

## Заражённость клещей *Ixodes persulcatus* бактериальными и вирусными агентами в республике Карелия

Научный руководитель – Холодилов Иван Сергеевич

**Иванникова Анна Ярославна**

Выпускник (бакалавр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Москва, Россия  
E-mail: ya-annushka@mail.ru

Иксодовые клещи являются переносчиками большого количества бактериальных агентов и известных арбовирусов, в том числе вируса клещевого энцефалита (ВКЭ). В последнее время возрос интерес к вирусам клещей, так как они могут влиять на заражённость клещей известными арбовирусами.

Целью работы было изучение зараженности клещей *Ixodes persulcatus*, собранных в республике Карелия, патогенными для человека бактериями и вирусными агентами родов *Flavivirus* и *Phlebovirus*, а так же изоляция и изучение свойств найденных вирусов.

584 клеща, объединённых в 153 пула, анализировали методом real-time ПЦР с использованием набора реагентов для выявления РНК/ДНК возбудителей инфекций, передающихся иксодовыми клещами, АмплиСенс® TBEV, *B.burgdorferi* s.l, *A.phagocytophillum*, *E.chaffeensis*/ *E.muris*-FL. Было выявлено 55 пулов, заражённых ВКЭ, 96 пулов, заражённых боррелиями и 4 пула, заражённых эрлихиями. Минимальная заражённость для ВКЭ она составила 9,4%, для боррелий- 16,4%, для эрлихий- 0,7%.

Положительные на ВКЭ по результатам real-time ПЦР клещевые пассировались 2 раза в культуре клеток почек эмбрионов свиньи (СПЭВ), было изолировано 3 штамма вируса. Полученной при 2 пассаже культуральной жидкостью инфицировали мозг мыши, был изолирован ещё 1 штамм. Эффективность изоляции составила 5,5%.

С помощью праймеров на род *Flavivirus* [2] был исследован 351 клещ, объединённый в 94 пула. Было изолировано 2 штамма ВКЭ.

Всего с помощью пан-*Flavivirus* праймеров был исследован 891 клещ, объединённый в 235 пулов. Был изолирован 1 штамм вируса *Alongshan* группы *Jingmenvirus*. Данный вирус способен длительно персистировать в культуре клеток клещей IRE19/CTMV. Минимальная заражённость вирусом *Alongshan* составила 0,11%.

С помощью праймеров на род *Phlebovirus* [1] был исследован 291 клещ, объединённый в 70 пулов. Выделено 2 новых вируса: *Gomselga* (4 штамма) и *Pedaselga* (1 штамм). Минимальная заражённость вирусом *Gomselga* составила 5,7%, вирусом *Pedaselga* 1,4%.

В клещах *I. persulcatus* на территории республики Карелия показан высокий уровень циркуляции ВКЭ, вируса *Gomselga* рода *Phlebovirus* и *Borrelia burgdorferi* s.l и относительно низкий уровень циркуляции вируса *Alongshan* группы *Jingmenvirus*, вируса *Pedaselga* рода *Phlebovirus*, бактерий *Ehrlichia chaffeensis* и/или *Ehrlichia muris*.

### Источники и литература

- 1) Klimentov A.S., Butenko A.M., Khutoretskaya N.V., Shustova E.Yu., Larichev V.F., Isaeva O.V., Karganova G.G., Lukashev A.N. , Gmyl A.P. Development of pan-phlebovirus RT-PCR assay// Journal of Virological Methods. 2016. V. 232. P. 29–32
- 2) Scaramozzino, N., Crance J.M., Jouan A., De Briel D.A., Stoll F, Garin D. Comparison of Flavivirus universal primer pairs and development of a rapid, highly sensitive heminested

reverse transcription-PCR assay for detection of flaviviruses targeted to a conserved region of the NS5 gene sequences // J Clin. Microbiol. 2001. V. 39(5). P. 1922-1927