



УДК 577.2.01

Представители рода *Babesia*, их распространённость, генетическое разнообразие и роль в патологии человека и животных

М. О. Щепина^{1,2}, О. О. Федулина¹, И. В. Козлова¹, О. В. Сунцова¹,
В. А. Пар³, Е. К. Дорощенко¹, О. В. Лисак¹

¹Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека
СО РАМН, Иркутск

²Иркутский государственный университет, Иркутск

³Институт химической биологии и фундаментальной медицины
СО РАН, Новосибирск

E-mail: diwerhoz@rambler.ru

Аннотация. Приведён анализ публикаций по проблеме бабезиоза человека и животных, представлены результаты рекогносцировочных исследований по поиску очагов бабезиоза в Иркутской области. ДНК бабезий обнаружена в клещах двух видов (*I. persulcatus*, *H. concinna*) на территории трёх районов Иркутской области: Эхирит-Булагатского, Иркутского, Шелеховского. В клещах *D. nuttalli* ДНК бабезий не обнаружена. Проведён анализ нуклеотидных последовательностей гена 18S рРНК длиной 1220 п. о. 15 образцов бабезий. Показано, что выявленные последовательности бабезий в клещах *H. concinna* и *I. persulcatus* генетически наиболее сходны с патогеном овец *Babesia crassa*, *B. motasi*. В клещах *I. persulcatus* выявлены также нуклеотидные последовательности, генетически схожие с бабезиями *B. microti* Us-type и *B. venatorum*, патогенными для человека. В Шелеховском районе обнаружен образец, нуклеотидные последовательности которого существенно отличаются от всех известных (менее 95 % гомологии).

Ключевые слова: бабезиоз, генетическая вариабельность, природный очаг.

Введение

Природно-очаговые трансмиссивные клещевые инфекции имеют широкое распространение в мире и отличаются большим этиологическим разнообразием. Исследования, выполненные в последние годы, показали, что клещи рода *Ixodes* могут быть инфицированы не только известными патогенами, такими, как вирус клещевого энцефалита, боррелии, риккетсии, но и возбудителями новых, ещё недостаточно изученных инфекций. В частности показано, что иксодовые клещи могут быть переносчиками простейших гемопаразитов рода *Babesia*. Известно более 100 видов бабезий, которые обладают различной патогенностью и специфичностью для разных

видов животных. Вызываемые паразитами природно-очаговые заболевания – бабезиозы – широко распространены в мире.

В последние десятилетия бабезиозы приобретают все большее значение в качестве новых трансмиссивных болезней человека. Факторами риска для развития тяжёлых форм бабезиоза является сниженный клеточный иммунитет. В эпоху эпидемии ВИЧ-инфекции, роста числа пациентов, перенесших спленэктомию, трансплантацию, онкологические заболевания, гемотрансфузии это может привести к более широкому распространению бабезиоза. Всё это делает проблему изучения бабезий и бабезиозов чрезвычайно актуальной. Однако информация о существовании очагов бабезиоза на территории Иркутской области отсутствует. В связи с этим большое значение приобретают исследования по оценке эпидемиологической ситуации в отношении бабезиоза на территории региона, изучению видовой и генетической вариабельности бабезий, выявлению их основных переносчиков, резервуарных хозяев, установлению роли различных видов бабезий в региональной патологии человека и животных.

Цель работы – анализ научной литературы по проблеме бабезиоза человека и животных, изучение распространённости и генетического разнообразия бабезий, циркулирующих в природных очагах на территории Иркутской области.

Бабезии – внутриэритроцитарные паразиты, относящиеся к типу *Apicomplexa*, отряду *Piroplasmida*, семейству *Babesiidae* [3]. Вызывают бабезиозы – трансмиссивные паразитарные зоонозные инфекции. Являются вторыми наиболее часто встречающимися паразитами в крови млекопитающих после трипаносом [13]. Заболеванию подвержены домашние животные, человек и некоторые виды диких животных. Переносчиками служат клещи семейства *Ixodidae*.

В 1888 г. в Румынии В. Бабешем впервые были обнаружены и описаны микроорганизмы из эритроцитов быков [5; 6], а в 1892 г. – овец [4; 6]. Позже Т. Смит и Ф. Л. Килборн установили возбудителя техасской лихорадки скота [33]. Паразиты, описанные В. Бабешем, Т. Смитом и Ф. Л. Килборном впоследствии стали называться *Babesia bovis*, *B. ovis* и *B. bigemina* [6; 35]. Бабезии, паразитирующие в крови других домашних животных – собак и лошадей, в дальнейшем были определены как *B. canis* и *B. caballi*. У собак их описали Г. Пьяна и Б. Галли-Валерио в 1895 г. [6; 31], у лошадей – Р. Кох в 1904 г. [6; 28]. Первый случай бабезиоза у человека был диагностирован в 1956 г. в Югославии (возбудитель *B. divergens*), а в 1966 г. – в США (возбудитель *B. microti*) [2; 27]. Позднее бабезиозы человека были зарегистрированы в других странах.

Жизненный цикл бабезий представляет собой чередование бесполого размножения (шизогонии) в эритроцитах позвоночных, полового процесса в кишечнике клещей и спорогонии (образования спорозоитов) в слюнных железах клещей [3]. Позвоночные животные являются промежуточными хозяевами, а клещи – дефинитивными. Когда личинки клеща питаются кровью заражённой мыши поздним летом, гаметоциты накапливаются в

кишечнике клеща и дифференцируются в гаметы. Гаметы сливаются, образуя зиготы, которые мигрируют через эпителий кишечника в гемолимфу, где они созревают в оокинеты. Оокинеты продвигаются в слюнные железы и становятся споробластами в состоянии покоя [36; 39]. Когда взрослый клещ питается ранним летом следующего года, тысячи спорозоитов поставляются в организм позвоночного хозяина [7; 21; 39]. Попав внутрь эритроцита, спорозоиты созревают в трофозоиты, которые в конечном итоге почкуются, образуя четыре мерозоиты. Выход мерозоитов сопровождается разрывом эритроцитов хозяина и заражением других эритроцитов [39].

Форма паразитов может быть кольцевидной, овальной, амёбовидной, точковидной, ланцетовидной, грушевидной. Характерно образование парных грушевидных образований, соединённых тонким цитоплазматическим мостиком, угол расхождения между которыми (острый, тупой) служит систематическим признаком (так называемый мальтийский крест) [2].

По морфологическим признакам бабезии подразделяют на большие и малые. У малых размеры внутриэритроцитарных форм составляют 1,0–2,5 мкм, у больших – 2,5–5,0 мкм. Эта классификация совпадает с результатами филогенетического анализа на основе сравнения нуклеотидных последовательностей гена 18S рРНК [3; 14]. Такой анализ позволяет выделить в отряде *Piroplasmida* 4 кластера: 1) представители родов *Theileria* и *Cytauxzoon*; 2) истинные бабезии или *Babesia sensu stricto*, к которым относятся все «большие» бабезии (*B. canis*, *B. bigemina*, *B. divergens*) и *B. gibsoni* из группы «малых»; 3) остальные малые бабезии, филогенетически более близкие к тейлериям, чем к истинным бабезиям. Среди них выделяют гетерогенный кластер, относящийся к *B. microti*, а также ряд пироплазм, обнаруженных на западе США (*B. conradae*, *Babesia* WA-type и *Babesia* CA-type) [3; 18].

Патогенез бабезиоза, вызываемого разными видами возбудителей, различается. Течение патологического процесса связано с возрастом хозяина, иммунным статусом, сопутствующими инфекциями с другими патогенами и/или генетическими факторами. Общими проявлениями острых бабезиозных инфекций у разных хозяев являются лихорадка, анемия, гемоглобинурия, желтуха, недомогание, вялость и отсутствие аппетита, в то время как хроническое состояние, как правило, протекает бессимптомно [6].

Возбудителями бабезиозов крупного рогатого скота являются *B. bovis*, *B. bigemina* и *B. divergens*. Первые два встречаются в тропических и субтропических областях. Их переносчиками служат клещи рода *Rhipicephalus*. Третий в основном поражает крупный рогатый скот в Европе – от Скандинавии до Средиземноморья и Северной Африки. Трансмиссивный хозяин представлен *Ixodes ricinus* [6; 8].

Бабезиозные инфекции мелкого рогатого скота (овец и коз) имеют большое экономическое значение в Южной Европе, на Ближнем Востоке и в некоторых африканских и азиатских государствах [6; 11; 41]. Их вызывают *B. ovis*, *B. motasi* и *B. crassa*, переносимые *R. bursa* и *Haemaphysalis* spp. [6].

Бабезиоз собак вызывают *B. vogeli*, *B. canis*, *B. rossi*, *B. conradae* и *B. gibsoni*. Переносчиком *B. vogeli* служит бурый собачий клещ *R. sanguineus*. *B. canis* попадают в организм при укусе клещей рода *Dermacentor*. Трансмиссивными хозяевами *B. rossi* являются представители *Haemaphysalis* spp. Переносчик *B. conradae* не определён. *H. longicornis* и другие виды способны передавать *B. gibsoni* [17; 38].

Клинические случаи бабезиоза кошек были связаны с инфекцией, вызванной *B. felis* в Африке [23; 34]. Переносчик пока не описан. Согласно молекулярным данным, кошки также могут быть заражены *B. canis* и *B. vogeli* [6; 19; 26; 32].

Бабезиозы человека впервые начали диагностировать с конца 50-х гг. прошлого века в Европе (возбудитель *B. divergens*), а в конце 60-х гг. в США (возбудитель *B. microti*), позже были обнаружены в других странах Америки, в Азии и Африке [1; 25; 29]. Переносчиками бабезий, патогенных для человека, являются преимущественно *I. ricinus*, *I. persulcatus*, *I. scapularis*, *I. trianguliceps*. Основной путь заражения человека – передача бабезий со слюной при питании клеща [2]. В США основная часть случаев бабезиоза связана с *B. microti*. Преобладает бессимптомное или мягкое течение болезни, реже отмечаются тяжёлые случаи с летальным исходом (5 %) [15]. Бессимптомные формы приводят к опасности инфицирования людей в результате переливания крови, в США в 1979–2007 гг. было выявлено около 70 таких случаев, девять из них закончились летальным исходом [9]. Данный патоген обнаружен также в Европе, Китае и Японии [10; 20; 24].

В России *B. microti* выявлены в образцах крови рыжих полёвок на территории Среднего Предуралья, в таёжных клещах Северо-Западного региона, в грызунах и иксодовых клещах в Западной Сибири и на Дальнем Востоке [22].

Бабезиоз в Европе характеризуется тяжёлыми формами, число летальных исходов составляет 40 % [15]. Предполагалось, что все случаи бабезиоза в Европе вызваны *B. divergens*. Однако в 2003 г. молекулярными методами установлено, что бабезиозы у людей могут быть вызваны *B. venatorum* [29]. Специфичными переносчиками *B. divergens* и *B. venatorum* является *I. ricinus* [22; 30], а резервуарными хозяевами – крупный рогатый скот и дикие копытные [16; 40].

Установлено, что бабезиозом болеют, главным образом, лица с пониженным иммунным статусом (пожилые, спленэктомированные, перенёвшие тяжёлые заболевания). Считается вероятной манифестация бабезиоза у ВИЧ-инфицированных. У тех же групп риска отмечаются более тяжёлые формы болезни [2].

Материалы и методы

В 2010–2012 гг. на наличие ДНК бабезий были исследованы образцы от 395 экз. клещей *Ixodes persulcatus* и 74 экз. *Haemaphysalis concinna*, 99 экз. *Dermacentor nuttalli*, собранных на территории семи районов Иркутской области.

Суммарные нуклеиновые кислоты экстрагировали из клещей с помощью набора «АмплиПрайм РИБО-преп» (ООО «НекстБио», Москва). ДНК бабезий выявляли методом гнездовой полимеразной цепной реакции (ПЦР) в присутствии родоспецифичных праймеров из области гена 18S рРНК, как описано в [37].

Для последующего определения нуклеотидных последовательностей были синтезированы продукты ПЦР длиной 1218–1268 п. о. с использованием в первом раунде ПЦР прямого праймера BS1 (5'-gacgtagggtattggcct-3') и обратного праймера BS2 (5'-attcaccggatcactcgatc-3'), а во втором раунде прямого праймера BS3 (5'-cgaggcagcaacgggtaacg-3') или BS5 (5'-cgaggcagcaacgggtaacg-3') и обратного праймера BS4 (5'-agggacgtagtccgacag-3'). Праймер BS3 применялся при амплификации фрагмента гена 18S рРНК *B. microti*, а праймер BS5 – при амплификации фрагмента ДНК *B. divergens* и близкородственных бабезий.

Нуклеотидные последовательности продуктов ПЦР были определены в Центре секвенирования ДНК СО РАН (г. Новосибирск). Сравнение нуклеотидных последовательностей с ранее опубликованными проведено с использованием программы BLASTn (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>), анализ полученных последовательностей выполнен методом ClustalW (<http://www.ebi.ac.uk/clustalw/index.html>).

Результаты и обсуждение

При исследовании иксодовых клещей из семи районов Иркутской области (Бодайбинского, Иркутского, Нижнеилимского, Ольхонского, Усть-Илимского, Шелеховского, Эхирит-Булагатского) ДНК бабезий обнаружена в клещах двух видов: *Ixodes persulcatus* и *Haemaphysalis concinna*. Средняя заражённость клещей *I. persulcatus* бабезиями составила 2,5 %, *H. concinna* – 6,7 %. В клещах *Dermacentor nuttalli* ДНК бабезий не выявлена. Инфицированность клещей *I. persulcatus* в Эхирит-Булагатском и Иркутском районах была примерно одинаковой (3,5 % и 3,3 % соответственно). Более высокие показатели заражённости клещей бабезиями в Шелеховском районе связаны, по всей видимости, с небольшим объёмом выборки исследованных нами клещей (табл. 1).

Наиболее разнообразным по видовому составу иксодид в Иркутской области является Эхирит-Булагатский район, где встречаются четыре вида клещей: *I. persulcatus*, *H. concinna*, *D. nuttalli* и *D. silvarum*. Здесь ДНК бабезий выявлена нами в двух видах клещей – *I. persulcatus* и *H. concinna*. Анализ нуклеотидных последовательностей гена 18S рРНК длиной 1220 п. о. показал, что бабезии, выявленные в этом районе (образцы Irk-Ip279, Irk-Ip257, Irk-Ip256, Irk-Hc215, Irk-Hc129, Irk-Hc128, Irk-Hc133), генетически наиболее сходны с патогенами овец *B. crassa* (табл. 2). Уровень гомологии внутри данной группы составил 97–99,9 %.

Нуклеотидные последовательности образца Irk-Hc130 из Эхирит-Булагатского района оказались наиболее генетически близки нуклеотидным последовательностям *B. motasi* AY260189, депонированным в GenBank (1126 из 1150 нуклеотидов идентичны, уровень гомологии 98 %).

Таблица 1

Результаты исследования клещей, собранных на территории Иркутской области на наличие ДНК бабезий

Район сбора клещей	Вид клеща	Количество исследованных проб	Количество (%) проб, содержащих ДНК бабезий
Эхирит-Булагатский	<i>I. persulcatus</i>	86	3 (3,5 %)
	<i>H. concinna</i>	74	5 (6,7 %)
	<i>D. nuttalli</i>	43	–
Иркутский	<i>I. persulcatus.</i>	180	6 (3,3 %)
Шелеховский	<i>I. persulcatus</i>	10	1 (10,0 %)
Усть-Илимский	<i>I. persulcatus</i>	36	–
Бодайбинский	<i>I. persulcatus</i>	36	–
Нижеилимский	<i>I. persulcatus</i>	26	–
Ольхонский	<i>D. nuttalli</i>	56	–
Всего	<i>I. persulcatus</i>	395	10 (2,5 %)
	<i>H. concinna</i>	74	5 (6,7 %)
	<i>D. nuttalli</i>	99	–

Таблица 2

Геновидовая характеристика образцов ДНК бабезий

Район сбора клещей	Вид клеща	Образец	Вид бабезий
Эхирит-Булагатский район	<i>I. persulcatus</i>	Irk-Ip279	<i>B. crassa</i>
		Irk-Ip257	<i>B. crassa</i>
		Irk-Ip256	<i>B. crassa</i>
	<i>H. concinna</i>	Irk-Hc215	<i>B. crassa</i>
		Irk-Hc129	<i>B. crassa</i>
		Irk-Hc128	<i>B. crassa</i>
Irk-Hc133		<i>B. crassa</i>	
Иркутский район	<i>I. persulcatus</i>	Irk-Ip130	<i>B. motasi</i>
		Irk-Ip525	<i>B. crassa</i>
		Irk-Ip332	<i>B. microti</i> Us- type
		Irk-Ip494	<i>B. microti</i> Us- type
		Irk-Ip1438	<i>B. microti</i> Us- type
		Irk-Ip1439	<i>B. venatorum</i>
Шелеховский район	<i>I. persulcatus</i>	Irk-Ip1440	<i>B. venatorum</i>
		Irk-Ip655	не определён

В Иркутском районе в клещах *I. persulcatus* выявлена ДНК *B. microti* Us- type и *B. venatorum*, которые могут играть роль в патологии человека. Кроме того, в образце Irk-Ip525 выявлена ДНК, нуклеотидные последовательности которой наиболее близки *B. crassa*. Образец Irk-Ip655 из Шелеховского района существенно отличается по нуклеотидным последовательностям от всех известных ранее (менее 95 % гомологии).

В северных районах: Усть-Илимском, Бодайбинском, Нижнеилимском – ДНК бабезий не обнаружена. В Ольхонском районе исследовались только клещи *D. nuttalli*, которые тоже не содержали ДНК бабезий.

Заключение

В результате проведённых нами рекогносцировочных исследований на территории Иркутской области выявлены природные очаги бабезиоза. Впервые в регионе в клещах *I. persulcatus* обнаружена ДНК патогенных для человека бабезий – *B. microti* Us-type и *B. venatorum*. В таёжных клещах и клещах *H. concinna* выявлена ДНК *B. crassa* и *B. motasi*, которые могут иметь ветеринарное значение.

Наличие указанных очагов предполагает их потенциальную эпидемиологическую опасность и существование риска заражения бабезиозом людей и животных.

Исследования выполнены при финансовой поддержке РФФИ в рамках проекта № 14-04-32375 мол_а.

Список литературы

1. Васильева И. С. Новые болезни, передаваемые клещами рода *Ixodes* (Ixodidae). Бабезиозы человека / И. С. Васильева // РЭТ-инфо. – 2006. – № 1. – С. 11–13.
2. Майданник В. Г. Бабезиоз у детей и подростков / В. Г. Майданник // Международный журнал педиатрии, акушерства и гинекологии. – 2013. – Т. 3, № 1. – С. 82–88.
3. Распространенность и генетическое разнообразие бабезий на территории Северного Урала, Западной Сибири и Дальнего Востока / В. А. Пар [и др.] // Инфекции, передаваемые клещами в Сибирском регионе / отв. ред.: В. В. Власов, В. Е. Репин. – Новосибирск : Изд-во СО РАН, 2011. – Вып. 30. – С. 296–308.
4. Babes V. L'etiology d'une enzootie des moutons, denomnee Carceag en Roumanie / V. Babes // Comptes Rendus Hebdomadaires des Seances de l'Academie des Sciences. – 1892. – Vol. 115. – P. 359–361.
5. Babes V. Sur l'hemoglobinurie bacterienne du boeuf / V. Babes // Comptes Rendus Hebdomadaires des Seances de l'Academie des Sciences. – 1888. – Vol. 107. – P. 692–694.
6. Babesia: a world emerging / L. Schnittger [et al.] // Infection, Genetics and Evolution. – 2012. – Vol. 12, N 8. – P. 1788–1809.
7. Babesia and red cell invasion / C. A. Lobo [et al.] // Current Opinion in Hematology. – 2012. – Vol. 19, N 3. – P. 170–175.
8. Babesia divergens: a bovine blood parasite of veterinary and zoonotic importance / A. Zintl [et al.] // Clinical Microbiology Reviews. – 2003. – Vol. 16, N 4. – P. 622–636.
9. Babesia infection through blood transfusions: report received by the US Food and Drug Administration, 1997–2007 / D. M. Gubernot [et al.] // Clinical Infectious Diseases. – 2009. – Vol. 48, N 1. – P. 25–30.
10. Babesia microti-group parasites compared phylogenetically by complete sequencing of the CCTeta gene in 36 isolates / R. Nakajima [et al.] // Journal of Veterinary Medical Science. – 2009. – Vol. 71, N 1. – P. 55–68.
11. Babesia ovis as the main causative agent of sheep babesiosis in Iran / S. Ranjbar-Bahadori [et al.] // Parasitology Research. – 2012. – Vol. 110, N 4. – P. 1531–1536.

12. *Babesia* sp. EU1 from roe deer and transmission within *Ixodes ricinus* / S. Bonnet [et al.] // *Emerging Infectious Disease J.* – 2007. – N 13. – P. 1208–1210.
13. Babesial infection in human and wildlife / S. R. Telford 3rd [et al.] // *Parasitic Protozoa* / eds.: J. P. Kreier, J. R. Baker. – N. Y. : Academic Press, 1993. – Vol. 5; 2nd ed. – P. 1–47.
14. Babesiosis / M. J. Homer [et al.] // *Clinical Microbiology Reviews.* – 2000. – Vol. 13, N 3. – P. 451–469.
15. Babesiosis: recent insights into an ancient disease / K. P. Hunfeld [et al.] // *International Journal for Parasitology.* – 2008. – Vol. 38, N 11. – P. 1219–1237.
16. Cervids as *Babesia* host, Slovenia / D. Duh [et al.] // *Emerging Infectious Diseases.* – 2005. – Vol. 11, N 7. – P. 1121–1123.
17. Characteristic genotypes discriminate between *Babesia canis* isolates of differing vector specificity and pathogenicity to dogs / M. Zahler [et al.] // *Parasitology Research.* – 1998. – Vol. 84, N 7. – P. 544–548.
18. Description of *Babesia duncani* n. sp. (Apicomplexa: Babesiidae) from humans and its differentiation from other piroplasms / P. A. Conrad [et al.] // *International J. for Parasitology.* – 2006. – Vol. 36, N 7. – P. 779–789.
19. Detection of *Babesia vogeli* in stray cats of metropolitan Bangkok, Thailand / P. Simking [et al.] // *Veterinary Parasitology.* – 2010. – Vol. 173, N 1–2. – P. 70–75.
20. Entomologic and serologic evidence of zoonotic transmission of *Babesia microti*, eastern Switzerland / I. M. Foppa [et al.] // *Emerging Infectious Diseases.* – 2002. – Vol. 8, N 7. – P. 722–726.
21. Erythrocyte invasion by *Babesia* parasites: current advances in the elucidation of the molecular interactions between the protozoan ligands and host receptors in the invasion stage / N. Yokoyama [et al.] // *Veterinary Parasitology.* – 2006. – Vol. 138, N 1–2. – P. 22–32.
22. Experimental in vitro transmission of *Babesia* sp. (EU1) by *Ixodes ricinus* / S. Bonnet [et al.] // *Veterinary Research.* – 2009. – Vol. 40, N 3. – P. 21.
23. Feline babesiosis in South Africa: a review / B. L. Penzhorn [et al.] // *Annals of the New York Academy of Sciences.* – 2004. – N 1026. – P. 183–186.
24. First confirmed autochthonous case of human *Babesia microti* infection in Europe / A. Hildebrandt [et al.] // *European J. of Clinical Microbiology and Infectious Diseases* – 2007. – Vol. 26, N 8. – P. 595–601.
25. Human babesiosis / A. Gorenflot [et al.] // *Annals of Tropical Medicine and Parasitology.* – 1998. – Vol. 92, N 4. – P. 489–501.
26. Infection with a proposed new subspecies of *Babesia canis*, *Babesia canis* subsp. *presentii*, in domestic cats / Baneth G. [et al.] // *J. of Clinical Microbiology* – 2004. – Vol. 42. – P. 99–105.
27. Kavanagh M. J. Babesiosis / M. J. Kavanagh, C. F. Decker // *Disease-a-Month.* – 2012. – Vol. 58, N 6. – P. 355–360.
28. Koch R. Rhodesian investigations / R. Koch // *Cape Agricultural J.* – 1904. – Vol. 24. – P. 33–45.
29. Molecular characterization of a non-*Babesia divergens* organism causing zoonotic babesiosis in Europe / B. L. Herwaldt [et al.] // *Emerging Infectious Diseases.* – 2003. – Vol. 9, N 8. – P. 942–948.
30. Natural transmission of Zoonotic *Babesia* spp. by *Ixodes ricinus* ticks / C. A. Becker [et al.] // *Emerging Infectious Diseases.* – 2009. – Vol. 15, N 2. – P. 320–322.
31. Piana G. P. B. Su di un'infezione del cane con parassiti endoglobulari nel sangue. Nota preventiva / G. P. Piana, B. Galli-Valerio // *Il Moderno Zootatro.* – 1895. – Vol. 6. – P. 163–169.

32. Presence of *Mycoplasma hemofelis*, *Mycoplasma hemominutum* and piroplasmids in cats from Southern Europe: a molecular study / A. Criado-Fornelio [et al.] // *Veterinary Microbiology*. – 2003. – Vol. 93, N 4. – P. 307–317.
33. Smith T. Investigation into the nature, causation, and prevention of southern cattle fever / T. Smith., F. L. Kilbourne. – Washington, D. C. : U. S. Dept. of Agriculture, Bureau of Animal Industry, 1893. – Bull. N 1. – 301 p.
34. Solano-Gallego L. Babesiosis in dogs and cats – expanding parasitological and clinical spectra / L. Solano-Gallego, G. Baneth // *Veterinary Parasitology*. – 2011. – Vol. 181, N 1. – P. 48–60.
35. The quest for piroplasms: from Babes and Smith to molecules / A. Mihalca [et al.] // *Scientia Parasitologica*. – 2010. – Vol. 11, N 1. – P. 14–19.
36. The sequence of developmental events of *Babesia microti* in the gut of *Ixodes dammini* / M. Rudzinska [et al.] // *Protistologica*. – 1984. – Vol. 20, N 4. – P. 649–63.
37. Tick-borne pathogen detection, Western Siberia, Russia / V. A. Rar [et al.] // *Emerging Infectious Diseases*. – 2005. – Vol. 11, N 11. – P. 1708–1715.
38. Uilenberg G. Babesia – A historical overview / G. Uilenberg // *Veterinary Parasitology*. – 2006. – Vol. 138, N 1–2. – P. 3–10.
39. Vannier E. Human Babesiosis. / E. Vannier, P. J. Krause // *New England Journal of Medicine*. – 2012. – Vol. 366, N 25. – P. 2397–2407.
40. Wild ungulates as *Babesia* hosts in northern and central Italy / M. P. Tampieri [et al.] // *Vector Borne and Zoonotic Diseases*. – 2008. – Vol. 8, N 5. – P. 667–674.
41. Yin H. Ticks of small ruminants in China / H. Yin, J. Luo // *Parasitology Research*. – 2007. – Vol. 101, N 2. – P. 187–189.

Members of the Genus *Babesia*, their Occurrence, Genetic Diversity and Significance in Human and Animal Pathology

M. O. Shchepina^{1,2}, O. O. Fedulina¹, I. V. Kozlova¹, O. V. Suntsova¹, V. A. Rar³, E. K. Doroshchenko¹, O. V. Lisak¹

¹Research Centre of Family Health Problems and Human Reproduction SB RAMS, Irkutsk

²Irkutsk State University, Irkutsk

³Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine SB RAS, Novosibirsk

Abstract. The article provides the analysis of the scientific literature on a problem of human and animal babesiosis and presents the results of revealing *Babesia* infections in Irkutsk region. DNA of babesia was found in ticks of two species (*I. persulcatus*, *H. concinna*) in the territory of three districts of Irkutsk region: Ekhirit-Bulagatsky, Irkutsky, and Shelekhovskiy. *D. nuttalli* does not have babesia DNA. Nucleotide sequence analysis of 18S rRNA gene (approximately 1,220 bp) was carried out in the 15 samples of babesia. The results showed that babesia sequences found in ticks of *H. concinna* and *I. persulcatus* are genetically similar to a sheep pathogen of *Babesia crassa* and *B. motasi*. Also *I. persulcatus* ticks have nucleotide sequences that are genetically similar to *B. microti* Us-type and *B. venatorum*, pathogenic for the human. In

the Shelekhovsky district the sample whose nucleotide sequences significantly differ from all known (less than 95 % of homology) was found.

Keywords: babesiosis, genetic variability, natural focus.

Щепина Мария Олеговна
студент

Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека СО РАМН
664025, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 3
Иркутский государственный университет
664003, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 1
тел.: (3952) 24–18–55
e-mail: diwerhoz@rambler.ru

Shchepina Maria Olegovna
Student

Scientific Centre of the Family Health and Human Reproduction Problems SB RAMS
3, K. Marx st., Irkutsk, 664025
Irkutsk State University
1, K. Marx st., Irkutsk, 664003
tel.: (3952) 24–18–55
e-mail: diwerhoz@rambler.ru

Федулина Ольга Олеговна
младший научный сотрудник
Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека СО РАМН
664025, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 3
тел.: (3952) 33–39–51
e-mail: diwerhoz@rambler.ru

Fedulina Ol'ga Olegovna
Junior Research Scientist
Scientific Centre of the Family Health and Human Reproduction Problems SB RAMS
3, K. Marx st., Irkutsk, 664025
tel.: (3952) 33–39–51
e-mail: diwerhoz@rambler.ru

Козлова Ирина Валерьевна
доктор медицинских наук
руководитель лаборатории
Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека СО РАМН
664025, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 3
тел.: (3952) 33–39–51
e-mail: diwerhoz@rambler.ru

Kozlova Irina Valerievna
Doctor of Sciences (Medicine)
Head of Laboratory
Scientific Centre of Family Health and Human Reproduction Problems SB RAMS
3, K. Marx st., Irkutsk, 664025
tel.: (3952) 33–39–51
e-mail: diwerhoz@rambler.ru

Сунцова Ольга Владимировна
кандидат биологических наук
научный сотрудник
Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека СО РАМН
664025, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 3
тел.: (3952) 33–39–51
e-mail: diwerhoz@rambler.ru

Suntsova Olga Vladimirovna
Candidate of Sciences (Biology)
Research Scientist
Scientific Centre of Family Health and Human Reproduction Problems SB RAMS
3, K. Marx st., Irkutsk, 664025
tel.: (3952) 33–39–51
e-mail: diwerhoz@rambler.ru

Рар Вера Александровна
кандидат биологических наук
научный сотрудник
Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАМН
630090, г. Новосибирск, пр. Акад. Лаврентьева, 8
тел.: (383) 363–51–37
e-mail: rarv@niboch.nsc.ru

Rar Vera Alexandrovna
Candidate of Sciences (Biology)
Research Scientist
Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine SB RAMS
8, Lavrentiev pr., Novosibirsk, 630090
tel.: (383) 363–51–37
e-mail: rarv@niboch.nsc.ru

Дорощенко Елена Константиновна
кандидат биологических наук
младший научный сотрудник
Научный центр проблем здоровья семьи
и репродукции человека СО РАМН
664025, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 3
тел.: (3952) 33–39–51
e-mail: diwerhoz@rambler.ru

Doroshchenko Elena Konstantinovna
Candidate of Sciences (Biology)
Junior Research Scientist
Scientific Centre of the Family Health and
Human Reproduction Problems SB RAMS
3, K. Marx st., Irkutsk, 664025
tel.: (3952) 33–39–51
e-mail: diwerhoz@rambler.ru

Лисак Оксана Васильевна
младший научный сотрудник
Научный центр проблем здоровья семьи
и репродукции человека СО РАМН
664025, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 3
тел.: (3952) 33–39–51
e-mail: diwerhoz@rambler.ru

Lisak Oksana Vasilievna
Junior Research Scientist
Scientific Centre of the Family Health and
Human Reproduction Problems SB RAM S
3, K. Marx st., Irkutsk, 664025
tel.: (3952) 33–39–51
e-mail: diwerhoz@rambler.ru