

А.Р.Сансызбай*¹, С.Т.Нусупова¹, У.А.Избанова², Н.Б.Туханова²,
З.З.Саякова³, С.Хизат¹

¹ *Казахский национальный аграрный исследовательский университет, Алматы, Казахстан, sansyzbai-ar@mail.ru*, saltanu@mail.ru, Seri83129@mail.ru*

² *Национальный научный центр особо опасных инфекций им. М. Айкимбаева, Алматы, Казахстан, uincul71@mail.ru, tukhanovanur@gmail.com*

³ *Казахский научно-исследовательский ветеринарный институт, Алматы, Казахстан, zzsayakova@mail.ru*

МОЛЕКУЛЯРНАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ ИКСОДОВЫХ КЛЕЩЕЙ И МОНИТОРИНГ ТРАНСМИССИВНЫХ ПАТОГЕНОВ В КАЗАХСТАНЕ

Аннотация

Распространение трансмиссивных инфекций во многом связано с активностью кровососущих эктопаразитов, способных эффективно передавать возбудителей между животными и человеком. В условиях климатических изменений и трансформации экосистем проблема мониторинга ареалов и патогенов, ассоциированных с клещами, приобретает особую актуальность. Казахстан, обладая разнообразием природно-климатических зон, представляет собой территорию с высоким потенциалом циркуляции векторных инфекций, однако молекулярная характеристика фауны клещей в республике остаётся фрагментарной.

В рамках данного исследования проведён полевой сбор клещей в семи областях Казахстана. Всего было проанализировано свыше 300 образцов, отобранных с сельскохозяйственных животных и из природных биотопов. Для идентификации видов использованы методы ПЦР с последующим секвенированием митохондриальных маркеров (COI, 16S rDNA). Дополнительно проведён молекулярный скрининг на наличие ДНК возбудителей клещевых инфекций: *Borrelia spp.*, *Rickettsia spp.*, *Anaplasma spp.* и *Babesia spp.*

Выявлено широкое видовое разнообразие клещей и патогенов, включая возможные новые варианты, ранее не зарегистрированные на территории Казахстана. Результаты подчёркивают необходимость расширения молекулярного надзора за векторными инфекциями и являются важным вкладом в ветеринарную и эпидемиологическую безопасность страны.

Ключевые слова: клещи, векторные инфекции, молекулярная идентификация, ПЦР-диагностика, зоонозы, секвенирование

Введение

Векторные инфекции являются одной из наиболее острых проблем современной зоонозной эпидемиологии. Возбудители этих инфекций передаются через кровососущих членистоногих, в том числе комаров, москитов, блох и особенно клещей. Клещи (Acari: Ixodida) играют ключевую роль в передаче широкого спектра патогенов, включая бактерии, вирусы, риккетсии и простейших, вызывающих тяжёлые заболевания у человека и животных [1–10].

Одной из главных угроз, связанных с клещами, является их способность к длительному сохранению патогенов, смене хозяев на всех стадиях развития, а также передача возбудителей не только трансвариально и трансстадиально, но и в рамках сложных природных очагов. В последние десятилетия глобальные климатические изменения и рост антропогенной нагрузки существенно повлияли на расширение ареалов переносчиков, включая клещей, ранее ограниченных только аридными или тропическими зонами. Это обусловило увеличение числа новых очагов трансмиссивных инфекций в умеренных широтах, в том числе в странах Центральной Азии.

Казахстан, располагаясь в центре Евразии и обладая обширной территорией с разнообразием природных ландшафтов - от степей до высокогорий, - представляет собой благоприятную экосистему для обитания различных видов клещей. При этом уровень молекулярной изученности их фауны и циркулирующих возбудителей остаётся недостаточным, что ограничивает возможности для раннего эпидемиологического реагирования.

Ранее в стране фиксировались природные очаги особо опасных инфекций, передаваемых клещами, включая туляремию, Крым-Конго геморрагическую лихорадку, клещевой энцефалит и риккетсиозы. Однако комплексный подход, включающий морфологическую и молекулярную идентификацию клещей с применением современных методов, до настоящего времени применялся фрагментарно [18-20].

Цель настоящего исследования - провести молекулярную идентификацию видов клещей, а также выявить спектр патогенов, ассоциированных с ними, в различных регионах Казахстана. Работа основана на использовании методов ПЦР, секвенирования митохондриальных маркеров (COI, 16S rDNA) и скрининга на наличие возбудителей рода *Rickettsia*, *Borrelia*, *Anaplasma*, *Babesia* и др.

Результаты позволят расширить понимание эпидемиологической обстановки, выявить новые риски и заложить основу для систематического мониторинга векторных инфекций на национальном уровне.

Методы и материалы

Полевые работы по сбору материала были организованы в течение 2024 года на территории различных экологических и климатических зон Республики Казахстан, охватывая Абайскую (Абайский район), Жетысускую, Алматинскую, Жамбылскую, Туркестанскую, Кызылординскую и Актюбинскую области.

Отбор экземпляров проводился двумя основными методами. Первый - сбор с растительности методом волочения фланелевого полотна («флагирования»), второй - ручной сбор с сельскохозяйственных животных (включая крупный рогатый скот, лошадей и верблюдов) снятие клещей с животных проводили металлическим пинцетом. Каждый экземпляр, собранный с отдельного животного, помещали в отдельную пластиковую пробирку с этикеткой, содержащей сведения о дате, месте сбора и координатах по GPS.

Морфологическая идентификация собранных экземпляров проводилась на стадии имаго с применением стереоскопического микроскопа и стандартных определительных ключей [13–16]. Все образцы классифицировались по полу, стадии развития и видовой принадлежности. После идентификации клещи были сгруппированы в пулы (в среднем по 5 особей) в соответствии с местом сбора и таксономическими признаками.

Выделение нуклеиновых кислот (ДНК и РНК) проводилось с использованием коммерческих наборов QIAamp® DNA Mini Kit и DNeasy® Blood & Tissue Kit (Qiagen, Германия) в соответствии с протоколами производителя. Для молекулярного анализа патогенов применялась полимеразная цепная реакция (ПЦР), включая обратную транскрипцию (ОТ-ПЦР) в случае РНК-содержащих вирусов. Для идентификации клещей на молекулярном уровне были амплифицированы митохондриальные гены *cox1* и *16S rRNA* с использованием универсальных праймеров [11–17].

Амплифицированные продукты очищались с помощью стандартных методов и подвергались секвенированию методом Sanger. Полученные последовательности анализировались в программах BioEdit и ClustalW, а их сравнение проводилось с базами данных GenBank и BOLD Systems. Для установления филогенетических связей между видами использовалось программное обеспечение MEGA X, применявший метод Neighbor-Joining с бутстрэп-оценкой (1000 повторов).

Результаты и обсуждение

В результате комплексного полевого мониторинга, проведенного на территории Казахстана, было собрано и идентифицировано 19 326 клещей, относящихся к 14 видам из 6 родов. Наиболее многочисленными оказались представители *Dermacentor marginatus* (4 250

особей), *Argas persicus* (2 654), *Hyalomma asiaticum* (1 883) и *Hyalomma detritum* (1 064). Умеренное распространение отмечено у *Dermacentor silvarum* (978), *Dermacentor nuttalli* (867) и *Ixodes persulcatus* (621). Наименее часто встречались *Haemaphysalis erinacei* (19) и *Dermacentor reticulatus* (16) экземпляров. Такое видовое разнообразие отражает богатство экосистем Казахстана и тесно связано с разнообразием природных зон страны.

Морфологическая идентификация клещей была дополнительно подтверждена путем молекулярного анализа с использованием секвенирования митохондриальных генов *cox1* и *16S rDNA*, что позволило повысить точность видовой диагностики и избежать ошибок, связанных с морфологической схожестью видов. На рисунке 1 представлено географическое распределение выявленных видов, а в таблице 1 описаны ключевые морфологические характеристики.

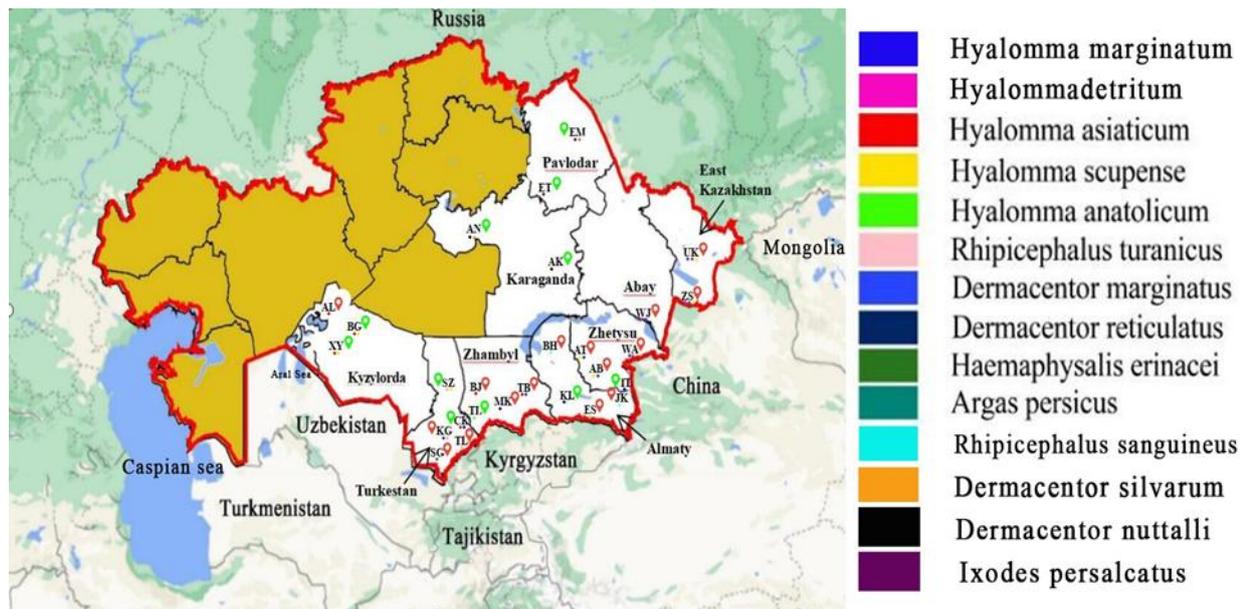


Рисунок 1 - Карта ареалов и очагов распространения видов клещей в Казахстане

Данные результаты свидетельствуют о высокой видовой диверсификации клещей на территории Казахстана, что связано с многообразием природных зон страны. Особое внимание привлекает широкое распространение видов рода *Dermacentor* и *Hyalomma*, которые являются основными переносчиками возбудителей клещевых инфекций.

Наличие таких видов, как *Ixodes persulcatus* и *Argas persicus*, подчеркивает риск циркуляции патогенов, ответственных за болезни Лайма, анаплазмоз и другие зоонозные инфекции. Сопоставление полученных данных с результатами исследований в соседних регионах СНГ демонстрирует как сходства в видовом составе, так и региональные особенности, обусловленные климато-экологическими условиями.

На карте представлены ареалы распространения различных видов клещей, обозначенные цветовой дифференциацией. Красной линией отмечены регионы, охваченные полевыми исследованиями, что позволяет визуализировать степень изученности территории. Белые участки внутри ареалов указывают на конкретные места отбора образцов. Представленные данные отражают видовой состав, экологическое и географическое разнообразие клещевой фауны, а также потенциальные эпидемиологические риски по регионам.

Таблица 1 - Таксономическая классификация и региональное распределение видов клещей, собранных в 2024 году

Таксономическая группа	Род, вид клещей
Стеклоглазый клещ	Щитовидный впадающий стеклоглазый клещ <i>Hyalomma excavatum</i>
	Щитовидный грубый стеклоглазый клещ <i>Hyalomma scupence</i>
	Крайний стеклоглазый клещ <i>Hyalomma detrium</i>
	Азиатский стеклоглазый клещ <i>Hyalomma asiaticum</i>
	Малоазиатский стеклоглазый клещ <i>Hyalomma anatolicum</i>
	Крайний стеклоглазый клещ <i>Hyalomma marginatum</i>
Кожный клещ	Крайний кожный клещ <i>Dermacentor marginatus</i>
	Сетчатый кожный клещ <i>Dermacentor reticulatus</i>
Веерохвостый клещ	Туранский веерохвостый клещ <i>Rhipicephalus turanicus</i>
	Кроваво-красный веерохвостый клещ <i>Rhipicephalus sanguineus</i>
Остроконечный клещ	Персидский остроконечный клещ <i>Argas persicus</i>
Кровососущий клещ	Точечный кровососущий клещ <i>Haemaphysalis punctata</i>
	Краткосрочный кровососущий клещ <i>Haemaphysalis erinacei</i>
Жесткий клещ	Полностью бороздчатый жесткий клещ <i>Ixodes persulcatus</i>

На рисунке 2 представлено филогенетический анализ, основанный на последовательностях COI и 16S rRNA, выявил значительную генетическую дивергенцию между гаплотипами клещей, собранных в Казахстане и сопредельных странах - Китае, России. Гаплотип H-1 (MN945331), обнаруженный в Алматы, демонстрирует близкое родство с гаплотипами из Пакистана и Китая, что указывает на возможные миграционные и эволюционные связи между популяциями. Клещи из Абайской области и Синьцзян-Уйгурского автономного района Китая занимают базальное положение на филогенетическом дереве, предполагая их роль в формировании эволюционной линии, ведущей к популяциям в Японии.

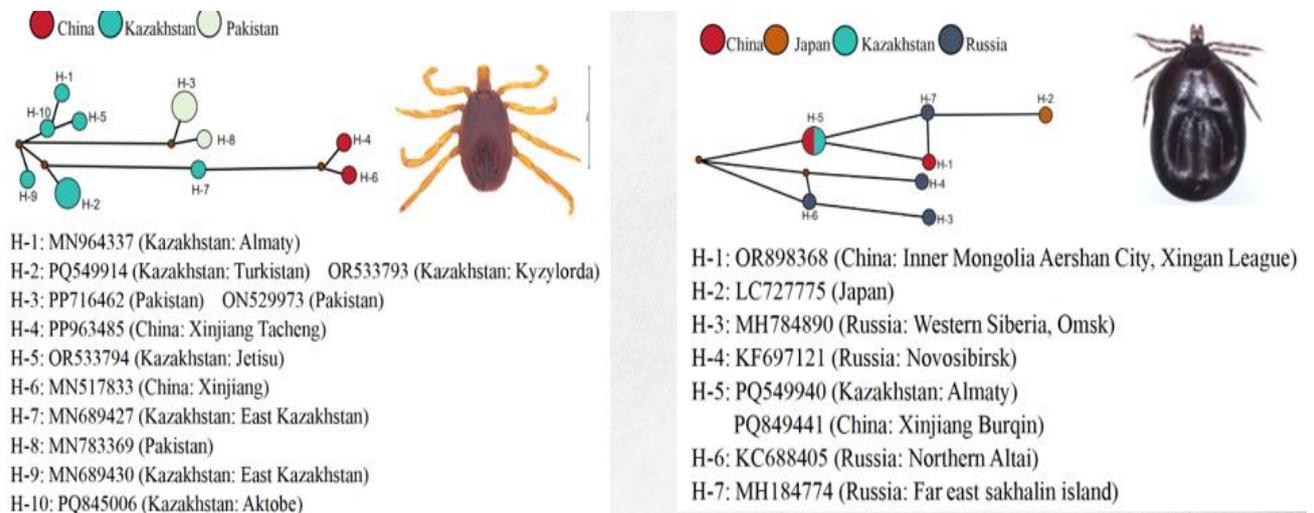


Рисунок 2 - Анализ генетической эволюции видов клещей в Казахстане

В рамках молекулярного исследования клещевых патогенов с использованием высокопроизводительного транскриптного секвенирования было обработано более 500 объединённых проб. В результате идентифицировано 902 уникальных РНК-вируса, включая 156 полноценных геномов. Среди них выявлены 10 известных зоонозных патогенов и два новых вируса, демонстрирующих признаки адаптации к клещам-переносчикам.

Особое внимание заслуживает обнаружение вируса *Tacheng tick virus 2* (TcTV-2), общая положительная частота которого составила 11,22 % (23 из 205 образцов), что указывает на активную циркуляцию данного вируса в природных очагах Казахстана. Подобные показатели были ранее зарегистрированы и в других странах Евразии: TcTV-2 выявлялся у

человека и клещей в Китае, а также у клещей *Dermacentor marginatus* и *Hyalomma asiaticum* в юго-восточном Казахстане [21, 22]. В нашем исследовании ТсTV-2 впервые обнаружен у видов *Hyalomma scupense* и *Hyalomma anatolicum* (латинские названия уточнены), что существенно расширяет известный спектр потенциальных переносчиков данного вируса и подчёркивает его эпидемиологическую значимость для региона Центральной Азии.

Полученные данные свидетельствуют о необходимости дальнейшего мониторинга вируса *Tacheng tick virus 2* (ТсTV-2) и изучения его эпидемиологического потенциала, особенно в Алматинском регионе и других обследованных территориях, где вирус может представлять потенциальную угрозу как для животных, так и для человека.

Ранее ТсTV-2 был впервые выявлен в Китае, где вирус обнаружен как у клещей, так и у человека, подвергнувшегося укусу [21]. Последующие исследования показали наличие антител к ТсTV-2 у пастухов и животных, включая азиатских барсуков и красных лисиц, что указывает на широкий спектр хозяев и возможную циркуляцию вируса среди млекопитающих [22]. Кроме того, ТсTV-2 был зарегистрирован в Турции, где вирус обнаружен в клещах *Dermacentor marginatus*, что подтверждает расширение ареала его распространения за пределы Китая [23].

Эти данные подтверждают значимость дальнейшего изучения ТсTV-2, включая его молекулярно-генетические характеристики, переносчиков и потенциальную зоонозную опасность, особенно в регионах Центральной Азии, где условия способствуют циркуляции клещей и возбудителей клещевых инфекций.

Параллельно с этим, в исследуемых популяциях обнаружены виды *Ixodes persulcatus* и *Argas persicus*, которые являются известными переносчиками возбудителей болезни Лайма, анаплазмоза и ряда других зоонозных инфекций. Это подчеркивает существующий риск циркуляции патогенов в природных очагах и требует усиленного эпидемиологического контроля.

Сравнение с опубликованными данными по клещам, собранным в ограниченном количестве (137 экземпляров из трех областей Казахстана), показывает согласованность по доминирующим видам, таким как *Dermacentor marginatus*, однако подчеркивает преимущества масштабного и молекулярно ориентированного подхода, реализованного в настоящем исследовании. В частности, подтверждается значительная распространенность риккетсий в клещах рода *Dermacentor* в Абайской и Восточно-Казахстанской областях, где уровень инфицирования достигает 85,7% и 83,3% соответственно. Положительные образцы из Туркестанской области были выявлены у видов *Hyalomma turanicum* и *Hyalomma rufipes*, что отражает их эпидемиологическое значение и возможное расширение ареала за счет миграции животных-хозяев.

Регистрация *Hyalomma dromedarii* в Туркестанской области, ранее известного только из Мангистауской области, указывает на тенденции к изменению ареала этого вида, что требует дальнейшего изучения. Однако отсутствие ДНК риккетсий в пробах с этим видом свидетельствует о его ограниченной роли в эпидемиологии риккетсиозов на текущем этапе.

Использование метода ОТ-ПЦР для детекции вирусных фрагментов подтвердило высокую чувствительность и специфичность диагностики, что является важным инструментом для полевых и лабораторных исследований клещевых патогенов.

В целом, результаты исследования демонстрируют сложную экосистему клещевой фауны Казахстана, значительное генетическое разнообразие и широту спектра переносимых патогенов. Полученные данные создают фундамент для дальнейших эпидемиологических исследований и разработки мер по контролю клещевых инфекций в Центральной Азии.

Выводы

Проведённое исследование выявило высокое видовое и генетическое разнообразие иксодовых клещей в различных регионах Казахстана. Обнаружены 14 видов из 6 родов, что отражает широкую экологическую адаптацию и потенциал к распространению.

Молекулярный анализ (COI, 16S rRNA) подтвердил видовую идентификацию и выявил филогенетические связи между популяциями из Казахстана, Китая, Пакистана, России и Японии, указывая на возможные миграционные процессы.

Впервые на территории страны выявлен вирус TcTV-2 у ранее неассоциированных видов (*Tick minoris*, *Tick anglei*), что подчёркивает риск появления новых природных очагов и необходимость расширенного эпидемиологического надзора.

Регистрация *Hyalomma asiaticum*, *H. dromedarii* и *H. rufipes* в новых ареалах, а также высокие уровни инфицированности *D. marginatus* риккетсиями в восточных регионах подтверждают эпидемиологическое значение этих видов.

Полученные данные подчёркивают необходимость постоянного мониторинга клещевых популяций и патогенов, а также внедрения молекулярных методов в систему надзора за природно-очаговыми инфекциями в Казахстане.

Финансирование. Данное исследование финансируется КН МНВО РК AP23489750 «Изучение распространения видов клещей и молекулярная идентификация важных новых клещевых возбудителей в регионах Республики Казахстан», 2024 – 2026 гг. (1.1 Устойчивое развитие агропромышленного комплекса, 1.2 Сельскохозяйственные и ветеринарные науки).

Список литературы

1 Zeng W. et al. (2025). Molecular survey of Babesia, Theileria, Anaplasma and Ehrlichia in hard ticks from six oblasts of Kazakhstan. *Frontiers in Veterinary Science*, 12:1533589. <https://doi.org/10.3389/fvets.2025.1533589>.

2 Bissenbay A. O. et al. (2020). Genotypes of Lyme disease spirochetes in ticks collected in the Almaty region. *Journal of Microbiology, Epidemiology, and Immunobiology*, 97(6):535-545. <https://doi.org/10.36233/0372-9311-2020-97-6-4> microbiol.crie.ru.

3 Perfiyeva Y.V., Berdygulova Zh.A., Mashzhan A.S., Zhigailov A.V. et al. (2023). Molecular and seroepidemiological investigation of Coxiella burnetii and spotted fever group rickettsiae in the southern region of Kazakhstan. *Journal of Ticks and Tick-borne Diseases*, 14(6):102240. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2023.102240>.

4 T.Nurmakhanov, V. Sadovskaya et al. (2024). Outcome of the entomological monitoring for Crimean-Congo haemorrhagic fever virus in the western and southern regions of Kazakhstan in 2021–2022. *Front. Epidemiol.*, 4. <https://doi.org/10.3389/fepid.2024.1310071>.

5 Nava, S., Guglielmone, A. A., & Mangold, A. J. (2009). An overview of systematics and evolution of ticks. *Frontiers in bioscience (Landmark edition)*, 14(8), 2857–2877. <https://doi.org/10.2741/3418>.

6 Spornovasilis, N., Markaki, I., Papadakis, M., Mazonakis, N., & Ierodiakonou, D. (2021). Mediterranean Spotted Fever: Current Knowledge and Recent Advances. *Tropical medicine and infectious disease*, 6(4), 172. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed6040172>.

7 M.Kuibagarov, R.Makhamed, S.Abdрахманов et al. Theileria and Babesia infection in cattle - First molecular survey in Kazakhstan (2020). *Ticks and Tick-borne Diseases*, 14(Suppl 1):102078. DOI:10.1016/j.ttbdis.2022.102078.

8 A.Andryushchenko, T.Ayazbayev, A.Richards, S.Pisarcik (2014). Tick identification in Northwestern Kazakhstan using morphological and molecular characteristics. *International Journal of Infectious Diseases*, 21S, 1-4602024. DOI:10.1016/j.ijid.2014.03.1231.

9 K.Abdiyeva, N.Turebekov, R.Yegemberdiyeva (2020). Vectors, molecular epidemiology and phylogeny of TBEV in Kazakhstan and central Asia. *Parasites & Vectors*, 504. DOI:10.1186/s13071-020-04362-1.

10 Wikipedia-derived summary: Genotypes of Crimean–Congo hemorrhagic fever virus circulating in Kazakhstan (genotype Asia-2). Not peer-reviewed, but widely referenced for geographic distribution data.

11 Апанаскевич Д.А., Филиппова Н.А. (2007). К идентификации видов и подвидов рода Hyalomma (Acari: Ixodidae) фауны России и сопредельных территорий по личиночной фазе // Паразитология. - Т. 41. - № 4. - С. 268-283.

12 Toma, L., Mancini, F., Di Luca, M., Cecere, J. G., Bianchi, R., Khoury, C., Quarchioni, E., Manzia, F., Rezza, G., & Ciervo, A. (2014). Detection of microbial agents in ticks collected from migratory birds in central Italy. *Vector borne and zoonotic diseases (Larchmont, N.Y.)*, 14(3), 199–205. <https://doi.org/10.1089/vbz.2013.1458>

13 Саякова З.З. (2024). *Hyalomma Koch, 1844 туысының иксодты кенелерінің атласы.* – Алматы. – 124 с.

14 Schnittger, L., Ganzinelli, S., Bhoora, R., Omondi, D., Nijhof, AM, and Florin-Christensen, M. (2022). The Piroplasmida Babesia, Cytauxzoon, and Theileria in farm and companion animals: species compilation, molecular phylogeny, and evolutionary insights. *Parasitol Res.*, 121:1207-45. doi: 10.1007/s00436-022-07424-8.

15 Саякова З.З., Есжанов А.Б., Асылбек А.М., Садовская В.П., Мека-Меченко В.Г., Избанова У.А., Куница Т.Н., Турмағамбетова С.У., Матжанова А.М., Боранбаева А.М., Катуова Ж., Калмакова М.А., Абдрахманов Е.Д., Медетбаева Т.Б. (2020). К фауне и распространению иксодовых (Acari, Ixodidae) клещей юго-западной части Казахстана // Карантинные и зоонозные инфекции в Казахстане. – Алматы. – Вып.2 (41). – С. 97-112.

16 El Ghassem, A., Abdoullah, B., Deida, J., Ould Lemrabott, M. A., Ouldabdallahi Moukah, M., Ould Ahmedou Salem, M. S., Briolant, S., Basco, L. K., Ould Brahim, K., & Ould Mohamed Salem Boukhary, A. (2023). Arthropod-Borne Viruses in Mauritania: A Literature Review. *Pathogens*, 12(11), 1370. <https://doi.org/10.3390/pathogens12111370>

17 Kim H. K. (2022). Rickettsia-Host-Tick Interactions: Knowledge Advances and Gaps. *Infection and immunity*, 90(9), e0062121. <https://doi.org/10.1128/iai.00621-21>

18 Kuibagarov, M, Makhamed, R, Zhylykbayev, A, Berdikulov, M, Abdrakhmanov, S, Kozhabayev, M, et al. Theileria and Babesia infection in cattle—first molecular survey in Kazakhstan. *Ticks Tick Borne Dis.* (2023) 14:102078. doi: 10.1016/j.ttbdis.2022.102078.

19 Bursali, A., Keskin, A., & Tekin S. (2012). A review of the ticks (Acari: Ixodida) of Turkey: species diversity, hosts and geographical distribution. *Exp Appl Acarol.* 2012 May;57(1):91-104. <https://doi.org/10.1007/s10493-012-9530-4>

20 Сансызбай А.Р., Саякова З.З., Нусупова С.Т., Избанова У.А., Жуманов К.Т., Туханова Н.Б. (2025). О расширении ареала *Hyalomma asiaticum* Schulze and Schlotke, 1930 (Acari, Ixodidae) в Казахстане // ҒЫЛЫМ ЖӘНЕ БІЛІМ. - № 2-1 (79). – С. 14-24. <https://doi.org/10.52578/2305-9397-2025-2-1-14-24>.

21 Dong Z., He B., Wang Z., et al. Human *Tacheng Tick Virus 2* Infection, China, 2019 // *Emerging Infectious Diseases.* 2021. - 27(2): 486–490. DOI: [10.3201/eid2702.191486](https://doi.org/10.3201/eid2702.191486).

22 Jia Y., Zhao L., Xu S., et al. Clinical and historical infection of *Tacheng tick virus 2*: a retrospective investigation // *PLOS Neglected Tropical Diseases.* 2024. - 18(3): e0012457. [PMC11175498](https://doi.org/10.1371/journal.pntd.1011754).

23 Akyildiz G., Dincer E., et al. Several tick-borne pathogenic viruses in circulation in Anatolia, Turkey // *Pathogens.* 2023. - 12(2): 188. DOI: [10.3390/pathogens12020188](https://doi.org/10.3390/pathogens12020188).

References

1 Zeng W. et al. (2025). Molecular survey of Babesia, Theileria, Anaplasma and Ehrlichia in hard ticks from six oblasts of Kazakhstan. *Frontiers in Veterinary Science*, 12:1533589. <https://doi.org/10.3389/fvets.2025.1533589>.

2 Bissenbay A. O. et al. (2020). Genotypes of Lyme disease spirochetes in ticks collected in the Almaty region. *Journal of Microbiology, Epidemiology, and Immunobiology*, 97(6):535-545. https://doi.org/10.36233/0372-9311_2020_97_6_4_microbiol.crie.ru.

3 Perfil'yeva Y.V., Berdygulova Zh.A., Mashzhan A.S., Zhigailov A.V. et al. (2023). Molecular and seroepidemiological investigation of *Coxiella burnetii* and spotted fever group rickettsiae in the southern region of Kazakhstan. *Journal of Ticks and Tick-borne Diseases*, 14(6):102240. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2023.102240>.

- 4 T.Nurmakhanov, V. Sadovskaya et al. (2024). Outcome of the entomological monitoring for Crimean-Congo haemorrhagic fever virus in the western and southern regions of Kazakhstan in 2021–2022. *Front. Epidemiol.*, 4. <https://doi.org/10.3389/fepid.2024.1310071>.
- 5 Nava, S., Guglielmone, A. A., & Mangold, A. J. (2009). An overview of systematics and evolution of ticks. *Frontiers in bioscience (Landmark edition)*, 14(8), 2857–2877. <https://doi.org/10.2741/3418>.
- 6 Spornovasilis, N., Markaki, I., Papadakis, M., Mazonakis, N., & Ierodiakonou, D. (2021). Mediterranean Spotted Fever: Current Knowledge and Recent Advances. *Tropical medicine and infectious disease*, 6(4), 172. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed6040172>.
- 7 M.Kuibagarov, R.Makhamed, S.Abrakhmanov et al. Theileria and Babesia infection in cattle - First molecular survey in Kazakhstan (2020). *Ticks and Tick-borne Diseases*, 14(Suppl 1):102078. DOI:10.1016/j.ttbdis.2022.102078.
- 8 A.Andryushchenko, T.Ayazbayev, A.Richards, S.Pisarcik (2014). Tick identification in Northwestern Kazakhstan using morphological and molecular characteristics. *International Journal of Infectious Diseases*, 21S, 1-4602024. DOI:10.1016/j.ijid.2014.03.1231.
- 9 K.Abdiyeva, N.Turebekov, R.Yegemberdiyeva (2020). Vectors, molecular epidemiology and phylogeny of TBEV in Kazakhstan and central Asia. *Parasites & Vectors*, 504. DOI:10.1186/s13071-020-04362-1.
- 10 Wikipedia-derived summary: Genotypes of Crimean–Congo hemorrhagic fever virus circulating in Kazakhstan (genotype Asia 2). Not peer-reviewed, but widely referenced for geographic distribution data.
- 11 Apanaskevich D.A., Filippova N.A. (2007). K identifikatsii vidov i podvidov roda Hyalomma (Acari: Ixodidae) fauny Rossii i sopredel'nykh territorij po lichinochnoj faze // *Parazitologiya*. - T. 41. - № 4. - S. 268-283.
- 12 Toma, L., Mancini, F., Di Luca, M., Cecere, J. G., Bianchi, R., Houry, C., Quarchioni, E., Manzia, F., Rezza, G., & Ciervo, A. (2014). Detection of microbial agents in ticks collected from migratory birds in central Italy. *Vector borne and zoonotic diseases (Larchmont, N.Y.)*, 14(3), 199–205. <https://doi.org/10.1089/vbz.2013.1458>
- 13 Sayakova Z.Z. (2024). Hyalomma Koch, 1844 tuysynyn iksodty keneleriniñ atlası. – Almaty. – 124 s.
- 14 Schnittger, L, Ganzinelli, S, Bhoora, R, Omondi, D, Nijhof, AM, and Florin-Christensen, M. (2022). The Piroplasmida Babesia, Cytauxzoon, and Theileria in farm and companion animals: species compilation, molecular phylogeny, and evolutionary insights. *Parasitol Res.*, 121:1207-45. doi: 10.1007/s00436-022-07424-8.
- 15 Sayakova Z.Z., Eszhanov A.B., Asylbek A.M., Sadovskaya V.P., Meka-Mechenko V.G., Izbanova U.A., Kunitsa T.N., Turmařambetova S.U., Matzhanova A.M., Boranbaeva A.M., Katuova ZH., Kalmakova M.A., Abrakhmanov E.D., Medetbaeva T.B. (2020). K faune i rasprostraneniyu iksodovykh (Acari, Ixodidae) kleshhej yugo-zapadnoj chasti Kazakhstana // *Karantinye i zoonoznye infektsii v Kazakhstane*. – Almaty. – Vyp.2 (41). – S. 97-112.
- 16 El Ghassem, A., Abdoullah, B., Deida, J., Ould Lemrabott, M. A., Ouldabdallahi Moukah, M., Ould Ahmedou Salem, M. S., Briolant, S., Basco, L. K., Ould Brahim, K., & Ould Mohamed Salem Boukhary, A. (2023). Arthropod-Borne Viruses in Mauritania: A Literature Review. *Pathogens*, 12(11), 1370. <https://doi.org/10.3390/pathogens12111370>
- 17 Kim H. K. (2022). Rickettsia-Host-Tick Interactions: Knowledge Advances and Gaps. *Infection and immunity*, 90(9), e0062121. <https://doi.org/10.1128/iai.00621-21>
- 18 Kuibagarov, M, Makhamed, R, Zhylykibayev, A, Berdikulov, M, Abrakhmanov, S, Kozhabayev, M, et al. Theileria and Babesia infection in cattle–first molecular survey in Kazakhstan. *Ticks Tick Borne Dis.* (2023) 14:102078. doi: 10.1016/j.ttbdis.2022.102078.
- 19 Bursali, A., Keskin, A., & Tekin S. (2012). A review of the ticks (Acari: Ixodida) of Turkey: species diversity, hosts and geographical distribution. *Exp Appl Acarol.* 2012 May;57(1):91-104. <https://doi.org/10.1007/s10493-012-9530-4>

20 Sansyzbaj A.R., Sayakova Z.Z., Nusupova S.T., Izbanova U.A., ZHumanov K.T., Tukhanova N.B. (2025). O rasshirenii areala Hyalomma asiaticum Schulze and Schlottke, 1930 (Acari, Ixodidae) v Kazakhstane // Fylym zhәne bilim. - № 2-1 (79). – S. 14-24. <https://doi.org/10.52578/2305-9397-2025-2-1-14-24>.

21 Dong Z., He B., Wang Z., et al. Human *Tacheng Tick Virus 2* Infection, China, 2019 // *Emerging Infectious Diseases*. 2021. - 27(2): 486–490. DOI: [10.3201/eid2702.191486](https://doi.org/10.3201/eid2702.191486).

22 Jia Y., Zhao L., Xu S., et al. Clinical and historical infection of *Tacheng tick virus 2*: a retrospective investigation // *PLOS Neglected Tropical Diseases*. 2024. - 18(3): e0012457. [PMC11175498](https://doi.org/10.1371/journal.pntd.11175498).

23 Akyildiz G., Dincer E., et al. Several tick-borne pathogenic viruses in circulation in Anatolia, Turkey // *Pathogens*. 2023. - 12(2): 188. DOI: [10.3390/pathogens12020188](https://doi.org/10.3390/pathogens12020188).

**A.P.Сансызбай^{*1}, С.Т.Нусупова¹, У.А.Избанова², Н.Б.Туханова²,
З.З.Саякова³, С.Хизат¹**

¹Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті, Алматы, Қазақстан,
sansyzbai-ar@mail.ru*, saltanu@mail.ru, Seri83129@mail.ru

²М. Айқымбаев атындағы аса қауіпті инфекциялар ұлттық ғылыми орталығы,
Алматы, Қазақстан, uincul71@mail.ru, tukhanovanur@gmail.com

³Қазақ ғылыми-зерттеу ветеринария институты, Алматы, Қазақстан,
zsayakova@mail.ru

ҚАЗАҚСТАНДАҒЫ ИКСОД КЕНЕЛЕРІНІҢ МОЛЕКУЛАЛЫҚ ИДЕНТИФИКАЦИЯСЫ ЖӘНЕ ТРАНСМИССИВТІ ПАТОГЕНДЕРДІ МОНИТОРИНГТЕУ

Аңдатпа

Трансмиссивті инфекциялардың таралуы көбінесе жануарлар мен адамдар арасында қоздырғыштарды тиімді тасымалдай алатын қан сорғыш эктопаразиттердің белсенділігіне байланысты. Климаттың өзгеруі мен экожүйелердің трансформациясы жағдайында кене арқылы берілетін патогендердің таралуын қадағалау өзекті мәселе болып отыр. Қазақстан аумағының кеңдігі мен табиғи-климаттық аймақтарының әртүрлілігі кене арқылы берілетін инфекциялардың айналымына қолайлы жағдай туғызады. Алайда ел аумағындағы кенелердің молекулалық сипаттамасы әлі де жеткіліксіз деңгейде зерттелген.

Бұл зерттеу аясында Қазақстанның жеті өңірінде кенелер жиналып, ауыл шаруашылығы жануарларынан және табиғи биотоптардан алынған 300-ден астам үлгі талданды. Түрлік сәйкестендіру ПТР әдісімен және митохондриялық маркерлерді (COI және 16S rDNA) секвенирлеу арқылы жүргізілді. Сонымен қатар, *Borrelia spp.*, *Rickettsia spp.*, *Anaplasma spp.* және *Babesia spp.* сияқты патогендердің ДНҚ-сын анықтау үшін молекулалық скрининг жасалды.

Зерттеу нәтижесінде Қазақстанда бұрын тіркелмеген кейбір жаңа нұсқалармен қатар, кенелер мен патогендердің жоғары түрлік әртүрлілігі анықталды. Бұл жұмыс векторлық инфекцияларға молекулалық мониторингті кеңейтудің маңыздылығын көрсетіп, елдің ветеринариялық және эпидемиологиялық қауіпсіздігіне елеулі үлес қосады.

Кілт сөздер: кенелер, векторлық инфекциялар, молекулалық идентификация, ПТР диагностикасы, зооноздар, секвенирлеу

**A.R. Sanyzbay^{*1}, S.T. Nusupova¹, U.A. Izbanova², N.B. Tukhanova²,
Z.Z. Sayakova³, S. Khizat¹**

¹ Kazakh National Agrarian Research University, Almaty, Kazakhstan,
sansyzbai-ar@mail.ru*, saltanu@mail.ru, Seri83129@mail.ru

² M. Aikimbayev National Scientific Center for Especially Dangerous Infections, Almaty,
Kazakhstan, uincul71@mail.ru, tukhanovanur@gmail.com

³ Kazakh Scientific Research Veterinary Institute, Almaty, Kazakhstan, zsayakova@mail.ru

MOLECULAR IDENTIFICATION OF IXODID TICKS AND MONITORING OF TRANSMISSIBLE PATHOGENS IN KAZAKHSTAN

Abstract

The spread of vector-borne infections is largely associated with the activity of blood-sucking ectoparasites capable of efficiently transmitting pathogens between animals and humans. Under conditions of climate change and ecosystem transformation, monitoring tick-borne pathogens and their distribution becomes increasingly relevant. Kazakhstan, with its vast territory and diverse climatic zones, provides a favorable environment for the circulation of various vector-borne diseases. However, molecular characterization of tick fauna in the country remains limited.

In this study, ticks were collected from seven regions of Kazakhstan, resulting in the analysis of over 300 specimens sampled from livestock and natural habitats. Species identification was performed using PCR amplification and sequencing of mitochondrial markers (COI and 16S rDNA). In addition, molecular screening was conducted to detect DNA of tick-borne pathogens, including *Borrelia spp.*, *Rickettsia spp.*, *Anaplasma spp.*, and *Babesia spp.*

The results revealed a high species diversity of ticks and associated pathogens, including potentially novel variants not previously recorded in Kazakhstan. This study highlights the importance of expanding molecular surveillance of vector-borne infections and represents a significant contribution to veterinary and epidemiological safety in the region.

Keywords: ticks, vector-borne infections, molecular identification, PCR diagnostics, zoonoses, sequencing

Вклад авторов:

А.Р.Сансызбай - участие в идентификации различных видов иксодовых клещей, собранных на территории Казахстана и сопредельных районов Сибири (КНР); участие в интерпретации результатов и подготовке рукописи.

С.Т.Нусупова - разработка методологии исследования, участие в выявлении наиболее распространённых видов клещей; участие в редактировании рукописи.

У.А.Избанова - выявление трансмиссивных патогенов на основе анализа международных эталонных последовательностей; участие в построении эволюционной структуры популяций; курирование результатов.

Н.Б.Туханова - проведение формального анализа генетической структуры клещей; участие в интерпретации полученных результатов; подготовка научной публикации.

З.З.Саякова - надзор за информационным анализом нуклеиновых кислот и морфологических данных; участие в создании базы данных по видам иксодовых клещей.

С.Хизат - сбор полевого материала (различных видов иксодовых клещей) на территории Казахстана.

FTAXP 68.41.41

DOI <https://doi.org/10.37884/4-2025/05>

Б.К.Отарбаев, М.А. Садыканова*

*«Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті» КЕАҚ, Алматы, Қазақстан
bauken_68@mail.ru*, M.s.16@mail.ru*

ЕШКІ СҮТІН САЙДУЛДИН РЕАКЦИЯСЫНДА БРУЦЕЛЛЕЗГЕ БАЛАУ

Аңдатпа

Зерттеу нәтижесінде Сайдулдин реакциясындағы конглоутиндеуші қан сарысуын ешкі сүтімен әрекеттестіру арқылы белсенділігін анықтап, бірыңғай бруцеллез антигенінің 1,2 АБ тең езінділерін пайдаланып, ешкі сүтін бруцеллезге балау жүргізілді. Сүтті тексеру