

## **СЕКЦИЯ 4. НОВЫЕ И ВОЗВРАЩАЮЩИЕСЯ БОЛЕЗНИ ЖИВОТНЫХ**

**УДК 576.895.42**

### **ИНТЕНСИВНОСТЬ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ИКСОДИД И ИХ ЗАРАЖЕННОСТЬ ВОЗБУДИТЕЛЯМ ТРАНСМИССИВНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ НА ТЕРРИТОРИИ БЕЛОРУССКОГО ПООЗЕРЬЯ**

**Осмоловский А.А., Субботина И.А., Фадеенкова Е.И.**

*ВГАВМ, г. Витебск*

Клещевые инфекции и инвазии, входящие в группу трансмиссивных болезней, на сегодняшний день занимают одну из лидирующих позиций среди всех заразных болезней животных и человека. В последнее десятилетие на территориях Европы и Азии, в том числе и Республики Беларусь, отмечается устойчивая направленность к повышению уровня заболеваемости животных и людей инфекциями, передающимися клещами, комарами и другими кровососущими за счет расширения их нозареалов, адаптации, изменений климата. Выявляется большое количество микст-инфекций, а также регистрируются ранее неизвестные патогены и новые нозологические формы болезней. Значительно чаще стали регистрироваться нетипичные для Беларуси трансмиссивные заболевания – анаплазмоз, туляремия, клещевые риккетсиозы, а в соседних странах интенсивно стали распространяться Конго-Крымская геморрагическая лихорадка, моноцитарный эрлихиоз и др.. В этой связи в последние годы внимание эпидемиологов и инфекционистов привлечено к проблеме клещевых микст-инфекций. К настоящему времени достоверно доказано, что зараженность клеща 2-3 патогенами не только вирусных, но бактериальных и/или протозойных инфекций – это не исключение, а закономерность. Поэтому любое заболевание, возникшее в результате присасывания клеща, следует рассматривать как потенциальную микст-инфекцию.

Цель работы – изучить инфицированность клещей с открытой природы возбудителями трансмиссивных болезней.

Учет численности и видового разнообразия половозрелых иксодовых клещей проводили с апреля по ноябрь. Взрослых имаго клещей и нимф собирали с открытой природы различных территорий Витебской области: ботанический заказник, агрогородок, парк, пляжная и окрестные территории детского оздоровительного лагеря, дендропарк лесной массив. Все территории имели подтаежный тип ландшафтов. Координатные «точки» обследования определяли с помощью спутниковых навигаторов (ГЛОНАСС/GPS-приемников) в системе глобального позиционирования. На открытых (полянах, лужайках, просеках) и лесных участках с высокой травой и кустарником клещей собирали на флаг. Наличие возбудителей заболеваний животных и человека в отловленных клещах оценивали по выявлению

генетического материала методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) в режиме реального времени. Группировку проб осуществляли в соответствии с МУ 3.1.1027-01 «Сбор, учет и подготовка к лабораторному исследованию кровососущих членистоногих-переносчиков возбудителей природно-очаговых инфекций», при этом в одну пробу включали только одного клеща. Генетический материал из полученных проб выделяли с помощью набора реагентов для экстракции нуклеиновых кислот в соответствии с инструкцией производителя («АртБиоТех», г. Минск, Республика Беларусь).

В результате проведенных сборов иксодовых клещей с открытой природы на обозначенных маршрутах отобрано 529 клещей, в том числе 350 (66,2%) взрослых имаго и 179 (33,8%) нимф.

**Таблица 1 - Количество собранных иксодовых клещей на различных территориях**

Территория обследования	Количество взрослых имаго клещей, абс.единицы	Количество нимф, абс.единицы
Ботанический заказник	31	-
Парк	32	-
Пляжная и окрестные территории детского оздоровительного лагеря	11	-
Биологический заказник	47	-
Дендропарк	78	
Лесной массив	209	132

Определено, что фауна эпидемически и эпизоотически значимых видов клещей в Белорусском Поозерье (Витебском районе), отвечающих за распространение клещевых инфекций и инвазий, представлена клещами родов *Ixodes* и *Dermacentor*, что в целом не противоречит другим исследованиям. Так, для клещей рода *Ixodes* индекс встречаемости составил 71,7%, а для *Dermacentor* – всего лишь 28,3%.

Все собранные особи были проверены на наличие генетического материала *Borrelia* spp., *Anaplasma* spp. (*Ehrlichia* spp.), *Babesia* spp. и Tick-borne encephalitis virus (рисунок 1) при помощи ПЦР в режиме реального времени.

Установлено, что 120 (22,7%) из 529 паразитов являлись носителями определённых возбудителей инфекционных заболеваний животных и человека – клещи-носители, а 409 (77,3%) были условно «чистыми» клещами, так как спектр определяемых ДНК-маркеров был ограничен. При этом у наибольшего количество особей, 74 из 120 (61,7%), обнаружена ДНК *Borrelia* spp., у 31 (25,8%) – *Anaplasma* spp. (*Ehrlichia* spp.) и у 30 (25%) – *Babesia* spp.

Несмотря на то, что имеется достаточно литературных источников, указывающих на преобладание у иксодидмикст-инфекции (от 18 до 32%),

нами данная особенность выявлена только у 13 (10,8%) из 120 инфицированных клещей. При этом более двух возбудителей обнаружено только в двух пробах. Тем не менее, несмотря на небольшой процент комбинированных инфекций, выявление в организме одного клеща нескольких патогенных возбудителей не только меняет наши представления об этиологии заболеваний, возникающих после укусов иксодовых клещей в Беларуси, но и переводит клещевые микст-инфекции в ранг важной и приоритетной для республики практической проблемы, требующей всестороннего изучения.

Проанализировав общую зараженность иксодовых клещей, установили, что наибольшее количество инфицированных клещей находилось на территории ботанического заказника - 38,5%, а наименьшее - 9,1% – на пляже и в окрестностях детского оздоровительного лагеря. На остальных маршрутах количество зараженных паразитов было примерно одинаковым и находилось в диапазоне от 21,5% до 15,6%. Выявленные различия в показателях численности иксодовых клещей и встречаемости в них генетических маркеров возбудителей клещевых инфекций имеют определенную связь с экологическими особенностями изучаемых территорий.

В результате определения ДНК возбудителей трансмиссивных клещевых инфекций в иксодовых клещах-носителях на других обследованных территориях было установлено, что на разных территориях иксодовые клещи имели свои приоритеты инфекционного носительства. Так, на территории парков в клещах-носителях была определена только ДНК *Borrelia* spp.; на территориях биологического и ботанического заказников – только ДНК *Borrelia* spp. и *Anaplasma* spp. (*Ehrlichia* spp.). А на маршрутах дендропарка, территории горнолыжной базы и лесного массива в клещах-носителях обнаружили биологический материал и *Borrelia* spp., и *Anaplasma* spp. (*Ehrlichia* spp.), и *Babesia* spp. Важно отметить, что на всех маршрутах в клещах-носителях чаще всего определяли *Borrelia* spp. (от 15,6 до 80% бактериофорности). Таким образом клещевые боррелиозы являются лидирующей трансмиссивной инфекцией на территории Белорусского Поозерья.

Установлено, что фауна эпидемически и эпизоотически значимых видов клещей в Белорусском Поозерье, отвечающих за распространение клещевых инфекций и инвазий, представлена клещами родов *Ixodes* и *Dermacentor*: индекс встречаемости - 71,7% и 28,3% соответственно. Определено, что 22,7% иксодовых клещей на территориях Белорусского Поозерья являются потенциальными носителями возбудителей инфекционных заболеваний животных и человека, таких как клещевой боррелиоз, анаплазмоз (эрлихиоз) и бабезиоз. На основании заключений ПЦР-исследований спектр возбудителей инфекционных заболеваний, передаваемых иксодовыми клещами на территории Белорусского Поозерья (Витебского района), представлен в 61,7% случаев, *Borrelia* spp., в 25,8% – *Anaplasma* spp. (*Ehrlichia* spp.) и в 25% – *Babesia* spp.. При этом микст-инфицированность составила 10,8%. Выявленные различия в показателях численности иксодовых клещей и встречаемости в них

генетических маркеров возбудителей клещевых инфекций имеют определенную связь с экологическими особенностями изучаемых территорий.

**УДК 619:616:578.834.1-091:636.8.053**

## **МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ SARS-COV-2, ЦИРКУЛИРУЮЩЕГО В ОРГАНИЗМЕ ЖИВОТНЫХ**

**Субботина И. А., Куприянов И. И.**

*ВГАВМ, г. Витебск*

Не смотря на объявление окончания пандемии COVID-19, данная болезнь не оставляет население планеты в покое, а ее возбудитель – коронавирус, получивший «имя» SARS-CoV-2, продолжает активно циркулировать в человеческой популяции и расширять спектр своих хозяев, инфицируя различные виды животных и прочно закрепляясь в их популяциях.

Сегодня уже известно, что гликопротеин Spike SARS-CoV-2 обладает широким тропизмом к хозяину в отношении рецепторов ACE-2 млекопитающих, несмотря на расхождение в аминокислоты в сайте связывания рецептора Spike на этих белках. Очевидно, широкий тропизм SARS-CoV-2 в месте проникновения вируса подтверждает потенциальный риск заражения широкого круга домашних животных, домашнего скота и диких животных. Во время пандемии COVID-19 были зарегистрированы естественные случаи передачи SARS-CoV-2 от человека животным, в том числе свободно гуляющим белохвостым оленям (*Odocoileus Virginianus*) в Северной Америке и выращиваемой американской норке (*Neovison vison*) на нескольких континентах. Чтобы понять потенциал вирусного тропизма, опосредованного ангиотензинпревращающим ферментом 2 (ACE-2), было изучено распределение рецепторов ACE-2 в тканях дыхательных путей и кишечника некоторых диких и полудомашних млекопитающих, включая парнокопытных (олений, быков, верблюдов, свиней, бегемота), различные виды куньих и ряда других животных с помощью иммуногистохимии. Экспрессия рецептора ACE-2 была обнаружена в бронхиальном или бронхиолярном эпителии нескольких европейских и азиатских видов оленей, двугорбого верблюда (*Camelus bactrianus*), европейского барсука (*Meles meles*), горностая (*Mustela erminea*), гиппопотама (*Hippopotamus amphibious*), морского тюленя (*Phocavitulina*), и хохлача (*Cystophoracristata*). Дальнейшее изучение рецепторов в носовых раковинах и трахее выявило редкую экспрессию рецептора ACE-2 в эпителиальных клетках слизистой оболочки и случайное появление в подслизистом железистом эпителии косули западной (*Capreolus capreolus*), лося (*Alces alces*) и альпаки (*Vicungapacos*).

Целью нашей работы стало изучение циркуляции вируса SARS-CoV-2 в популяциях различных видов животных.

Изучение циркуляции вируса SARS-CoV-2 проводилось в популяциях домашних и диких животных. Всего было задействовано 22 вида животных: кошка домашняя, собака, крупный рогатый скот, мелкий рогатый скот (овцы