

DOI: 10.12731/2658-6649-2023-15-4-210-235

УДК 579.62



Научная статья

ЭПИЗООТИЧЕСКАЯ СИТУАЦИЯ В ОТНОШЕНИИ ГЕМОПАРАЗИТАРНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ В ИРКУТСКОЙ ОБЛАСТИ

*О.В. Сунцова, В.А. Рар, О.В. Лисак, И.В. Мельцов, Е.К. Дорощенко,
Ю.С. Савинова, А.Ю. Тикун, И.В. Козлова*

Актуальность. Анаплазмозы и бабезиозы крупного и мелкого рогатого скота и тейлериозы лошадей – это группа природно-очаговых трансмиссивных заболеваний, которые наносят значительный экономический ущерб скотоводству и коневодству всего мира. На территории Байкальского региона эти заболевания и их возбудители остаются мало исследованными.

Цель: изучить эпизоотическую ситуацию по кровепаразитарным заболеваниям сельскохозяйственных животных в Иркутской области, установить видовую принадлежность выявленных возбудителей и их генетическое разнообразие.

Материалы и методы. На наличие ДНК *Babesia spp./Theileria spp.* и *Anaplasma spp.* исследовано 659 образцов крови лошадей, 579 образцов крови овец, 25 образцов крови коз и 647 образцов крови КРС. Для детекции бабезий и тейлериий использована гнездовая двухраундовая ПЦР с праймерами из области гена 18S рРНК, а для выявления ДНК анаплазм с праймерами из области гена 16S рРНК. Для изучения генетического разнообразия выявленных возбудителей проводилось выборочное секвенирование образцов с последующим филогенетическим анализом.

Результаты. ДНК *Anaplasma spp.* была детектирована в образцах крови мелкого рогатого скота (МРС) из 12 районов области. Инфицированность овец и коз составила $68,7 \pm 1,9\%$ и $68\% \pm 9,3\%$ соответственно. Определены нуклеотидные последовательности фрагмента гена 16S рРНК у 68 образцов *A. ovis* из крови овец и коз. Исследованные последовательности были консервативными по исследованному гену и различались между собой по двум гетерозиготным сайтам гена (Т/С и G/A нуклеотидные замены). Они соот-

ветствовали последовательностям типового штамма *Haibei* (CP015994), а также последовательностям *A. ovis*, обнаруженным ранее в крови овец из Алтая (Россия) и Монголии, оленей и клещей *D. niveus* и *D. nuttalli* из Китая.

ДНК *Babesia spp./Theileria spp.* обнаружена в образцах крови лошадей, из 13 районов области. Средняя инфицированность лошадей составила $64,2\% \pm 1,9\%$. В крови обследуемых лошадей обнаружено два этиологических агента пироплазмоза лошадей: *T. equi* (генетические группы A и E) и *B. caballi*. Определенные последовательности гена 18S рРНК *B. caballi* (длиной 700-1146 н.п.) были идентичны между собой и отличались не менее десятью заменами и одной делецией от последовательностей, доступных в базе данных GenBank. При этом наибольшее сходство наблюдалось с последовательностями *B. caballi*, обнаруженными в крови лошади из Бразилии (KY952238), клещах из Казахстана (MN907451) и Китая (MN173021).

В крови крупного рогатого скота ДНК анаплазм и бабезий не выявлена.

Заключение: получены данные, свидетельствующие о широком распространении очагов анаплазмоза МРС и пироплазмоза лошадей на территории Иркутской области и необходимости продолжения мониторинга за их эпизоотическим состоянием.

Ключевые слова: анаплазмоз; бабезиоз; тейлериоз; пироплазмоз; гемопаразитарные заболевания, эпизоотическая ситуация

Для цитирования. Сунцова О.В., Рар В.А., Лисак О.В., Мельцов И.В., Дорошенко Е.К., Савинова Ю.С., Тикуннов А.Ю., Козлова И.В. Эпизоотическая ситуация в отношении гемопаразитарных заболеваний сельскохозяйственных животных в Иркутской области // *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*. 2023. Т. 15, №4. С. 210-235. DOI: 10.12731/2658-6649-2023-15-4-210-235

Original article

EPIZOOTIC SITUATION OF HEMOPARASITIC DISEASES OF FARM ANIMALS IN IRKUTSK REGION

O.V. Suntsova, V.A. Rar, O.V. Lisak, I.V. Meltsov, E.K. Doroshchenko, Yu.S. Savinova, A.Yu. Tikunov, I.V. Kozlova

Background. Cattle anaplasmosis and babesiosis and theileriosis of horses are a group of natural focal vector-borne diseases that cause significant economic damage to livestock and horse breeding around the world. On the territory of the Baikal region these diseases and their pathogens remain little explored.

Purpose – to study the epizootic situation of blood-parasitic diseases of farm animals in the Irkutsk region, to establish the species affiliation of the identified pathogens and their genetic diversity.

Materials and methods. For the presence of *Babesia* spp./*Theileria* spp. and *Anaplasma* spp. has been researched 659 horse blood samples, 579 sheep blood samples, 25 goat blood samples and 647 cattle blood samples. For the detection of babesia and theileria, nested two-round PCR with primers from the 18S rRNA gene region was used, and for the detection of anaplasma DNA with primers from the 16S rRNA gene region. For study the genetic diversity of the identified pathogens, selective sequencing of samples was carried out with subsequent phylogenetic analysis.

Results. The DNA of *Anaplasma* spp. was detected in blood samples of small ruminants from 12 districts of the region. The infection rate of sheep and goats was $68.7 \pm 1.9\%$ and $68\% \pm 9.3\%$, respectively. Nucleotide sequences of the 16S rRNA gene fragment were determined in 68 *A. ovis* samples from the blood of sheep and goats. The researched sequences were conservative for the studied gene and differed from each other in two heterozygous sites of the gene (T/C and G/A nucleotide substitutions). They corresponded to the sequences of the prototype strain Haibei (CP015994), as well as to the *A. ovis* sequences previously found in the blood of sheep from Altai (Russia) and Mongolia, deer and *D. niveus* and *D. nuttalli* ticks from China.

DNA of *Babesia* spp./*Theileria* spp. found in blood samples of horses from 13 districts of the region. The average infection of horses was $64.2\% \pm 1.9\%$. Two etiological agents of equine piroplasmiasis were found in the blood of the examined horses: *T. equi* (genetic groups A and E) and *B. caballi*. Definite sequences of the *B. caballi* 18S rRNA gene (700–1146 bp) were identical to each other and differed by at least ten substitutions and one deletion from the sequences available in the GenBank database. However, the greatest similarity was observed with *B. caballi* sequences found in the blood of a horse from Brazil (KY952238), ticks from Kazakhstan (MN907451) and China (MN173021).

The results indicate that DNA of *Anaplasma* and *Babesia* in the blood of cattle have not been identified.

Conclusion: The data received evidence a wide distribution of foci of small cattle anaplasmosis and piroplasmiasis of horses in the Irkutsk region and the need to continue monitoring their epizootic condition.

Keywords: anaplasmosis; babesiosis; theileriosis; piroplasmiasis; hemoparasitic diseases, epizootic situation

For citation. Suntsova O.V., Rar V.A., Lisak O.V., Meltsov I.V., Doroshchenko E.K., Savinova Yu.S., Tikunov A.Yu., Kozlova I.V. Epizootic Situation of Hemoparasitic Diseases of Farm Animals in Irkutsk Region. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 2023, vol. 15, no. 4, pp. 210-235. DOI: 10.12731/2658-6649-2023-15-4-210-235

Эпизоотическое и ветеринарно-санитарное благополучие территории РФ в отношении опасных инфекционных агентов является одним из важных условий устойчивого развития отрасли животноводства. Среди патогенов сельскохозяйственных животных, передаваемых через укус иксодовых клещей, наибольшую эпизоотическую значимость имеют бактерии рода *Anaplasma* (сем. Anaplasmataceae) и простейшие гемопаразиты родов *Babesia*, *Theileria* (отряд Piroplasmida). Заболевания, вызываемые этими возбудителями, отнесены международным эпизоотическим бюро (МЭБ) к категории опасных [2, 3].

Анаплазмы являются облигатными внутриклеточными микроорганизмами, обладающими избирательным тропизмом к различным клеткам крови – эритроцитам, гранулоцитам, моноцитам или тромбоцитам [27, 28]. Представители рода *Anaplasma* могут вызывать инфекции у человека и широкого круга домашних животных с разной степенью тяжести [9, 27]. Наиболее известными этиологическими агентами анаплазмоза домашних животных и человека являются *A. marginale*, *A. bovis*, *A. ovis*, *A. platys* и *A. phagocytophilum* [22, 27]. Каждый из видов анаплазм обладает определенной степенью специфичности в отношении хозяина. *A. phagocytophilum* вызывает заболевание у человека, а также у мелких жвачных животных, лошадей, собак и кошек [23, 27, 31]. *A. marginale* является возбудителем анаплазмоза крупного рогатого скота (КРС), *A. ovis* – это этиологический агент анаплазмоза овец, коз, а также диких жвачных [6, 8, 18, 27].

Клинические проявления анаплазмозов животных варьируют от легкой до тяжелой форм. Как правило, заболевания протекают достаточно легко, но при наличии коинфекции с представителями рода *Babesia*, *Theileria* или в стрессовых ситуациях клиническое течение может быть тяжелым и характеризоваться лихорадкой, гемолитической анемией, желтухой, депрессией, анорексией и потерей веса [7, 19, 21]. Для нескольких видов рода *Anaplasma* продемонстрирована длительная персистенция, которая в ряде случаев проявляется в виде циклической бактериемии.

В естественных условиях анаплазмы восприимчивым животным передают иксодовые клещи (до 20 видов), находящиеся на разных стадиях развития (личинки, нимфы, имаго). Кроме того, возможна механическая передача возбудителей от зараженных животных к здоровым через кровососущих насекомых и через нестерильные инструменты при проведении зоотехнических мероприятий [11, 17, 18, 32].

Еще одна большая группа гемопаразитарных заболеваний сельскохозяйственных животных, которые ассоциированы с иксодовыми клещами, – это бабезиозы и тейлериозы. Возбудители этих заболеваний являются

зукариотами, относятся к отряду Piroplasmida, к типу – Apicomplexa, принадлежат к двум семействам – Babesiidae и Theileriidae, которые включают роды *Babesia*, *Theileria* и *Cytauxzoon*.

Клинические формы бабезиоза КРС в тропиках и субтропиках в основном вызываются *B. bovis* и *B. bigemina* [33], а в Европе – *B. divergens* [29].

Несколько видов, такие как *B. ovis*, *B. motasi*, *B. crassa* и *Babesia* sp. Xinjiang, описаны как возбудители бабезиоза овец. Из них основными патогенами овец считаются *B. ovis* и *B. motasi* [10, 12, 30].

Возбудителями тейлериоза КРС являются *T. parva*, *T. annulata*, *T. buffeli*, *T. orientalis*, *T. mutans*, *T. velifera*, *T. sergenti*. При этом к наиболее важным видам, вызывающим клинически выраженное заболевание и смертность у КРС, относят *T. parva* и *T. annulata* [20, 34].

Возбудителями тейлериоза мелких жвачных считаются как минимум шесть видов тейлерий: *T. ovis*, *T. separata*, *T. recondita*, *T. lestoquardi*, *T. uilenbergi* и *T. luwenshuni* [15, 25, 26].

Важными этиологическими агентами кровепаразитарных заболеваний лошадей в настоящее время являются три возбудителя – *Babesia caballi*, *Theileria equi*, и новый инфекционный агент – *Theileria haneyi*, который рассматривается в качестве нового вида [1, 13, 33]. Естественным резервуаром возбудителей и источником инвазии являются больные и латентно инфицированные животные. Считается, что после заражения животные могут оставаться пожизненными носителями тейлерий, в то время как бабезии способны циркулировать в организме на протяжении 2-5 лет [14]. Заболевания сопровождаются лихорадкой, анемией, желтушностью слизистых оболочек, гемоглобинурией (кроме тейлериоза), потерей продуктивности и работоспособности, а при несвоевременном лечении - гибелью животных.

В настоящее время описано более 30 видов клещей, которые могут рассматриваться в качестве переносчиков бабезий и тейлерий. Они принадлежат к родам *Hyalomma*, *Rhipicephalus*, *Dermacentor*, *Amblyomma* *Haemaphysalis* [29, 33]. Бабезии и тейлериозы могут передаваться клещами трансфазово, однако трансвариальная передача зарегистрирована только для бабезий [14]. В связи с этим, основным резервуаром *T. equi* является млекопитающее-хозяин, а для *B. caballi* – клещи-переносчики [14].

Несмотря на то, что анаплазмозы и бабезиозы крупного и мелкого рогатого скота, а также тейлериозы лошадей наносят значительный экономический ущерб скотоводству и коневодству всего мира, на территории Восточной Сибири эти заболевания и их возбудители остаются мало исследованными. В Байкальском регионе мясное и молочное животноводство является одной из ведущих отраслей специализации сельского хозяйства. В связи с этим прояс-

нение эпизоотической ситуации в отношении гемопаразитарных заболеваний сельскохозяйственных животных здесь особенно актуально.

Цель исследования

Изучить эпизоотическую ситуацию по кровепаразитарным заболеваниям сельскохозяйственных животных в Иркутской области, установить видовую принадлежность выявленных возбудителей и их генетическое разнообразие.

Материалы и методы

На наличие ДНК *Babesia spp./Theileria spp.* и *Anaplasma spp.* исследовано 659 образцов крови лошадей, 579 образцов крови овец, 25 образцов крови коз и 647 образцов крови КРС. Были обследованы животные из различных сельскохозяйственных организаций, фермерских хозяйств и частных подворий из 13 районов Иркутской области, а также иркутского ипподрома. Сбор образцов крови проводили в период с 2013 по 2019 гг. По 1 мл крови от каждого животного отбирали в стандартные стерильные пробирки (erpendorf 1,5 мл), содержащие по 100 мкл 0,5 М раствора ЭДТА.

Суммарные нуклеиновые кислоты экстрагировали из образцов с помощью набора «Рибо-преп» («Амплипрайм», Москва). Выделенные образцы ДНК были исследованы методом гнездовой двухраундовой ПЦР с использованием праймеров из области гена 18S рРНК для детекции бабезий и тейлерий, и праймеров из области гена 16S рРНК для выявления ДНК анаплазм, как описано ранее [4, 5]. Образцы, содержащие ДНК пироплазм, были исследованы на наличие *B. caballii* и *T. equi* при проведении второго раунда ПЦР в присутствии видоспецифичных праймеров Vcab-F (gatggcgacttaaacctcgc)/Vcab-R (aaaagggaagctagttagcag) и Teq-F (gggaatttaaacsccttcag)/Teq-R (tccttgcgattatgaccgc), соответственно. Все образцы, содержащие ДНК анаплазм, были дополнительно проанализированы на наличие ДНК *A. phagocytophilum* посредством проведения ПЦР с видоспецифичными праймерами [5]. Полученные продукты ПЦР очищали на колонках GFX Columns (Amersham Biosciences, США). Секвенирующие реакции проводили с использованием набора реагентов Big Dye Terminator v. 3.1 Cycle Sequencing kit (Applied Biosystems Inc., США). Продукты секвенирующих реакций анализировали на ABI 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, США). Для сравнения определенных нуклеотидных последовательностей с известными последовательностями использовали программу BLASTN [<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>]. Филогенетический анализ выполняли методом минимальной эволюции (ME) модель Tamura Nei в па-

кете программ MEGA 7.0 [<http://www.megasoftware.net/manual.html>]. Для анализа статистической значимости проведен bootstrap анализ (1000 повторов). Определенные в ходе исследования нуклеотидные последовательности фрагмента гена 18S рРНК *T. equi* зарегистрированы в базе данных GenBank под номерами MG551919 - MG551921, OM475521 - OM475525. Нуклеотидные последовательности фрагмента гена 16S рРНК *A. ovis* депонированы в GenBank под номерами MW365551 - MW365552, MW600400 – MW600413.

Результаты и обсуждение

В Иркутской области одной из ведущих отраслей специализации сельского хозяйства является мясное и молочное животноводство. Разведение КРС в основном сосредоточено в южных степных и лесостепных районах области, примыкающих к Транссибирской магистрали. В северных районах мясомолочное животноводство носит в основном потребительский характер и имеет очаговое распределение. Овцеводство ориентировано преимущественно на пастбищные корма степной зоны. Достаточно интенсивно в последнее время в регионе также развивается мясное табунное разведение, а также спортивное коневодство.

Для оценки эпизоотической ситуации в отношении гемопаразитарных заболеваний сельскохозяйственных животных, ассоциированных с иксодовыми клещами, нами осуществлена детекция ДНК *Anaplasma* spp., *Babesia* spp./*Theileria* spp. в крови овец, коз, лошадей и коров на территории 13 районов из центральной и южной части Иркутской области. Результаты исследования представлены в таблице 1.

ДНК *Anaplasma* spp. была выявлена только в образцах крови мелкого рогатого скота (МРС). При этом инфицированность овец и коз была примерно одинаковой и составила $68,7 \pm 1,9\%$ и $68\% \pm 9,3\%$ соответственно. ДНК *Babesia* spp./*Theileria* spp. обнаружена только в образцах крови лошадей, составив в среднем по Иркутской области $64,2\% \pm 1,9\%$. В крови КРС ДНК обоих исследуемых гемопаразитов не выявлена. ДНК *Anaplasma* spp. обнаружена в крови овец на территории 12 обследованных нами районов области. При этом в разных районах региона доля образцов крови овец, содержащих ДНК анаплазм, варьировала от 33,3% в Боханском до 92,5% в Эхирит-Булагатском. Исследование крови коз на наличие ДНК *Anaplasma* spp. осуществлено только в трех районах области – Аларском, Нукутском и Усольском. Инфицированность коз в этих районах варьировала в широких пределах: от 20,0% в Усольском до 100,0% в Аларском районах, что может быть связано с малочисленностью и неравномерностью исследованной выборки.

Таблица 1.

**Результаты выявления ДНК *Babesia* spp./*Theileria* spp., *Anaplasma* spp.
в крови сельскохозяйственных животных**

Район исследований	Вид животного	Количество исследованных образцов	Число образцов, содержащих ДНК <i>Anaplasma</i> spp. (абс./%±m)	Число образцов, содержащих ДНК <i>Babesia</i> spp./ <i>Theileria</i> spp. (абс./%±m)
Аларский	овцы	35	19/54,3±8,4%	-
	козы	10	10/100	-
	лошади	45	-	41/91,0±4,3%
	коровы	55	-	-
Балаганский	овцы	30	21/70,0±8,4%	-
	лошади	30	-	25/83,3±6,8%
Баяндаевский	коровы	30	-	-
	овцы	80	68/85±4%	-
	лошади	80	-	32/40,0±5,5%
Боханский	коровы	82	-	-
	овцы	66	22/33,3±5,8%	-
	лошади	50	-	29/58±6,9%
Заларинский	коровы	61	-	-
	овцы	30	18/60,0±8,9%	-
	лошади	25	-	23/92±5,4%
Иркутский	коровы	40	-	-
	лошади	38	-	21/55,3±8,1%
Качугский	лошади	20	16/80±8,9%	-
	овцы	20	-	14/70±10,2%
	коровы	20	-	-
Нукутский	овцы	30	26/86,7±6,2%	-
	козы	10	6/60±15,5%	-
	лошади	35	-	35/100%
	коровы	40	-	-
Осинский	овцы	69	34/49,3±6%	-
	лошади	60	-	27/45±6,4%
	коровы	70	-	-
Усольский	овцы	20	16/80±8,9%	-
	козы	5	1/20±17,9%	-
	лошади	30	-	11/36,7±8,8%
	коровы	40	-	-
Усть-Удинский	овцы	69	58/52±6%	-
	лошади	99	-	90/87,9±3,3%
	коровы	70	-	-
Черемховский	овцы	50	26/52,0±7,1%	-
	лошади	66	-	58/87,9±4,01%
	коровы	60	-	-
Эхирит-Булагатский	овцы	80	74/92,5±2,9%	-
	лошади	80	-	17/21,3±4,6%
	коровы	79	-	-
Итого по Иркутской области:	овцы	579	398/68,7±1,9%	-
	козы	25	17/68±9,3%	-
	лошади	659	-	423/64,2±1,9%
	коровы	647	-	-

Для наглядного представления полученных нами результатов в виде картографического материала все обследованные районы Иркутской области мы условно разделили на три группы в зависимости от степени инфицированности МРС *Anaplasma* spp.: 1) районы с показателями инфицированности животных до 50%; 2) районы с высокой степенью инфицированности МРС – от 50 до 75%; 3) районы с очень высокой степенью инфицированности МРС – более 75% (рис. 1).

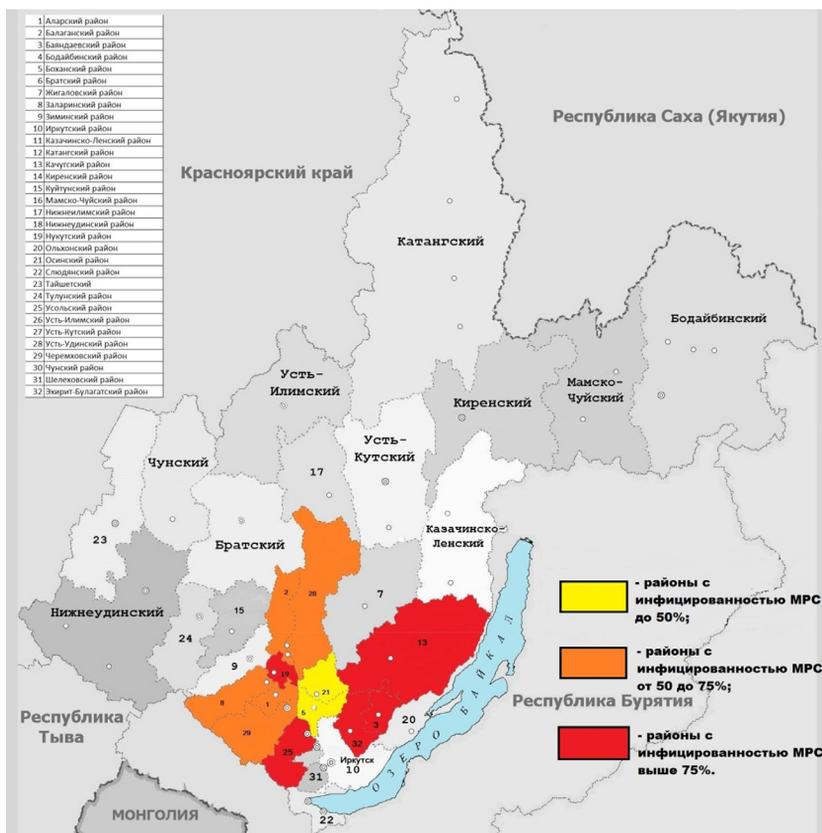


Рис. 1. Распределение изучаемых районов Иркутской области по степени инфицированности МРС *Anaplasma* spp.

К первой группе были отнесены Боханский (33,3%) и Осинский (49,3%) районы. Во вторую группу вошли Усть-Удинский (52%), Черемховский

(52%), Балаганский (70%), Аларский (54,3%) и Заларинский (60%) районы. Качугский (80%), Усольский (80%), Баяндаевский (85%), Эхирит-Булагатский (92,5%), Нукутский (86,7%) районы были отнесены к третьей группе, т.е. районам с очень высокой степенью инфицированности МРС.

Для определения видовой принадлежности анаплазм, выявленных нами в крови овец и коз, было проведено секвенирование нуклеотидных последовательностей фрагментов гена 16S рРНК. Было исследовано 68 случайным образом отобранных образцов крови овец и коз из 12 районов Иркутской области. Нуклеотидные последовательности *A. ovis*, выявленные в крови овец и коз, были консервативными по исследованному гену и различались между собой по двум гетерозиготным сайтам гена (Т/С и G/A нуклеотидные замены). Определенные нуклеотидные последовательности соответствовали последовательностям типового штамма *Haibei* (CP015994), а также последовательностям *A. ovis*, обнаруженным ранее в крови овец из Алтая (Россия) и Монголии (LC194133), оленей (KJ639879) и клещей *D. niveus* (JQ917876) и *D. nuttalli* (KJ410244, KJ410246) из Китая (Рис. 2) [16, 22].

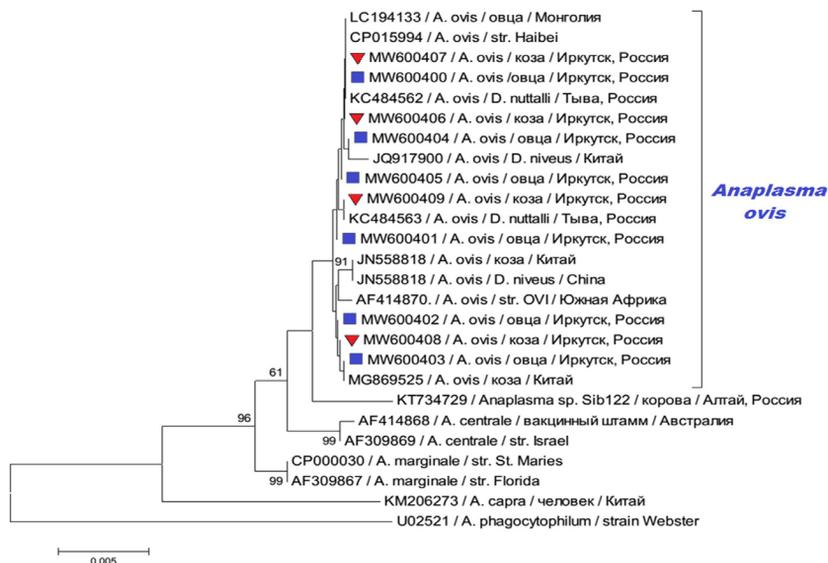


Рис. 2. Дендрограмма сходства нуклеотидных последовательностей фрагмента гена 16S рРНК *Anaplasma* spp. (длиной 1295 н. п.), построенная с использованием метода NJ. Шкала представляет 1% дивергенции. Определённые в этой работе последовательности отмечены квадратами (овцы) и треугольниками (козы).

ДНК *Babesia* spp./*Theileria* spp. была обнаружена в образцах крови лошадей из всех 13 обследованных нами районов Иркутской области. Инфицированность животных варьировала от 21,3% в Эхирит-Булагатском районе до 100% в Нукутском (табл.1). Всего ДНК пироплазм была обнаружена в 423 из 659 (62,4%) исследованных образцах крови лошадей. В зависимости от степени инфицированности лошадей представителями *Babesia* spp./*Theileria* spp. и используя критерии, описанные выше, мы условно разделили все обследованные районы на три группы (рис. 3).

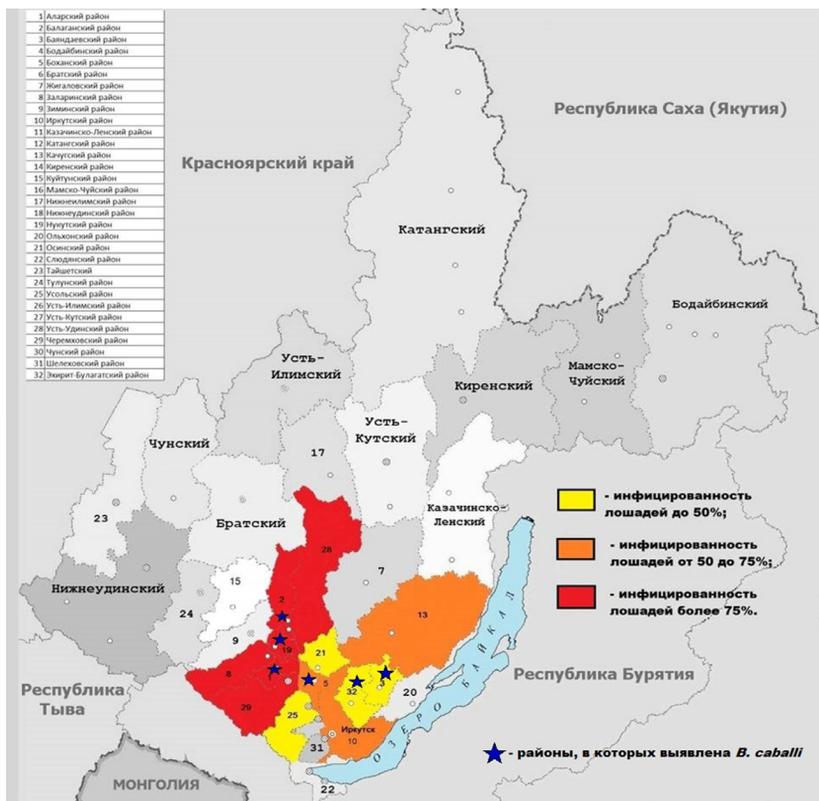


Рис. 3. Распределение исследованных районов Иркутской области по степени инфицированности лошадей возбудителями пироплазмоза.

К первой группе районов с инфицированностью лошадей до 50% были отнесены Эхирит-Булагатский (21,3%), Усольский (36,7%), Баяндаевский

(40%) и Осинский (45%) районы. Иркутский (55,3%), Боханский (58%) и Качугский (70%) районы вошли во вторую группу. Третью группу с очень высокой степенью инфицированности лошадей составили Балаганский (83,3%), Черемховский (87,9%), Усть-Удинский (90%), Аларский (91%), Заларинский (92%) и Нукутский (100%) районы.

Установление видовой принадлежности методом видоспецифичной ПЦР было проведено для 285 случайно выбранных образцов пироплазм из различных районов Иркутской области. В подавляющем большинстве исследованных образцов (263/285, 92,3%) была идентифицирована ДНК *T. equi*, в 5/285 (1,8%) образцов – ДНК *B. caballi* и в 17/285 (6,0%) образцов – ДНК двух патогенов *T. equi* и *B. caballi* (табл. 2).

ДНК *T. equi* обнаружена во всех исследуемых районах, тогда как ДНК *B. caballi* только в шести (Аларском, Балаганском, Баяндаевском, Боханском, Нукутском и Эхирит-Булагатском).

Таблица 2.

Виды пироплазм, выявленные в крови лошадей на территории Иркутской области методом видоспецифичной ПЦР

Район исследования	Количество генотипированных образцов	Число (%) образцов, содержащих ДНК		
		<i>T. equi</i>	<i>B. caballi</i>	<i>T. equi</i> + <i>B. caballi</i>
Баяндаевский	11	6	1	4
Эхирит-Булагатский	16	12	0	4
Аларский	40	39	0	1
Нукутский	34	28	0	6
Боханский	16	11	4	1
Осинский	5	5	0	0
Усть-Удинский	14	14	0	0
Черемховский	57	57	0	0
Качугский	14	14	0	0
Иркутский	21	21	0	0
Балаганский	24	23	0	1
Усольский	10	10	0	0
Заларинский	23	23	0	0
Все районы	285	263 (92,3)	5 (1,8)	17 (6,0)

Для подтверждения видовой принадлежности и изучения генетического разнообразия выявленных пироплазм было проведено секвенирование 119 произвольно выбранных образцов *T. equi* и 22 образца *B. caballi*.

На сегодняшний день в мире на основании изучения гена 18S рРНК идентифицировано пять генотипов *T. equi* (А-Е) [14]. ДНК *T. equi* генотипа Е была обнаружена в 96 образцах *T. equi*, собранных во всех 13 исследуемых районах Иркутской области, а в 23 образцах из Черемховского и Боханского районов была идентифицирована ДНК *T. equi* генотипа А (Табл. 3).

Таблица 3.

Генетические варианты *Theileria equi*, выявленные в крови лошадей на территории Иркутской области

Район исследования	Количество генотипированных образцов	Число (%) образцов, содержащих ДНК	
		<i>T. equi</i> группа Е	<i>T. equi</i> группа А
Баяндаевский	9	9	-
Эхирит-Булагатский	4	4	-
Аларский	11	11	-
Нукутский	4	4	-
Боханский	12	5	7
Осинский	5	5	-
Усть-Удинский	9	9	-
Черемховский	28	12	16
Качугский	2	2	-
Иркутский	10	10	-
Балаганский	16	16	-
Усольский	2	2	-
Заларинский	7	7	-
Все районы	119	96	23

Последовательности *T. equi* группы А из Иркутской области соответствовали последовательностям, обнаруженным ранее в крови лошадей из Китая (MT093496) (рис. 4). Эти последовательности отличались единичной нуклеотидной заменой в перекрывающейся области от нуклеотидной последовательности изолята (MG551921) из крови лошадей, выявленной ранее на территории Иркутской области; от других последовательностей, доступных в базе данных GenBank, они отличались не менее чем шестью заменами.

Последовательности *T. equi* группы Е были идентичны друг другу и соответствовали последовательностям, обнаруженным ранее в крови лошадей из Китая (KF559357), Кореи (HM229407), Монголии (AB733379), Швейцарии (KM046918) и Испании (DQ287951). Они также соответство-

вали нуклеотидным последовательностям образцов, выявленным ранее в крови лошадей из Иркутска (MG551919), Новосибирска (MG551915) и Алтая (MG551916).

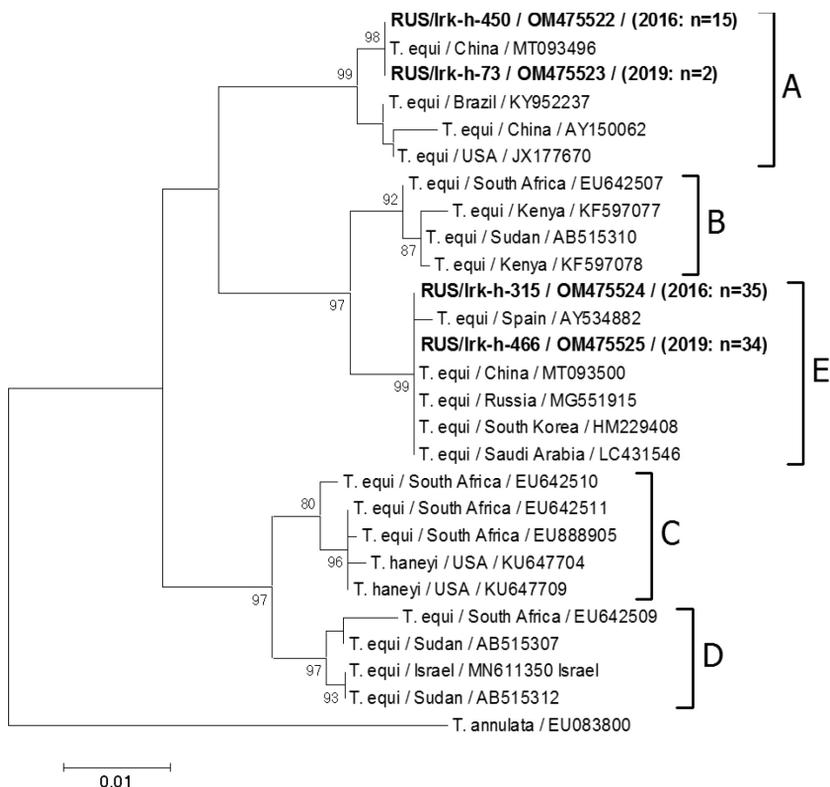


Рис. 4. Дендрограмма сходства нуклеотидных последовательностей фрагмента гена 18S рРНК *Theileria equi* (длиной 1190 н. п.), построенная с использованием метода NJ. Шкала представляет 1% дивергенции

Все определенные последовательности гена 18S рРНК *B. caballi* (длиной 700-1146 н.п.) были идентичны между собой и отличались не менее десятью заменами и одной делецией от последовательностей, доступных в базе данных GenBank. При этом наибольшее сходство наблюдалось с последовательностями *B. caballi*, обнаруженными в крови лошади из Бразилии (KY952238), клещах из Казахстана (MN907451) и Китая (MN173021).

Заключение

Таким образом, в ходе проведенных нами исследований получены данные, свидетельствующие о широком распространении очагов анаплазмоза МРС и пироплазмоза лошадей на территории Иркутской области. Установлен высокий уровень инфицированности овец и коз *A. ovis*, а лошадей – *T. equi*. В крови КРС ДНК гемопаразитов, принадлежащих к *Anaplasma* spp. и *Babesia* spp./*Theileria* spp. не выявлена. Показано, что все нуклеотидные последовательности образцов, обнаруженных в крови овец и коз, относятся к одному виду – *A. ovis*.

В крови обследуемых лошадей обнаружено два этиологических агента пироплазмоза лошадей: *T. equi* и *B. caballi*. Доминирующим патогеном, выявленным в крови лошадей, является *T. equi*. *B. caballi* встречается реже. ДНК этого возбудителя обнаружена в крови лошадей на территории шести из тринадцати обследованных нами районов. Впервые выявлено одновременное инфицирование лошадей из Иркутской области двумя возбудителями пироплазмоза – *T. equi* и *B. caballi*. Установлено, что детектированные на территории региона образцы *T. equi* относятся к двум из пяти известных в мире генетических групп – А и Е. ДНК *T. equi* группы Е обнаружена в крови лошадей во всех исследованных нами районах Иркутской области, а ДНК *T. equi* группы А только в двух районах.

Полученные в ходе исследования данные свидетельствуют о необходимости продолжения мониторинга эпизоотического состояния очагов анаплазмоза МРС и пироплазмоза лошадей на территории Иркутской области.

Информация о конфликте интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Информация о спонсорстве. Работа выполнена в рамках Государственного задания ФГБУ НИЦ ПЗСРЧ № 121022500179-0. Работа частично поддержана в рамках государственного задания ИХБФМ СО РАН № 121031300043-8.

Funding. This work was carried out with the Russian State funded budget project of FGBNU NTs PZSRCH № 121022500179-0, by Russian state-funded project for ICBFM SB RAS (grant number 121031300043-8).

Список литературы

1. Выявление *Theileria equi* в крови лошадей на территории Иркутской области / Федулина О.О., Сунцова О.В., Пар В.А., Мельцов И.В., Козлова

- И.В., Лисак О.В., Чекушкина В.В. // Acta Biomedica Scientifica (East Siberian Biomedical Journal). 2014. № 6 (100). С. 101-104.
2. Гемоспоридозы сельскохозяйственных, домашних и диких животных на территории Российской Федерации / Самойловская Н.А., Успенский А.В., Новосад Е.В., Гулюкин Е.А., Малышева Н.С., Буренок А.С., Орлова И.И., Белоусова И.Н. // Российский паразитологический журнал. 2015. № 3. С. 37-44.
 3. Гулюкин М.И., Заблоцкий В.Т., Белименко В.В. Мониторинг эпизоотической ситуации по протозойным кровепаразитарным болезням домашних животных в Российской Федерации (2007-2012) // Российский ветеринарный журнал. Сельскохозяйственные животные. 2013. № 4. С. 32-34.
 4. Идентификация и генетическая характеристика этиологического агента пироплазмидоза лошадей на территории Западной и Восточной Сибири / Пар В.А., Марченко В.А., Ефремова Е.А., Сунцова О.В., Лисак О.В., Тикунов А.Ю., Мельцов И.В., Тикунова Н.В. // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2018. Т. 22. № 2. С. 224-229.
 5. Молекулярно-генетический анализ возбудителей анаплазмозов сельскохозяйственных животных на территории Западной и Восточной Сибири / Пар В.А., Епихина Т.И., Ефремова Е.А., Марченко В.А., Сунцова О.В., Лисак О.В., Дорошенко Е.К., Зубарева И.М., Тикунов А.Ю., Тикунова Н.В. // Бюллетень ВСНЦ СО РАМН. 2015. №5 (105). С. 83-87.
 6. Эпизоотическая ситуация по анаплазмозу мелких жвачных животных на территории Иркутской области / Сунцова О.В., Пар В.А., Лисак О.В., Мельцов И.В., Дорошенко Е.К., Савинова Ю.С., Тикунов А.Ю., Козлова И.В. // Acta Biomedica Scientifica (East Siberian Biomedical Journal). 2021. Vol. 6. № 1. С. 60-68.
 7. Aktas M., Özübek S. *Anaplasma ovis* genetic diversity detected by major surface protein 1a and its prevalence in small ruminants // Vet. Microbiol. 2018. Vol. 217. pp. 13-17. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2018.02.026>
 8. *Anaplasma phagocytophilum* uses common strategies for infection of ticks and vertebrate hosts / de la Fuente J., Estrada-Peña A., Cabezas-Cruz A., Kocan K.M. // Trends Microbiol. 2016. Vol. 24. P. 173-180. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2015.12.001>
 9. A review on the ecoepidemiology and clinical management of human granulocytic anaplasmosis and its agent in Europe / Matei I.A., Estrada-Peña A., Cutler S.J., Vayssier-Taussat M., Varela-Castro L., Potkonjak A., Zeller H., Mihalca A.D. // Parasites & Vectors. 2019. Vol. 12. P. 599.
 10. At least two genetically distinct large *Babesia* species infective to sheep and goats in China / Liu A.H., Yin H., Guan G.Q., Schnittger L., Liu Z.J., Ma

- M.L., Dang Z.S., Liu J.L., Ren Q.Y., Bai Q., Ahmed J.S., Luo J.X. // *Vet. Parasitol.* 2007. Vol. 147(3-4). P. 246-51. <https://doi.org/10.1016/j.vet-par.2007.03.032>
11. Aubry P., Geale D.W. A review of bovine anaplasmosis // *Transbound Emerg. Dis.* 2011. Vol. 58(1). P. 1-30. <https://doi.org/10.1111/j.1865-1682.2010.01173.x>
 12. *Babesia ovis* as the main causative agent of sheep Babesiosis in Iran / Ranjbar-Bahadori S., Eckert B., Omidian Z., Sadr Shirazi N., Shayan P. *Parasitol Res.* 2012. Vol. 110. P. 1531-1536. <https://doi.org/10.1007/s00436-011-2658-z>
 13. Discovery of a novel species, *Theileria haneyi* n.sp., infective to equids, highlights exceptional genomic diversity within the genus *Theileria*: Implications for apicomplexan parasite surveillance / Knowles D.P., Kappmeyer L.S., Haney D., Herndon D.R., Fry L.M., Munro J.B., Sears K., Ueti M.W., Wise L.N., Silva M., Schneider D.A., Grause J., White S.N., Tretina K., Bishop R.P., Odongo D.O., Pelzel-McCluskey A.M., Scoles G.A., Mealey R.H., Silva J.C. // *Int. J. Parasitol.* 2018. Vol. 48. P. 679-690. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2018.03.010>
 14. Equine piroplasmiasis: An insight into global exposure of equids from 1990 to 2019 by systematic review and meta-analysis / Onyiche T.E., Taiwo M.O., Molefe N.I., Biu A.A., Luka J., Omeh I.J., Yokoyama N., Thekisoe O. // *Parasitology.* 2020. P. 1-45. <https://doi.org/10.1017/S0031182020001407>
 15. Experimental transmission of *Theileria uilenbergi* infective for small ruminants by *Haemaphysalis longicornis* and *Haemaphysalis qinghaiensis* / Li Y., Luo J., Guan G., Ma M., Liu A., Liu J., Ren Q., Niu Q., Lu B., Gao J. // *Parasitol. Res.* 2009. Vol. 104. P. 1227-1231.
 16. Extensive diversity of Rickettsiales bacteria in two species of ticks from China and the evolution of the Rickettsiales / Kang Y.J., Diao X.N., Zhao G.Y., Chen M.H., Xiong Y., Shi M., Fu W.M., Guo Y.J., Pan B., Chen X.P., Holmes E.C., Gillespie J.J., Dumler S.J., Zhang Y.Z. // *BMC Evol. Biol.* 2014. Vol. 14. P.167. <https://doi.org/10.1186/s12862-014-0167-2>
 17. First molecular evidence of *Anaplasma ovis* and *Rickettsia spp.* in keds (Diptera: Hippoboscidae) of sheep and wild ruminants / Hornok S., de la Fuente J., Biró N., de Mera I.G.F., Meli M.L., Elek V., Gönczi E., Meili T., Tánzos B., Farkas R., Lutz H., Hofmann-Lehmann R. // *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2011. Vol. 11(10). P. 1319-21. <https://doi.org/10.1089/vbz.2011.0649>
 18. Friedhoff K.T. Tick-borne diseases of sheep and goats caused by *Babesia*, *Theileria* or *Anaplasma spp.* // *Parassitologia.* 1997. Vol. 39. P. 99-109.
 19. Hematologic and Clinical Aspects of Experimental Ovine Anaplasmosis Caused by *Anaplasma ovis* in Iran / Yasini S., Khaki Z., Rahbari S., Kazemi B., SalarA-moli J., Gharabaghi A., Jalali S. // *Iran J. Parasitol.* 2012. Vol. 7(4). P. 91-98.

20. Irvin A.D., Morrison W.I. Immunopathology, immunology and immunoprophylaxis of *Theileria infections* // Souls E.J.L., editor. Immune responses in parasitic infections: immunology, immunopathology and immunoprophylaxis. CRC Press; Boca Raton, Florida: 1987.
21. Looking for prognosticators in ovine anaplasmosis: discriminant analysis of clinical and haematological parameters in lambs belonging to differently susceptible breeds experimentally infected with *Anaplasma ovis* / Ciani E., Alloggio I., Petazzi F., Pieragostini E. // Acta Vet. Scand. 2013. Vol. 55(1). P. 71. <https://doi.org/10.1186/1751-0147-55-71>
22. Molecular Epidemiological Survey and Genetic Characterization of *Anaplasma* Species in Mongolian Livestock / Ochirkhuu N., Konnai S., Odbileg R., Murata S., Ohashi K. // Vector Borne Zoonotic Dis. 2017. Vol. 17 (8). P. 539-549. <https://doi.org/10.1089/vbz.2017.2111>
23. Molecular evidence of *Anaplasma phagocytophilum* and *Theileria equi* coinfection in horses from Rio de Janeiro, Brazil / Santos T.M., Roier E.C.R., Pires M.S., Santos H.A., Vilela J.A.R., Peckle M., Paulino P.G., Baldani C.D., Massard C.L. // Vet. Anim. Sci. 2019. 00055. <https://doi.org/10.1016/j.vas.2019.100055>
24. Molecular investigation and phylogeny of Anaplasmataceae species infecting domestic animals and ticks in Corsica, France / Dahmani M., Davoust B., Tahir D., Raoult D., Fenollar F., Mediannikov O. // Parasites & Vectors. 2017. Vol. 10. P. 302. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2233-2>
25. Multiplex PCR for diagnosis of *Theileria uilenbergi*, *Theileria luwenshuni*, and *Theileria ovis* in small ruminants / Zhang X., Liu Z., Yang J., Chen Z., Guan G., Ren Q., Liu A., Luo J., Yin H., Li Y. // Parasitol. Res. 2014. Vol. 113 (2). P. 527-531. <https://doi.org/10.1007/s00436-013-3684-9>
26. Phylogeny of sheep and goat *Theileria* and *Babesia* parasites / Schnittger L., Yin H., Gubbels M.J., Beyer D., Niemann S., Jongejan F., Ahmed J.S. // Parasitol. Res. 2003. Vol. 91. pp. 398-406.
27. Rar V., Tkachev S., Tikunova N. Genetic diversity of *Anaplasma* bacteria: Twenty years later // Infect. Genet. Evol. 2021. Vol. 91. 104833. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2021.104833>
28. Reorganization of genera in the families Rickettsiaceae and Anaplasmataceae in the order Rickettsiales: Unification of some species of *Ehrlichia* with *Anaplasma*, *Cowdria* with *Ehrlichia* and *Ehrlichia* with *Neorickettsia*, descriptions of six new species combinations and designation of *Ehrlichia equi* and 'HGE agent' as subjective synonyms of *Ehrlichia phagocytophila* / Dumler J.S., Barbet A.F., Bekker C.P., Dasch G.A., Palmer G.H., Ray S.C., Rikihisa Y., Rurangirwaet F.R. // Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 2001. Vol. 51. P. 2145-2165. <https://doi.org/10.1099/00207713-51-6-2145>

29. Review on Equine Piroplasmosis: Epidemiology, Vector Ecology, Risk Factors, Host Immunity, Diagnosis and Control / Onyiche T.E., Sukanuma K., Igarashi I., Yokoyama N., Xuan X., Thekisoe O.A. // Int. J. Environ. Res. Public Health. 2019. Vol. 16. P. 1736. <https://doi.org/10.3390/ijerph16101736>
30. Rjeibi M.R., Darghouth M.A., Gharbi M. Prevalence of *Theileria* and *Babesia* species in Tunisian sheep // J. Vet. Res. 2016. Vol. 83(1). <https://doi.org/10.4102/ojvr.v83i1.1040>
31. Seroprevalence of equine granulocytic anaplasmosis and lyme borreliosis in Canada as determined by a point-of-care enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) / Schwartz G., Epp T., Burgess H.J., Chilton N.B., Pearl D.L., Lohmann K.L. // Can Vet J. 2015. Vol. 56(6). P. 575–580.
32. The natural history of *Anaplasma marginale* / Kocan K.M., de la Fuente J., Blouin E.F., Coetzee J.F., Ewing S.A. // Vet. Parasitol. 2010. Vol. 10. 167(2-4). P. 95-107. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2009.09.012>
33. Twenty Years of Equine Piroplasmosis Research: Global Distribution, Molecular Diagnosis, and Phylogeny / Tirosh-Levy S., Gottlieb Y., Fry L.M., Knowles D.P., Steinman A. // Pathogens. 2020. Vol. 9. P. 926. <https://doi.org/10.3390/pathogens9110926>
34. Uilenberg G. *Theileria* infections other than East Coast fever // Diseases of cattle in the tropics. (Eds. M. Ristic, I. McIntyre). 1981. Martinus Nijhoff. The Hague. P. 411-427.

References

1. Fedulina O.O., Suncova O.V., Rar V.A., Mel'cov I.V., Kozlova I.V., Lisak O.V., CHEkushkina V.V. *Byulleten' VSNC SO RAMN* [Acta biomedica scientifica (East Siberian Biomedical Journal)], 2014, no. 6 (100), pp. 101-104.
2. Samojlovskaya N.A., Uspenskij A.V., Novosad E.V., Gulyukin E.A., Malyshova N.S., Burenok A.S., Orlova I.I., Belousova I.N. *Rossijskij parazitologicheskij zhurnal* [Russian Journal of Parasitology], 2015, no. 3, pp. 37-44.
3. Gulyukin M.I., Zablockij V.T., Belimenko V.V. *Rossijskij veterinarnyj zhurnal. Sel'skohozyajstvennyye zhivotnyye* [Russian veterinary journal. Farm animals], 2013, no. 4, pp. 32-34.
4. Rar V.A., Marchenko V.A., Efremova E.A., Suncova O.V., Lisak O.V., Tikunov A.YU., Mel'cov I.V., Tikunova N.V. *Vavilovskij zhurnal genetiki i selekcii* [Vavilov Journal of Genetics and Breeding], 2018, vol. 22, no. 2, pp. 224-229.
5. Rar V.A., Epihina T.I., Efremova E.A., Marchenko V.A., Suncova O.V., Lisak O.V., Doroshenko E.K., Zubareva I.M., Tikunov A.YU., Tikunova N.V. *Byulleten' VSNC SO RAMN* [Acta biomedica scientifica (East Siberian Biomedical Journal)], 2015, vol. 5 (105), pp. 83-87.

6. Suncova O.V., Rar V.A., Lisak O.V., Mel'cov I.V., Doroshchenko E.K., Savinova YU.S., Tikunov A.YU., Kozlova I.V. *Byulleten' VSNC SO RAMN* [Acta biomedica scientifica (East Siberian Biomedical Journal)], 2021, vol. 6 (1), pp. 60-68.
7. Aktas M., Özübek S. *Anaplasma ovis* genetic diversity detected by major surface protein 1a and its prevalence in small ruminants. *Vet. Microbiol.*, 2018, vol. 217, pp. 13-17. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2018.02.026>
8. *Anaplasma phagocytophilum* uses common strategies for infection of ticks and vertebrate hosts /de la Fuente J., Estrada-Peña A., Cabezas-Cruz A., Kocan K.M. *Trends Microbiol.*, 2016, vol. 24, pp. 173-180. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2015.12.001>
9. A review on the ecoepidemiology and clinical management of human granulocytic anaplasmosis and its agent in Europe / Matei I.A., Estrada-Peña A., Cutler S.J., Vayssier-Taussat M., Varela-Castro L., Potkonjak A., Zeller H., Mihalca A.D. *Parasites & Vectors*, 2019, vol. 12, p. 599.
10. At least two genetically distinct large *Babesia* species infective to sheep and goats in China / Liu A.H., Yin H., Guan G.Q., Schnittger L., Liu Z.J., Ma M.L., Dang Z.S., Liu J.L., Ren Q.Y., Bai Q., Ahmed J.S., Luo J.X. *Vet. Parasitol.*, 2007, vol. 20, 147(3-4), pp. 246-51. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2007.03.032>
11. Aubry P., Geale D.W. A review of bovine anaplasmosis. *Transbound Emerg. Dis.*, 2011, vol. 58(1), pp. 1-30. <https://doi.org/10.1111/j.1865-1682.2010.01173.x>
12. *Babesia ovis* as the main causative agent of sheep Babesiosis in Iran / Ranjbar-Bahadori S., Eckert B., Omidian Z., Sadr Shirazi N., Shayan P. *Parasitol Res.*, 2012, vol. 110, pp. 1531-1536. <https://doi.org/10.1007/s00436-011-2658-z>
13. Discovery of a novel species, *Theileria haneyi* n.sp., infective to equids, highlights exceptional genomic diversity within the genus *Theileria*: Implications for apicomplexan parasite surveillance / Knowles D.P., Kappmeyer L.S., Haney D., Herndon D.R., Fry L.M., Munro J.B., Sears K., Ueti M.W., Wise L.N., Silva M., Schneider D.A., Grause J., White S.N., Tretina K., Bishop R.P., Odongo D.O., Pelzel-McCluskey A.M., Scoles G.A., Mealey R.H., Silva J.C. *Int. J. Parasitol.*, 2018, vol. 48, pp. 679-690. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2018.03.010>
14. Equine piroplasmiasis: An insight into global exposure of equids from 1990 to 2019 by systematic review and meta-analysis / Onyiche T.E., Taioe M.O., Molefe N.I., Biu A.A., Luka J., Omeh I.J., Yokoyama N., Thekiso O. *Parasitology*, 2020, pp. 1-45. <https://doi.org/10.1017/S0031182020001407>

15. Experimental transmission of *Theileria uilenbergi* infective for small ruminants by *Haemaphysalis longicornis* and *Haemaphysalis qinghaiensis* / Li Y., Luo J., Guan G., Ma M., Liu A., Liu J., Ren Q., Niu Q., Lu B., Gao J. *Parasitol. Res.*, 2009, vol. 104, pp. 1227-1231.
16. Extensive diversity of Rickettsiales bacteria in two species of ticks from China and the evolution of the Rickettsiales / Kang Y.J., Diao X.N., Zhao G.Y., Chen M.H., Xiong Y., Shi M., Fu W.M., Guo Y.J., Pan B., Chen X.P., Holmes E.C., Gillespie J.J., Dumler S.J., Zhang Y.Z. *BMC Evol. Biol.*, 2014, vol. 14, p. 167. <https://doi.org/10.1186/s12862-014-0167-2>
17. First molecular evidence of *Anaplasma ovis* and *Rickettsia spp.* in keds (Diptera: Hippoboscidae) of sheep and wild ruminants / Hornok S., de la Fuente J., Biró N., de Mera I.G.F., Meli M.L., Elek V., Gönczi E., Meili T., Tánzos B., Farkas R., Lutz H., Hofmann-Lehmann R. *Vector Borne Zoonotic Dis.*, 2011, vol. 11(10), pp. 1319-21. <https://doi.org/10.1089/vbz.2011.0649>
18. Friedhoff K.T. Tick-borne diseases of sheep and goats caused by *Babesia*, *Theileria* or *Anaplasma spp.* *Parassitologia*, 1997, vol. 39, pp. 99-109.
19. Hematologic and Clinical Aspects of Experimental Ovine Anaplasmosis Caused by *Anaplasma ovis* in Iran / Yasini S., Khaki Z., Rahbari S., Kazemi B., SalarAmoli J., Gharabaghi A., Jalali S. *Iran J. Parasitol.*, 2012, vol. 7(4), pp. 91-98.
20. Irvin A.D., Morrison W.I. Immunopathology, immunology and immunoprophylaxis of *Theileria infections* / Souls E.J.L., editor. *Immune responses in parasitic infections: immunology, immunopathology and immunoprophylaxis*. CRC Press; Boca Raton, Florida: 1987.
21. Molecular evidence of *Anaplasma phagocytophilum* and *Theileria equi* coinfection in horses from Rio de Janeiro, Brazil / Santos T.M., Roier E.C.R., Pires M.S., Santos H.A., Vilela J.A.R., Peckle M., Paulino P.G., Baldani C.D., Massard C.L. *Vet. Anim. Sci.*, 2019, 00055. <https://doi.org/10.1016/j.vas.2019.100055>
22. Molecular investigation and phylogeny of Anaplasmataceae species infecting domestic animals and ticks in Corsica, France / Dahmani M., Davoust B., Tahir D., Raoult D., Fenollar F., Mediannikov O. *Parasites & Vectors*, 2017, vol. 10, pp. 302 <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2233-2>
23. Multiplex PCR for diagnosis of *Theileria uilenbergi*, *Theileria luwenshuni*, and *Theileria ovis* in small ruminants / Zhang X., Liu Z., Yang J., Chen Z., Guan G., Ren Q., Liu A., Luo J., Yin H., Li Y. *Parasitol. Res.*, 2014, vol. 113 (2), pp. 527-531. <https://doi.org/10.1007/s00436-013-3684-9>

24. Looking for prognosticators in ovine anaplasmosis: discriminant analysis of clinical and haematological parameters in lambs belonging to differently susceptible breeds experimentally infected with *Anaplasma ovis* / Ciani E., Alloggio I., Petazzi F., Pieragostini E. *Acta Vet. Scand.*, 2013, vol. 55(1), pp. 71. <https://doi.org/10.1186/1751-0147-55-71>
25. Molecular Epidemiological Survey and Genetic Characterization of *Anaplasma* Species in Mongolian Livestock / Ochirkhoo N., Konnai S., Odbileg R., Murata S., Ohashi K. *Vector Borne Zoonotic Dis.*, 2017, vol. 17 (8), pp. 539-549. <https://doi.org/10.1089/vbz.2017.2111>
26. Phylogeny of sheep and goat *Theileria* and *Babesia* parasites / Schnittger L., Yin H., Gubbels M.J., Beyer D., Niemann S., Jongejan F., Ahmed J.S. *Parasitol. Res.*, 2003, vol. 91, pp. 398-406.
27. Rar V., Tkachev S., Tikunova N. Genetic diversity of *Anaplasma* bacteria: Twenty years later. *Infect. Genet. Evol.*, 2021, vol. 91, 104833. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2021.104833>
28. Reorganization of genera in the families Rickettsiaceae and Anaplasmataceae in the order Rickettsiales: Unification of some species of *Ehrlichia* with *Anaplasma*, *Cowdria* with *Ehrlichia* and *Ehrlichia* with *Neorickettsia*, descriptions of six new species combinations and designation of *Ehrlichia equi* and 'HGE agent' as subjective synonyms of *Ehrlichia phagocytophila* / Dumler J.S., Barbet A.F., Bekker C.P., Dasch G.A., Palmer G.H., Ray S.C., Rikihisa Y., Rurangirwaet F.R. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 2001, vol. 51, pp. 2145-2165. <https://doi.org/10.1099/00207713-51-6-2145>
29. Review on Equine Piroplasmosis: Epidemiology, Vector Ecology, Risk Factors, Host Immunity, Diagnosis and Control / Onyiche T.E., Suganuma K., Igarashi I., Yokoyama N., Xuan X., Thekisoe O.A. *Int. J. Environ. Res. Public Health*, 2019, vol. 16, pp. 1736. <https://doi.org/10.3390/ijerph16101736>
30. Rjeibi M.R., Darghouth M.A., Gharbi M. Prevalence of *Theileria* and *Babesia* species in Tunisian sheep. *J. Vet. Res.*, 2016, vol. 83(1). <https://doi.org/10.4102/ojvr.v83i1.1040>
31. Seroprevalence of equine granulocytic anaplasmosis and lyme borreliosis in Canada as determined by a point-of-care enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) / Schwartz G., Epp T., Burgess H.J., Chilton N.B., Pearl D.L., Lohmann K.L. *Can Vet J.*, 2015, vol. 56(6), pp. 575–580.
32. The natural history of *Anaplasma marginale* / Kocan K.M., de la Fuente J., Blouin E.F., Coetzee J.F., Ewing S.A. *Vet. Parasitol.*, 2010, vol. 10. 167(2-4), pp. 95-107. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2009.09.012>
33. Twenty Years of Equine Piroplasmosis Research: Global Distribution, Molecular Diagnosis, and Phylogeny / Tirosh-Levy S., Gottlieb Y., Fry L.M.,

- Knowles D.P., Steinman A. *Pathogens.*, 2020, vol. 9, p. 926. <https://doi.org/10.3390/pathogens9110926>
34. Uilenberg G. *Theileria* infections other than East Coast fever // *Diseases of cattle in the tropics.* (Eds. M. Ristic, I. McIntyre). 1981. Martinus Nijhoff. The Hague, pp. 411-427.

ВКЛАД АВТОРОВ

- Сунцова О.В.:** общая концепция, лабораторные исследования, интерпретация результатов, подготовка текста статьи.
- Рар В.А.:** секвенирование образцов, филогенетический анализ, подготовка текста статьи, редактирование.
- Лисак О.В.:** сбор, обработка и анализ материала.
- Мельцов И.В.:** сбор и обработка материала, редактирование.
- Дорошенко Е.К.:** сбор, обработка и анализ материала.
- Савинова Ю.С.:** сбор, обработка и анализ материала.
- Тикуннов А.Ю.:** секвенирование образцов, филогенетический анализ.
- Козлова И.В.:** общее руководство направлением исследования, интерпретация результатов, подготовка текста статьи.

AUTHOR CONTRIBUTIONS

- Olga V. Suntsova:** conceptualization, laboratory research, data interpretation, original draft preparation.
- Vera A. Rar:** sample sequencing, phylogenetic analysis, preparation of the text of the article, editing.
- Oksana V. Lisak:** collection, processing and analysis of material.
- Ivan V. Meltsov:** collection and processing of material, editing.
- Elena K. Doroshchenko:** collection, processing and analysis of material.
- Yulia S. Savinova:** collection, processing and analysis of material.
- Artyom Yu. Tikunov:** sample sequencing, phylogenetic analysis.
- Irina V. Kozlova:** general direction of the research direction, interpretation of results, preparation of the text of the article.

ДАННЫЕ ОБ АВТОРАХ

- Сунцова Ольга Владимировна**, кандидат биол. наук, научный сотрудник
ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека»
ул. Тимирязева, 16, г. Иркутск, 664003, Российская Федерация
olga_syntsova@list.ru

Рар Вера Александровна, кандидат биол. наук, научный сотрудник
ФГБУН Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН
пр. Ак. Лаврентьева, 8, г. Новосибирск, 630090, Российская Федерация
rarv@niboch.nsc.ru

Лисак Оксана Васильевна, младший научный сотрудник
ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека»
ул. Тимирязева, 16, г. Иркутск, 664003, Российская Федерация
lisak.liza@rambler.ru

Мельцов Иван Владимирович, кандидат ветеринарных наук, доцент
ФГБОУ ВО Иркутский государственный аграрный университет им. А.А. Ежевского
пос. Молодежный, Иркутский район, Иркутская область, 664038, Российская Федерация
ivanmeltsov@mail.ru

Дорошенко Елена Константиновна, кандидат биол. наук, научный сотрудник
ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека»
ул. Тимирязева, 16, г. Иркутск, 664003, Российская Федерация
doroshchenko-virus@mail.ru

Савинова Юлия Сергеевна, младший научный сотрудник
ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека»
ул. Тимирязева, 16, г. Иркутск, 664003, Российская Федерация
vippersona2389@rambler.ru

Тикунов Артем Юрьевич, научный сотрудник
ФГБУН Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН
пр. Ак. Лаврентьева, 8, г. Новосибирск, 630090, Российская Федерация
arttik@ngs.ru

Козлова Ирина Валерьевна, доктор медицинских наук, руководитель лаборатории молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека»
ул. Тимирязева, 16, г. Иркутск, 664003, Российская Федерация
diwerhoz@rambler.ru

DATA ABOUT THE AUTHORS

Olga V. Suntsova, Research Officer at the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Diagnostics, Cand. Sc. (Biol.)
Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems
16, Timiryazev Str., Irkutsk, 664003, Russian Federation
olga_syntsova@list.ru
SPIN-code: 8825-6072
ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4057-2890>

Vera A. Rar, Research Officer, Cand. Sc. (Biol.)
Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences
8, Lavrentiev Avenue, Novosibirsk, 630090, Russian Federation
rarv@niboch.nsc.ru
SPIN-code: 2303-6326
ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5930-5306>
Scopus Author ID: 6601938014

Oksana V. Lisak, Junior Research Officer at the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Diagnostics
Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems
16, Timiryazev Str., Irkutsk, 664003, Russian Federation
lisak.liza@rambler.ru
SPIN-code: 5518-8804
ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3909-7551>

Ivan V. Meltsov, Associate Professor, Cand. Sc. (Vet.)
Irkutsk State University of Agriculture named after A.A. Ezhevsky
Molodezhny settlement, Irkutsk region, Irkutsk district, 664038, Russian Federation
ivanmeltsov@mail.ru
SPIN-code: 2734-7871
ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8566-7004>

Elena K. Doroshchenko, Research Officer at the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Diagnostics, Cand. Sc. (Biol.)
Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems
16, Timiryazev Str., Irkutsk, 664003, Russian Federation
doroshchenko-virus@mail.ru
SPIN-code: 8668-0128
ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8209-616X>

Yulia S. Savinova, Junior Research Officer at the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Diagnostics
Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems
16, Timiryazev Str., Irkutsk, 664003, Russian Federation
vippersona2389@rambler.ru
SPIN-code: 6851-2318
ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8183-1233>

Artyom Yu. Tikunov, Research Officer
Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences
8, Lavrentiev Avenue, Novosibirsk, 630090, Russian Federation
arttik@ngs.ru
SPIN-code: 8528-6237
ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5613-5447>
Scopus Author ID: 36802753000

Irina V. Kozlova, Head of the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Diagnostics, Dr. Sc. (Med.)
Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems
16, Timiryazev Str., Irkutsk, 664003, Russian Federation
diwerhoz@rambler.ru
SPIN-code: 7993-1770
ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6324-8746>
ResearcherID: T-3320-2017
Scopus Author ID: 36874171800

Поступила 23.12.2022

После рецензирования 13.01.2023

Принята 31.01.2023

Received 23.12.2022

Revised 13.01.2023

Accepted 31.01.2023