

Видовое разнообразие риккетсий в иксодовых клещах о. Русский (Приморский край) в 2011–2012 гг.

Н. В. Яковчиц¹, (nikolaybio@mail.ru), Р. В. Адельшин^{1,2} (adelshin@gmail.com),
Е. А. Сидорова¹ (sidorovavirusolog@ya.ru), А. Я. Никитин¹,
Е. И. Андаев¹ (e.andaev@gmail.com)

¹ФКУЗ «Иркутский научно-исследовательский противочумный институт Сибири
и Дальнего Востока» Роспотребнадзора

²ФГБОУ ВО «Иркутский государственный университет»

Резюме

Исследовано 728 иксодовых клещей четырех видов: *Ixodes persulcatus*, *I. pavlovskyi*, *Haemaphysalis concinna*, *H. japonica douglasi*, собранных на о. Русском в 2011–2012 гг. Общая зараженность риккетсиями у исследованных представителей переносчиков варьировала от 4,1 до 27,9%, причем наиболее инфицированными оказались *I. persulcatus* и *I. pavlovskyi* – 27,9 и 10,0%, соответственно. По результатам секвенирования и филогенетического анализа фрагментов генов цитрат синтазы (*glutA*) и поверхностных белков *ompA* и *ompB* установлено, что ДНК риккетсий, найденная в клещах рода *Ixodes*, принадлежит *Candidatus Rickettsia tarasevichiae*, а в клещах рода *Haemaphysalis* – *Candidatus R. principis*. ДНК возбудителей клещевого сыпного тифа – *R. sibirica* и *R. heilongjiangensis* – в исследованных клещах не обнаружена.

Ключевые слова: остров Русский, риккетсиозы, *Rickettsia tarasevichiae*, *Rickettsia principis*, ПЦР

Variety of *Rickettsia* Species in *Ixodes* Ticks at the Russian island (Primorsk Territory) in 2011–2012

N. V. Yakovchits¹ (nikolaybio@mail.ru), R. V. Adelshin^{1,2} (adelshin@gmail.com), E. A. Sidorova¹ (sidorovavirusolog@ya.ru), A. Y. Nikitin¹,
E. I. Andaev¹ (e.andaev@gmail.com)

¹Federal Budgetary Healthcare Facility «Irkutsk Anti-plague Research Institute of Siberia and Far East» of Federal Service
for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing

²Federal State Autonomous Educational Institution of Higher Education «Irkutsk State University»

Abstract

Total 728 *Ixodes* ticks of four species: *Ixodes persulcatus*, *I. pavlovskyi*, *Haemaphysalis concinna*, *H. japonica douglasi* collected at the Russian island in 2011–2012 were investigated. Common *Rickettsia* infection rate in the tested vectors varied from 4.1 to 27.9%, and the most infected representatives turned out *I. persulcatus* and *I. pavlovskyi* – 27.9 and 10.0%, respectively. Sequencing and the phylogenetic analysis of fragments of citrate synthase genes (*glutA*) and *ompA* and *ompB* surface proteins revealed *Rickettsia* DNA in ticks of *Ixodes* genus belonging to *Candidatus Rickettsia tarasevichiae*, and in ticks of *Haemaphysalis* genus – to *Candidatus R. principis*. DNA of tick-borne epidemic typhus agent – *R. sibirica* and *R. heilongjiangensis*, failed to find in the ticks tested.

Key words: Russian island, rickettsia, *Rickettsia tarasevichiae*, *Rickettsia principis*, PCR

Введение

Представители рода *Rickettsia* – облигатные внутриклеточные грамотрицательные бактерии – являются симбионтами ряда членистоногих и многие из них патогенны для позвоночных, в том числе для человека.

Риккетсий традиционно подразделяют на две группы по вызываемым ими заболеваниям: клещевой пятнистой лихорадки (КПЛ) и сыпного тифа (СТ). По мере накопления информации о нуклеотидных последовательностях, в роде *Rickettsia*, с помощью филогенетического анализа, выделяют также большое число подгрупп [1–4].

На территории нашей страны они представлены не все и распространены неравномерно. Согласно имеющимся данным [5], на Дальнем

Востоке циркулируют *R. sibirica*, *R. heilongjiangensis*, *R. raoultii*, *Candidatus R. tarasevichiae* и *Candidatus R. principis*.

Особенность Приморского края – высокий уровень видового разнообразия иксодовых клещей [6–9], из которых массовыми являются: *Ixodes persulcatus* Schulze, 1930, *Haemaphysalis concinna* Koch, 1844, *H. japonica douglasi* Nuttall et Warburton, 1915, *Dermacentor silvarum* Olenov, 1932. Кроме того, на западном макросклоне Сихотэ-Алиня и на некоторых островах Японского моря высокой численности достигает *I. pavlovskyi* Pomerantzev, 1946 [7–10].

Высокое разнообразие фауны иксодид создает предпосылки для циркуляции на территории Приморского края различных видов *Rickettsia*,

в том числе, опасных для человека. В соответствии со спектром выявленных в Приморье видов риккетсий у населения регистрируется заболеваемость клещевым риккетсиозом (КР). В частности, в г. Владивостоке, к территории которого, согласно административному делению, относится о. Русский, средний уровень заболеваемости КР в 2001–2010 гг. составил 2,5 на 100 тыс. населения (максимальный в 2001 г. – 3,95; минимальный в 2005 г. – 1,61) [11]. Отмечены случаи заболевания людей риккетсиозами и на о. Русском [12, 13].

В связи с тем, что Постановлением Правительства РФ от 31 марта 2010 г. № 201 на о. Русском создана туристско-рекреационная особая экономическая зона, а в 2012 г. построены Дальневосточный федеральный университет, океанариум, мостовой переход на материк, произошло многократное усиление антропогенной нагрузки на экосистему острова, который до этого был малонаселенным.

Цель исследования – определение видового разнообразия риккетсий в иксодовых клещах, собранных на о. Русском, до увеличения антропогенного воздействия на его экосистему.

Материалы и методы

Имаго иксодовых клещей собирали с растительности на о. Русском в 2011 г. (13–19 мая) и 2012 г. (14–19 мая) по общепринятой методике [14]. Их видовая идентификация проведена на основе анализа морфологических признаков [6].

Собранных клещей отмывали в 70% этиловом спирте и гомогенизировали индивидуально. Суммарную нуклеиновую кислоту выделяли из суспензий клещей с использованием набора «РибоПреп» (Ампли-Сенс, г. Москва) согласно инструкции производителя. Методом ПЦР исследовали 728 иксодовых клещей четырех видов (*I. persulcatus*, *I. pavlovskyi*, *H. concinna*, *H. japonica douglasi*) на наличие ДНК риккетсий с набором реактивов ПЦР-РВ (ЗАО «Синтол», г. Москва) и праймерами, комплементарными участку гена 16S рРНК микроорганизмов порядка Rickettsiales (праймеры и условия проведения ПЦР любезно предоставлены Карань Л.С.). Для амплификации и последующего определения нуклеотидных последовательностей фрагментов генов, использовали праймеры, представленные в таблице 1. Секвенирование прово-

дили с использованием набора BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit v. 1.1. (Applied Biosystems) на генетическом анализаторе ABI Genetic Analyzer 3500 xL. Полученные нуклеотидные последовательности анализировали при помощи программ Vector NTI v. 9.0 и BioEdit v. 7.1.5.0 [18], для филогенетического анализа использовали программу MEGA 5 [19].

Результаты и обсуждение

При исследовании фауны иксодовых клещей на о. Русском в 2011–2012 гг. выявлено пять видов: *I. persulcatus* (доля в сборах – 39,7%), *I. pavlovskyi* (17,1%), *H. concinna* (36,1%), *H. japonica douglasi* (6,7%), *D. silvarum* (0,4%). Суммарное обилие клещей колеблется по учетам от 9,0 до 63,0 особей на флажок/час [10]. Таким образом, по сравнению с исследованиями, проведенными на острове в последнее двадцатилетие XX века [8], фауна иксодид претерпела существенное изменение, выразившееся в массовом распространении *I. pavlovskyi* и снижению встречаемости *D. silvarum*. Последнее не позволило исследовать этот вид на инфицированность его риккетсиями.

Исследование методом ПЦР индивидуальных суспензий имаго иксодовых клещей (рис. 1) выявило, что наиболее инфицированными риккетсиями оказались *I. persulcatus* и *I. pavlovskyi* – 27,9 и 10,0% соответственно.

Высокое содержание маркеров риккетсий у *I. persulcatus* известно и для других эндемичных по клещевым риккетсиозам территорий [9, 12, 20, 21]. Вместе с тем, в ряде исследований показано, что среди риккетсий, выявляемых у клещей этого вида, значительная доля приходится на непатогенные для человека [22].

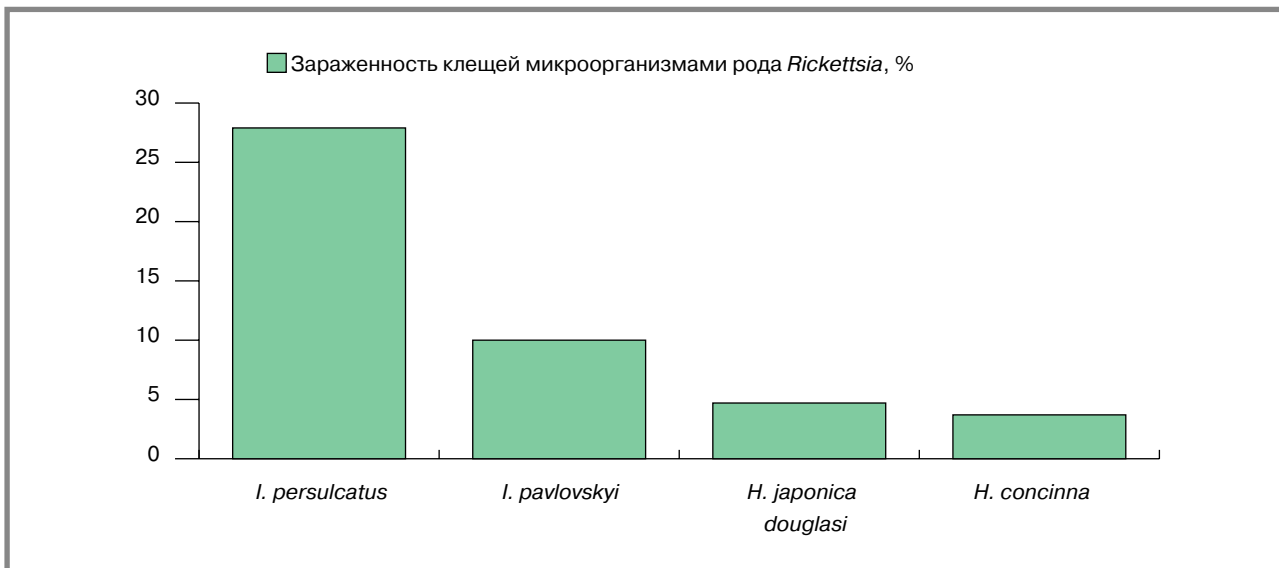
На рисунке 2 приведено филогенетическое древо, построенное по результатам секвенирования фрагмента гена *gltA* риккетсий. Нуклеотидные последовательности ДНК риккетсий из клещей *I. persulcatus* и *I. pavlovskyi* объединяются в группу с *R. canadensis* (сходство 96,76%) и *R. tarasevichiae* (99,71%). Участки гена *gltA*, обнаруженные в образцах ДНК, выделенной из клещей *H. concinna* № 1 и *H. japonica douglasi* № 10, образуют подгруппу с *Candidatus R. principis*.

Топология дендрограммы, построенной на основе нуклеотидных последовательностей фрагмента

Таблица 1.
Праймеры, использованные для секвенирования

Ген	Размер ампликона п.н.	Последовательность праймеров (5'-3') и их положение	Источник
<i>gltA</i>	355	CS535d GCAATGTCTTATAAATATTC (535-554) CS890r GCTTTAGCTACATATTTAGG (890-871)	Roux et al., 1997 [15]
<i>ompA</i>	661	Rr190.70p ATGGCGAATATTTCTCCAAAA (70-90) 190-701r GTTCCGTTAATGGCAGCATCT (701-681)	Roux et al., 1996 [16]
<i>ompB</i>	368	RtsfF GGGTGTAGGTCAGAACGTTACAACATTT (3675-3702) RtsfR CCAGCTAAACCGCCTTTCTTACTTT (4043-4019)	Roux, Raoult, 2000 [17]

Рисунок 1.

Зараженность клещей микроорганизмами рода *Rickettsia* (%)

гена *ompB* риккетсий, сходна с топологией древа на основе участка гена цитратсинтазы *glTA*. Так как нуклеотидные последовательности гена *ompB* *Candidatus R. tarasevichiae* и *Candidatus R. principis* отсутствуют в базе данных GenBank, в анализе они не использовались. Фрагменты гена *ompB* ДНК риккетсий, обнаруженной в клещах рода *Ixodes*, входят в один кластер с последовательностью *R. canadensis* (сходство 91,75%). Последовательности фрагмента гена *ompB* ДНК риккетсий, выявленные в клещах рода *Haemaphysalis* (*H. concinna* № 1 и *H. japonica douglasi* № 10), так же как и в древе на основе фрагмента гена *glTA* (см. рис. 2), входят в группу КПЛ, образуя отдельный подкластер. Кроме того, в эту же группу вошла последовательность образца *H. japonica douglasi* № 199, для которого не удалось получить ПЦР-продукт *glTA*. При анализе сходства этих фрагментов с участками ДНК других видов риккетсий установлено их наибольшее сходство с *R. tamurae* (93,73–94,82%), *Candidatus R. tasmanensis* (93,69–94,79%) и *R. japonica* (93,41–94,51%).

Филогенетические отношения фрагментов гена *ompA* из образцов ДНК клещей рода *Haemaphysalis* не анализировали, так как с помощью использованных нами праймеров не удалось получить ПЦР-продукт. Нуклеотидные последовательности фрагментов этого гена, обнаруженные в образцах *I. persulcatus* и *I. pavlovskyi* идентичны *Candidatus R. tarasevichiae* на 99,33%.

Обобщение данных анализа, показало, что исследованные фрагменты генов ДНК риккетсий разделяются на две группы. Образцы из клещей рода *Ixodes*, кластеризуются с последовательностями *glTA* и *ompA*, принадлежащими *Candidatus R. tarasevichiae*, которая выявлена на территории России в начале 2000-х годов [23]. Обнаружение этой риккетсии представляет интерес в связи

с тем, что имеются данные о способности этого микроорганизма вызывать заболевания людей. Так, в 2012 г. в Китае методом ПЦР в образцах крови и биоптатов кожи людей, заболевших после укуса клещей, была выявлена ДНК риккетсий. Определение нуклеотидной последовательности генов *glTA* и *ompA* показало, что генетический материал принадлежит *Candidatus R. tarasevichiae* [24]. По данным Н.В. Рудакова с соавт. [25], в Алтайском крае и Омской области, где отмечена зараженность этой риккетсией клещей *I. persulcatus*, среди больных с клиникой клещевых риккетсиозов (КР) выявлены IgM и IgG к *Candidatus R. tarasevichiae*. Исходя из этого, можно полагать, что некоторая часть заболеваний КР может быть обусловлена данным микроорганизмом.

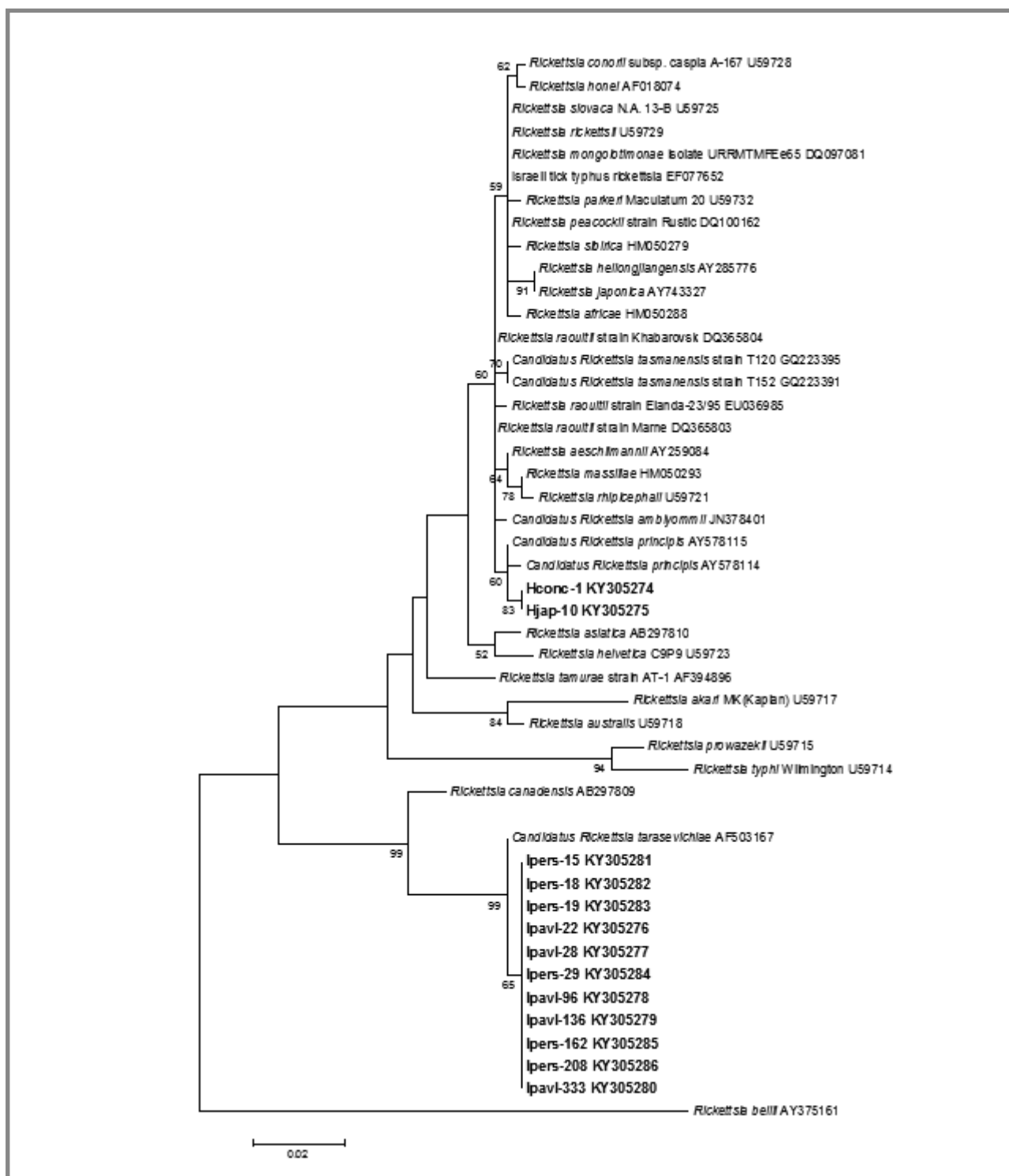
Последовательности риккетсиальной ДНК, обнаруженной в клещах рода *Haemaphysalis*, образуют отдельный кластер в группе КПЛ и, возможно, принадлежат кандидату в новый вид риккетсий *Candidatus R. principis*.

Расшифровать последовательности участка гена *ompA* для образцов ДНК риккетсий из клещей *Haemaphysalis* мы не смогли, так как не удалось получить целевой ПЦР продукт. Связано это, по всей видимости, с тем, что праймеры, используемые для наработки целевого продукта, оказались неспецифичны для участка гена данных образцов. Аналогичную проблему, возникшую при попытках амплификации некоторых генов у разных видов риккетсий, описывает С.Н. Шпынов с соавт. [23].

Выводы

1. Молекулярно-генетическими методами установлено наличие ДНК двух кандидатов в новые виды риккетсий: *Candidatus R. tarasevichiae*, и *Candidatus R. principis*,

Рисунок 2.



относящихся к разным филогенетическим группам, в четырех видах иксодовых клещей (*I. persulcatus*, *I. pavlovskyi*, *H. concinna*, *H. japonica douglasi*), собранных на о. Русский до начала его активной антропогенной трансформации (2011–2012 гг.).

2. Индивидуальная зараженность риккетсиями варьировала у отдельных видов иксодовых клещей от 4,1% (*H. concinna*) до 27,9% (*I. persulcatus*). Зараженность нового для фауны иксодовых клещей

щей на острове вида переносчика – *I. pavlovskyi* [10] составила 10.0%.

3. Выявлена связь между родом иксодовых клещей и видом риккетсий. Так, в клещах *Ixodes* обнаружена ДНК *Candidatus R. tarasevichiae*, а в клещах *Haemaphysalis* – *Candidatus R. principis*. ДНК распространенных на других территориях возбудителей КР, – *R. sibirica* и *R. heilongjiangensis* – в исследованных иксодовых клещах не обнаружена.

Литература

- Weinert L., Werren J., Aebi A., Stone G., Jiggins F., Evolution and diversity of Rickettsia bacteria. BMC Biology. 2009; 7 (6). Доступно на: <http://bmcbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/1741-7007-7-6>
- Merhej V., Raoult D. Rickettsial evolution in the light of comparative genomics. Biol. Rev. 2011; 86: 379–405.
- Sahni S. K., Narra H. P., Sahni A., Walker D. H. Resent molecular insight into rickettsial pathogenesis and immunity. Future Mikrobiol. 2013; 8 (10): 1265–1288.
- Merhej V., Angelakis E., Socolovschi C., Raoult D. Genotyping, evolution and epidemiological findings of Rickettsia species. Infect. Genet. Evol. 2014; 25: 122–137.
- Шпынов С. Н., Рудаков Н. В. Иксодовые клещи как хозяева риккетсий в Российской Федерации. Национальные приоритеты России. 2011; 2: 36–38.
- Филиппова Н. А. Иксодовые клещи подсем. Ixodinae. В кн.: Фауна СССР. Паукообразные. Л.: Изд-во АН СССР; 1977; 4: 396.
- Филиппова Н. А. Многоступенчатый механизм репродуктивной изоляции близкородственных видов *Ixodes persulcatus* и *I. pavlovskyi* (Ixodidae) в области симпатрии. Паразитология. 2001; 35 (5): 361–375.
- Колонин Г. В. Материалы по фауне иксодовых клещей юга Приморского края. Паразитология. 1986; 20 (1): 15–18.
- Болотин Е. И., Бурухина Е. Г. Некоторые экологические особенности клещевых природно-очаговых инфекций в Приморском крае. Паразитология. 2009; 3 (11): 225–229.
- Балахонов С. В., Никитин А. Я., Зверева Т. В., Адельшин Р. В., Алленов А. В., Андаев Е. И. и др. Эпизоотологическое обследование острова Русский и меры, необходимые для предотвращения заболеваемости населения и участников саммита АТЭС инфекциями, передающимися иксодовыми клещами. Проблемы особо опасных инфекций. 2012; 2 (112): 5–8.
- Балахонов С. В., Чеснокова М. В., Андаев Е. И., Косилко С. А., Никитин А. Я. Обеспечение санитарно-эпидемиологического благополучия в период подготовки и проведения Саммита АТЭС-2012. Новосибирск: Наука-Центр; 2013: 419.
- Бурухина Е. Г., Жебровская Е. В., Петрова Н. К., Просьянникова М. Н., Захарова Г. А., Симонов С. Б. Иксодовые клещи и их эпизоотологическое значение на острове Русский. Здоровье. Медицинская экология. 2012; 3–4 (49–50): 187–190.
- Бурухина Е. Г., Симонов С. Б., Симонов П. С., Симонова Т. Л., Жебровская Е. В. Мышевидные грызуны и их роль в поддержании природно-очаговых инфекций на острове Русский. Здоровье. Медицинская экология. 2012; 3–4 (49–50): 185–187.
- Сбор, учет и подготовка к лабораторному исследованию кровососущих членистоногих в природных очагах опасных инфекционных болезней: Методические указания 3.1.3012. М.: Федеральный центр гигиены и эпидемиологии Роспотребнадзора; 2012.
- Roux V., Rydkina E., Ereemeeva M., Raoult D. Citrate synthase gene comparson, a new tool for phylogenetic analysis, and application for the Rickettsiae. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 1997; 4: 252–261.
- Roux V., Fournier P.-E., Raoult D. Differentiation of Spotted Fever Group Rickettsiae by Sequencing and Analysis of Restriction Fragment Length Polymorphism of PCR Amplified DNA of the Gene Encoding the Protein rOmpA. J. Clin. Microbiol. 1996; 9: 2058–2065.
- Roux V., Raoult D. Phylogenetic analysis of members of the genus Rickettsia using the gene encoding the outer-membrane protein rOmpB (ompB). Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 2000; 50: 1449–1455.
- Hall T. A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. Nucl. Acids. Symp. 1999. Ser. 41: 95–98.
- Tamura K., Dudley J., Nei M., Kumar S. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. Mol. Biol. Evol. 2007; 24: 1596–1599.
- Шереметев И. С. Наземные млекопитающие островов залива Петра Великого (Японское море): Автореф. дис. ... канд. биол. наук. 2001.
- Симонов С. Б., Симонов П. С., Симонова Т. Л., Борисова Т. С. Мышевидные грызуны острова Русский (Южное Приморье). Зоол. журн. 2010; 11 (89): 1366–1373.
- Никитин А. Я., Гордейко Н. С., Алленов А. В. Временные изменения в структуре сообществ мелких млекопитающих в Уссурийском районе и на острове Русский в Приморском крае. Национальные приоритеты России. 2014. 3 (13): 59–62.
- Рудаков Н. В., Оберт А. С. Клещевой риккетсиоз. Омск: ОмГМА, 2001.
- Козлова И. В., Злобин В. И., Воробьева М. С. Экспресс-диагностика иксодовых клещевых инфекций. М.: ООО «Компания БОРГЕС»; 2009.
- Чausov Е. В., Терновой В. А., Протопопова Е. В., Коновалова С. Н. и др. Генетическое разнообразие инфекционных агентов, переносимых иксодовыми клещами в г. Томске и его пригородах. Паразитология. 2009; 5 (43): 374–389.
- Шпынов С. Н., Рудаков Н. В., Fournier P.-E., Raoult D. Выявление нового вида риккетсий в клещах *Ixodes persulcatus* в России. Мед. паразит. и паразитарн. болезн. 2005; 2: 6–9.
- Jia N., Zheng Y.-C., Jiang J.-F., Ma L., Cao W.-C. Human Infection with Candidatus Rickettsia tarasevichiae. N. Engl. J. Med. 2013; 12 (369): 1178–1180.
- Рудаков Н. В., Шпынов С. Н., Самойленко И. Е., Кумпан Л. В., Коломеец А. Н., Абрамова Н. В., и др. Актуальные аспекты изучения Candidatus Rickettsia tarasevichiae. Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. 2015; 6: 14–19.

References

- Weinert L., Werren J., Aebi A., Stone G., Jiggins F., Evolution and diversity of Rickettsia bacteria. BMC Biology. 2009; 7 (6). Available at: <http://bmcbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/1741-7007-7-6>
- Merhej V., Raoult D. Rickettsial evolution in the light of comparative genomics. Biol. Rev. 2011; 86: 379–405.
- Sahni S. K., Narra H. P., Sahni A., Walker D. H. Resent molecular insight into rickettsial pathogenesis and immunity. Future Mikrobiol. 2013; 8 (10): 1265–1288.
- Merhej V., Angelakis E., Socolovschi C., Raoult D. Genotyping, evolution and epidemiological findings of Rickettsia species. Infect. Genet. Evol. 2014; 25: 122–137.
- Shpynov S. N., Rudakov N. V. Ticks as a reservoir of rickettsiae in the Russian Federation. National priorities of Russia. 2011; 2: 36–38 (in Russian).
- Filippova N. A. Ixodes ticks subfamily of Ixodidae. In book: Fauna SSSR: Arachnids. Leningrad: AOS SSSR; 1977; 4: 396 (in Russian).
- Filippova N. A. Multistage mechanism of reproductive isolation of closely related species *Ixodes persulcatus* and *I. pavlovskyi* (Ixodidae) in sympatric area. Parasitologia. [Parasitology]. 2001; 35 (5): 361–375 (in Russian).
- Kolonin G. V. Materials on the fauna of ticks south of Primorsky Krai. Parasitologia. [Parasitology]. 1986; 20 (1): 15–18 (in Russian).
- Bolotin E. I., Burukhina E. G. Some ecological features of tick natural focal infections in Primorsky Krai. Parazitologiya. 2009; 3 (11): 225–229 (in Russian).
- Balakhonov S. V., Nikitin A. Ya., Zvereva T. V., Adelshin R. V., Allenov A. V., Andae E. I. et al. Epizootology survey of the Russian island, and the measures necessary to prevent morbidity and participants of the APEC summit transmitted infections ticks. Problemi osobo opasnih infekcy. [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2012; 2 (112): 5–8 (in Russian).
- Balakhonov S. V., Chesnokova M. V., Andae E. I., Kosilko S. A., Nikitin A. Ya. Providing health and disease in the period of preparation and holding of the 2012 APEC Summit. Novosibirsk: Science-Center; 2013: 419 (in Russian).
- Burukhina E. G., Zhebrovskaya E. V., Petrova N. K., Prosyannikova M. N., Zakharova G. A., Simonov S. B. Ticks and their values on the epizootic I. Russian. Zdorov'e, Medicinskaya ekologiya. Nauka. [Health. Medical ecology. Science]. 2012; 3–4 (49–50): 187–190 (in Russian).
- Burukhina E. G., Simonov P. S., Simonova T. L., Zhebrovskaya E. V. Rodents and their role in maintaining the natural focal infections Island Russian. Zdorov'e, Medicinskaya ekologiya. Nauka. [Health. Medical ecology. Science]. 2012; 3–4 (49–50): 185–187 (in Russian).
- Collection, registration and preparation for laboratory testing of blood-sucking arthropods in natural foci of infectious diseases: Guidelines 3.1.3012. Moscow: Federal Center of Hygiene and Epidemiology of Rosпотребнадзор; 2012 (in Russian).
- Roux V., Rydkina E., Ereemeeva M., Raoult D. Citrate synthase gene comparson, a new tool for phylogenetic analysis, and application for the Rickettsiae. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 1997; 4: 252–261.
- Roux V., Fournier P.-E., Raoult D. Differentiation of Spotted Fever Group Rickettsiae by Sequencing and Analysis of Restriction Fragment Length Polymorphism of PCR Amplified DNA of the Gene Encoding the Protein rOmpA. J. Clin. Microbiol. 1996; 9: 2058–2065.
- Roux V., Raoult D. Phylogenetic analysis of members of the genus Rickettsia using the gene encoding the outer-membrane protein rOmpB (ompB). Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 2000; 50: 1449–1455.
- Hall T. A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. Nucl. Acids. Symp. 1999; 41: 95–98.
- Tamura K., Dudley J., Nei M., Kumar S. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. Mol. Biol. Evol. 2007; 24: 1596–1599.
- Sheremetev I. S. Terrestrial mammals on islands of Peter the Great Bay (Japanese Sea). PhD of phys. and math. sci. diss. Moscow; 2001 (in Russian).
- Simonov S. B., Simonov P. S., Simonova T. L., Borisova T. S. Rodents of Russian island (Southern Primorye). Zoologicheskij Zhurnal. [Zoological Journal]. 2010; 11 (89): 1366–1373 (in Russian).
- Nikitin A. Ya., Gordeyko N. S., Allenov A. V. Temporal changes in the structure of communities of small mammals in the Ussuri region and on the island of Russian in Primorsky Krai. National priorities of Russia. 2014. 3 (13): 59–62 (in Russian).
- Rudakov N. V., Obert A. S. Tick-borne rickettsial disease. Omsk: Omsk state medical academy; 2001 (in Russian).
- Kozlova I. V., Zlobin V. I., Vorobeva M. S. Rapid diagnosis of Ixodes tick-borne infections. Moscow; Borges Ltd.; 2009 (in Russian).
- Chausov E. V., Ternovoy V. A., Protopopova E. V., Konovalova S. N. Genetic diversity of ixodes tick-borne pathogens in Tomsk city and suburbs. Parazitologiya. [Parasitology]. 2009; 5 (43): 374–389 (in Russian).
- Shpynov S. N., Rudakov N. V., Fournier P.-E., Raoult D. Detection of a new species of Rickettsiae in the tick Ixodes persulcatus in Russia. Medicinskaya parazitologiya i parazitarnie bolezni. [Medical Parasitology and Parasitic Diseases]. 2005; 2: 6–9 (in Russian).
- Jia N., Zheng Y.-C., Jiang J.-F., Ma L., Cao W.-C. Human Infection with Candidatus Rickettsia tarasevichiae. N. Engl. J. Med. 2013; 12 (369): 1178–1180.
- Rudakov N. V., Shpynov S. N., Samoylenko I. E., Kumpan L. V., Kolomeets A. N., Abramova N. V. et al. Actual aspects of studying Candidatus Rickettsia tarasevichiae. Epidemiologiya i infektsionnye bolezni. Aktualnye voprosy. [Epidemiology and Infectious Diseases. Current Items]. 2015; 6: 14–19 (in Russian).