

Ю.А. Панферова¹, О.А. Фрейлихман¹, Н.К. Токаревич¹, Е.В. Найденова², К.С. Захаров², А.М. Сеничкина², Д.А. Агафонов², А.А. Nassour³, О.К. Константинов³, S. Boumbaly³, M.Y. Boiro³

¹Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Российская Федерация;

²Российский научный противочумный институт «Микроб», Саратов, Российская Федерация;

³Исследовательский институт прикладной биологии, Киндия, Гвинейская Республика

Детекция *Coxiella burnetii* в клещах, собранных с крупного рогатого скота, на территории некоторых провинций Гвинейской Республики

Обоснование. Лихорадка Ку, или коксиеллез, — природно-очаговое заболевание, характеризующееся полиморфизмом клинических признаков и способное поражать, помимо человека, многие виды животных. Распространена данная инфекция практически по всему миру. На Африканском континенте существуют очаги коксиеллезной инфекции, что представляет опасность как для местного населения, так и для временно прибывающих лиц. Поскольку маркерами наличия инфекции в регионе являются больные сельскохозяйственные животные и их эктопаразиты, исследование последних может быть актуальным для выявления потенциальных очагов лихорадки Ку.

Цель — выявление ДНК *Coxiella burnetii* у иксодовых клещей, собранных с крупного рогатого скота в ряде провинций Гвинейской Республики, и типирование изолятов с помощью генетических маркеров (плазмидного типа), позволяющее провести сравнение со штаммами различного географического происхождения.

Методы. С помощью амплификационных технологий нами было проведено исследование клещей, снятых с крупного рогатого скота в провинциях Боке и Киндия, с целью выявления ДНК коксиелл.

Результаты. В результате работы было показано, что генетический материал возбудителя лихорадки Ку был обнаружен не более чем в 5% общего количества исследуемых проб. Для положительных образцов было проведено типирование с использованием плазмидного анализа. Показано, что на территории Гвинейской Республики циркулируют изоляты с плазмидным типом QpH1.

Заключение. Полученные сведения проанализированы вместе с данными других исследователей по проблеме распространения лихорадки Ку в субэкваториальной Африке. Вероятно, различия в уровнях превалентности коксиелл в клещах на территории не только разных стран, но и в пределах одного государства могут определяться пораженностью хозяйств внутри стад. Следует учитывать риск заражения лихорадкой Ку в эндемичных регионах.

Ключевые слова: лихорадка Ку, *Coxiella burnetii*, детекция, клещи, крупный рогатый скот, генотипирование.

Для цитирования: Панферова Ю.А., Фрейлихман О.А., Токаревич Н.К., Найденова Е.В., Захаров К.С., Сеничкина А.М., Агафонов Д.А., Nassour А.А., Константинов О.К., Boumbaly S., Boiro M.Y. Детекция *Coxiella burnetii* в клещах, собранных с крупного рогатого скота, на территории некоторых провинций Гвинейской Республики. *Эпидемиология и инфекционные болезни*. 2019; 24(5-6): 234-239. DOI: <https://doi.org/10.17816/1560-9529-2019-24-5-6-234-239>

Yu.A. Panferova¹, O.A. Freylikhman¹, N.K. Tokarevich¹, E.V. Naydenova², K.S. Zakharov², A.M. Senichkina², D.A. Agafonov², A.A. Nassour³, O.K. Konstantinov³, S. Boumbaly³, M.Y. Boiro³

¹Saint-Petersburg Pasteur Institute, Federal Service on Consumers' Rights Protection and Human Well-Being Surveillance, Saint-Petersburg, Russian Federation

²Russian Scientific Anti-plague Institute "Microb", Saratov, Russian Federation

³Research Institute of Applied Biology, Kindia, Guinea Republic

Detection of *Coxiella burnetii* in ticks collected from cattle in several provinces of the Republic of Guinea

Background. Q fever, or coxiellosis, is a natural focal disease characterized by polymorphism of clinical signs and can affect not only humans but also many species of animals. This infection is spread almost all over the world. On the African continent, the foci of coxiellosis infection endanger the local population and people arriving for temporary stay. Given that sick agricultural animals and their ectoparasites are markers of the presence of infection in the region, a study of the latter may be relevant to identify the potential foci of Q fever.

This work aimed to identify *Coxiella burnetii* DNA from ixodid ticks collected from cattle in several provinces of Republic of Guinea and to type isolates using genetic markers (plasmid type) to enable their comparison with strains of different geographical origin.

Methods. Using amplification technologies, we investigated the ticks obtained from cattle in the provinces of Boko and Kindia to detect *Coxiella* DNA.

Results. The genetic material of the Q fever causative agent was detected in no more than 5% of the total number of samples studied. For positive samples, typing was performed using plasmid analysis. The isolates with the plasmid type QpH1 circulate in the Republic of Guinea.

Conclusion. The findings were analyzed along with data from other researchers on the spread of Q fever in subequatorial Africa. The differences in the levels of prevalence of *Coxiella* in ticks in the territories of not only different countries but also

within the same state can be determined by the prevalence among the hosts within herds. The risk of contamination with *Q* fever in endemic regions should be considered.

Key words: *Q* fever, *Coxiella burnetii*, detection, ticks, cattle, genotyping.

For citation: Panferova YuA, Freylikhman OA, Tokarevich NK, Naydenova EV, Zakharov KS, Senichkina AM, Agafonov DA, Nassour AA, Konstantinov OK, Boumbaly S, Boiro MY. Detection of *Coxiella burnetii* in ticks collected from cattle in several provinces of the Republic of Guinea. *Epidemiologiya i infektsionnye bolezni (Epidemiology and infectious diseases, Russian Journal)*. 2019; 24(5-6): 234-239. (in Russian). DOI: <https://doi.org/10.17816/1560-9529-2019-24-5-6-234-239>

Обоснование

Лихорадка Ку — распространенная практически во всех странах мира зооантропонозная инфекция, вызываемая внутриклеточным патогеном *Coxiella burnetii*, который относится к порядку *Legionellales* семейства *Coxiellaceae*. Наиболее характерной формой заболевания у людей является лихорадочная; возможна хронизация болезни, чаще всего в виде гепатита либо инфекционного эндокардита, для последнего характерна высокая частота летальности (свыше 30%) [1, 2]. У восприимчивых животных (в том числе крупного и мелкого рогатого скота) инфекция в большинстве случаев протекает бессимптомно, либо приводит к бронхопневмонии, маститам, репродуктивным расстройствам, в ряде случаев обостряясь во время беременности; при этом кокциеллы выделяются во внешнюю среду в большом количестве с физиологическими жидкостями [3].

Лихорадка Ку не относится к группе так называемых тропических болезней, в то же время многие страны Африки считаются эндемическими регионами по данной инфекции [2]. В проведенных ранее исследованиях был установлен уровень иммунной прослойки населения Гвинейской Республики к возбудителю лихорадки Ку, а также выявлены специфические антитела в сыворотках крови сельскохозяйственных животных, что позволяет предположить существование очагов инфекции на территории данного государства [4, 5]. Поскольку методы, используемые для лабораторной диагностики лихорадки Ку, труднодоступны во многих странах Африки, следует учитывать, что число зарегистрированных случаев заболевания может быть реально занижено.

В инфицировании людей ведущую роль играет ингаляционный путь, заражение же домашних животных может происходить как ингаляционным, так и трансмиссивным путем [2]. В связи с этим стоит учитывать роль кровососущих клещей

в поддержании циркуляции инфекционного агента в очагах лихорадки Ку. Поскольку наибольшую опасность для заражения человека представляют именно антропоургические очаги, районы с развитым животноводством потенциально являются эпидемиологически опасными в связи с возможностью возникновения заболеваний среди населения; при этом мониторинг распространенности патогена у животных играет также важную роль и в обеспечении благополучия населения [6]. Исследование напитавшихся клещей, снятых с сельскохозяйственных животных, может играть роль в изучении эпизоотологической и эпидемиологической обстановки по кокциеллезной инфекции.

Цель работы — выявление ДНК *C. burnetii* у иксодовых клещей, собранных с крупного рогатого скота в ряде провинций Гвинейской Республики, и типирование изолятов с помощью генетических маркеров (плазмидного типа), позволяющее провести сравнение со штаммами различного географического происхождения.

Методы

Условия проведения

Сбор иксодовых клещей осуществляли на территории провинций Боке и Киндия (Нижняя Гвинея) в феврале-марте 2018 г.

Методы регистрации исходов

Пробы формировали с учетом видовой принадлежности, пола, фазы развития и упитанности отдельных особей [7], затем гомогенизировали в стерильном фосфатно-солевом буфере. ДНК из 100 мкл суспензии выделяли с помощью набора «АмплиПрайм Рибо-преп» (НекстБио, Москва, Россия) согласно рекомендациям производителя. Полимеразную цепную реакцию в режиме реального времени (РВ-ПЦР) для детекции *C. burnetii* проводили с использованием прибора RotorGeneQ (Corbette Research, Австралия) по методу, описанному ранее [8].

Генотипирование проводили с определением плазмидного типа методом ПЦР (структура праймеров приведена в табл. 1). Реакционная смесь содержала пятикратный мастермикс Screenmix-HS (Евроген, Москва, Россия), олигонуклеотидные праймеры в конечной концентрации 0,5 мкМ, деионизированную воду и 10 мкл ДНК-матрицы. ПЦР проводили в следующем режиме: первоначальная денатурация при температуре 95 °С — 5 мин; 40 циклов: денатурация 95 °С — 20 сек, отжиг 56 °С — 30 сек, элонгация 72 °С — 45 сек; финальная элонгация 72 °С — 5 мин. Визуализацию продуктов реакции проводили после электрофореза в 2% агарозном геле, окрашенном бромидом этидия с использованием маркера молекулярного веса 100–1000 пар нуклеотидов (Евроген, Россия).

Статистический анализ

Статистическую обработку проводили с использованием пакета программ VassarStats (<http://vassarstats.net>), где рассчитывали показатель превалентности с 95%-м доверительным интервалом (confidence interval, CI).

Результаты

Объекты (участники) исследования

Подавляющее число собранных с крупного рогатого скота клещей в пулах было представлено видом *Amblyomma variegatum* (202 пула, или 99,02%); виды *Rhipicephalus decoloratus* и *R. geigy* были единичными находками (по 1 пулу, или по 0,49%). Частота обнаружения генетических маркеров возбудителя лихорадки Ку в пробах по регионам представлена в табл. 2. Все положительные находки ДНК *S. burnetii* выявлены у клещей *A. variegatum* (пуловая превалентность 1,98% в диапазоне 0,6–5,3% при CI 95%).

Основные результаты исследования

Генотипирование было успешно проведено лишь для одного образца с достаточно высокой концентрацией ДНК патогена (результат РВ-ПЦР: St < 31). Установлено, что проба клещей, содержащая ДНК *S. burnetii* в пуле *A. variegatum* из провинции Киндия, принадлежит плазмидному типу QpH1.

Обсуждение

В течение последних двух десятилетий на территории различных стран Африканского континента проводятся исследования клещей на за-

Таблица 1

Структура праймеров для определения плазмидного типа

Тип плазмиды	Праймер	Последовательность (3'-5')
QpH1	forward	CTCCAGTAGGGTAATGGGTGTCA
	reverse	GCCTTGGCTGGCACCTG
QpRS	forward	ATGTCAACAGATGACTCATC
	reverse	CTAGGATAATGAGAGTCTATC
QpDV	forward	GAGTCTACTCAGTGATAG
	reverse	TTACCGGTATTTTCTCGA

раженность *S. burnetii*, в том числе в странах субэкваториальной Африки. С помощью молекулярно-биологических методов выявлялась пораженность клещей коксииеллами на территории граничащего с Республикой Гвинеей Сенегала, варьирующая в различных регионах страны в пределах 0,8–14,2% [9]. В Мали *S. burnetii* обнаруживали почти у 38% клещей [10], данный показатель зараженности переносчиков является весьма высоким. В Нигерии уровень зараженности клещей был также относительно высоким и составлял 14% [11]. В Кении пораженность кровососущих членистоногих, собранных с крупного рогатого скота, составляла 2,5% [12], в Эфиопии — 6,4% [13]. Ранее на территории Республики Гвинея было проведено исследование пулов клещей на носительство *S. burnetii* методом ПЦР: превалентность патогена составила 46,4% [14]. С помощью иммунофлюоресцентного анализа *S. burnetii* выявляли у 0,3% клещей в Гвинее, однако в данном случае при сравнении результатов следует учитывать также различия в методологии анализа по сравнению с ПЦР [15].

По сравнению с представленными данными исследований, проведенных в странах субэкваториальной Африки, выявленная нами инфицированность клещей *S. burnetii* при оценке в пулах на территории Республики Гвинея представляется относительно низкой, однако это может быть

Таблица 2

Присутствие ДНК *S. burnetii* в пулах клещей

Провинция Гвинейской Республики	Общее число пулов клещей	Положительные пулы в ПЦР		
		абс.	%	CI 95%
Боке	48	2	4,17	0,73–15,4
Киндия	156	2	1,28	0,2–5
Всего	204	4	1,98	0,6–5,3

Примечание. ПЦР — полимеразная цепная реакция.

связано, как и в случае с выявленной ранее пораженностью на территории Сенегала, с региональными особенностями в превалентности патогена. Стоит учитывать тот факт, что значительные различия в распространенности возбудителя лихорадки Ку могут наблюдаться даже внутри отдельных стад на одной территории, что определяется активностью инфекционного процесса у животных и, соответственно, пораженностью их эктопаразитов. Так, наблюдаемые нами различия превалентности патогена в двух провинциях могут быть в значительной мере связаны с распространенностью в конкретных населенных пунктах либо стадах, однако данное предположение требует дополнительного исследования. В целом, при сравнении с данными зарубежных исследований, уровень превалентности *C. burnetii* при анализе пулов, выявленный нами на территории Гвинейской Республики, близок к таковому в Кении и Сенегале.

Информация о генетических характеристиках штаммов *C. burnetii*, выделенных в Африке, достаточно ограничена по сравнению с европейскими и североамериканскими штаммами, хотя доступна полногеномная последовательность штамма Namibia (accession number NCBI: NZ_CP007555.1), выделенного на территории Юго-Западной Африки. Ранее было установлено, что при анализе методом типирования по последовательности межгенных спейсеров западноафриканские штаммы коксиелл представляли собой отдельные клады, кластрирующиеся в ряде случаев вместе со штаммами, выделенными в Европе и странах СНГ либо в Европе и США [9]. Также для типирования штаммов различного географического происхождения применялся метод плазмидного анализа [16], преимуществом которого является то, что он не требует значительного количества ДНК патогена и подходит для анализа некультивируемых изолятов. Результаты проведенного нами генотипирования позволяют утверждать, что на территории Африканского континента, помимо плазмидного типа QpRS, выявленного у штамма Namibia, может быть распространен плазмидный тип QpH1; штаммы, несущие данную плазмиду, широко распространены на всех континентах, где регистрируется лихорадка Ку, и также ранее обнаруживались в Центральной Африке [16].

Инфицированность возбудителем лихорадки Ку клещей, снятых с крупного рогатого скота, яв-

ляется маркером циркуляции коксиеллезной инфекции у сельскохозяйственных животных. Ранее было показано, что носительство *C. burnetii* у животных в стадах в странах с тропическим климатом зачастую обуславливает серопревалентность у фермеров, при этом частота развития клинической формы инфекции у людей зачастую остается неизвестной [17]. В то же время следует учитывать роль животных в возникновении вспышек лихорадки Ку у людей: так, крупнейшая за всю историю исследования болезни вспышка в Голландии была связана с сельскохозяйственными животными [18]. Локальные вспышки заболевания с аналогичным источником заражения регистрировались за последнее десятилетие в Болгарии, Венгрии, Австралии, США и Испании [19–23].

Обнаружение молекулярных маркеров носительства *C. burnetii* у напитавшихся клещей может свидетельствовать о наличии хозяйственных очагов инфекции в регионе, что следует учитывать, во-первых, как фактор риска лихорадки Ку при диагностике лихорадок неясной этиологии у пациентов [24], во-вторых, как возможный источник инфекции при использовании или при импорте продукции животного происхождения, что особенно важно в период глобализации. Стоит учитывать также риск инфицирования лихорадкой Ку в период пребывания туристов в эндемических регионах. Ранее регистрировались случаи заражения лихорадкой Ку у туристов в Африке, в том числе связанные с употреблением непастеризованного коровьего молока [25, 26]. Эпизоотологические исследования могут быть полезны в целях определения зон риска в отношении лихорадки Ку для населения страны и туристов.

Заключение

Полученные нами результаты указывают на циркуляцию *C. burnetii* на территории Нижней Гвинеи. Хотя распространенность генетических маркеров у напитавшихся клещей в нашем исследовании была относительно невысокой (не более 5%), на основании полученных данных можно предположить циркуляцию патогена и у сельскохозяйственных животных: в данном случае следует учитывать вероятность существования хозяйственных очагов коксиеллезной инфекции в стране и риски заражения лихорадкой Ку для населения, занятого животноводством. Масштабное исследование

животных и их эктопаразитов, а также определение иммунной прослойки населения в различных регионах страны является целесообразным для изучения эпизоотологии и эпидемиологии лихорадки Ку в Гвинее. Впервые проведено генотипирование некультивируемых изолятов коксии в Гвинейской Республике. Установлено, что на территории Гвинейской Республики циркулирует плазмидный генотип коксии QrH1, также широко распространенный в Северной Америке и Евразии.

Дополнительная информация

Источник финансирования. Исследование выполнялось в рамках Распоряжения Правительства РФ от 22.12.2017 № 2904-р (2018–2020 гг.) о российско-гвинейском научно-техническом сотрудничестве в области эпидемиологии, профилактики и мониторинга бактериальных и вирусных инфекций в Гвинейской Республике.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликтов интересов.

Участие авторов. Н.К. Токаревич, S. Voumbaly, М.У. Воиро — концепция и дизайн исследования; Е.В. Найденова, К.С. Захаров, А.М. Сенчикина, Д.А. Агафонов, А.А. Nassour, Ю.А. Панферова,

О.А. Фрейлихман — сбор и обработка материала; Ю.А. Панферова — статистическая обработка; Ю.А. Панферова, О.А. Фрейлихман — написание текста; Е.В. Найденова, О.А. Фрейлихман, Н.К. Токаревич — редактирование; Н.К. Токаревич, S. Voumbaly, М.У. Воиро — утверждение окончательного варианта статьи; Ю.А. Панферова, Н.К. Токаревич, S. Voumbaly, М.У. Воиро — ответственность за целостность всех частей статьи. Все авторы внесли существенный вклад в проведение поисково-аналитической работы и подготовку статьи, прочли и одобрили финальную версию до публикации.

Поступила 19.03.2020

Принята к печати 20.04.2020

Conflict of interest. The authors declare no conflict of interest.

Funding. The study was funded by the Government of the Russian Federation due to Order of December 22, 2017 No. 2904-r (2018–2020) on Russian-Guinean scientific and technical cooperation in the field of epidemiology, prevention and monitoring of bacterial and viral infections in the Republic of Guinea.

Received 19.03.2020

Accepted 20.04.2020

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

- Chmielewski T, Tylewska-Wierzbanowska S. Q fever at the turn of the century. *Pol J Microbiol.* 2012;61(2):81–93.
- Eldin C, Mélenotte C, Mediannikov O, et al. From Q Fever to *Coxiella burnetii* infection: a paradigm change. *Clin Microbiol Rev.* 2017; 30(1): 115–190. doi: <https://doi.org/10.1128/CMR.00045-16>
- Rodolakis A. Q Fever in dairy animals. *Ann NY Acad Sci.* 2009; 1166:90–93. doi: <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2009.04511.x>
- Каливоги С., Буаро М.Е., Константинов О.К., Плотникова Л.Ф. Иммунная структура населения и домашних животных Гвинейской Республики в отношении риккетсиозов группы клещевой пятнистой лихорадки и лихорадки Ку // *Медицинская паразитология и паразитарные болезни.* — 2013. — №1. — С. 28–30. [Kalivogui S, Boiro MY, Konstantinov OK, Plotnikova LF. The immune structure of the population and domestic animals of the Republic of Guinea against tick-borne spotted fever rickettsiosis and Q fever. *Meditinskaya parazitologiya i parazitarnye bolezni.* 2013;1:28–30. (In Russ).]
- Найденова Е.В., Захаров К.С., Никифоров К.А., и др. *Итоги и перспективы изучения некоторых природно-очаговых инфекционных болезней в Гвинейской Республике.* В кн.: Попов А.Ю. Актуальные инфекции в Гвинейской Республике: эпидемиология, диагностика, иммунитет. — СПб.: ФБУН НИИЭМ имени Пастера, 2017. — С. 150–156. [Naidenova EV, Zakharov KS, Nikiforov KA, et al. *Itogi i perspektivy izucheniia nekotorykh prirodno-ochagovykh infektsionnykh boleznei v Gvineiskoi Respublike.* In: Popov AIu. Aktual'nye infektsii v Gvineiskoi Respublike: epidemiologiya, diagnostika, immunitet. Saint-Petersburg: FBUN NIIEM imeni Pastera; 2017. Pp. 150–156. (In Russ).]
- Mori M, Roest HJ. Farming, Q fever and public health: agricultural practices and beyond. *Arch Public Health.* 2018;76:2. doi: <https://doi.org/10.1186/s13690-017-0248-y>
- Walker AR, Bouattour A, Camicas J, et al. *Ticks of domestic animals in Africa: a guide to identification of species.* 2nd ed. Edinburg, UK: Bioscience Reports; 2013.
- Панферова Ю.А., Фрейлихман О.А., Токаревич Н.К., и др. Сравнение диагностической эффективности методов детекции *Coxiella burnetii* в крови больных лихорадкой Ку на основе амплификации фрагментов гена 16S рРНК (стандартная ПЦР) и гена *GroEL* (ПЦР в режиме реального времени) // *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунологии.* — 2016. — №3. — С. 70–74. [Panferova YuA, Freylikhman OA, Tokarevich NK, et al. Comparison of the diagnostic efficacy of *Coxiella burnetii* detection methods in the blood of patients with Q fever based on the amplification of fragments of the 16S rRNA gene (standard PCR) and the GroEL gene (real-time PCR). *Zhurnal mikrobiologii, epidemiologii i immunobiologii.* 2016;(3):70–74. (In Russ).]
- Mediannikov O, Fenollar F, Socolovschi C, et al. *Coxiella burnetii* in humans and ticks in rural Senegal. *PLoS Negl Trop Dis.* 2010;4(4):e654. doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0000654>
- Diarra AZ, Almeras L, Laroche M, et al. Molecular and MALDI-TOF identification of ticks and tick-associated bacteria in Mali. *PLoS Negl Trop Dis.* 2017;11(7):e0005762. doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0005762>

11. Reye AL, Arinola OG, Hubschen JM, Muller CP. Pathogen prevalence in ticks collected from the vegetation and livestock in Nigeria. *Appl Environ Microbiol.* 2012;78(8):2562–2568. doi: <https://doi.org/10.1128/AEM.06686-11>
12. Knobel DL, Maina AN, Cutler SJ, et al. Coxiella burnetii in humans, domestic ruminants, and ticks in rural western Kenya. *Am J Trop Med Hyg.* 2013;88(3):513–518. doi: <https://doi.org/10.4269/ajtmh.12-0169>
13. Kumsa B, Socolovschi C, Almeras L, et al. Occurrence and genotyping of Coxiella burnetii in ixodid ticks in oromia, Ethiopia. *Am J Trop Med Hyg.* 2015;93(5):1074–1081. doi: <https://doi.org/10.4269/ajtmh.14-0758>
14. Карташов М.Ю., Найденова Е.В., Никифоров К.А., и др. Выявление ДНК возбудителей риккетсиозов, передаваемых клещами, на территории Гвинейской Республики // Сборник трудов IX Всероссийской научно-практической конференции с международным участием «Молекулярная диагностика 2017» / Под ред. академика РАН В.И. Покровского. Т. II. — М., 2017. — С. 176–177. [Kartashov MYu, Najdenova EV, Nikiforov KA, et al. DNA detection of tick-borne rickettsiosis pathogens in the territory of the Republic of Guinea. In: Sbornik trudov IX Vserossiiskoi nauchno-prakticheskoi konferentsii s mezhdunarodnym uchastiem «Molecular diagnostics 2017». Ed by V.I. Pokrovsky. Vol. II. Moscow; 2017. Pp. 176–177. (In Russ).]
15. Буаро М.Е., Каливоги С., Константинов О.К., и др. Сероэпидемиологическое и эпизоотологическое изучение клещевых риккетсиозов в Гвинейской Республике // Пест-Менеджмент. — 2013. — №1. — С. 22–28. [Boiro MY, Kalivogui S, Konstantinov OK, et al. Seroepidemiological and epizootological study of tick-borne rickettsioses in the Republic of Guinea. *Pest-Menedzhment.* 2013;(1):22–28. (In Russ).]
16. Glazunova O, Roux V, Freylikman O, et al. Coxiella burnetii genotyping. *Emerg Infect Dis.* 2005;11(8):1211–1217. doi: <https://doi.org/10.3201/eid1108.041354>
17. Dhaka P, Malik SS, Yadav JP, et al. Seroprevalence and molecular detection of coxiellosis among cattle and their human contacts in an organized dairy farm. *J Infect Public Health.* 2019;12(2):190–194. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jiph.2018.10.001>
18. Schneeberger PM, Wintenberger C, van der Hoek W, Stahl JP. Q fever in the Netherlands - 2007–2010: what we learned from the largest outbreak ever. *Med Mal Infect.* 2014;44(8):339–353. doi: <https://doi.org/10.1016/j.medmal.2014.02.006>
19. Panaiotov S, Ciccozzi M, Brankova N, et al. An outbreak of Q fever in Bulgaria. *Ann Ist Super Sanita.* 2009;45(1):83–86.
20. Gyuranecz M, Sulyok K, Balla E, et al. Q fever epidemic in Hungary, April to July 2013. *Euro Surveill.* 2014;19(30):20863. doi: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.es2014.19.30.20863>
21. Bond KA, Vincent G, Wilks CR, et al. One Health approach to controlling a Q fever outbreak on an Australian goat farm. *Epidemiol Infect.* 2016;144(6):1129–1141. doi: <https://doi.org/10.1017/S0950268815002368>
22. Anderson AD, Szymanski TJ, Emery MP, et al. Epizootiological investigation of a Q fever outbreak and implications for future control strategies. *J Am Vet Med Assoc.* 2015;247(12):1379–1386. doi: <https://doi.org/10.2460/javma.247.12.1379>
23. Álvarez-Alonso R, Basterretxea M, Barandika JF, et al. A Q Fever outbreak with a high rate of abortions at a dairy goat farm: Coxiella burnetii shedding, environmental contamination, and viability. *Appl Environ Microbiol.* 2018; 84(20): e01650–1718. doi: <https://doi.org/10.1128/AEM.01650-18>
24. Борисевич С.В., Яковлев Э.А. Эколого-эпидемиологические особенности возбудителя лихорадки Ку в Российской Федерации и странах Европы // Бактериология. — 2016. — Т.1. — №1. — С. 96–101. [Borisenko SV, Yakovlev EA. Ecological and epidemiological features of the causative agent of Q fever in Russian Federation and European countries. *Bakteriologiya.* 2016;1(1):96–101. (In Russ).] doi: <https://doi.org/10.20953/2500-1027-2016-1-96-101>
25. Potasman I, Rzotkiewicz S, Pick N, Keysary A. Outbreak of Q fever following a safari trip. *Clin Infect Dis.* 2000;30(1):214–215. doi: <https://doi.org/10.1086/313613>
26. Brouqui P, Rolain JM, Foucault C, Raoult D. Short report: Q fever and Plasmodium falciparum malaria co-infection in a patient returning from the Comoros archipelago. *Am J Trop Med Hyg.* 2005;73(6):1028–1030.

*Панферова Юлия Александровна [Yulia A. Panferova]; адрес: 197101, Санкт-Петербург, ул. Мира, д. 14 [address: 14 Mira str., 197101 St-Petersburg, Russia]; e-mail: zoonoses@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5211-5086>

Фрейлихман Ольга Александровна, к.б.н., ведущий научный сотрудник [Olga A. Freylikhman]; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2850-728X>

Токаревич Николай Константинович, д.м.н. [Nikolay K. Tokarevich, MD, PhD]; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6433-3486>

Найденова Екатерина Владимировна, к.б.н., старший научный сотрудник [Ekaterina V. Naydenova, PhD]; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6474-3696>

Захаров Кирилл Сергеевич, к.б.н., научный сотрудник [Kirill S. Zakharov, PhD]; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4726-309X>

Сеничкина Айслу Мухаматовна, к.б.н., старший научный сотрудник [Ayslu M. Senichkina, PhD]; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1026-2680>

Агафонов Дмитрий Алексеевич, к.б.н., старший научный сотрудник отдела диагностики инфекционных болезней, ФКУЗ РосНИПЧИ «Микроб» Роспотребнадзора, 410005, г. Саратов, ул. Университетская, д. 46, Российская Федерация [Dmitry A. Agafonov, PhD]; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9273-6063>

Константинов Олег Константинович, к.б.н., ведущий научный сотрудник [Oleg K. Konstantinov, PhD]

Abdulay A. Nassour, научный сотрудник

Voumbaly Sanaba, PhD, к.б.н., ведущий научный сотрудник

Boiro Mamadou Yero, PhD, к.б.н.; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3339-9380>

*Для корреспонденции / For correspondence