Res. 2003; 57 (1 – 2): 129 – 146. doi: 10.1016/S0166-3542(02)00206-1.
- Chumakov M.P. Report on isolation from *Ixodes persulcatus* ticks and from patients in Western Siberia of a virus differing from agent of tick-borne encephalitis. Acta Virol. 1963; 7 (1): 82 – 83.
- Libikova H., Mayer V., Kozuch O., Rehacek J., Ernek E., Albrecht P. Isolation from *Ixodes persulcatus* ticks of cytopathic agents (Kemerovo virus) differing from tick-borne encephalitis virus and some of their properties. Acta Virol. 1964; 8: 289 – 301.
- Dedkov V.G., Markelov M.L., Gridneva K.A., Bekova M.V., Gmyl A.P., Kozlovskaya L.I., et al. Prevalence of Kemerovo virus in ixodid ticks from the Russian Federation. Ticks Tick Borne Dis. 2014; 5 (6): 651 – 655. doi: 10.1016/j.ttbdis.2014.04.01.
- Tkachev S., Panov V., Dobler G., Tikunova N. First detection of Kemerovo virus in *Ixodes pavlovskyi* and *Ixodes persulcatus* ticks collected in Novosibirsk region, Russia. Ticks Tick-Borne Dis. 2014; 5(5): 494-496. doi: 10.1016/j.ttbdis.2014.03.003.
- Tkachev S.E., Livanova N.N. The development of system for molecular species-typing of *Ixodes persulcatus* and *Ixodes pavlovskyi* ticks. Bull. Sibirskogo otdeleniya RAMN. [Bulletin of the East Siberian Scientific Center of the Siberian Branch of the Russian Academy of Medical Sciences] 2012; 5 (1): 325 – 327 (in Russian).
- Livanova N.N., Tikunov A.Yu., Kurilshikov A.M., Livanov S.G., Fomenko N.V., Taranenko D.E., et al. Genetic diversity of *Ixodes pavlovskyi* and *I. persulcatus* (Acari: Ixodidae) from the sympatric zone in the south of Western Siberia and Kazakhstan. Exp. Appl. Acarol. 2015; 67: 441 – 456. doi: 10.1007/s10493-015-9947-7.

9. Tkachev S.E., Demina T.V., Dzhioev Yu.P., Kozlova I.V., Verkhovina M.M., Doroshchenko E.K., et al. Genetic studies of tick-borne encephalitis virus strains from Western and Eastern Siberia. In: Flavivirus encephalitis (Ed. R. ek, D.). Croatia: In Tech; 2011: 235 – 254.
10. Okonechnikov K., Golosova O., Fursov M., the UGENE team. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. Bioinformatics. 2012; 28: 1166-1167. doi:10.1093/bioinformatics/bts091.
11. Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipi A., Kumar S. MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. Mol. Biol. Evol. 2013; 30: 2725-2729. doi: 10.1093/molbev/mst197.

Эпидемиологические и паразитологические аспекты и особенности профилактики инфекций, передающихся иксодовыми клещами, в Москве¹

Я.Д. Янковская¹ (yvanina@mail.ru), Н.И. Шашина² (n_shashina@mail.ru), Л.С. Карань³ (karan@pcr.ru), О.М. Германт² (o.germant@mail.ru), В.Г. Акимкин^{2,3}, (vgakimkin@yandex.ru)

¹ ФГБОУ ВО «РНИМУ им. Н.И. Пирогова» Минздрава России, Москва

² ФБУН «НИИ дезинфектологии» Роспотребнадзора, Москва

³ ФБУН «ЦНИИ эпидемиологии» Роспотребнадзора, г. Москва

Резюме

Представлен анализ эпидемиологической ситуации в Москве по инфекциям, передающимся иксодовыми клещами. Приведены показатели заболеваемости москвичей иксодовыми клещевыми боррелиозами и данные об обилии иксодид в парке «Сокольники» и примыкающей к нему части лесопарка «Лосиный Остров». Определена зараженность собранных с растительности на этой территории клещей возбудителями болезней человека. Даны рекомендации по предотвращению присасывания клещей к посетителям парка «Сокольники». Обсуждается необходимость разработки особой стратегии и тактики профилактических мероприятий на территории мегаполиса в отношении инфекций, возбудителей которых переносят иксодовые клещи.

Ключевые слова: иксодовые клещи; парки Москвы; инфекции, передающиеся клещами; неспецифическая профилактика

Epidemiological and Parasitological Aspects and Peculiarity Prevention of Infections Transmitted by Ixodid Ticks in Moscow

Y.D. Yankovskaya¹ (yvanina@mail.ru), N.I. Shashina² (n_shashina@mail.ru), L.S. Karan³ (karan@pcr.ru),

O.M. Germant² (o.germant@mail.ru), V.G. Akimkin^{2,3}, (vgakimkin@yandex.ru)

¹ Federal State Budgetary Institution of Education of Higher Training «Pirogov Russian National Research Medical University» of the Ministry of Healthcare of the Russian Federation, Moscow

² Federal Budgetary Institution of Science «Scientific Research Institute of Disinfectology», Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, Moscow

³ Federal State Institution of Science «Central Research Institute of Epidemiology» Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, Moscow

Abstract

Following article represents an analysis of the epidemiological situation of tick-borne diseases in Moscow. The study presents incidence rates of Lyme borreliosis in Moscow city population and an estimation of Ixodid ticks abundance in «Sokolniki» park and its adjacent part «Losiniy Ostrov». We estimated the prevalence of tick-borne diseases in quested ticks collected from vegetation. We developed recommendations to prevent tick bites of «Sokolniki» park visitors. The article discussed the need to develop specific strategy and tactics for the metropolis to take preventive action against tick-borne diseases.

Key words: ixodid ticks, Moscow Parks, infection transmitted by ticks, non-specific prevention

Введение

Иксодовые клещи (Ixodidae) нападают для кровососания на людей, как правило, в природных биотопах. Доказано, что особи этой группы членистоногих являются переносчиками патогенных для человека вирусов, риккетсий, бактерий, простейших.

В организме клеща может содержаться несколько возбудителей инфекций одновременно. В особой степени это относится к клещам рода *Ixodes* – основным переносчикам возбудителей клещевого энцефалита (КЭ) и иксодовых клещевых боррелиозов (ИКБ). Наибольшее эпидемическое значение

¹ Доложено на научно-практической конференции, посвященной 95-летию ФБУН «Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций» Роспотребнадзора: Актуальные проблемы эпидемиологии, микробиологии, природной очаговости болезни человека. Омск, 15 – 16 ноября 2016 г.