

**МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ**  
**БЛОЦЕРКІВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ АГРАРНИЙ УНІВЕРСИТЕТ**

Кваліфікаційна наукова  
праця на правах рукопису

**ПАНТЕЛЕЄНКО ОЛЬГА ВОЛОДИМИРІВНА**

УДК: 636.7.09:616.99:579.834.114:595.42(043.3)

**ЛАЙМ-БОРЕЛІОЗ СОБАК В УКРАЇНІ**  
**(ЕКОЛОГО-ЕПІЗООТИЧНІ ОСОБЛИВОСТІ,**  
**МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНА ХАРАКТЕРИСТИКА ЗБУДНИКА**  
**ТА УДОСКОНАЛЕННЯ ДІАГНОСТИКИ)**

Спеціальність: 211 – «Ветеринарна медицина»

Галузь знань: 21 – «Ветеринарна медицина»

Подається на здобуття наукового ступеня доктора філософії

Дисертація містить результати власних досліджень. Використання ідей, результатів і текстів інших авторів мають посилання на відповідне джерело



(підпис)

Ольга ПАНТЕЛЕЄНКО

Науковий керівник:

Тарас ЦАРЕНКО, завідувач кафедри  
епізоотології та інфекційних хвороб,  
кандидат ветеринарних наук, доцент

## АНОТАЦІЯ

Пантелеєнко О. В. «Лайм-бореліоз собак в Україні (еколого-епізоотичні особливості, молекулярно-генетична характеристика збудника та удосконалення діагностики)». – Кваліфікаційна наукова праця на правах рукопису.

Дисертація на здобуття наукового ступеня доктора філософії за спеціальністю 211 – Ветеринарна медицина (21 – Ветеринарна медицина). Білоцерківський національний аграрний університет. Біла Церква, 2024.

Дисертаційна робота присвячена вивченню еколого-епізоотичних аспектів лайм-бореліозу в Україні. У роботі досліджено поширення іксодових кліщів (переносників) та патогенних генотипів борелій комплексу *Borrelia burgdorferi sensu lato*. Провели молекулярно-генетичну характеристику збудника хвороби. Вивчили епізоотичну ситуацію щодо лайм-бореліозу у собак та визначено еколого-кліматичні чинники, що впливають на поширення хвороби в Україні. Встановили найпоширеніші клінічні ознаки хвороби у собак та вдосконалено діагностичні підходи. Визначили кореляційні зв'язки між поширеністю лайм-бореліозу у людини і собак в адміністративних та географічних регіонах України.

Встановлено, що іксодові кліщі поширені у різних ландшафтах. Дослідженнями, проведеними на півночі України (Київська область), в центрі (Черкаська область) та на півдні (Миколаївська область), виявлено відмінності у поширенні різних видів кліщів залежно від регіонів та особливостей їх біоценозів.

За результатами досліджень, в урбобіоценозах Київської області переважали кліщі виду *Ixodes ricinus* (79,7 %), що вірогідно перевищувало частку *Dermacentor reticulatus* (20,3 %) ( $p < 0,0001$ ). На відміну від цього, у природних біоценозах Черкаської області більш поширеними були кліщі виду *Dermacentor reticulatus* (72,7 %) ніж *Ixodes ricinus* (27,3 %) ( $p < 0,0001$ ). На півдні, у Миколаївській області, переважали кліщі виду *Hyalomma marginatum* (76,4 %), які були зібрані лише з продуктивних тварин, тоді як *Dermacentor reticulatus* (16,2 %) та *Ixodes ricinus* (7,4 %) були менш поширені в цьому регіоні ( $p < 0,0001$ ).

Встановлено, що щільність заселення територій іксовими кліщами та їх видовий склад залежить від типу і умов мікроклімату біотопів. Зокрема, в антропогенно-трансформованому лісовому біотопі загальний показник щільності заселення іксовими кліщами був в 1,6 раза вищим, ніж у природному лучному біотопі ( $p=0,0114$ ). У лісовому біотопі спостерігався вищий рівень заселення кліщами *Ixodes ricinus* (95,2 %; 67,8 екз/км<sup>2</sup>), де вони зустрічалися в 20 разів частіше, ніж *Dermacentor reticulatus* (4,8 %; 3,4 екз/км<sup>2</sup>) ( $p<0,0001$ ). Натомість в умовах природного лучного біотопу кліщі *Dermacentor reticulatus* (75,0 %; 32,4 екз/км<sup>2</sup>) зустрічалися в 3 рази частіше, ніж кліщі *Ixodes ricinus* (25,0 %; 10,8 екз/км<sup>2</sup>) ( $p<0,0001$ ). Підтверджено високий рівень статистичної залежності між видами кліщів та типом біотопів ( $p<0,0001$ ).

За результатами ПЛР-скринінгу поширення борелій серед іксових кліщів, *Borrelia burgdorferi sensu lato* виявили в кліщах *Ixodes ricinus* і *Dermacentor reticulatus* у Київській та Черкаській областях. Серед іксових кліщів *Hyalomma marginatum*, *Dermacentor reticulatus* та *Ixodes ricinus* з Миколаївської області ДНК борелій не виявлено. Встановлено, що іксові кліщі зібрані з рослинності (голодні) (29,8 %) мали вірогідно вищий ( $p<0,0001$ ) рівень інфікованості бореліями ніж кліщі зняті з тварин (ситі) (6,7 %). Кліщі *Ixodes ricinus* мали вірогідно вищий ( $p<0,0001$ ) загальний рівень зараження *Borrelia burgdorferi sensu lato* (29,2 %), порівняно з кліщами виду *Dermacentor reticulatus* (16,0 %).

За порівняння загальної поширеності борелій серед іксових кліщів між Київською та Черкаською областями статистично значущої різниці не виявили ( $p=0,0727$ ). Зокрема, у Київській області загальна поширеність *Borrelia burgdorferi sensu lato* становила 28 %, з них 31,4 % серед кліщів *Ixodes ricinus* та 14,4 % серед кліщів *Dermacentor reticulatus*, відповідно. У Черкаській області загальна поширеність *Borrelia burgdorferi sensu lato* становила 22,0 %, з них серед кліщів *Ixodes ricinus* – 24,3 % та серед кліщів *Dermacentor reticulatus* – 21,0 % відповідно.

Встановлено, що серед іксодових кліщів генотип *Borrelia afzelii* зустрічався частіше – 15,6 %, ніж генотип *Borrelia burgdorferi sensu stricto* – 9,3 % ( $p=0,0004$ ). Серед кліщів *Ixodes ricinus* загальна поширеність *Borrelia afzelii* становила 19,2 %, що вірогідно вище ( $p=0,0002$ ) поширеності *Borrelia burgdorferi sensu stricto* – 10,2 %.

У Київській області, серед іксодових кліщів, поширеність генотипу *Borrelia afzelii* становила 17,6 %, що вірогідно вище ( $p=0,0002$ ), ніж поширеність *Borrelia burgdorferi sensu stricto* – 9,5 %. У Черкаській області поширеність *Borrelia afzelii* (11,0 %) вірогідно не відрізнялася ( $p=0,5758$ ) від поширеності *Borrelia burgdorferi sensu stricto* (9,0 %). Генотип *Borrelia garinii* не був виявлений за допомогою класичної полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) в жодному із зразків виділеної ДНК з іксодових кліщів.

Результати молекулярно-філогенетичного аналізу десяти часткових нуклеотидних послідовностей ділянки гена 16S рРНК борелій комплексу *Borrelia burgdorferi sensu lato*, отриманих за секвенування ПЛР-ампліконів із зразків ДНК ізольованого з іксодових кліщів, вказав на їх схожість з нуклеотидними послідовностями різних генотипів борелій, доступними в базі даних GenBank. Зокрема, з десяти зразків, у двох підтверджено високий рівень нуклеотидної схожості з генотипом *Borrelia afzelii* (98,91–99,64 %) і в одному зразку з генотипом *Borrelia burgdorferi sensu stricto* (99,64 %). Також у чотирьох з десяти секвенованих зразків ідентифіковано генотип *Borrelia garinii* (97,86–99,28 %). Решта зразків мали високу подібність нуклеотидних послідовностей (97,1–99,64 %) з генотипами *Borrelia valaisiana*, *Borrelia bissettiae* та *Borrelia mayonii*, останні два генотипи виявлені в Україні вперше. Крім того, порівняння вирівняних часткових нуклеотидних послідовностей *Borrelia burgdorferi sensu lato* між собою показало високий рівень ідентичності між ними (89,34–99,64 %). Це свідчить, що ідентифіковані генотипи борелій генетично близькі та підтверджує їх генетичну приналежність до одного роду – *Borrelia*.

З використанням методів описової ветеринарної епідеміології проведено першу в Україні оцінку поширеності лайм-бореліозу собак, проаналізовано

клінічні прояви, методи діагностики та лікування собак за лайм-бореліозу. Для аналізу були використані дані, отримані шляхом онлайн інтерв'ювання фахівців ветеринарної медицини з різних регіонів України, за винятком Луганської та Донецької областей, Автономної Республіки Крим та м. Севастополя.

Досліджено особливості поширення хвороби у різних природних зонах України та залежно від кліматичних факторів, зокрема середньорічної температури повітря, валової вологості ґрунту та середньої температури поверхні ґрунту в теплий період року (в липні). Встановлено, що на частоту випадків лайм-бореліозу у свійських собак опосередковано впливає комбінація природно-кліматичних факторів, які характерні для різних ландшафтів природних зон України. Статистичний аналіз показників захворюваності підтвердив наявність статистично значущої різниці у рівнях захворюваності серед свійських собак залежно від регіону.

За результатами аналізу даних щодо лайм-бореліозу собак отриманих в ході інтерв'ювання фахівців ветеринарної медицини, виявлено найвищі показники захворюваності на лайм-бореліоз собак в лісостеповій природній зоні ( $1,2 \pm 0,11$  випадків на рік) і зоні широколистяних лісів ( $1,0 \pm 0,12$  випадок на рік). Нижчі показники зафіксовані в природних зонах Українських Карпат ( $0,5 \pm 0,08$  випадків на рік) і мішаних лісів ( $0,5 \pm 0,02$  випадків на рік), а також степовій зоні ( $0,4 \pm 0,05$  випадків на рік). Статистичний аналіз з високою вірогідністю підтверджує залежність між поширеністю лайм-бореліозу собак та природними зонами ( $p < 0,0001$ ).

За аналізу рівнів захворюваності собак на лайм-бореліоз, залежно від валового зволоження ґрунту встановили, що на територіях з діапазоном валового зволоження ґрунту від 500 мм до більш ніж 650 мм спостерігаються більш високі показники захворюваності (від  $0,9 \pm 0,09$  до  $1,2 \pm 0,09$  випадків на рік), тоді як на територіях з валовим зволоженням ґрунту менш ніж 500 мм показники захворюваності були вдвічі нижчими (від  $0,1 \pm 0,04$  до  $0,4 \pm 0,04$  випадків на рік) ( $p < 0,0001$ ).

Виявлено закономірності поширення лайм-бореліозу серед собак залежно від середньорічної температури повітря. Найвищий показник захворюваності ( $0,9 \pm 0,07$  випадків на рік) спостерігалися на територіях із середньорічною температурою повітря  $7-8$  °C, а найнижчі ( $0,1 \pm 0,03$  випадків на рік) – у регіонах з середньорічною температурою повітря  $9-10$  °C ( $p < 0,0001$ ).

Аналізуючи вплив середньої температури поверхні ґрунту в теплу пору року (в липні) на поширення лайм-бореліозу в собак встановили, що вищий рівень захворюваності ( $1,2 \pm 0,11$  випадків на рік) реєструється на територіях з середньою температурою ґрунту в липні від  $22$  до  $24$  °C, тоді як найнижчий рівень захворюваності собак на лайм-бореліоз ( $0,1 \pm 0,04$  випадків на рік) – у регіонах з середньою температурою ґрунту в липні більше  $28$  °C ( $p < 0,0001$ ).

За результатами аналізу даних інтерв'ювання фахівців ветеринарної медицини, найпоширенішою клінічною формою лайм-бореліозу у собак є лайм-артрит, який спостерігався респондентами з частотою  $91,6$  % випадків, що вірогідно частіше, ніж інші форми хвороби ( $p < 0,0001$ ). Лайм-нефрит ( $37,6$  %) та нейробореліоз ( $33,6$  %) однаково менш поширені клінічні форми захворювання, тоді як лайм-кардит траплявся значно рідше ( $1,5$  %).

Для діагностики лайм-бореліозу в собак більшість фахівців ветеринарної медицини повідомляли про застосування серологічних методів ( $73,4$  %), зокрема швидкі імунохроматографічні тести використовували –  $31,4$  % респондентів, поєднання імуноферментного аналізу та імунохроматографічних тестів –  $22,6$  %, лише імуноферментний аналіз використовували –  $17,9$  % респондентів. Молекулярні методи, полімеразну ланцюгову реакцію, використовували  $10,6$  % респондентів, а комбінацію серологічних та молекулярних методів застосовували  $8$  % опитаних фахівців ветеринарної медицини. Невелика частка респондентів ( $0,7$  %) діагностували лайм-бореліоз лише за клінічними проявами. Для лікування собак за лайм-бореліозу частіше призначали антибіотики тетрациклінового ряду ( $79,1$  %), дещо рідше цефалоспорины ( $18,4$  %), пеніциліни ( $10,5$  %), макроліди ( $14,4$  %), аміноглікозиди ( $7,9$  %), карбапенеми ( $2,5$  %) та лінкозаміди ( $0,4$  %).

Вперше в Україні отримано дані моніторингу поширення антитіл до *Borrelia burgdorferi sensu lato* серед популяцій свійських та безпритульних собак в урбанізованому середовищі на прикладі м. Біла Церква Київської області, у 2021 та 2022 роках. Результати вказали на суттєву різницю у поширеності антитіл між популяціями собак. Зокрема, серопоширеність у безпритульних собак становила 10,2 % у 2021 році та 10,7 % у 2022 році ( $p=0,9164$ ), тоді як популяція свійських – була серонегативною в обидва роки моніторингу.

Стабільний рівень поширеності антитіл до *Borrelia burgdorferi sensu lato* упродовж 2021 та 2022 років у безпритульних собак свідчить про постійну персистенцію борелій в урбанізованому середовищі. В дослідженні повідомлялося, що власники собак систематично обробляли своїх улюбленців від ектопаразитів, що, ймовірно, сприяло виключенню їх з епізоотичного ланцюга лайм-бореліозу.

Дослідженнями продемонстровано перспективність серологічного моніторингу антитіл до борелій у популяціях безпритульних собак для виявлення урбанізованих територій ендемічних щодо лайм-бореліозу.

Порівняно з іншими видами тварин, серологічне тестування популяцій собак має переваги, такі як доступність відбору зразків, ефективне подальше спостереження та зворотний зв'язок, а також вища кореляція для оцінки ризику хвороби Лайма серед людей. Дослідження також показало, що імуноферментний аналіз та імуноблотинг є найбільш надійними та чутливими методами для виявлення антитіл до *Borrelia burgdorferi sensu lato* порівняно зі швидкими тестами імунохроматографічного аналізу.

За аналізу клінічних випадків лайм-бореліозу в собак з м. Києва, спостерігали виражене порушення опорно-рухового апарату (тазових кінцівок), що проявлялося періодичною кульгавістю, набряком колінних суглобів та болючістю. Ці ознаки хвороби дали підстави включити лайм-бореліоз до переліку диференціальних діагнозів та провести додаткові дослідження. Діагностичні тести, використані для оцінки важкості патологічного процесу та підтвердження діагнозу, включали загальний клінічний аналіз крові, кількісний

аналіз на С-реактивний білок, цитологію спинномозкової рідини, імуноферментний аналіз на антитіла до *Borrelia burgdorferi sensu lato* та *Brucella canis*, комп'ютерну томографію та ПЛР-аналіз синовіальної рідини на ДНК *Borrelia burgdorferi sensu lato*.

Клінічний аналіз крові, аналіз на С-реактивний білок та цитологічне дослідження спинномозкової рідини не мали діагностичної цінності для встановлення діагнозу. Серологічні дослідження на антитіла до *Borrelia burgdorferi sensu lato* та *Brucella canis* мали негативні результати. Візуалізація результатів комп'ютерної томографії вказала на розвиток запального процесу в колінних суглобах з утворенням остеофітів і ентезіофітів, склероз суглобових поверхонь, збільшення об'єму синовіальних сумок. Остаточний діагноз – лайм-артрит встановили за допомогою ПЛР-дослідження синовіальної рідини з уражених суглобів на наявність ДНК *Borrelia burgdorferi sensu lato*. Результати аналізу підкреслюють важливість врахування лайм-бореліозу як потенційної причини розладів опорно-рухового апарату в собак. Розроблено розширений алгоритм діагностики лайм-бореліозу у собак з вираженим симптомокомплексом лайм-артриту з використанням ПЛР-аналізу синовіальної рідини для виявлення ДНК спірохет *Borrelia burgdorferi sensu lato*.

Результати дослідження узгоджуються з принципами концепції «Єдине здоров'я», яка визнає складну взаємодію між людиною, дикою природою, свійськими тваринами, іксодовими кліщами та навколишнім середовищем. Лайм-бореліоз у різній мірі реєструється серед людей і собак по всій території України, на що впливають різні еколого-кліматичні фактори, притаманні ландшафтам країни. Статистично підтверджений зв'язок між захворюваністю людини та свійських собак на лайм-бореліоз, зрештою підтверджує їх як ефективного індикатора раннього попередження лайм-бореліозу серед людей.

Молекулярно-генетичними дослідженнями підтверджено циркуляцію патогенних геновидів борелій серед іксодових кліщів у регіонах України з найвищими рівнями захворюваності на лайм-бореліоз у людини та собак – у Київській та Черкаській областях. Натомість не було виявлено борелій



у жодному з досліджених іксодових кліщів, зібраних у Миколаївській області, яка належить до південного регіону з найнижчим рівнем захворюваності хворобою Лайма людини і собак.

Зростаючий рівень захворюваності на лайм-бореліоз в Україні вказує на загрозу не лише для здоров'я населення, але й для популяцій тварин, зокрема собак. Це підкреслює необхідність цілісного підходу до розуміння та контролю лайм-бореліозу, який потребує співпраці між різними галузями охорони громадського здоров'я і довкілля та здоров'я тварин.

Результати дослідження можуть бути застосовані для епізоотологічної оцінки ендемічності хвороби Лайма в Україні. Оцінка ендемічності територій включає поєднання кількісних та якісних показників акарологічного обстеження територій, вивчення поширення патогенних борелій серед іксодових кліщів, особливо видів *Ixodes ricinus* і *Dermacentor reticulatus*, оцінку рівнів захворюваності на лайм-бореліоз людей і свійських собак, а також моніторинг серопревалентності до хвороби Лайма у популяції безпритульних собак.

Апробовані в дослідженні методи можуть використовуватися для організації лабораторної діагностики лайм-бореліозу, зокрема, серологічні методи (імуноферментний аналіз та імуноблотинг) та молекулярні методи виявлення збудника в клінічних зразках (класична полімеразна ланцюгова реакція).

Водночас, потребує уваги поглиблене вивчення циркуляції раніше не зареєстрованих на території України генотипів борелій *Borrelia bissettiae*, *Borrelia mayonii* та *Borrelia valaisiana* та їхньої ролі в епізоотичному й епідемічному процесах.

**Ключові слова:** лайм-бореліоз собак, епізоотична ситуація, ризику, поширення, серопревалентність, діагностика, іксові кліщі, полімеразна ланцюгова реакція, секвенування за Сенгером, *Borrelia burgdorferi sensu lato*, *Borrelia afzelii*, *Borrelia burgdorferi sensu stricto*.

## ANNOTATION

Panteleenko O. «Lyme borreliosis in dogs in Ukraine (ecological and epizootological features, molecular genetic characteristics of the pathogen and improvement of diagnostics)». – Qualifying scientific paper within the manuscript rights.

Dissertation for the degree of Doctor of Philosophy in the specialty 211 – Veterinary Medicine (21 – Veterinary Medicine). Bila Tserkva National Agrarian University. Bila Tserkva, 2024.

The dissertation is devoted to the study of ecological and epizootological aspects of Lyme borreliosis in Ukraine. The prevalence of ixodid ticks (vector) and different species of pathogenic *Borrelia burgdorferi sensu lato* complex was investigated. The molecular genetic characterisation of the pathogen was carried out. We studied the epizootic situation of Lyme borreliosis in dogs and the environmental and climatic factors that affect the spread of the disease in Ukraine. We identified the most common clinical manifestations of the disease in dogs and proposed improvements in diagnostic approaches. We established correlations between the prevalence of Lyme borreliosis in humans and dogs in administrative and geographical regions of Ukraine.

Ixodid ticks are distributed throughout Ukraine and occur in different landscapes. Studies conducted in the north of Ukraine (Kyiv region), in the centre (Cherkasy region) and in the south (Mykolaiv region) have shown that the prevalence of different tick species differs in these regions and depends on the characteristics of the biocenoses.

According to the results of the study, ticks of the species *Ixodes ricinus* (79.7 %) predominated in the urban biocenoses of Kyiv region, which significantly exceeded the proportion of *Dermacentor reticulatus* (20.3 %) ( $p < 0.0001$ ). In contrast, ticks of *Dermacentor reticulatus* (72.7 %) were more common in natural biocenoses of Cherkasy region than *Ixodes ricinus* (27.3 %) ( $p < 0.0001$ ). In the south, in Mykolaiv region, *Hyalomma marginatum* (76.4 %) predominated, collected only from farm

animals, while *Dermacentor reticulatus* (16.2 %) and *Ixodes ricinus* (7.4 %) were less common in this region ( $p < 0.0001$ ).

It was found that the density of ixodid ticks and their species composition depends on the type and microclimate conditions of the biotopes. In particular, in the anthropogenically transformed forest biotope, the total density of ixodid ticks was 1.6 times higher than in the natural meadow habitat ( $p = 0.0114$ ). In the forest biotope, there was a high level of *Ixodes ricinus* (95.2 %; 67.8 units/km<sup>2</sup>), where they were 20 times more common than *Dermacentor reticulatus* (4.8 %; 3.4 units/km<sup>2</sup>) ( $p < 0.0001$ ). In contrast, in the natural meadow biotope, *Dermacentor reticulatus* ticks (75.0 %; 32.4 units/km<sup>2</sup>) were 3 times more common than *Ixodes ricinus* ticks (25.0 %; 10.8 units/km<sup>2</sup>) ( $p < 0.0001$ ). A high level of statistical dependence between tick species and biotope type was confirmed ( $p < 0.0001$ ).

PCR screening of the prevalence of borrelia in ixodid ticks revealed DNA of the *Borrelia burgdorferi sensu lato* complex in *Ixodes ricinus* and *Dermacentor reticulatus* ticks in Kyiv and Cherkasy regions. Borrelia DNA was not detected in *Hyalomma marginatum*, *Dermacentor reticulatus* and *Ixodes ricinus* ticks from Mykolaiv region. It was found that ixodid ticks collected from vegetation (questing ticks) (29.8 %) had a significantly higher level of infection with borrelia than ticks removed from animals (engorged ticks) (6.7 %) ( $p < 0.0001$ ). *Ixodes ricinus* ticks had a significantly higher overall level of *Borrelia burgdorferi sensu lato* infection (29.2 %) compared to *Dermacentor reticulatus* ticks (16.0 %) ( $p < 0.0001$ ).

When comparing the overall prevalence of borrelia among ixodid ticks between Kyiv and Cherkasy regions, no statistically significant difference was found ( $p = 0.0727$ ). In particular, in the Kyiv region, the overall prevalence of *Borrelia burgdorferi sensu lato* was 28.0 %, of which 31.4 % was among *Ixodes ricinus* ticks and 14.4 % among *Dermacentor reticulatus* ticks, respectively. In the Cherkasy region, the total prevalence of *Borrelia burgdorferi sensu lato* was 22.0 %, of which 24.3 % was among *Ixodes ricinus* ticks and 21.0 % among *Dermacentor reticulatus* ticks, respectively.

It was found that among ixodid ticks, the *Borrelia afzelii* species was more frequent – 15.6 %, than the *Borrelia burgdorferi sensu stricto* species – 9.3 % ( $p=0.0004$ ). Among *Ixodes ricinus* ticks, the total prevalence of *Borrelia afzelii* was 19.2 %, which is significantly higher than the prevalence of *Borrelia burgdorferi sensu stricto* – 10.2 % ( $p=0.0002$ ).

In the Kyiv region, among ixodid ticks, the prevalence of the *Borrelia afzelii* species was 17.6 %, which is significantly higher than the prevalence of *Borrelia burgdorferi sensu stricto* – 9.5 % ( $p=0.0002$ ). In the Cherkasy region, the prevalence of *Borrelia afzelii* (11.0 %) did not differ significantly from the prevalence of *Borrelia burgdorferi sensu stricto* (9.0 %) ( $p=0.5758$ ). The *Borrelia garinii* species was not detected by classical polymerase chain reaction in any of the samples of extracted DNA from ixodid ticks.

The molecular phylogenetic analysis of ten partial nucleotide sequences of the 16S rRNA gene of *Borrelia burgdorferi sensu lato* complex, obtained by sequencing PCR amplicons from DNA samples isolated from ixodid ticks, indicated their similarity to the nucleotide sequences of different borrelia species available in the GenBank database. In particular, out of ten samples, two showed a high level of nucleotide similarity to *Borrelia afzelii* (98.91–99.64 %) and one sample to *Borrelia burgdorferi sensu stricto* (99.64 %). In addition, four out of ten sequenced samples identified the species *Borrelia garinii* (97.86–99.28 %). The rest of the samples had high nucleotide sequence similarity (97.1–99.64 %) to the species *Borrelia bissettiae*, *Borrelia mayonii* and *Borrelia valaisiana*, which were detected in Ukraine for the first time. In addition, the comparison of the aligned partial nucleotide sequences of *Borrelia burgdorferi sensu lato* with each other showed a high level of identity between them (89.34–99.64 %). This indicates that the identified borrelia species are genetically similar and confirms that they belong to the same genus, *Borrelia*.

Using the methods of descriptive veterinary epidemiology, the first Ukrainian assessment of the prevalence of Lyme disease among pet dogs was carried out, and clinical manifestations, methods of diagnosis and treatment of Lyme borreliosis in dogs were analysed. The data obtained through a survey of veterinarians from different

regions of Ukraine, except for Luhansk and Donetsk regions, the Autonomous Republic of Crimea and the city of Sevastopol, were used for the analysis.

The peculiarities of the disease prevalence in different natural zones of Ukraine and depending on climatic factors, in particular, the average annual air temperature, gross soil moisture and average soil surface temperature in the warm season (in July) were investigated. It was found that the number of cases of Lyme disease in pet dogs is indirectly influenced by a combination of natural and climatic factors that are characteristic of different landscapes of natural zones of Ukraine. Statistical analysis of the incidence rates confirmed the presence of a significant difference in the prevalence of the disease among pet dogs depending on the region.

It was found that, according to veterinarians, the highest incidence of Lyme disease in dogs is observed in the forest-steppe natural zone (1.2 cases per year in the veterinarian's practice) and the zone of broadleaf forests (1.0 case per year). Lower rates were recorded in the Ukrainian Carpathian and Mixed Forest natural zones (0.5 cases per year in veterinary practice), as well as in the Steppe zone (0.4 cases per year in veterinary practice). Statistical analysis with high confidence confirms the relationship between the prevalence of canine Lyme borreliosis and natural areas ( $p < 0.0001$ ).

When analysing the prevalence of Lyme borreliosis in dogs depending on gross soil moisture, it was found that in areas with a range of gross soil moisture from 500 mm to more than 650 mm, higher incidence rates were observed (0.9–1.2 cases per year), while in areas with gross soil moisture less than 500 mm, the rates were half as high (0.1–0.4 cases per year in veterinary practice) ( $p < 0.0001$ ).

Clear patterns of Lyme disease prevalence among dogs were found depending on the average annual air temperature. The highest rates (0.9 cases per year in a veterinarian's practice) were observed in areas with an average annual air temperature of 7–8 °C, and the lowest rates (0.1 cases per year) were observed in regions with an average annual air temperature of 9–10 °C ( $p < 0.0001$ ).

Analysing the impact of the average soil surface temperature in the warm season (July) on the prevalence of Lyme borreliosis in dogs, it was found that a higher

number of cases (1.2 cases per year in veterinary practice) is recorded in areas with an average soil temperature of 22–24 °C in July, while the lowest number of cases (0.1 cases per year) is recorded in regions with an average soil temperature of more than 28 °C in July ( $p < 0.0001$ ).

According to the results of the survey of veterinarians, the most common clinical form of Lyme disease in dogs was Lyme arthritis, which was observed by veterinarians in 91.6 % of cases, which is significantly more common than other forms ( $p < 0.0001$ ). Lyme nephritis (37.6 %) and neuroborreliosis (33.6 %) were equally less common, while Lyme carditis was the least common (1.5 %). Veterinarians noted redness at the tick bite site in 15.3 % of cases.

For the diagnosis of Lyme borreliosis in dogs, the majority of veterinarians use serological methods (73.4 %), in particular, 31.4 % of the surveyed doctors use rapid immunochromatographic tests, a combination of enzyme-linked immunosorbent assay and immunochromatographic tests – 22.6 %, and 17.9 % of the surveyed veterinarians use only enzyme-linked immunosorbent assay. Molecular methods, such as polymerase chain reaction, were used by 10.6 % of respondents, and a combination of serological and molecular methods was used by 8.0 % of veterinarians. A small proportion of respondents (0.7 %) diagnosed Lyme borreliosis based on clinical manifestations only. For the treatment of Lyme borreliosis in dogs, veterinarians most often prescribed tetracycline antibiotics (79.1 %), somewhat less often cephalosporins (18.4 %), penicillins (10.5 %), macrolides (14.4 %), aminoglycosides (7.9 %), carbapenems (2.5 %) and lincosamides (0.4 %).

For the first time in Ukraine, data on monitoring the prevalence of antibodies to *Borrelia burgdorferi sensu lato* among pet dogs and stray dogs populations in an urban environment were obtained using the example of Bila Tserkva, Kyiv region, in 2021 and 2022. The results indicated a significant difference in the prevalence of antibodies between dog populations. In particular, the seroprevalence in stray dogs was 10.2 % in 2021 and 10.7 % in 2022 ( $p = 0.9164$ ), while the pet dogs population was seronegative in both years of monitoring.

The stable prevalence of antibodies to *Borrelia burgdorferi sensu lato* in stray dogs during 2021 and 2022 indicates the persistence of borrelia in the urban environment. The study reported that dog owners systematically treated their pets for ectoparasites, which likely contributed to their exclusion from the Lyme disease epizootic chain.

The study demonstrated the prospects of serological monitoring of borrelia antibodies in stray dog populations to identify urban areas endemic for Lyme borreliosis.

Compared to other animal species, serological testing of dog populations has advantages such as ease of sampling, effective follow-up and feedback, and higher correlation for assessing Lyme disease risk in humans. The study also showed that enzyme-linked immunosorbent assay and immunoblotting are more reliable and sensitive methods for detecting antibodies to *Borrelia burgdorferi sensu lato* than rapid immunochromatographic assays.

In the analysis of clinical cases of Lyme borreliosis in dogs from Kyiv (Ukraine), a pronounced musculoskeletal disorder (pelvic limbs) was observed, which was manifested by periodic lameness, swelling of the knee joints and pain. These signs of the disease gave grounds to include Lyme borreliosis in the list of differential diagnoses and to conduct additional studies. The diagnostic tests used to assess the severity of the pathological process and confirm the diagnosis included a complete blood count, a quantitative C-reactive protein test, cerebrospinal fluid cytology, an enzyme-linked immunosorbent assay for antibodies to *Borrelia burgdorferi sensu lato* and *Brucella canis*, computed tomography, and a PCR analysis of synovial fluid for *Borrelia burgdorferi sensu lato* DNA.

Clinical blood count, C-reactive protein test and cerebrospinal fluid cytology were not diagnostic for the diagnosis. Serological tests for antibodies to *Borrelia burgdorferi sensu lato* and *Brucella canis* were negative. Computed tomography imaging showed the development of an inflammatory process in the knee joints with the formation of osteophytes and enthesiophytes, sclerosis of the articular surfaces, and an increase in the volume of synovial sacs. The final diagnosis of Lyme arthritis was

made by PCR testing of synovial fluid from the affected joints for the presence of *Borrelia burgdorferi sensu lato* DNA. The results of the analysis emphasise the importance of considering Lyme borreliosis as a potential cause of musculoskeletal disorders in dogs. An expanded algorithm for the diagnosis of Lyme borreliosis in dogs with severe symptoms of Lyme arthritis was developed using PCR analysis of synovial fluid to detect DNA of *Borrelia burgdorferi sensu lato* spirochetes.

The findings of the study are consistent with the principles of the One Health concept, which recognises the complex interactions between humans, wildlife, pets, ticks and the environment. Lyme borreliosis is reported to varying degrees among humans and dogs throughout Ukraine, influenced by various environmental and climatic factors inherent in the country's landscapes. The statistically confirmed association between the incidence of Lyme disease in humans and domestic dogs ultimately confirms the role of dogs as an effective indicator of early warning of Lyme borreliosis in humans.

Molecular genetic studies confirmed the circulation of pathogenic borrelia species among ixodid ticks in the regions of Ukraine with the highest incidence of Lyme borreliosis in humans and dogs – Kyiv and Cherkasy regions. In contrast, no borrelia were detected in any of the ticks collected in Mykolaiv region, which is one of the southern regions with the lowest incidence of Lyme disease in humans and dogs.

The growing incidence of Lyme borreliosis in Ukraine indicates a threat not only to public health but also to animal populations, particularly dogs. This emphasises the need for a holistic approach to understanding and controlling Lyme borreliosis, which requires collaboration between different public health, animal health and environmental sectors.

The results of the study can be used for epizootological assessment of Lyme disease endemicity in Ukraine. Assessment of endemicity of territories includes a combination of quantitative and qualitative indicators of acarological surveys of territories, study of the distribution of pathogenic borrelia among ixodid ticks, especially *Ixodes ricinus* and *Dermacentor reticulatus*, assessment of the incidence of



Lyme borreliosis in humans and domestic dogs, as well as monitoring of seroprevalence to Lyme disease in the population of stray dogs.

The methods tested in the study can be used to organise laboratory diagnostics of Lyme borreliosis, in particular, serological methods (enzyme-linked immunosorbent assay and immunoblotting) and molecular methods for detecting the pathogen in clinical samples (classical polymerase chain reaction).

At the same time, an in-depth study of the circulation of *Borrelia bissettiae*, *Borrelia mayonii* and *Borrelia valaisiana* genospecies, which have not been previously registered in Ukraine, and their role in epizootic and epidemic processes, requires attention.

**Key words:** lyme borreliosis in dogs, epizootic situation, risks, distribution, seroprevalence, diagnosis, ixodid ticks, polymerase chain reaction, Sanger sequencing, *Borrelia burgdorferi sensu lato*, *Borrelia afzelii*, *Borrelia burgdorferi sensu stricto*.

## СПИСОК ПРАЦЬ, ОПУБЛІКОВАНИХ ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ

### *Статті у наукових фахових виданнях України:*

1. **Пантелесенко О. В.**, **Ярчук Б. М.**, Царенко Т. М. Сучасний стан проблеми Лайм-бореліозу тварин (систематичний огляд). *Науковий вісник ветеринарної медицини*. 2021. № 1. С. 64–78. DOI: 10.33245/2310-4902-2021-165-1-64-78 (здобувачка виконала систематичний аналіз і узагальнення даних з наукових джерел, щодо лайм-бореліозу тварин, а саме: етіології, еколого-епізоотологічного аспекту поширення, діагностики, клінічних ознак, лікування та профілактики захворювання, підготувала матеріали до друку, 0,63 д.а.).

2. **Пантелесенко О. В.**, Царенко Т. М. Вивчення та порівняння індексів щільності заселення іксодовими кліщами різних біотопів Київської та Черкаської областей. *Науковий вісник ветеринарної медицини*. 2022. № 1. С. 63–71. DOI: 10.33245/2310-4902-2022-1-1-63-71 (здобувачка провела польові дослідження зі збору кліщів, ідентифікувала їхню родову та видову приналежність, визначила та порівняла індекси заселення кліщами різних біотопів, проаналізувала та підготувала матеріали до друку, 0,38 д.а.).

3. **Пантелесенко О. В.**, Царенко Т. М. Оптимізація полімеразної ланцюгової реакції для моніторингу інфікованості іксодових кліщів *Borrelia burgdorferi*. *Науковий вісник ветеринарної медицини*. 2022. № 2. С. 20–32. DOI: 10.33245/2310-4902-2022-176-2-20-32 (дисертантка виконала підбір праймерів для досліджень з наукових джерел, провела пробопідготовку та виділення ДНК з кліщів, виконала всі етапи апробації та оптимізації протоколів класичної ПЛР, опрацювала і підготувала матеріали до друку, 0,54 д.а.).

4. **Panteleienko O.**, Tsarenko T. Diagnostic value of PCR analysis of synovial fluid for the diagnosis of Lyme borreliosis in dogs. *Naukovij Visnik Veterinarної Medicini*. 2023. № 1. P. 59–69. DOI: 10.33245/2310-4902-2023-180-1-59-69 (здобувачка збрала дані щодо клінічних випадків лайм-бореліозу в собак, проаналізувала особливості прояву захворювання у собак, приймала участь у встановленні діагнозу – лайм-артрит, науково обґрунтувала використання

ПЛР-аналізу для діагностики лайм-артриту у собак, підготувала матеріали до друку, 0,46 д.а.).

5. **Panteleienko O. V.**, Melnyk A. Y., Tsarenko T. M. Serological screening of antibodies to *Borrelia burgdorferi* in stray and pet dogs populations in Ukraine. *Naukovij Visnik Veterinarної Medicini*. 2023. № 2. P. 93–100. DOI: 10.33245/2310-4902-2023-184-2-93-100 (дисертантка провела серологічний моніторинг, апробувала різні серологічні методи виявлення антитіл до *B. burgdorferi s.l.* серед популяцій свійських та безпритульних собак, підготувала матеріали до друку, 0,33 д.а.).

**Статті в наукових фахових виданнях України, включених до міжнародних наукометричних баз даних Scopus та/або Web of science Core Collection:**

6. **Panteleienko O. V.**, Makovska I. F., Tsarenko T. M. Influence of ecological and climatic conditions on the spread of *Borrelia burgdorferi* in domestic dogs in Ukraine. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*. 2022. 13 (4), P. 431-442. DOI: 10.15421/022257 (здобувачка провела збір даних щодо лайм-бореліозу собак шляхом інтерв'ювання фахівців ветеринарної медицини, систематизувала і статистично опрацювала дані, підготувала матеріали до друку, 0,5 д.а.).

7. **Panteleienko O. V.**, Garcia D., Bilyk S. A., Dovhal O. V., Tsarenko T. M. Prevalence and distribution of *Borrelia burgdorferi sensu lato* genotypes among ixodid ticks in three regions of Ukraine. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*. 2023. 14 (3), P. 511-515. DOI: 10.15421/022373 (здобувачка провела збір іксодових кліщів, виконала аналіз їх поширеності та видову ідентифікацію, виділила ДНК з кліщів і дослідила методом ПЛР на наявність *B. burgdorferi s.l.*, провела філогенетичний аналіз і підготувала матеріали до друку, 0,21 д.а.).

8. **Panteleienko O. V.**, Chernenko L. M., Vydayko N. B., Ukhovskiy V. V., Melnyk A.Y., Tsarenko T. M. Lyme borreliosis in humans and dogs: One Health perspective. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*. 2023. 14 (4), P. 570-575. DOI: 10.15421/022383 (здобувачка виконала систематизацію епізоотичних та епідеміологічних даних, математичну, статистичну обробку даних, узагальнення результатів, підготувала матеріали до друку, 0,25 д.а.).

***Матеріали і тези наукових конференцій та інші наукові видання, які додатково відображають наукові результати дисертації:***

9. **Пантелесенко О. В., Царенко Т. М.** Еколого-епізоотичні аспекти Лайм-бореліозу тварин в Україні. *«Біобезпека, захист та благополуччя тварин»* матеріали міжнародної науково-практичної конференції. Науково-методичний центр вищої та фахової передвищої освіти, 27 травня 2021 р., Київ, 2021. С. 129–131 (дисертантка виконала науково-теоретичний аналіз еколого-епізоотичних аспектів лайм-бореліозу в Україні, 0,1 д.а.).

10. **Пантелесенко О. В., Царенко Т. М.** Щільність заселення іксодовими кліщами родів *Ixodes* та *Dermacentor* лісового та лучного біотопів в Україні. *«Ветеринарна медицина: сучасні виклики і актуальні проблеми науки, освіти та продовольчої безпеки»* матеріали Всеукраїнської науково-практичної інтернет-конференції, Поліський національний університет, 9–10 червня 2022 р., Житомир, 2022. С. 227–230 (здобувачка проводила збір та ідентифікацію іксодових кліщів, аналіз та узагальнення даних, підготувала матеріали до друку, 0,16 д.а.).

11. **Пантелесенко О. В.** Застосування полімеразної ланцюгової реакції для діагностики Лайм-бореліозу у собак. *«Сучасні досягнення та перспективи клінічної лабораторної медицини у діагностиці хвороб людини та тварин»* матеріали II науково-практичної міжнародної дистанційної конференції. Національний фармацевтичний університет, 17 березня 2022 р., Харків, 2022. С. 69–70 (дисертантка провела лабораторні ПЛР-дослідження, проаналізувала і узагальнила отримані результати, підготувала матеріали до друку, 0,08 д.а.).

12. **Пантелесенко О. В., Царенко Т. М.** Перспективи впровадження принципів концепції «Єдиного здоров'я» в систему боротьби з Лайм-бореліозом. *«Єдине здоров'я – 2022»* матеріали міжнародної наукової конференції. Національний університет біоресурсів і природокористування України, 22–24 вересня 2022 р., Київ, 2022. С. 289–291 (дисертантка вивчила наявні національні нормативні документи установ, які можуть бути частиною міждисциплінарного, міжвідомчого підходу до контролю за Лайм-бореліозом

в Україні на принципах концепції «Єдине здоров'я», підготувала матеріали до друку, 0,08 д.а.).

13. **Пантелесенко О. В.**, Царенко Т. М. Використання полімеразної ланцюгової реакції для виявлення збудників Лайм-бореліозу в іксодових кліщах. *«Досягнення та перспективи ветеринарної науки»* матеріали міжнародної науково-практичної інтернет конференції молодих вчених, Полтавський державний аграрний університет, 20 жовтня 2022 р., Полтава, 2022. С. 81–84 (здобувачка провела ПЛР-ідентифікацію *B. burgdorferi s.l.* в іксодових кліщах, 0,13 д.а.).

14. **Пантелесенко О. В.**, Царенко Т. М. Вплив еколого-кліматичних та фізико-географічних факторів на поширення кліщових бореліозів. *«Сучасний розвиток ветеринарної медицини»* матеріали міжнародної науково-практичної конференції. Білоцерківський національний аграрний університет, 20 жовтня 2022 р., Біла Церква, 2022. С. 52–53 (здобувачка вставила статистичні зв'язки між поширенням лайм-бореліозу і природно-кліматичними умовами в Україні, 0,07 д.а.).

15. **Пантелесенко О. В.**, Царенко Т. М. Контроль хвороби Лайма з позиції концепції «Єдине здоров'я». *«Біобезпека, захист та благополуччя тварин»* матеріали міжнародної науково-практичної конференції. Науково-методичний центр вищої та фахової передвищої освіти, 21 листопада 2022 р., Київ, 2022. С. 134–136 (здобувачка виконала порівняльний просторовий і статистичний аналіз поширеності лайм-бореліозу у людей та собак, 0,08 д.а.).

16. **Пантелесенко О.В.**, Царенко Т.М. Алгоритм діагностики Лайм-бореліозу у собак. *«Сучасний стан розвитку ветеринарної медицини, науки і освіти»* матеріали міжнародної науково-практичної конференції, присвяченої 35-річчю заснування факультету ветеринарної медицини. Поліський національний університет, 12-13 жовтня 2022 року, Житомир, 2022. С. 404–408 (дисертантка провела науково-теоретичне обґрунтування застосування комплексного підходу до діагностики лайм-бореліозу собак, 0,17 д.а.).

17. **Panteleienko O.**, Tsarenko T. PCR-based screening of pathogenic genotypes of *Borrelia burgdorferi sensu lato* complex in Ixodes ticks in different regions of Ukraine. «*International Symposium of the World Association of Veterinary Laboratory Diagnosticians*». June 29 – July 01, Lyon, France, 2023. [https://www.iswavld2023.org/export/export\\_pdf-A109144OP.pdf](https://www.iswavld2023.org/export/export_pdf-A109144OP.pdf)  
(здобувачка виконала ПЛР-скринінг поширеності *B. burgdorferi s.l.* серед іксодових кліщів, підготувала матеріали до друку, 0,04 д.а.).

18. **Пантелеєнко О. В.**, Довгаль О. В., Білик С. А., Царенко Т.М. ПЛР-діагностика Лайм-артриту в собак. «*Сучасний розвиток ветеринарної медицини*» матеріали міжнародної науково-практичної конференції. Білоцерківський національний аграрний університет, 26 жовтня 2023 р., Біла Церква. С. 73–45 (дисертантка провела аналіз клінічних випадків лайм-бореліозу у собак і обґрунтувала розширений алгоритм діагностики, 0,07 д.а.).

19. **Пантелеєнко О. В.**, Шевченко М. В., Довгаль О. В., Білик С. А., Царенко Т. М. Епідеміологічні аспекти хвороби Лайма в Україні, підхід «Єдине здоров'я». «*Наукові читання 2023. Еколого-регіональні проблеми сучасного тваринництва та ветеринарної медицини*» матеріали X щорічної Всеукраїнської науково-практичної конференції. Поліський національний університет, 16 листопада 2023 р., Житомир. С. 189–192 (здобувачка проаналізувала тенденції захворюваності людей і собак лайм-бореліозом з позиції концепції «Єдине здоров'я», 0,13 д.а.).

### Методичні рекомендації

20. **Пантелеєнко О. В.**, Мельник А. Ю., Сахнюк В. В., Савченко М. О., Царенко Т. М. Методичні рекомендації: «Діагностика Лайм-бореліозу в собак». – Біла Церква, 2024. – 35 с. (затверджено вченою радою факультету ветеринарної медицини Білоцерківського національного аграрного університету 22 лютого 2024 року, протокол № 7) (здобувачка є автором ідеї, покладеної в основу розробки, брала безпосередню участь у проведенні досліджень, підготовці та написанні методичних рекомендацій, 1,46 д.а.).

## ЗМІСТ

<b>ПЕРЕЛІК УМОВНИХ СКОРОЧЕНЬ .....</b>	<b>25</b>
<b>ВСТУП.....</b>	<b>27</b>
<b>РОЗДІЛ 1 ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ.....</b>	<b>36</b>
1.1 Характеристика <i>Borrelia burgdorferi sensu lato</i> .....	36
1.2 Еколого-кліматичні аспекти поширення <i>B. burgdorferi s.l.</i> .....	41
1.3 Лайм-бореліоз у людей та його особливості .....	45
1.4 Лайм-бореліоз у собак та його особливості.....	48
Висновки до розділу 1.....	51
<b>РОЗДІЛ 2 МАТЕРІАЛИ ТА МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ.....</b>	<b>53</b>
<b>РОЗДІЛ 3 РЕЗУЛЬТАТИ ДОСЛІДЖЕНЬ .....</b>	<b>75</b>
3.1 Поширення та склад фауни іксодових кліщів у Київській, Черкаській та Миколаївській областях України.....	75
3.1.1 Поширення та розподіл видового складу фауни іксодових кліщів, зібраних з рослинності.....	76
3.1.2 Поширення та розподіл видового складу фауни іксодових кліщів, зібраних з тварин.....	79
3.1.3 Щільність популяцій та склад іксодофауни в антропогенно-трансформованому лісовому та природному лучному біотопах.....	81
3.2 ПЛР-скринінг борелій комплексу <i>B. burgdorferi s.l</i> та патогенних генотипів <i>B. burgdorferi s.s.</i> , <i>B. afzelii</i> , <i>B. garinii</i> в іксодових кліщах .....	82
3.2.1 Результати оптимізації та апробації протоколів ПЛР .....	83
3.2.2 Поширення борелій комплексу <i>B. burgdorferi s.l</i> в іксодових кліщах....	91
3.2.3 Поширення генотипів <i>B. burgdorferi s.s.</i> , <i>B. afzelii</i> , <i>B. garinii</i> .....	95

3.2.4 Молекулярно-філогенетичний аналіз нуклеотидних послідовностей борелій комплексу <i>B. burgdorferi s.l.</i> .....	97
3.3 Епізоотична ситуація щодо лайм-бореліозу собак в Україні.....	101
3.3.1 Поширення та географічний розподіл лайм-бореліозу собак.....	101
3.3.2 Еколого-кліматичні детермінанти поширення лайм-бореліозу собак в Україні.....	104
3.3.3 Клінічні прояви, діагностика та антибіотикотерапія лайм-бореліозу собак в Україні .....	113
3.3.4 Серопревалентність до <i>B. burgdorferi s.l.</i> серед популяцій свійських та безпритульних собак .....	117
3.4 Клінічні випадки лайм-артриту в собак.....	121
3.5 Епідемічна ситуація і кореляція між захворюваністю на лайм-бореліоз людей і собак в Україні.....	126
Висновки до розділу 3.....	130
<b>РОЗДІЛ 4 АНАЛІЗ І УЗАГАЛЬНЕННЯ РЕЗУЛЬТАТІВ</b>	
<b>ДОСЛІДЖЕНЬ .....</b>	<b>134</b>
<b>ВИСНОВКИ.....</b>	<b>156</b>
<b>ПРОПОЗИЦІЇ ВИРОБНИЦТВУ .....</b>	<b>159</b>
<b>СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ .....</b>	<b>160</b>
<b>ДОДАТКИ .....</b>	<b>195</b>



## ПЕРЕЛІК УМОВНИХ СКОРОЧЕНЬ

ЛБ	– лайм-бореліоз
БНАУ	– Білоцерківський національний аграрний університет
ФВМ	– факультет ветеринарної медицини
ТОВ	– товариство з обмеженою відповідальністю
ОТГ	– Об'єднана територіальна громада
МОЗ	– Міністерство охорони здоров'я
ДНК	– дезоксирибонуклеїнова кислота
ПЛР	– полімеразна ланцюгова реакція
ІФА	– імуноферментний аналіз
ІХА	– імунохроматографічний аналіз
НК	– нуклеїнові кислоти
КТ	– комп'ютерна томографія
Од/мл	– одиниця на мілілітр
мкг/л	– мікрограм на літр
мкг/мл	– мікрограм на мілілітр
мкл	– мікролітр
нм	– нанометр
п.н.	– пар нуклеотидів
пг	– пікограми
год.	– година
м	– метр
км <sup>2</sup>	– кілометр квадратний
<i>B.</i>	– <i>Borrelia</i>
<i>I.</i>	– <i>Ixodes</i>
<i>D.</i>	– <i>Dermacentor</i>
<i>H.</i>	– <i>Hyalomma</i>
<i>s.l.</i>	– <i>sensu lato</i>
<i>s.s.</i>	– <i>sensu stricto</i>

<i>x</i>	– середнє значення
<i>max</i>	– максимальнє значення
<i>min</i>	– мінімальнє значення
<i>n</i>	– розмір вибірки (кількість)
<b>GPS</b>	– система глобального позиціювання (Global Positioning System)
<i>T<sub>a</sub></i>	– температура відпалу (annealing temperature)
<b>SD</b>	– стандартне відхилення
<b>SE</b>	– стандартне відхилення середнього арифметичного
<sup>0</sup> / <sub>0000</sub>	– інтенсивний показник захворюваності на 100 тисяч популяції

## ВСТУП

**Обґрунтування вибору теми дослідження.** Лайм-бореліоз (син.: хвороба Лайма, іксодовий кліщовий бореліоз) – це зоонозна інфекційна хвороба, що викликається спірохетами *Borrelia burgdorferi sensu lato* та передається через укуси іксодових кліщів [1]. Незважаючи на зусилля епідемічного нагляду та контролю за захворюваннями, лайм-бореліоз залишається найпоширенішою трансмісивною хворобою у регіонах із помірним кліматом північної півкулі [2]. За даними центрів з контролю та профілактики захворювань США, щорічна захворюваність на лайм-бореліоз становить 10 і більше випадків на 100 000 населення в рік. За даними Європейського центру з профілактики та контролю захворювань, цей показник становить близько 22 випадків на 100 000 населення, хоча дані можуть відрізнятися у різних європейських країнах. В Україні, згідно зі звітами Центру громадського здоров'я МОЗ України, у 2018–2022 роках захворюваність на лайм-бореліоз становила в середньому 9 випадків на 100 000 населення [2–5].

Останніми десятиліттями зростає захворюваність тварин і людини на лайм-бореліоз у деяких країнах Європи та в Україні [6]. Географічне поширення хвороби розширюється в напрямку більших висот і широт [7–9]. Зростання впливу збудників лайм-бореліозу на здоров'я людини, тварин та навколишнє середовище призвело до сплеску дослідницьких зусиль з біології, епідеміології та екології ЛБ [10].

Ризик лайм-бореліозу для людини і тварин нерозривно пов'язаний з поширенням, активністю та щільністю популяцій векторно-компетентних іксодових кліщів [11, 12]. Для передачі збудника лайм-бореліозу іксодовий кліщ повинен спочатку заразитися на стадії личинки або німфи від резервуарного хазяїна – носія *Borrelia burgdorferi sensu lato*, зберігати бактерії за линьки, а потім передати її сприйнятливому господарю під час живлення на наступній стадії розвитку [13–15]. Основними переносниками борелій в Європі визнані кліщі *Ixodes ricinus*, в Північній Америці – *Ixodes scapularis* [5, 16, 17]. Натомість, здатність кліщів *Dermacentor reticulatus* передавати *Borrelia burgdorferi sensu*

*lato* сприйнятливим хазяям досі не встановлена і залишається предметом наукових дискусій [18–20].

*Dermacentor reticulatus* вважається другим за чисельністю видом іксодових кліщів в Європі та Україні після *Ixodes ricinus* [21–23]. Виявлення *Borrelia burgdorferi sensu lato* у кліщах *Dermacentor reticulatus* вказує на їх можливу роль у життєвому циклі борелій, але це не означає здатність передавати їх [18, 24, 25].

В Україні, кліщі родів *Ixodes* та *Dermacentor* мають вагомe медичне та ветеринарне значення, оскільки є одними з чисельних компонентів природних біоценозів та урбоценозів. Ці кліщі, одні не з небагатьох видів іксодид, які здатні паразитувати на різних видах тварин і людини та бути загрозою для їх здоров'я, а також фактором поширення зоонозних збудників у певних регіонах України [25].

На просторовий розподіл іксодових кліщів та збудників трансмісивних хвороб, впливає низка складних екологічних та фізико-географічних чинників, що призводить до їхньої неоднорідної поширеності в різних регіонах [7, 26, 27]. Тому, питання лайм-бореліозу об'єднує складні взаємозв'язки між людиною, дикими і свійськими тваринами та іксодовими кліщами в одному середовищі існування. Комплексне вивчення цих взаємодій, включаючи екологію переносників, епідеміологію та епізоотологію хвороби є важливим для розробки ефективних стратегій контролю та її профілактики. Міждисциплінарний підхід, заснований на принципах концепції «Єдине здоров'я», поєднує зусилля фахівців з ветеринарної медицини, гуманної медицини, біології та екології та дозволить краще зрозуміти питання лайм-бореліозу і ефективніше проводити превентивні заходи з ним.

Собаки вважаються найбільш сприйнятливими до збудників лайм-бореліозу, хоча випадки захворювання були зареєстровані і серед інших тварин, зокрема у коней та котів [28, 29]. У більшості собак, серопозитивних до *Borrelia burgdorferi sensu lato* хвороба має субклінічний перебіг, а клінічні прояви лайм-бореліозу в собак можуть бути різними. В залежності від того, які органи і

системи уражені бореліями, їх поділяють на симптомокомплекси: лайм-артрит, лайм-нефрит, лайм-кардит та нейробореліоз [28, 30–33].

Нині не має єдиного науково обґрунтованого підходу до діагностики лайм-бореліозу в собак. Часто на практиці підтвердження діагнозу на лайм-бореліоз ґрунтується на серологічній діагностиці. Дослідження вказують, що наявність антитіл проти *Borrelia burgdorferi sensu lato* не завжди узгоджуються з клінічними ознаками [30, 34–36].

Таким чином, актуальними напрямками досліджень лайм-бореліозу в Україні є моніторинг векторів, іксодових кліщів та їх збудників, борелій комплексу *Borrelia burgdorferi sensu lato*, у поєднанні з вивченням поширеності клінічно-важливих генотипів борелій (*B. burgdorferi s.s.*, *B. afzelii* та *B. garinii*). Визначення нинішнього стану епізоотичної ситуації та вдосконалення діагностики ЛБ у собак. Комплексне вивчення еколого-епізоотичних аспектів дозволить встановити сучасний стан проблеми лайм-бореліозу у ветеринарній медицині та покращити контроль цього зоонозу в Україні у контексті «Єдине здоров'я».

**Зв'язок роботи з науковими програмами, планами, темами, грантами.** Дисертаційна робота є частиною науково-дослідних робіт кафедри епізоотології та інфекційних хвороб Білоцерківського національного аграрного університету, зокрема робота виконувалась в межах науково-дослідних тем: «Вивчення епізоотології, діагностики, лікування та профілактики векторних хвороб тварин» (2021 р.), № держреєстрації 0121U110292 та «Молекулярна діагностика та генотипування збудників інфекційних хвороб тварин», № держреєстрації 0121U110290 (2021 р.).

Дослідження за темою дисертаційної роботи здійснювались також за підтримки Програми з написання наукових робіт (Science Writing Mentorship Program, SWMP), яка реалізувалась Програмою зменшення біологічної загрози (Biological Threat Reduction Program, BTRP), Агентством зменшення загрози Міністерства Оборони Сполучених Штатів Америки (Defense Threat Reduction Agency, DTRA) впродовж 2022–2023 рр., а також у співпраці з Центром

громадського здоров'я Міністерства охорони здоров'я України (2023 р.), Білоцерківською державною міською лікарнею ветеринарної медицини в м. Біла Церква, Київська область (2021–2022 рр.) та ветеринарним центром ТОВ «Звірополіс» в м. Києві (2023 р.).

**Мета та завдання дослідження.** Мета роботи полягала у визначенні еколого-епізоотичних особливостей, молекулярно-генетичної характеристики збудника *Borrelia burgdorferi sensu lato* та вдосконаленні методів діагностики за лайм-бореліозу в собак.

Для досягнення мети були поставлені наступні завдання дослідження:

- встановити поширення та склад фауни іксодових кліщів в Київській (північний регіон), Черкаській (центральному регіону) та Миколаївській (південний регіон) областях України;
- оцінити щільність заселення популяціями іксодових кліщів різних типів біотопів;
- проаналізувати поширеність борелій комплексу *Borrelia burgdorferi sensu lato* та окремих геновидів *B. burgdorferi s.s.*, *B. garinii* та *B. afzelii* серед іксодових кліщів на досліджуваних територіях;
- встановити серопоширеність *Borrelia burgdorferi sensu lato* серед популяцій свійських та безпритульних собак в урбанізованому середовищі;
- з'ясувати епізоотичну ситуацію щодо лайм-бореліозу у собак в Україні;
- визначити вплив природно-кліматичних умов на поширення лайм-бореліозу собак;
- обґрунтувати застосування методу ПЛР з прямою детекцією ДНК *Borrelia burgdorferi sensu lato* у синовіальній рідині уражених суглобів для підтвердження діагнозу лайм-артриту в собак;
- встановити просторову кореляцію між захворюваністю на лайм-бореліоз людей і собак в Україні.

*Об'єкт дослідження* – лайм-бореліоз собак, епізоотологічні та екологічні особливості захворювання, молекулярно-генетична характеристика збудника та методи діагностики.

*Предмет дослідження* – іксодові кліщі; борелії комплексу *Borrelia burgdorferi sensu lato* та геновиди *B. burgdorferi s.s.*, *B. garinii* та *B. afzelii*; серопоширеність та клінічні випадки лайм-бореліозу в собак; епізоотичні та епідеміологічні дані щодо лайм-бореліозу в Україні; еколого-кліматичні характеристики ландшафтів України.

**Методи дослідження:** акарологічні (збір іксодових кліщів; ідентифікація кліщів до роду і виду; кількісна та якісна оцінка розподілу кліщів між регіонами; локальна оцінка щільності заселення кліщами на одиницю площі); молекулярно-генетичні (класична ПЛР, секвенування за Сенгером, молекулярно-філогенетичний аналіз); серологічні (ІХА, ІФА, імуноблотинг); ветеринарно-епідеміологічні (емпіричні дослідження: ретроспективні описові та аналітичні дослідження); порівняльний картографічний аналіз; статистичний аналіз.

**Наукова новизна отриманих результатів.** За використання комплексного ветеринарно-епідеміологічного підходу вперше визначено еколого-епізоотичні аспекти лайм-бореліозу собак в Україні.

Отримано нові дані щодо поширення векторно-компетентних іксодових кліщів у трьох регіонах України. Встановлено, що на півночі країни в урбобіоценозах Київської області (північний регіон), найбільш поширений *Ixodes ricinus* (79,7 %), порівняно з *Dermacentor reticulatus* (20,3 %). У природних біоценозах Черкаської області (центральний регіон), переважає *Dermacentor reticulatus* (72,7 %) порівняно з *Ixodes ricinus* (27,3 %). У Миколаївській області (південний регіон) поширений *Hyalomma marginatum* (76,4 %), якого виявляли на продуктивних тваринах. Дещо менше реєструвалися кліщі *Dermacentor reticulatus* (16,2 %) та *Ixodes ricinus* (7,4 %).

За допомогою ПЛР-скринінгу отримано нові дані щодо поширеності борелій комплексу *Borrelia burgdorferi sensu lato* серед кліщів *Ixodes ricinus* (29,2 %) та *Dermacentor reticulatus* (15,9 %). Встановлено переважання геновиду

*B. afzelii* (15,6 %) над *B. burgdorferi s.s.* (9,3 %) серед іксодових кліщів. Секвеновані нуклеотидні послідовності, що належать до комплексу *Borrelia burgdorferi sensu lato*, отримані з природних зразків іксодових кліщів в Україні. Нуклеотидні послідовності депоновані до загальнодоступної бази даних GenBank із супровідними анотаціями, доступні за номерами: OR532270; OR532271; OR532272; OR532273; OR532274; OR532275; OR532276; OR532277; OR532278; OR532279 (Додаток А).

Вперше в Україні оцінено рівні серопревалентності до збудника лайм-бореліозу у свійських (нульова серопревалентність) та безпритульних собак (більше 10 %) в урбанізованому середовищі. Обґрунтовано використання показників серопревалентності до *Borrelia burgdorferi sensu lato* у безпритульних собак як індикатора ендемічності територій щодо лайм-бореліозу.

Отримано нові дані щодо епізоотичної ситуації лайм-бореліозу собак на території України. Визначено зв'язок між поширенням хвороби та природно-кліматичними умовами. Найсприятливіші умови для циркуляції збудника визначено у лісостеповій та лісовій природних зонах, де реєструється в середньому 1–1,2 випадки лайм-бореліозу у собак на рік. Встановлено оптимальні показники температури повітря (6–8 °C), температури ґрунту (22–26 °C) та вологості ґрунту (500–650 мм) для поширення хвороби. Найнижча захворюваність собак на лайм-бореліоз зареєстрована на півдні України в степовій природній зоні та пов'язана з низькою вологістю і високими температурами повітря та ґрунту (від 0,4 до 0,1 випадків лайм-бореліозу на рік).

Вперше, за допомогою ретроспективних описових досліджень, проаналізовано спектр клінічних симптомокомплексів лайм-бореліозу в собак в Україні. Найбільш поширеним проявом є лайм-артрит (91,6 %), дещо меншими лайм-нефрит (37,6 %) і нейробореліоз (33,6 %) та рідко лайм-кардит (1,5 %).

Обґрунтовано введення в протоколи діагностики лайм-бореліозу в собак з ознаками артриту підтвердження діагнозу методом ПЛР з прямим виявленням ДНК збудника хвороби – *Borrelia burgdorferi sensu lato*.



Отримано нові дані щодо епідемічної ситуації лайм-бореліозу в Україні за 2013–2022 рр., встановлено позитивну динаміку зростання кількості випадків хвороби та сезонні коливання рівнів захворюваності серед населення України.

Вперше в Україні виконано порівняльний просторовий та статистичний аналізи кумулятивної захворюваності собак і людей на лайм-бореліоз за останні 10 років (2013–2022 рр.). Встановлено сильний кореляційний зв'язок між географічними тенденціями поширеності лайм-бореліозу ( $R=0,9859$ ;  $p=0,0141$ ).

Обґрунтовано інтеграцію даних сектору ветеринарної медицини щодо моніторингу серопоширеності *Borrelia burgdorferi sensu lato* у безпритульних собак та діагностованих випадків лайм-бореліозу у свійських собак у систему нагляду за зоонозними хворобами в Україні в рамках концепції «Єдине здоров'я».

**Практичне значення отриманих результатів.** Виявлені регіональні особливості поширення іксодових кліщів, збудника лайм-бореліозу (*Borrelia burgdorferi sensu lato*) та його клінічно-важливих геновидів (*B. burgdorferi s.s.*, *B. afzelii* та *B. garinii*), асоційованих у людей і собак з лайм-бореліозом, можуть бути використані в системі оцінки ендемічності територій та прогнозуванні ризиків пов'язаних з хворобою в системі «Єдине здоров'я».

Дані системного моніторингу щодо поширення антитіл проти *Borrelia burgdorferi sensu lato* серед популяцій безпритульних собак в містах України можуть застосовуватися для виявлення та оцінки урбанізованих осередків лайм-бореліозу.

Актуалізовані дані про найбільш поширені клінічні прояви лайм-бореліозу в собак можуть бути використані фахівцями ветеринарної медицини для покращення діагностики і лікування лайм-бореліозу собак.

За результатами досліджень розроблено та впроваджено у клінічну, лабораторну практику методичні рекомендації для фахівців ветеринарної медицини «Діагностика Лайм-бореліозу в собак» (2024 р.).

Результати дисертаційних досліджень використовуються у Науково-дослідному навчальному центрі діагностики хвороб тварин, Волинській

регіональній державній лабораторії Державної служби України з питань безпеки харчових продуктів та захисту споживачів, у науково-дослідній роботі і навчальному процесі на кафедрах: епізоотології та інфекційних хвороб Білоцерківського національного аграрного університету; епізоотології, паразитології та мікробіології ім. професора В. Я. Атамася Одеського державного аграрного університету; мікробіології, фармакології та ветеринарної епідеміології Поліського національного університету, а також в роботі клініки ветеринарної медицини «Доктор Вет», м. Біла Церква та у ветеринарному центрі «Звірополіс», м. Харків (Додаток В 1– В 8).

**Особистий внесок здобувача.** Здобувачка самостійно провела аналіз наукової літератури, розробила план досліджень, методи та схеми проведення дослідів. Виконала експериментальну частину роботи, зокрема: акарологічні, молекулярно-генетичні, серологічні та епізоотологічні дослідження. Провела картографічний аналіз, статистичну обробку даних та узагальнення отриманих результатів. Разом з науковим керівником сформулювала мету і завдання досліджень та висновки і пропозиції виробництву. Низку виробничих та лабораторних експериментів здобувачка провела спільно з науковими співробітниками, які є співавторами окремих публікацій, що включені до списку робіт, виконаних за темою дисертації.

**Апробація результатів дисертації.** Основні результати дисертаційної роботи доповідалися, обговорювалися та отримали позитивну оцінку на міжнародних, державних наукових і науково-практичних конференціях, зокрема: міжнародна науково-практична конференція «Біобезпека, захист та благополуччя тварин» (м. Київ, 27 травня 2021 р.); Всеукраїнська науково-практична інтернет-конференція «Сучасні досягнення та перспективи клінічної лабораторної медицини у діагностиці хвороб людини та тварин» (м. Харків, 17 березня 2022 р.); науково-практична міжнародна дистанційна конференція «Ветеринарна медицина: сучасні виклики і актуальні проблеми науки, освіти та продовольчої безпеки» (м. Житомир, 9–10 червня 2022 р.); міжнародна наукова конференція «Єдине здоров'я – 2022» (м. Київ, 22–24 вересня 2022 р.);

міжнародна науково-практична інтернет конференція молодих вчених «Сучасний стан розвитку ветеринарної медицини, науки і освіти» (12–13 жовтня 2022 р.); міжнародна науково-практична конференція «Досягнення та перспективи ветеринарної науки» (м. Полтава, 20 жовтня 2022 р.); міжнародна науково-практична конференція «Аграрна освіта та наука: досягнення, роль та фактори росту» (м. Біла Церква, 20 жовтня 2022 р.); міжнародна науково-практична конференція «Біобезпека, захист та благополуччя тварин» (м. Київ, 20 жовтня 2022 р.); International Symposium of the World Association of Veterinary Laboratory Diagnosticians/Міжнародний симпозіум Всесвітньої асоціації ветеринарних лабораторних діагностів (Ліон, Франція, 29 червня – 1 липня 2023 р.); міжнародна науково-практична конференція «Сучасний розвиток ветеринарної медицини» (м. Біла Церква, 26 жовтня 2023 р.); Всеукраїнська науково-практична конференція «Наукові читання 2023. Еколого-регіональні проблеми сучасного тваринництва та ветеринарної медицини» (16 листопада 2023 р.).

**Публікації.** Основний зміст дисертаційної роботи викладено у 20 наукових працях, з них 3 статті в журналах, що індексуються у міжнародних наукометричних базах даних Scopus (Q4) та/або Web of Science, 5 статей у наукових фахових виданнях України (категорія «Б»), 11 тез доповідей на наукових конференціях і 1 методичні рекомендації.

**Структура та обсяг дисертації.** Робота складається із анотації, вступу, огляду літератури, матеріалів та методів досліджень, результатів власних досліджень, аналізу та узагальнення результатів досліджень, висновків, пропозицій виробництву, списку використаних джерел і 7 додатків. Дисертацію викладено на 232 сторінках комп'ютерного тексту, ілюстровано 39 рисунками та 23 таблицями. Список використаних джерел містить 275 найменувань, у тому числі 245 – латиницею.

## РОЗДІЛ 1

### ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ

#### 1.1 Характеристика *Borrelia burgdorferi sensu lato*

Рід *Borrelia* належить до родини *Spirochaetaceae* та складається з різних видів спірохет, які передаються членистоногими (векторами). У минулому борелії класифікували на види виключно на основі їхнього переносника [37].

Зрештою, у 2014 році за допомогою таксономічних методів, заснованих на молекулярній біології, рід *Borrelia* було розділено на два роди. До одного відносяться спірохети рецидивуючої лихоманки (РЛ), а до іншого – спірохети хвороби Лайма (комплекс *B. burgdorferi sensu lato (s.l.)*) [38–40]. Ці дві групи генетично схожі, але мають достатньо відмінностей, щоб сформувати окремі монофілетичні сестринські клади, які походять від спільного предка [40–42].

Слід зазначити, що хвороби, спричинені РЛ-спірохетами у деяких видів тварин, називаються бореліозами, наприклад: бореліоз птахів (*B. anserina* передається м'якими кліщами *Argas persicus*) і бореліоз великої рогатої худоби (*B. theileri* передається твердими кліщами *Rhipicephalus* spp.). Інші види *Borrelia* РЛ-групи викликають захворювання у людини, зокрема, рецидивну лихоманку, що передається вошами (*B. recurrentis*) та кліщову рецидивну лихоманку (решта видів борелій РЛ-групи передаються м'якими кліщами) [43, 44]. Таким чином, спірохети, асоційовані з ЛБ та РЛ, мають різні епідеміологічні, епізоотологічні, біологічні, клінічні та молекулярно-генетичні характеристики.

Після відкриття спірохети, пов'язаної з хворобою Лайма, *B. burgdorferi*, в США на початку 80-х років минулого століття, подібні мікроорганізми були виявлені в Європі, а потім і в Азії [45–47]. Спершу ці борелії вважалися різними штамми в межах виду *B. burgdorferi*. Проте детальніші дослідження показали, що деякі європейські штамми суттєво відрізняються від північноамериканських за реактивністю антитіл, плазмідними профілями та електрофоретичними структурами білків. Це дало підстави виділити серед них окремі види – *B. afzelii* та *B. garinii*. Водночас, *B. burgdorferi* зберіг свою назву із додаванням «*sensu stricto*» (*s.s.*), щоб відрізнити його від інших [47].

Різні види борелій розрізняються між собою за допомогою аналізу їх фенотипових особливостей або генетичного типування. Нині комплекс *B. burgdorferi s.l.* включає 20 геномних груп борелій (геновидів), 2 кандидати та один ізолят, що вивчається (табл. 1.1) [37, 48–50].

Таблиця 1.1

**Перелік геновидів борелій, що входять комплексу *B. burgdorferi s.l.***

Назва геновиду	Географічне поширення	Задokumentовані випадки ЛБ		Посилання
		у людини	у собак	
<i>B. afzelii</i>	Європа, Азія	Так	Так	[51]
<i>B. americana</i>	США	Ні	Ні	[52]
Кандидат <i>B. andersonii</i>	США	Ні	Ні	[53]
<i>B. bavariensis</i>	Європа, Азія	Так	Ні	[54]
<i>B. bissettae</i>	США	1 випадок	Ні	[55]
<i>B. burgdorferi s.s.</i>	США, Європа	Так	Так	[56]
<i>B. californiensis</i>	США	Ні	Ні	[55]
<i>B. carolinensis</i>	США	Ні	Ні	[57]
<i>B. chilensis</i>	Чилі	Ні	Ні	[58]
Кандидат <i>B. finlandensis</i>	Європа	Ні	Ні	[59]
<i>B. garinii</i>	Європа, Азія	Так	Так	[47]
<i>B. japonica</i>	Японія	Ні	Ні	[60]
<i>B. kurtenbachii</i>	США	Ні	Ні	[61]
<i>B. lanei</i>	США	Ні	Ні	[62]
<i>B. lusitaniae</i>	Європа, Африка	1 випадок	Ні	[63]
<i>B. mayonii</i>	США	Так	Ні	[64]
<i>B. sinica</i>	Китай	Ні	Ні	[65]
<i>B. spielmanii</i>	Європа	Так	Ні	[66]
<i>B. tanukii</i>	Японія	Ні	Ні	[67]
<i>B. turdi</i>	Японія, Тайвань	Ні	Ні	[67]
<i>B. valaisiana</i>	Європа, Азія	Ні	Ні	[63]
<i>B. yangtzensis</i>	Китай, Японія	ЛБ	Ні	[68]
Ізолят CA690	США	Ні	Ні	[69]

Очікується, що нині відомий перелік генотипів *B. burgdorferi s.l.* не остаточний і з часом він буде доповнюватися новими ізолятами-кандидатами, отриманими з різних біологічних та географічних джерел і дослідженими різними методами молекулярно-генетичного типування.

Не всі борелії є патогенними для людей і тварин. Наразі патогенність була широко досліджена і підтверджена для *B. burgdorferi s.s.*, *B. garinii* та *B. afzelii*, які викликають різні клінічні прояви ЛБ [63, 70].

*B. burgdorferi s.s.* включає патогенні штами, що викликають ЛБ у людей та тварин, зокрема собак [46, 71–73]. Різні ізоляти цього виду відрізняються за здатністю викликати системні інфекції та запальні реакції у людей і лабораторних мишей [74–76]. Хоча *B. burgdorferi s.s.*, як і *B. afzelii* та *B. garinii*, викликає мігруючу еритему, цей генотип відзначається своєю етіологічною роллю у проліферативному олігоартриті великих суглобів [77, 78]. Встановлено, що *B. burgdorferi s.s.* має більший запальний потенціал, ніж *B. afzelii* та *B. garinii*, і може частково пояснювати відмінності у клінічних проявах ЛБ [79].

У США та прилеглих територіях Канади *B. burgdorferi s.s.* передається кліщами *I. scapularis*, на крайньому заході Північної Америки – *I. pacificus*, та в Європі – *I. ricinus*.

*B. burgdorferi s.s.* має широкий спектр природних резервуарів, який включає гризунів, таких як білоногі та лісові миші (США), полівки (Європа), бурундуки, білки, землерийки і птахи, особливо наземні та ті, що гніздяться на землі. Ссавці середнього розміру, зокрема собаки, коти, еноти, опосуми та скунси, можуть заразитися, але не є компетентними резервуарами [80–83].

*B. afzelii* – один з патогенних генотипів, що викликає ЛБ у людей, собак та є інфекційним для лабораторних мишей [84–86]. Доведено, що *B. afzelii* – це етіологічний агент хронічного атрофічного акродерматиту та хронічної мігруючої еритеми, пов'язаної з ЛБ, але він рідше виділяється зі спинномозкової рідини, ніж *B. garinii* в регіонах, де обидва генотипи є ендемічними [51].

В Європі *B. afzelii* поширюють кліщі *I. ricinus*, на сході Уральських гір та Азії – *I. persulcatus*. В Сполучених Штатах *B. afzelii* до нині не

zareєстрований [87]. Основними природними резервуарами вважаються гризуни [88]. Різниця між *B. afzelii* та *B. garinii* в спектрі їхніх резервуарів серед хребетних пояснюється різною чутливістю до сироваткового комплексу та спорідненістю до імунних регуляторів, таких як фактор H, у різних видів хребетних [89].

*B. garinii* частіше ніж *B. afzelii* або *B. burgdorferi s.s.* асоціюється з нейробореліозом і симптомами радикулопатії, а також менінгіту у людей [79, 90]. Існують задокументовані випадки ЛБ у собак пов'язаних з цим видом [91].

В Європі *B. garinii* займає друге місце після *B. afzelii* як збудник ЛБ, і хоча цей вид є домінуючим серед хворих на нейробореліоз, він остаточно не вивчений. На відміну від *B. afzelii* та *B. burgdorferi s.s.*, штами *B. garinii* не здатні підтримувати довготривалу інфекцію, колонізувати та персистувати в організмі мишей [37].

Переносниками *B. garinii* є кліщі *I. ricinus* в Європі та *I. persulcatus* в Азії. Не менш важливу роль у передачі цього геновиду відіграють кліщі *I. uriae*, які рідко зустрічаються з людиною і переважно паразитують на морських птахів [92]. Тому птахи вважаються основними резервуарами для *B. garinii* [93].

*B. garinii* був зареєстрований у Північній Америці, але обмежувався колоніями кліщів *I. uriae* і морських птахів. Найімовірніше ця знахідка була пов'язана з міграцією птахів [94, 95]. Що фактично підтверджує те, що птахи можуть виступати як біологічні переносники інфікованих кліщів, так і переносниками збудників хвороб між континентами [37].

Крім вище описаних борелій, принаймні ще три менш поширені геновиди можуть викликати ЛБ, зокрема: *B. bavariensis*, *B. mayonii*, *B. spielmanii*.

*B. bavariensis* асоціюється з мігруючою еритемою та нейробореліозом, а також був виявлений у синовіальній рідині дитини з артритом в Австрії [96]. *B. mayonii* рідше, ніж *B. burgdorferi s.s.*, є причиною ЛБ у людей, про які раніше повідомлялося у північних та центральних регіонах США [97]. Існує кілька повідомлень про виділення від пацієнтів з мігруючою еритемою *B. spielmanii* в

Європі [98, 99]. Повідомлень про ЛБ у тварин пов'язаних з *B. bavariensis*, *B. mayonii* або *B. spielmanii* на разі не має.

В Україні більшість досліджень присвячена вивченню поширення комплексу *B. burgdorferi s.l.* серед кліщів *I. ricinus* без ідентифікації геновидів [100,101]. Однак у двох раніше опублікованих дослідженнях повідомлялося про циркуляцію трьох патогенних геновидів борелій у кліщах *I. ricinus* з Київської області, де найпоширенішим був *B. afzelii*, за яким слідував *B. burgdorferi s.s.*, та найменш поширеним був *B. garinii* [102, 103].

Ензоотичний цикл борелій складний і зазвичай включає горизонтальну передачу між іксодовими кліщами та хребетними тваринами. Поверхневі білки, локалізовані на зовнішній мембрані *B. burgdorferi s.l.*, відіграють важливу роль у їх поширенні, вірулентності, тканинному тропізмі та уникненні імунної відповіді [104]. Наразі ідентифіковано низку важливих білків зовнішньої мембрани *B. burgdorferi s.l.* Деякі з них є факторами вірулентності, необхідними для інфікування ссавців (наприклад, OspC), тоді як інші стали мішенями в розробці вакцин для людини (зокрема, OspA).

У голодних кліщів, до початку живлення кров'ю, середня кишка бідна на поживні речовини, тому розмноження борелій відбувається на низькому рівні. Щоб вижити в організмі голодного кліща, *B. burgdorferi s.l.* специфічно експресуються деякі поверхневі білки (наприклад, OspA, OspB, CspA тощо). Коли кліщ починає живитися кров'ю хребетних, борелії використовують ці поживні речовини для підвищення метаболізму та розмноження. Ці процеси регулюються експресією інших поверхневих білків, які також активують міграцію борелій в організм хребетного господаря (наприклад, OspC, OspE, OspF, P66 тощо) [105].

Здатність *B. burgdorferi s.l.* викликати захворювання також залежить від спроможності уникати імунної відповіді сприйнятливою господаря. Для цього борелії розвинули захисні механізми, такі як антигенні варіації поверхневих білків. Наприклад, нині добре відомий поверхневий білок VlsE забезпечує антигенне маскування *B. burgdorferi s.l.*, шляхом постійної зміни своїх



поверхневих епітопів. Тому VlsE є важливою детермінантою вірулентності *B. burgdorferi s.l.* [104, 106, 107].

Отже, рід *Borrelia* комплекс *B. burgdorferi s.l.* характеризується високою генетичною мінливістю всередині та між геномними групами, що має значний вплив на патогенність, клінічні прояви, методи діагностики, механізми передачі та екологію ЛБ-інфекції.

## 1.2 Еколого-кліматичні аспекти поширення *B. burgdorferi s.l.*

Хвороба Лайма – це зооозне, природно-осередкове, трансмісивне захворювання, спричинене деякими видами борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* Хвороба реєструється в регіонах з помірним кліматом на північ від екватора і є найпоширенішим трансмісивним захворюванням у Європі та Північній Америці. *B. burgdorferi s.l.* – це бактерії, які не можуть передаватися між хребетними без участі переносника – кліща. Поширення ЛБ тісно пов'язане з ареалом основного вектора – іксодових кліщів, які трапляються в різних типах біотопів, зокрема лісах, луках, пасовищах, болотах і навіть рекреаційних зонах міст [108–110].

Основними видами кліщів-переносників борелій вважають *I. ricinus* в Європі, *I. persulcatus* – в Європі та Азії, а також *I. scapularis* та *I. pacificus* – у Північній Америці. Іншим не менш важливим видом кліщів з медичної та ветеринарної точки зору є *D. reticulatus*, другий за поширеністю після *I. ricinus* в Європі, і у тому числі в Україні [21–23]. У більш вологих біотопах *D. reticulatus* часто зустрічається паралельно з *I. ricinus*. Локально або на деяких видах хребетних хазяїв, наприклад собаках, він може бути більш поширеним, ніж *I. ricinus*. Натомість людей він кусає досить рідко [111]. У деяких країнах вже повідомлялося про виявлення ДНК борелій у *D. reticulatus*, але їх безпосередня участь у циркуляції *B. burgdorferi s.l.* все ще залишається предметом наукових дискусій [18, 19, 24, 25].

Для ефективної передачі хазяїну господарю, *B. burgdorferi s.l.* повинні подолати щонайменше два основні бар'єри в організмі кліща-переносника: середню кишку та слинні залози. Раніше в досліджах *in vitro* було встановлено, що

екстракти слинних залоз та середньої кишки *D. reticulatus* сповільнюють рухливість борелій та впливають на їх морфологічну структуру [112]. Натомість екстракт слинних залоз *I. ricinus* позитивно впливає на ріст *B. burgdorferi s.l.* [113]. Дослідники припускають, що кліщі *D. reticulatus*, зокрема личинки та німфи, ймовірно, відіграють опосередковану роль в ендofітному циклі *B. burgdorferi s.l.*, це потребує подальшого вивчення [114].

Попри відмінності у географічному поширенні, життєві цикли цих видів кліщів та їхні вимоги до середовища існування схожі. Життєвий цикл іксодових кліщів зазвичай триває три роки, протягом яких вони змінюють хребетних хазяїв для живлення кров'ю на кожній зі стадій розвитку (личинка, німфа, імаго) [115].

Вважають, що трансваріальна передача не має суттєвого значення у підтримці ензоотичного циклу борелій [116]. Основний шлях передачі *B. burgdorferi s.l.* – трансстадійний, від личинок до німф і від німф до імаго. Личинки іксодових кліщів заражаються під час прийому крові від інфікованого резервуарного хазяїна. Інфіковані личинки линяють в інфікованих німф, які потім зможуть передавати борелії новим хазяям [117]. Цей же процес повторюється для наступної стадії розвитку – від німфи до імаго. Таким чином, підтримання ензоотичного циклу *B. burgdorferi s.l.* залежить від кліщів і компетентних видів хребетних резервуарів, якими вони живляться [118].

Люди та тварини-компаньйони, зокрема собаки, є випадковими ланками в ензоотичному циклі *B. burgdorferi s.l.* Вони можуть заразитися при укусі інфікованого кліща, однак через низьку концентрацію спірохет в їх крові подальша передача борелій кліщам не відбувається. Тому вважається, що великі та середні хребетні, в тому числі людина, є своєрідним «тупиком» для ЛБ-інфекції [48, 119].

Отже *B. burgdorferi s.l.* зазвичай персистують у природних осередках, звідки можуть виходити під впливом антропогенного втручання, викликаючи захворювання у людей та деяких видів тварин-компаньйонів. Для вичерпного розуміння епідеміології та епізоотології цієї хвороби необхідний комплексний

аналіз усіх ланок ензоотичного циклу *B. burgdorferi s.l.* в єдиній екологічній системі.

Виживання іксових кліщів залежить від стабільних умов екосистем, зокрема: вологий ґрунт, шар підстилки чи густа рослинність (чагарники) для захисту від високих температур і низької вологості, а також наявність хребетних хазяїв для живлення та розмноження [120–122].

За останні десятиліття захворюваність на ЛБ зросла по всьому світу [4, 10, 100, 102, 123]. На ці тенденції впливає низка екологічних та кліматичних чинників [124, 125]. Крім того, внаслідок глобального потепління спостерігається експансія кліщів у вищі широти та висоти в Європі, Північній Америці та Канаді [7, 126, 127]. Зокрема встановлено, що зі збільшенням висоти над рівнем моря чисельність *I. ricinus* зменшується на висоті понад 620 метрів над рівнем моря [7].

Важливою характеристикою багатьох ландшафтів є те, як їхні особливості визначають локальний клімат через різницю у висотах, схилах та затіненні, це впливає на мікроклімат. Оскільки активність кліщів обмежена низькими температурами і недостатньою насиченістю ґрунту вологою, фізична форма ландшафту може створювати кліматичну оболонку, яка обмежує поширення і чисельність кліщів [128].

Міжстадійний розвиток кліщів, швидкість яйцекладки та темпи розвитку яєць уповільнюються за низьких температур [129]. Іксові кліщі можуть виживати за температури близько  $-15\text{ }^{\circ}\text{C}$ , проте їх загибель різко зростає за температури вище  $30\text{ }^{\circ}\text{C}$ , навіть за високої вологості ( $>80\%$ ) [124, 130, 131]. Таким чином, фізико-географічна структура ландшафту, впливаючи на мікроклімат, визначає межі потенційного розселення кліщів, а отже, і поширення збудника ЛБ та захворювання.

Середовище з м'яким і вологим мікрокліматом є сприйнятливими для життєдіяльності та виживання кліщів. Зазвичай це біотопи із закритим пологом, що вкриває ґрунт, наприклад висока і густа листяна рослинність або ліси. Ссавці та птахи, які переносять кліщів і потенційно можуть бути резервуарами

*B. burgdorferi s.l.*, також мають певні вподобання щодо середовища існування. Основні переносники *B. burgdorferi s.l.* (гризуни та птахи) найбільш поширені в лісових районах або змішаних біотопах з чагарниками та деревами, які також сприятливі для кліщів.

Таким чином, розподіл типів біотопів у ландшафті допомагає визначити потенційний ареал існування векторно-компетентних кліщів та шляхи передачі *B. burgdorferi s.l.* Деякі дослідження вказують на велику різницю ризику ЛБ між типами біотопів, з високим ризиком у лісових біотопах порівняно з відкритими, такими як пасовища та вересові пустища [132, 133].

На щільність інфікованих бореліями кліщів впливає не лише тип біотопу, але й те, як біотопи розподілені в ландшафті, тобто розмір, фрагментація та зв'язок ділянок біотопів. Встановлено, що підвищена фрагментація лісів пов'язана з вищою захворюваністю на ЛБ [134]. Натомість, ділянки лісу, оточені полями, тобто відділені від інших лісових масивів, мають нижчу щільність інфікованих кліщів *B. burgdorferi s.l.* і нижчу захворюваність людини на ЛБ порівняно з ділянками більш суцільного лісу [132].

Розподіл численних ландшафтних характеристик, таких як кліматичні показники, характеристики флори та фауни, можна поєднати, використовуючи різні підходи моделювання для прогнозування ризику ЛБ в різних фізико-географічних ландшафтах.

Просторове розширення ареалів *B. burgdorferi s.l.* привело до збільшення кількості досліджень з використанням моделювання та картографування поширення інфікованих кліщів та ЛБ на різних територіях. В таких дослідженнях спочатку використовується статистичний аналіз для визначення кореляції між емпіричними даними про щільність кліщів чи випадками захворювання на ЛБ та екологічними змінними, а потім застосовується кореляційний алгоритм для прогнозування ризику ЛБ в певних регіонах. Наприклад, на півночі Італії було проведено картографування ризиків виникнення ЛБ з використанням кліматичних, топографічних та біотичних даних [135, 136].

Все частіше з'являються повідомлення про колонізацію іксодовими кліщами урбанізованих біотопів. Ці процеси створюють додаткові ризики виникнення осередків ЛБ в населених пунктах. Натомість, проведення меліоративних робіт, засадження угідь культурними рослинами, очищення від сухої рослинності знижує щільність та ризики заселення кліщами таких ділянок [7, 137, 138]. У ряді досліджень вивчалось розширення популяцій кліщів та видів борелій у кліщах і тваринах-хазяях у міському середовищі, де було виявлено відмінності у чисельності кліщів у зелених зонах міст. Лісисті території були визначені як більш сприятливе середовище, ніж облаштовані парки [101, 139–142].

Таким чином, фізико-географічна структура ландшафтів, природно-кліматичні умови, абіотичні та антропогенні фактори, локальний мікроклімат впливають на цикл розвитку іксодових кліщів, розподіл їхніх хребетних хазяїв, а отже, на поширення *B. burgdorferi s.l.* і ризик захворювання на ЛБ.

### **1.3 Лайм-бореліоз у людей та його особливості**

У 1921 році Арвід Афзеліус опублікував перше медичне повідомлення про мігруючу еритему як клінічне явище. Він припустив, що мігруюча еритема є реакцією на патоген, який передається через укуси кліща. Згодом була висунута гіпотеза, що вона пов'язана з неврологічними синдромами, які спостерігаються серед укушених кліщами людей з тих самих географічних регіонів. У Північній Америці про ураження шкіри з неврологічними наслідками стало відомо в 1968 році. У 1977 році серед жителів штату Коннектикут в районі Лайма була зафіксована низка випадків артритів, що згодом дало підставу для назви захворювання на честь місцевості його виявлення – «хвороба Лайма» [143, 144].

Етіологічний збудник хвороби Лайма вперше був виявлений в 1982 році Вільямом Бургдорфером. Тому спірохети роду *Borrelia*, що викликають хворобу Лайма, були названі на честь першовідкривача – *B. burgdorferi* [46]. Незважаючи на це відкриття і зростаючий соціально-медичний тягар ЛБ, офіційна реєстрація захворювання у людей в США розпочалася з 1991 році [145]. Натомість в деяких

країнах Європи, Словенії та Чехії, про випадки ЛБ почали офіційно повідомляти раніше – в 1986 році. Згодом ще низка країн ЄС запровадили епіднагляд за цією хворобою. В 2011 році загальноєвропейська система нагляду за громадським здоров'ям була стандартизована, зокрема було введено нагляд за випадками хвороби Лайма серед населення всіх країн-членів ЄС [143].

Про перші зареєстровані випадки ЛБ серед населення України повідомляється в 1994 році. Натомість офіційна реєстрація захворювання розпочалася лише з 2000 року [146].

У Сполучених Штатах реєструється близько 476 000 випадків хвороби Лайма на рік, переважно в регіонах Середньої Атлантики, Північного Сходу та Верхнього Середнього Заходу. Збудником є генотип *B. burgdorferi s.s.*, який також поширений в Європі. Нещодавно відкритий *B. mayonii*, поки не виявлений в Європі, є рідкісною причиною ЛБ в людей у Верхньому Середньому Заході США [1, 64, 147].

В Європі найвища захворюваність на ЛБ реєструється у країнах Скандинавії та Балтії, Австрії, Чехії, Німеччині та Словенії – загалом понад 200 000 випадків ЛБ на рік. Генотипи *B. afzelii* та *B. garinii*, які найчастіше виявляють у кліщів *I. ricinus* та *I. persulcatus*, спричиняють більшість випадків ЛБ в Європі. Жоден з цих генотипів не знайдений у США [148, 149].

Для людей з ЛБ характерний добре виражений тристадійний перебіг хвороби. На першій стадії в місці проникнення борелій розвивається місцеве запалення. Після інкубаційного періоду, який триває від 3 днів до місяця, бактерії мігрують на периферію шкіри, викликаючи мігруючу еритему. На цій стадії захист забезпечується факторами неспецифічного імунітету. В результаті фагоцитозу більшість борелій гине, а їх фрагменти мікробних клітин провокують розвиток запалення, яке сприяє знешкодженню більшості борелій. За відсутності ефективної неспецифічної імунної відповіді розвивається друга стадія – збудник поширюється з током крові та лімфи в інші ділянки шкіри та внутрішні органи. Активується імунна система: спочатку Т-клітинна відповідь, а потім В-клітинна з утворенням антитіл IgM та IgG. Третя стадія полягає в хронічному ураженні

бореліями органів-мішеней. Можливий тривалий латентний перебіг через персистенцію патогену [146, 150, 151].

Хвороба Лайма – це мультисистемне захворювання, що вражає багато органів та систем, зокрема шкіру, нервову систему, суглоби, очі та серце. Прояви ЛБ в людини залежать від локалізації патологічного процесу. Зокрема, при ураженні шкіри може розвинутися хронічний атрофічний акродерматит або еритема. При ураженні суглобів спостерігається хронічний артрит. Ураження нервової системи проявляється у вигляді прогресуючого енцефаломієліту та енцефалопатії. При ураженні очей розвивається прогресуючий кератит. У випадку ураження серця розвивається запалення серцевих оболонок та серцеві блокади [146, 152].

У медичній практиці виявлення мігруючої еритеми в поєднанні з даними про укуси іксодового кліща в ендемічній зоні та/або лабораторним підтвердженням інфекції (переважно серологічними методами виявлення IgM та IgG) дає підстави для встановлення діагнозу ЛБ та початку його лікування [153]. Цей діагностичний підхід є обґрунтованим, оскільки у 70 % людей з ЛБ на місці укусу кліща протягом перших двох тижнів з'являється характерний висип – «мігруюча еритема» [154].

Клінічна діагностика ЛБ у людей доповнюється серологічним підтвердженням діагнозу. Чутливість виявлення антитіл становить 20–50 % на першій стадії, 70–90 % на другій стадії та майже 100 % на третій стадії захворювання. Наразі в медицині рекомендований двоетапний протокол діагностики ЛБ: перший етап – ІФА та другий – підтвердження діагнозу за допомогою імуноблотингу. На відміну від цього, пряме виявлення борелій методом ПЛР обмежене певними показаннями та наявністю спеціалізованих лабораторій. Найкращі результати дає ПЛР-тестування біоптатів шкіри (50–70 %) і синовіальної тканини або рідини (50–70 %). ПЛР-дослідження спинномозкової рідини дає позитивні результати лише у 10–30 % пацієнтів [145].

Як і більшість збудників кліщових бактеріальних інфекцій, *B. burgdorferi s.l.* добре реагує на лікування антибіотиками у людей, за умови своєчасного

початку терапії. Препаратом першого вибору є доксициклін у дозі 100 мг перорально двічі на день мінімум 10 діб. Тривалість курсу деякі лікарі рекомендують збільшити до 14–21 або навіть 28 діб для профілактики хронічної інфекції. Інші ефективні антибіотики включають амоксицилін по 500 мг 3 рази на день протягом 14 діб та цефуроксим аксетил по 500 мг 2 рази на добу упродовж 14–21 доби, які призначають пацієнтам з непереносимістю препаратів групи тетрацикліну чи бета-лактамів [155–157].

#### **1.4 Лайм-бореліоз у собак та його особливості**

Трансмісивні хвороби собак, зокрема ЛБ, викликають занепокоєння в Європі вже кілька десятиліть, оскільки спостерігаються зміни в поширенні та ареалі цих захворювань [158]. Собаки часто піддаються впливу збудників кліщових інфекцій, серед яких *B. burgdorferi s.l.* є одним з найбільш поширених [159].

Оцінки поширеності ЛБ у собак часто є неточними через відсутність видимих клінічних ознак та відсутність національної системи нагляду за хворобами тварин-компаньйонів. Проте, скринінгові тести на наявність у собак антитіл до збудника ЛБ широко використовуються в діагностичних лабораторіях та ветеринарними фахівцями. Наприклад, у США та Канаді результати скринінгових тестів узагальнюються Радою з питань паразитозів тварин-компаньйонів (Companion Animal Parasite Council, CAPC), зокрема задля оцінки серопоширеності ЛБ. За даними CAPC, у 2022 році 3,82 % зразків сироватки крові собак були позитивними, з найвищою серопоширеністю у північно-східних та центральних регіонах Сполучених Штатів (5,34–15,66 %) [160, 161].

В Європі окремі країни здійснюють моніторинг ЛБ у собак, але узагальнені дані корисні для розуміння загальної картини. За результатами ІФА-тестування собак у 2016–2020 роках, найвища серопозитивність (>5 %) спостерігалася у Північній та Східній Європі. Найнижчі показники (<1 %) – на півдні Європи. Щорічна серопозитивність знизилась з 3,3 % у 2016 році до 2,4 %



у 2020 році [158, 162]. Загалом серопоширеність ЛБ у собак на території Європи, в районах з різним ступенем ендемічності, коливається від 0 % до 57,5 %.

Окремі дослідження з різних європейських країн, проведені в різні часові періоди, показали найвищі рівні серопоширеності ЛБ серед собак у Швейцарії (57,5 %) та Німеччині (43,3 %) [163, 164]. У країнах, що межують з Україною, найвищі показники були зареєстровані у Польщі (40,2 %) та Словаччині (33,5 %), в Угорщині цей показник становив 0,8 % відповідно [82, 165, 166]. Порівняно помірні рівні серопоширеності збудника ЛБ серед собак були зареєстровані в Чеській Республіці – 9,2 %, Франції – 10,4 % та Східній Польщі – 11 % [167–169].

В Україні є дані про лабораторні дослідження сироватки крові собак з підозрою на ЛБ з м. Києва та декількох областей (Київська, Одеська, Львівська, Донецька). Протягом 2008–2015 років позитивні результати були у 37 % досліджених собак, яким встановлено діагноз ЛБ [170]. Однак ці дані не є результатом моніторингу або скринінгу, тому вони не відображають в повній мірі серопоширеність ЛБ у собак.

У ендемічних регіонах щодо ЛБ понад 50 % популяції собак можуть бути серопозитивними, але безсимптомними. Це свідчить про те, що позитивний титр антитіл не завжди вказує на наявність захворювання, а є лише маркером контакту зі збудником. Очевидно, що багато собак зазнають впливу борелій, але не хворіють. Часто діагноз ЛБ в собак базується на припущеннях через відсутність чітких клінічних критеріїв та можливість інших захворювань з подібною симптоматикою. Крім того, пізня імунологічна відповідь і прояви хвороби часто затримують своєчасну діагностику та ефективне лікування [161].

Вперше ЛБ у собак був описаний в 1984 і 1985 роках. Найпоширенішими проявами є гостра або періодична кульгавість з набряком чи болем в одному або кількох суглобах, часто зап'ясткових, лихоманка, слабкість, відсутність апетиту і можлива локальна лімфаденопатія [171, 172].

Серед свійських тварин собаки були визначені сприйнятливим видом до інфекції *B. burgdorferi s.l.* [173]. На відміну від людей, у собак клінічні стадії захворювання чітко не визначені. Зазвичай неможливо точно встановити момент

зараження через укуси кліща, оскільки власники часто не помічають кліщів на шкірі тварини через шерсть. Вважається, що не в усіх інфікованих *B. burgdorferi s.l.* собак розвивається клінічна форма ЛБ, а перебіг переважно субклінічний. В експериментальних умовах близько 75 % інфікованих собак проявляють клінічні ознаки захворювання. Натомість епізоотичних даних щодо клінічного перебігу в природно інфікованих собак обмаль. Вважається, що наявність антитіл до борелій у сироватці крові не обов'язково корелює з клінічними проявами ЛБ у собак, тому багато інфікованих тварин залишаються безсимптомними [30, 158, 174].

На відміну від людей, у собак не спостерігають мігруючу еритему. Перші клінічні прояви ЛБ є неспецифічними і з'являються через 2–5 місяців після укусу кліща [175]. Це може бути слабкість, періодична лихоманка, біль у м'язах та суглобах, збільшення поверхневих лімфатичних вузлів. Такі симптоми часто залишаються не помітними, оскільки вони зникають за кілька днів. [175–177].

Найпоширенішою формою ЛБ у собак є поліартрит, відомий як лайм-артрит, що зустрічається у 5–10 % серопозитивних тварин [178]. Поширюючись у шкіру, суглоби та сполучну тканину, борелії викликають локальні запальні реакції, які супроводжуються болем, набряком та кульгавістю. Дослідження показали, що через 2–6 місяців після зараження у собак розвивається виражена кульгавість у вигляді моно- чи олігоартриту, яка триває 2–5 днів. Спочатку кульгавість виникає в суглобах ближче до місця укусу кліща, періодично зникає і повторюється через 2–3 тижні по мірі поширення та розмноження бактерій. Також в уражених суглобах збільшується кількість синовіальної рідини та клітин у ній. У природно інфікованих тварин описана періодична кульгавість зі слабкістю, помірною гіпертермією та болем під час руху [179, 180].

Лайм-нефрит зустрічається в менш ніж 1–2 % серопозитивних собак [178, 181]. Хоча точний механізм розвитку гломерулонефриту не відомий, вважається, що він пов'язаний з відкладенням імунних комплексів у ниркових клубочках, а не з безпосередньою інвазією бактерій. У природно інфікованих собак описаний гломерулонефрит з втратою білка у певних порід, зокрема

лабрадорів і золотистих ретриверів. Захворювання нирок може проявлятися блювотою, набряками, азотемією, протеїнурією та випотами в порожнини тіла. Проте життєздатних борелій не вдається виділити з ниркової тканини таких тварин, незважаючи на наявність специфічних антитіл [182–184].

Неврологічні симптоми за нейробореліозу часто асоціюються з інфікуванням геновидом *B. garinii* у європейських пацієнтів, але це не підтверджено для собак. У експериментально інфікованих тварин описувалися лише безсимптомний енцефаліт, незначний периневрит чи менінгіт [31, 185]. Також описані випадки міокардиту та аритмії на початковій стадії захворювання, але без виявлення борелій у серцевій тканині [186].

Діагноз ЛБ в собак базується на анамнезі, відомостях щодо тривалості контакту з кліщем (якщо це відомо), клінічних проявах, виключенні інших хвороб, реакції на антибіотики та лабораторних методах (культуральне дослідження, гістологія, серологія, ПЛР) [187].

Застосування антибіотиків для собак за лайм-боерліозу, як правило, має швидкий ефект упродовж 1–2 діб. Тривалість лікування зазвичай становить 2–4 тижні. Для лікування використовуються тетрацикліни, пеніциліни, макроліди та цефалоспорини, які можна вводити перорально або внутрішньовенно. Найчастіше застосовують доксициклін, оскільки він ефективний також проти інших збудників кліщових бактеріозів. Інколи застосовують амоксицилін для лікування хворих тварин, в яких не було відповіді на лікування доксицикліном [157, 171].

### **Висновки до розділу 1**

Поширення лайм-бореліозу залежить від комплексу еколого-кліматичних факторів і антропогенного впливу, тому ця хвороба потребує постійного еколого-епізоотологічного моніторингу. Незважаючи на пасивний епідеміологічний нагляд, інформація щодо основних аспектів поширення ЛБ в Україні обмежена, що ускладнює його контроль та профілактику. Наявні дані захворюваності на лайм-бореліоз людей, але про лайм-бореліоз в собак даних

бракує. Для прогнозування ризиків поширення ЛБ необхідне глибше розуміння екологічної та епізоотичної складових в єдиній екосистемі, що поєднує збудника, переносника, резервуарних і сприйнятливих хазяїв. Отже, дослідження епізоотології, екології та генетики збудників ЛБ в Україні є вкрай необхідним для розробки ефективних заходів боротьби та профілактики цієї небезпечної хвороби.

## РОЗДІЛ 2

### МАТЕРІАЛИ ТА МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ

Дослідження за темою дисертації проводили упродовж 2020–2024 років у навчально-дослідній лабораторії кафедри епізоотології та інфекційних хвороб; міжфакультетській науково-дослідній лабораторії новітніх методів (ІФА та ПЛР); навчально-науково-виробничій ветеринарній клініці для коней, свиней, жуйних, дрібних та екзотичних тварин (ветеринарна клініка ФВМ БНАУ) та науково-дослідній лабораторії хвороб тварин факультету ветеринарної медицини Білоцерківського національного аграрного університету. Окремі виробничі дослідження були виконані у ТОВ «Explogen» (м. Львів), комерційних ветеринарних лабораторіях ТОВ «Бальд» і ТОВ «Біософт» та у ветеринарному центрі «Звірополіс» (м. Київ).

Експериментальну частину дисертаційної роботи виконували з урахуванням Закону України «Про захист тварин від жорстокого положення», правил Європейської конвенції захисту хребетних тварин, які використовуються в експериментальних та інших наукових цілях від 18.03.1986 р. і Наказу МОН № 416/20729 від 16 березня 2012 р. «Про затвердження Порядку проведення науковими установами дослідів, експериментів на тваринах» [265–267]. Проведені дослідження схвалені Етичним комітетом Білоцерківського національного аграрного університету з питань поводження з тваринами у наукових дослідженнях та освітньому процесі (висновок №2/17 від 2024 р., протокол № 17).

Маніпуляції з тваринами обмежувались відбором біологічного матеріалу від живих тварин під час проведення діагностичних, профілактичних та лікувальних заходів в умовах роботи ветеринарної клініки факультету ветеринарної медицини Білоцерківського національного аграрного університету, установ державної служби ветеринарної медицини та приватних лікарень ветеринарної медицини.

У процесі виконання дисертаційних досліджень проаналізували 1132 екземпляри іксодових кліщів та 351 зразок сироватки крові від безпритульних та свійських собак.

Дисертаційні дослідження виконували у чотири етапи. Схема досліджень наведена рис. 2.1.

<b>I ЕТАП: акарологічні дослідження</b>	Збір іксодових кліщів з рослинності і тварин	Ідентифікація іксодових кліщів до виду та роду	Визначення щільності популяцій кліщів на одиницю площі в різних біотопах
<b>II ЕТАП: молекулярно-генетичні дослідження</b>	ПЛР-скринінг поширеності борелій комплексу <i>B. burgdorferi s.l.</i> і патогенних генотипів: <i>B. burgdorferi s.s.</i> , <i>B. garinii</i> та <i>B. afzelii</i> в іксодових кліщах		Секвенування за Сенгером та філогенетичний аналіз секвенованих нуклеотидних послідовностей <i>B. burgdorferi s.l.</i>
<b>III ЕТАП: серологічні дослідження</b>	Збір зразків сироваток крові від бродячих і свійських собак	Тестування сироваток крові собак на антитіла проти борелій (ІФА; Line Blot; ІХА)	Оцінка серопревалентності до <i>B. burgdorferi s.l.</i> у популяціях собак
<b>III ЕТАП: ветеринарно-епідеміологічні дослідження</b>	- Збір даних щодо ЛБ собак в Україні (онлайн опитування ветеринарних фахівців). - Структурування, математична та статистична обробка отриманих даних	Порівняльний картографічний аналіз та статистична перевірка зв'язку між поширеністю ЛБ собак та природно-кліматичними умовами	- Аналіз епідситуації щодо ЛБ серед населення. - Порівняння епідемічної та епізоотичної ситуацій щодо ЛБ і перевірка кореляційних зв'язків. - Опис та аналіз клінічних випадків ЛБ у собак і вдосконалення діагностики.

Рис. 2.1 **Схема виконання етапів дисертаційного дослідження**

**Перший етап** включав акарологічні дослідження, зосереджені на вивченні поширення та складу фауни іксодових кліщів у Київській (північний регіон), Черкаській (центральний регіон) та Миколаївській (південний регіон) областях України. Визначали щільність популяцій кліщів родини *Ixodidae* на

одиницю площі (км<sup>2</sup>) в антропогенно-трансформованому лісовому та природному лучному типах біотопів.

**Другий етап** включав молекулярно-генетичні дослідження, спрямовані на вивчення поширеності борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* і окремих патогенних геновидів борелій (*B. burgdorferi s.s.*, *B. garinii* та *B. afzelii*). Оцінювали рівень інфікованості бореліями іксодових кліщів різних видів (*I. ricinus*, *D. reticulatus* і *H. marginatum*) та походження (кліщі, зібрані з рослинності – голодні та зняті з тварин – ситі), на досліджуваних територіях трьох областей (Київська, Черкаська, Миколаївська). Провели короткогеномне секвенування *B. burgdorferi s.l.* (16S рРНК) методом Сенгера та філогенетичний аналіз отриманих нуклеотидних послідовностей.

На **третьому етапі** серологічними методами оцінювали поширеність антитіл до *B. burgdorferi s.l.* в популяціях свійських та безпритульних собак в урбанізованих умовах, на прикладі міста Біла Церква Київської області. Визначали потенційну можливість використання показників серопоширеності у собак як елемента оцінки ризиків лайм-бореліозу в урбанізованих осередках.

На **четвертому етапі** проводили аналіз епізоотичної ситуації щодо лайм-бореліозу собак та порівнювали її з епідемічною ситуацією серед населення України. Визначали рівень кореляції між поширеністю хвороби Лайма в популяціях собак і людини. Детально описували та аналізували клінічні випадки лайм-бореліозу собак. В аналізі епізоотологічних даних використовували поєднання ветеринарних та епідеміологічних методів, включаючи збір та структурування даних щодо захворюваності на ЛБ, математико-статистичну обробку даних у поєднанні з порівняльним картографічним аналізом.

У дисертаційному дослідженні застосовували комплексний підхід, який об'єднав напрямки ветеринарної епідеміології, акарології та молекулярної біології для всебічного вивчення еколого-епізоотологічних аспектів лайм-бореліозу собак в Україні, визначення ключових еколого-кліматичних детермінант, що впливають на поширення хвороби, визначення особливостей

клінічного перебігу лайм-бореліозу, вдосконалення діагностичних підходів і порівняння епідемічної та епізоотичної ситуацій щодо ЛБ в Україні (рис. 2.2).

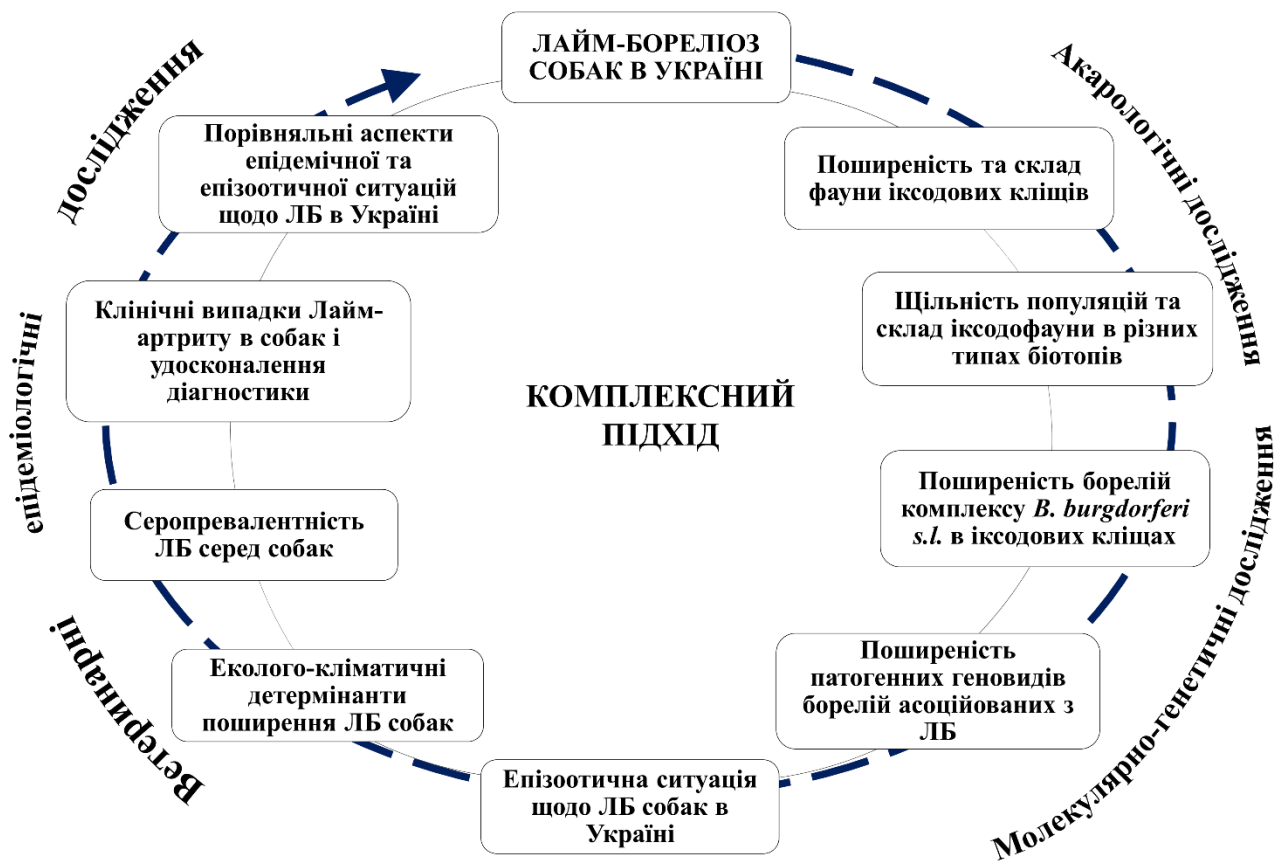


Рис. 2.2 Комплексний підхід до виконання досліджень

**Акарологічні дослідження.** *Полеві дослідження* зі збору іксодових кліщів проводили з квітня по жовтень 2021 року на територіях Київської, Черкаської та Миколаївської областей України. У Київській області місцями збору іксодових кліщів з рослинності були урбанізовані території, зокрема лісопаркові і лісопосадкові зони міст та селищ. У Черкаській області іксодових кліщів збирали за межами населених пунктів переважно в лучних природних осередках. У Миколаївській області іксодових кліщів збирали на пасовищах для тварин. З рослинності іксодових кліщів збирали методом перетягування прапора. Для виготовлення прапора використовували ворсисту (байкову) тканину однотонних світлих відтінків. Один з кінців прапора прикріплювали до дерев'яної палиці-рукоятки, розмір прапора становив 1 м<sup>2</sup>. Збір проводили в



періоди найвищої активності іксодових кліщів, зокрема: у сонячні дні, зранку після висихання роси з 8–9 год. до 11–12 год. та ввечері з 16–17 год. до 19–20 год. Прапор повільно протягували по поверхні рослинності, через кожні 10–25 м робили зупинки та оглядали прапор на присутність кліщів.

Кліщі, зняті з різних видів тварин, за попередньою домовленістю, надходили від фахівців ветеринарної медицини з державних та приватних лікарень ветеринарної медицини з Київської, Черкаської та Миколаївської областей, упродовж 2021–2022 років. Кліщі були зняті з свійських тварин (собак, котів), продуктивних тварин (корів, овець) та диких тварин (кабанів, ланей, козуль). Іксодові кліщі з тварин були повністю або частково наповнені кров'ю.

*Оцінку щільності заселення іксодовими кліщами* визначали та порівнювали в двох типах біотопів. З квітня по травень 2021 року провели шість польових досліджень зі збору іксодових кліщів в антропогенно-трансформованому лісовому та природному лучному біотопах.

Антропогенно-трансформований лісовий біотоп знаходиться в Київській області, в м. Біла Церква, на території лісопаркового урочища «Голендерня». Загальна площа урочища – 103,7 га, основний тип ландшафту – лісовий.

Природний біотоп лучного типу без деревних насаджень на яких домінує різнотрав'я суходільної лучної трави знаходиться в Черкаській області, поблизу с. Жаб'янка, Лисянської ОТГ.

В кожному біотопі обстежили по три маршрути, кожен протяжністю по 2 км<sup>2</sup>, загальна досліджена площа становила по 6 км<sup>2</sup> для кожного біотопу. Довжину маршрутів вимірювали за допомогою мобільного додатку GPS.

Спочатку вираховували обстежену площу кожного біотопу за формулою:

$$S = S_p \times L, \text{ де}$$

$S_p$  – площа прапора (1 м<sup>2</sup>),

$L$  – довжина маршруту.

Далі розраховували індекс щільності заселення біотопів (ІЩЗ) іксодовими кліщами за формулою:

$$\text{ЩЗ} = M \times \frac{1,2}{S}, \text{ де}$$

$M$  – загальна кількість кліщів,

$S$  – обстежена площа,

1,2 – коефіцієнт поправки [188].

Кожен збір іксодових кліщів оформлювали протоколом в якому вказували: дату збору, область, координати, характеристику території, погодні умови та загальну кількість зібраних кліщів з рослинності або якщо кліщі були зняті з тварин, додатково зазначали вид та кількість тварин.

Приналежність іксодових кліщів до роду та виду, стадію розвитку, стать визначали макроскопічно та мікроскопічно за допомогою бінокулярного мікроскопа МБС-10 та довідників [189, 190]. Всіх іксодових кліщів зберігали в пронумерованих пробірках типу «Епендорф» з додаванням 70° етилового спирту (ПАТ «Галичфарм», м. Львів, Україна), у холодильнику для зберігання зразків за температури 5–7 °С, до подальшого використання в дослідженнях.

**Молекулярно-генетичні дослідження** включали: підготовку зразків, виділення ДНК з іксодових кліщів та підбір праймерів для досліджень з наукових джерел. Далі було оптимізовано та апробовано протоколи ПЛР, що дозволило визначити оптимальні термоциклічні умови ПЛР-ампліфікацій та підібрати найбільш чутливі та високоспецифічні набори праймерів для подальшого ПЛР-скринінгу.

Наступний етап молекулярно-генетичних досліджень полягав у власне вивченні поширеності борелій серед іксодових кліщів для чого провели ПЛР-скринінг серед зібраних іксодових кліщів на комплекс борелій *B. burgdorferi s.l.* та його окремі патогенні геновиди: *B. burgdorferi s.s.*, *B. afzelii* та *B. garinii*. Заключний етап передбачав секвенування за методом Сенгера ПЛР-ампліконів з ДНК *B. burgdorferi s.l.* та філогенетичний аналіз отриманих нуклеотидних послідовностей.

*Підготовка зразків та виділення сукупного ДНК з іксодових кліщів.* Перед виділенням ДНК, кожного кліща промивали в дистильованій воді та

просушували за допомогою фільтрувального паперу. Кожного кліща поміщали в окрему пробірку типу «Епендорф», додавали по 200 мкл 0,9 %-го розчину натрію хлориду (Юрія-Фарм, м. Черкаси, Україна) та проводили механічну руйнацію кліщів стерильними ножицями. Після подрібнення кожного кліща ножиці промивали фізіологічним розчином для видалення решток, обробляли 96° етиловим спиртом (ПАТ «Біолік», м. Дніпро, Україна) та просушували бранші ножиць стерильним фільтрувальним папером.

Для виділення ДНК з іксодових кліщів використовували набір IndiSpin Pathogen Kit (Indical Bioscience GmbH, Лейпциг, Німеччина) з деякими модифікаціями першого етапу виділення ДНК. Зокрема, на початку суспензії кліщів інкубували протягом 1,5 год. за 56 °С, з додаванням 25 мкл протеїнази К (600 Од/мл). Сукупне ДНК з кліщів елюювали в 150 мкл елюючого буфера (входить до набору IndiSpin Pathogen Kit). Зразки ДНК отримані з іксодових кліщів, зберігали за -20 °С до подальшого проведення ПЛР-аналізу.

*Підбір праймерів для досліджень методом класичної ПЛР.* Набори праймерів, для виявлення та ідентифікації борелій в іксодових кліщах були відібрані з джерел наукової літератури. Синтез праймерів замовляли в компанії Macrogen (Корея).

Використали вісім наборів праймерів, з них два набори націлені на ділянку гена 16S рРНК борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* (LD-праймери; SC-праймери); один набір праймерів спрямований на хромосомну ділянку ДНК борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* (SL-праймери).

Для вкладеної ПЛР використовували зовнішні та внутрішні праймери, що націлені на область гена плазмиди OspA борелій *B. burgdorferi* (OspA ext.-; OspA int.-праймери).

Для ідентифікації патогенних генотипів борелій використовували набори генотип-специфічних праймерів, зокрема для ідентифікації генотипу *B. burgdorferi s.s.* (BB-праймери), генотипу *B. garinii* (BG-праймери) та генотипу *B. afzelii* (VS461-праймери) (табл. 2.1).

Таблиця 2.1

**Перелік ПЛР-праймерів для ідентифікації комплексу *B. burgdorferi s.l.*  
та генотипів *B. burgdorferi s.s.*, *B. garinii*, *B. afzelii***

Цільові геновиди	Назва	Послідовність нуклеотидів (5'–3')	Розмір (п.н.)	Джерело
Комплекс <i>B. burgdorferi s.l.</i>	LD	ATGCACACTTGGTGTТААСТА	357	[191]
		GACTTATCACCGGCAGTCTTA		
Комплекс <i>B. burgdorferi s.l.</i>	SC	GCTGGCAGTGCGTCTTAA	325	[142]
		CTTAGCTGCTGCCTCCCGTA		
Комплекс <i>B. burgdorferi s.l.</i>	SL	AATAGGTCTAATAATAGCCTTAATAGC	307	[192]
		CTAGTGTTTTGCCATCTTCTTTGAAAA		
Комплекс <i>B. burgdorferi s.l.</i>	OspA ext.	AAAAAATATTTATTGGGAATAGG	702	[193]
		GTTTTTTTGCTGTTTACACTAATTGTТАА		
	OspA int.	GGAGTACTTGAAGGC	345	
		GCTTAAAGTAAACAGTTCC		
<i>B. burgdorferi s.s.</i>	BB	GGGATGTAGCAATACATTC	574	[191]
		ATATAGTTTCCAACATAGG		
<i>B. garinii</i>	BG	GGGATGTAGCAATACATCT	574	[191]
		ATATAGTTTCCAACATAGT		
<i>B. afzelii</i>	VS	GCATGCAAGTCAAACGGA	591	[191]
	461	ATATAGTTTCCAACATAGC		

*Оптимізація та апробація ПЛР протоколів* [264]. Для оптимізації та апробації протоколів ПЛР було частково використано ДНК іксодових кліщів зібраних з рослинності, сформованих в 7 пулів, по 10 зразків ДНК кожен.

Реакції ПЛР-ампліфікації проводили в 25 мкл реакційної суміші, яка складалася з 12,5 мкл готового міксу для ПЛР One Taq Quick-Load 2X Master Mix зі стандартним буфером (New England Biolabs, США), по 0,5 мкл прямого (forward, F) та зворотного (reverse, R) праймерів (концентрація праймерів 100 пМоль/мкл), 8,5 мкл деіонізованої води та 3 мкл ізольованого ДНК з кліщів в елюючому розчині.

Вкладену ПЛР з набором праймерів *OspA* виконували у два етапи. На *першому етапі* ампліфікації використовували зовнішні праймери *OspA ext.* для генерації фрагмента довжиною 702 п.н.. Реакційна суміш складалася з: ПЛР-міксу (12,5 мкл), внутрішні F та R праймерів *OspA ext.* (0,5 мкм), деіонізованої води (8,5 мкм) та ізольована ДНК кліщів в елюючому розчині (3 мкм). На наступному етапі вкладеної ПЛР, для отримання фрагмента розміром 345 п.н., реакційна суміш включала: ПЛР-мікс (12,5 мкл), зовнішні F та R праймери *OspA int.* (0,5 мкм), деіонізовану воду (8,5 мкм) та продукт ампліфікації отриманий на першому етапі вкладеної ПЛР (3 мкм). Всі ПЛР-ампліфікації проводили в термоциклері GeneAmp PCR System 2400 (Applied Biosystems, Уолтем, Массачусетс, США). У наступних ПЛР-дослідженнях усі реакційні суміші містили мали аналогічний об'єм та склад.

Детекцію отриманих продуктів ампліфікації проводили електрофорезом у 2 % агарозному гелі з додаванням 50 мкл бромистого етидію як флуоресцентної мітки. Візуалізацію результатів гель-електрофорезу проводили з УФ-підсвічуванням, визначаючи наявність смуг ДНК. Розмір фрагментів ДНК визначали за допомогою лінійки маркера молекулярної маси з кроком 100 п.н. (New England Biolabs, Іпсвіч, штат Массачусетс, США).

Температуру відпалу (*Ta*) для праймерів розраховували на основі листка-вкладиша до кожного набору праймерів, рекомендацій протоколу ПЛР з майстер-міксом One Taq Quick-Load 2X [253] та онлайн-калькулятора від виробника реактивів NEB Tm Calculator версії 1.15.0 [254] (табл. 2.2).

Таблиця 2.2

### Умови проведення першого етапу оптимізації протоколів ПЛР

Назва праймера	Активация полімерази	Ампліфікація 40 циклів			Фінальна елонгація
		Денатурація	Відпал	Елонгація	
1	2	3	4	5	6
LD	94 °C/1 хв.	94 °C/30 сек.	51 °C/30 сек.	68 °C/1 хв.	68 °C/5 хв.
SC	94 °C/1 хв.	94 °C/30 сек.	56 °C/30 сек.	68 °C/1 хв.	68 °C/5 хв.
SL	94 °C/1 хв.	94 °C/30 сек.	56 °C/30 сек.	68 °C/1 хв.	68 °C/5 хв.

## Продовження таблиці 2.2

1	2	3	4	5	6
OspA ext.	94 °C/1 хв.	94 °C/30 сек.	51 °C/30 сек.	68 °C/1 хв.	68 °C/5 хв.
OspA int.	94 °C/1 хв.	94 °C/30 сек.	45 °C/30 сек.	68 °C/1 хв.	68 °C/5 хв.
BB	94 °C/1 хв.	94 °C/30 сек.	46 °C/30 сек.	68 °C/1 хв.	68 °C/5 хв.
BG	94 °C/1 хв.	94 °C/30 сек.	45 °C/30 сек.	68 °C/1 хв.	68 °C/5 хв.
VS461	94 °C/1 хв.	94 °C/30 сек.	46 °C/30 сек.	68 °C/1 хв.	68 °C/5 хв.

В якості негативних контролів використовували ДНК *Leptospira canicola* та *Leptospira pomona*. Негативний контроль виділення ДНК включав замість суспензії досліджуваних зразків використовували стерильний фізіологічний розчин. Негативний контроль приготування реакційної суміші включав деіонізовану воду замість зразків ДНК з кліщів.

Першим кроком оптимізації протоколів ПЛР була ідентифікація специфічного ДНК комплексу борелій *B. burgdorferi s.l.* та окремих генотипів: *B. burgdorferi s.s.*, *B. afzelii*, *B. garinii* в пулах ДНК з іксодових кліщів. Умови проведення ПЛР-ампліфікації виконували, як описано в табл. 2.2. Зразки, в яких були виявлені специфічні фрагменти ДНК очікуваного розміру (п.н.) комплексу борелій *B. burgdorferi s.l.*, та зразки, в яких була ідентифікована ДНК окремих видів, були об'єднані по 20 мкл для наступного етапу.

Другим етапом була оптимізація класичних протоколів ПЛР. Визначали оптимальні температури відпалу для кожної пари праймерів, в діапазоні температур відпалу від 47 °C до 59 °C, з кроком у 4 °C. На останньому етапі оптимізації протоколів визначали чутливість ПЛР. Спочатку вимірювали кількісний вміст виділених нуклеїнових кислот у зразках ДНК іксодових кліщів за допомогою спектрофотометрії. Використовували спектрофотометр СФ-46 та кварцові кювети об'ємом 1 см<sup>3</sup>. Для вимірювань 50 мкл досліджуваного зразка змішували з 950 мкл деіонізованої води. Контрольний зразок включав 950 мкл деіонізованої води та 50 мкл буфера AVE, що входить до складу набору виділення ДНК (IndiSpin Pathogen Kit).

Чистоту зразків ДНК перевіряли шляхом вимірювання оптичної щільності зразків та контролю за довжин хвиль 230, 260 та 280 нм. Зразки вважалися чистими, якщо співвідношення оптичної щільності при 260 нм і 280 нм не перевищувало 1,8, при 260 нм і 230 нм не перевищувало 2,2. Концентрацію нуклеїнових кислот розраховували, виходячи з того, що оптична щільність яка дорівнює 1 при 260 нм відповідає вмісту нуклеїнових кислот близько 50 мкг/мл [194, 195].

*ПЛР-скринінг поширеності борелій комплексу V. burgdorferi s.l. та окремих генотипів.* Перед ПЛР-тестуванням проби ДНК кліщів об'єднували в пули. Пули склалися з 10–12 зразків ДНК іксодових кліщів, що належали до одного роду. Крім того, пули були згруповані на основі походження кліщів, розділяючи зразки ДНК кліщів зібраних з рослинності (голодні), і зразки ДНК кліщів зібраних з тварин (ситі). Загалом для цього етапу дослідження було сформовано 114 пулів ДНК іксодових кліщів, з них: 56 пулів ДНК *I. ricinus*, 35 пулів *D. reticulatus* та 23 пули ДНК *H. marginatum*.

Пули перевіряли на наявність ДНК комплексу *V. burgdorferi s.l.* за допомогою праймерів SC які ампліфікують ділянку гена 16s рРНК усіх генотипів *V. burgdorferi s.l.* і дають продукт ампліфікації розміром 325 п.н. З позитивних пулів на *V. burgdorferi s.l.* індивідуальні зразки ДНК кліщів були протестовані з використанням наборів праймерів для ідентифікації генотипів *V. burgdorferi s.s.* (BB), *V. afzelii* (VS461) та *V. garinii* (BG).

Всі ПЛР-реакції мали однакові параметри, які включали активацію полімерази за температури 94 °C/1 хв, за якою слідували 40 циклів ампліфікації: денатурація за 94 °C/30 сек; елонгація – 68 °C/1 хв; фінальна елонгація – 68 °C/5 хв. Відрізнялись лише температури відпалу праймерів: 56 °C для SC, 51 °C для BB і VS461 і 45 °C для BG, кожна тривалістю 30 секунд.

*Секвенування за Сенгером та молекулярно-філогенетичний аналіз [262].* Для короткогоеномного секвенування було відібрано 10 зразків ДНК, що були позитивними на комплекс *V. burgdorferi s.l.* та не були позитивними в реакціях ПЛР за жодним із досліджених генотипів: *V. burgdorferi s.s.*, *V. afzelii* або

*B. garinii*. П'ять зразків ДНК було виділено від кліщів *I. ricinus* з Київської області, а також 4 зразки ДНК від *I. ricinus* і 1 зразок ДНК від *D. reticulatus* з Черкаської області.

Секвенування коротких фрагментів ДНК *B. burgdorferi s.l.* виконували в одному напрямку з використанням праймера, що ампліфікує ген 16s рРНК комплексу *B. burgdorferi s.l.* SC (5'-CTTAGCTGCTGCCTCCCGTA-3'), на замовлення у комерційній лабораторії ТОВ Ехроген (м. Львів, Україна).

Секвеновані часткові нуклеотидні послідовності *B. burgdorferi s.l.* вирівнювали та порівнювали між собою за допомогою онлайн-інструменту Clustal Omega [255, 273]. Для отримання цілісної картини відмінностей та подібностей між нуклеотидними послідовностями *B. burgdorferi s.l.* було побудовано матрицю відстаней та матрицю відсоткової ідентичності між кожною парою послідовностей методом багаторазового вирівнювання, а також невикоринене філогенетичне дерево, що з'єднує сусідів з коригуванням відстаней.

Відстань між послідовностями визначали як очікувану кількість нуклеотидних замін. Відсоток відстаней між парами послідовностей розраховували пропорційно, якщо показник різниці дорівнював 0,01, то різниця між послідовностями становила 1 %.

Секвеновані нуклеотидні послідовності *B. burgdorferi s.l.* порівнювали з нуклеотидними послідовностями бази даних GenBank за допомогою пошукової системи BLAST в NCBI [262, 274, 275]. Пошук гомологів виконували за найвищими відсотками нуклеотидної ідентичності.

**Ветеринарно-епідеміологічні дослідження** зосереджені на використанні описових та аналітичних методів ветеринарної епідеміології, спрямованих на комплексний аналіз епідемічної та епізоотичної ситуації щодо ЛБ в Україні, без втручання в природний перебіг та розвиток захворювання. Описові дослідження включали збір епізоотологічних та епідеміологічних даних щодо ЛБ в Україні. Провели описовий ретроспективний аналіз поширеності ЛБ, особливостей клінічного перебігу, діагностики та лікування хвороби, а також детальний аналіз та опис окремих клінічних випадків ЛБ у собак (рис 2.3) [263].





**Рис. 2.3** Схема виконання ветеринарно-епідеміологічних досліджень

Для перевірки гіпотези про те, що природно-кліматичні фактори опосередковано впливають на нерівномірність поширення ЛБ в Україні, використовували аналітичні ретроспективні дослідження. Паралельно з екологічним дослідженням використовували статистичні методи для перевірки зв'язку між впливом факторів та поширеністю захворювання. Для визначення статистичної кореляції між еколого-кліматичними детермінантами та поширеністю ЛБ у собак використовували порівняльний картографічний аналіз поширення хвороби в різних фізико-географічних регіонах України.

Аналізували динаміку захворюваності на ЛБ людей та свійських собак. За допомогою картографічного та статистичного аналізу визначали міжрегіональні та географічні тенденції поширеності ЛБ в країні в обох популяціях та встановлено кореляційні зв'язки.

*Аналіз епізоотичної ситуації щодо лайм-бореліозу серед популяції свійських собак.* Епізоотологічні дані щодо аспектів ЛБ у собак було отримано

шляхом опитування ветеринарних лікарів (респондентів), які працюють із дрібними тваринами у ветеринарних лікарнях України. Анкету для опитування було створено за допомогою Google Forms. Анкета містила питання з кількома варіантами відповідей, а також відкриту частину, що дозволяла респондентам надавати додаткову інформацію про захворювання. Питання в анкеті охоплювали різні аспекти, зокрема: відомості про адміністративні регіони, в яких респонденти надають ветеринарні послуги (зона обслуговування), їхній досвід клінічної практики (кількість років – стаж), кількість зареєстрованих тварин із діагнозом ЛБ за період клінічної практики; клінічні прояви ЛБ (симптомокомплекси), відомості про використані методи діагностики для встановлення діагнозу ЛБ та використання антибіотиків за лікування хворих собак ЛБ.

Інтерв'ювання фахівців ветеринарної медицини щодо ЛБ собак проводили упродовж 2021–2022 років. Отримані дані від респондентів охоплюють майже всю територію України, за винятком Луганської, Донецької областей, Автономної Республіки Крим та міста Севастополя (табл. 2.3 ).

*Таблиця 2.3*

**Кількість отриманих анкет від ветеринарних лікарів за областями України**

Області України	Кількість анкет (1 анкета / 1 респондент)
<b>1</b>	<b>2</b>
АР Крим	0
Вінницька	9
Волинська	9
Дніпропетровська	14
Донецька	0
Житомирська	16
Закарпатська	8
Запорізька	11
Івано-Франківська	13

*Продовження таблиці 2.3*

1	2
Київська	24
м. Київ	31
Кіровоградська	9
Луганська	0
Львівська	11
Миколаївська	12
Одеська	9
Полтавська	7
Рівненська	8
Сумська	12
Тернопільська	9
Харківська	16
Херсонська	11
Хмельницька	10
Черкаська	17
Чернівецька	9
Чернігівська	10
Всього	285

Дані від респондентів були розділені на п'ять груп: група 1 включала інформацію про область та назву населеного пункту зони обслуговування респондента; досвід роботи респондента (кількість років); кількість зареєстрованих випадків ЛБ у собак за період роботи респондента; група 2 включала інформацію про методи діагностики ЛБ, які використовували фахівці ветеринарної медицини; група 3 – інформацію про клінічні прояви ЛБ; група 4 – інформацію про групи антимікробних препаратів, що використовуються ветеринарами для лікування собак за ЛБ.

Середню кількість випадків ЛБ у собак на рік розраховували як середнє значення для кожного респондента, а потім окремо для населених пунктів та адміністративних областей України. Розрахунок проводився на основі даних групи 1.

Визначали географічні особливості та вплив еколого-кліматичних детермінант на поширення ЛБ у собак в Україні. Результати розрахунків середньої кількості випадків ЛБ у собак на рік були геокоординовані [260] та нанесені на мапу України. Картографування проводилося з використанням карт України з відображенням певних кліматичних показників, таких як середня температура поверхні ґрунту в теплу пору року (у липні), валова вологість ґрунту (різниця між опадами та поверхневим стоком), середня температура повітря на рік (діапазон спостережуваних температур повітря впродовж року), а також на карту з природними зонами України: зона мішаних лісів, зона широколистяних лісів, лісостепова зона, Українські Карпати, степова зона, Кримські гори та зона Південного берега Криму [261]. Слід зазначити, що зони окремих кліматичних індикаторів та природні зони не мають чітких меж, а плавно переходять одна в одну. Тому, якщо геокоординований показник знаходився на межі кліматичної/природної зони, він був віднесений до обох зон, що межують. Також, якщо відповіді були отримані від кількох респондентів з одного населеного пункту, їхні дані об'єднували, вираховували середнє значення і показували на картах як геокоординовану середню кількість випадків ЛБ у тварин на рік для населеного пункту.

*Аналіз епідемічної ситуації щодо лайм-бореліозу серед населення України.* Зведені дані щодо захворюваності на ЛБ населення України в розрізі регіонів, за 20-річний період (2003–2022 рр.) у вигляді інтенсивних показників захворюваності на 100 тисяч населення, отримано на офіційний запит до Центру громадського здоров'я МОЗ України (Додаток Г 1 та Г 2). Для визначення сезонної динаміки ЛБ, з офіційного сайту Центру громадського здоров'я МОЗ України були отримані загальнодоступні зведені дані щодо захворюваності людей на ЛБ за кожен місяць, з 2017 року по 2022 рік.

Для вивчення епідемічної ситуації щодо ЛБ серед населення України виконували аналіз динаміки захворюваності за період спостереження (2003–2022 рр.). Аналізували динаміку захворюваності на ЛБ за п'ятирічними періодами спостереження: 2003–2007, 2008–2012, 2013–2017 та 2018–2022 роки.

Для кожного з п'ятирічних періодів спостереження розраховували середнє значення інтенсивних показників захворюваності на 100 тис. населення.

Сезонність захворюваності на ЛБ визначали, виходячи з даних спостереження за захворюваністю з січня 2017 року по грудень 2022 року. Для цього розраховували середнє значення інтенсивності випадків ЛБ на 100 тис. населення для кожного місяця за весь період з 2017 по 2022 роки. Далі встановлювали загальний середній показник інтенсивності випадків ЛБ на рік, поділивши суму середніх значень інтенсивності випадків ЛБ на кількість місяців в календарному році. Сезонний індекс (СІ) розраховували за формулою [268]:

$$CI = \frac{\text{Середнє значення інтенсивності випадків ЛБ за місяць}}{\text{Загальний середній показник інтенсивності випадків ЛБ на рік}} \times 100.$$

Значення сезонного індексу захворюваності, що перевищує 100, вказує на вищий рівень захворюваності в цьому місяці порівняно з середнім показником, тоді як значення менше 100 вказує на нижчий рівень захворюваності.

*Порівняльний аналіз епідемічної та епізоотичної ситуації щодо ЛБ в Україні.* Оцінювали поширеність ЛБ серед людей та у популяціях свійських собак, шляхом розрахунку середнього значення інтенсивних показників захворюваності на 100 тис. населення/популяції за останні 10 років (2013–2022 рр.).

Дані про захворюваність собак на ЛБ були перераховані з кількості випадків ЛБ в інтенсивний показник захворюваності на 100 тис. популяції свійських собак для кожної області України за 10-річний період (2013–2022 рр.). Інтенсивний показник захворюваності (ІПЗ) свійських собак на ЛБ визначали за формулою [269]:

$$IPZ = \frac{\text{Кількість зареєстрованих випадків ЛБ у свійських собак}}{\text{Чисельність популяції свійських собак}} \times 100\,000.$$

Кількість зареєстрованих випадків ЛБ у свійських собак в розрізі адміністративних регіонів України розраховували виходячи з даних опитування ветеринарних лікарів стаж роботи яких складав не більше 10 років. Отже, для

кожної області України розраховували суму зареєстрованих випадків ЛБ у собак за 10 років.

За відсутності офіційних даних про чисельність поголів'я свійських собак в Україні, чисельність популяції свійських собак була розрахована на основі відомостей про те, що близько 44 % населення України утримують собак. Ця цифра отримана з опитування, проведеного компанією Kantar TNS та опублікованого BBC News Україна у 2019 році. Чисельність популяції свійських собак у кожному регіоні розраховували як 44 % від чисельності населення регіону, згідно даних Державної служби статистики України.

Поширеність ЛБ між популяціями людей та свійських собак порівнювали картографічно і статистично в розрізі адміністративних регіонів України та в географічних зонах. Територію України умовно поділили на 5 географічних зон, які включали: 1 – Північ: Житомирська, Київська, Чернігівська, Сумська області; 2 – Схід: Харківська, Луганська, Донецька області; 3 – Центр: Вінницька, Черкаська, Полтавська, Кіровоградська області; 4 – Захід: Волинська, Рівненська, Львівська, Тернопільська, Закарпатська, Івано-Франківська, Чернівецька, Хмельницька області; 5 – Південь: Дніпропетровська, Запорізька, Миколаївська, Одеська, Херсонська області та АР Крим. Кореляційний зв'язок між показниками захворюваності на ЛБ людей та свійських собак визначали в розрізі адміністративних регіонів України та географічних зон.

*Опис клінічних випадків лайм-бореліозу в собак.* Об'єктом дослідження були клінічні випадки ЛБ у собак з проявами ураження опорно-рухового апарату. Використовували загальні та спеціальні методи досліджень: комп'ютерну томографію, розгорнутий клінічний аналіз крові, кількісний аналіз С-реактивного білка, цитологічне дослідження спинномозкової рідини, ІФА дослідження на IgM та IgG до *B. burgdorferi s.l.* та кількісний ПЛР-аналіз зразків синовіальної рідини для виявлення ДНК *B. burgdorferi s.l.* Огляд, лікування і відбір зразків проводили у ветеринарному центрі «Звірополіс», а лабораторні дослідження – в комерційних ветеринарних лабораторіях ТОВ «Бальд» та ТОВ «Біософт». Аналізували клінічні особливості прояву ЛБ у собак з

ураженням опорно-рухового апарату та вивчали доцільність використання ПЛР-аналізу синовіальної рідини з уражених суглобів.

**Серологічні дослідження.** Зразки сироваток крові від безпритульних собак відбирали за їх стерилізації, яка проводилася на базі Білоцерківської міської державної лікарні ветеринарної медицини. Тварини, відібрані для дослідження, були щеплені від сказу, клінічно здорові та не лікувалися від інфекційних або паразитарних хвороб.

Зразки від свійських собак відбирали під час лікувально-профілактичних процедур у ветеринарній клініці факультету ветеринарної медицини Білоцерківського НАУ. Досліджувані свійські собаки не були щеплені проти ЛБ, але були щеплені проти інших інфекційних захворювань, зокрема: сказу, чуми, інфекційного гепатиту, парагрипу, аденовірусу, коронавірусу, парвовірусу та лептоспірозу. Свійські собаки були або клінічно здорові, або лікувалися від незаразних хвороб без використання антибіотиків. Зі слів власників, собак систематично обробляли від ендо- та ектопаразитів. Всі зразки крові у собак відбирали за допомогою одноразових стерильних інструментів з дотриманням правил біобезпеки і біозахисту, асептики та антисептики.

Упродовж 2021–2022 років у м. Біла Церква Київської області відібрали 351 зразок сироватки крові від свійських (n=168) та безпритульних (n=183) собак. У 2021 році відібрали 102 зразки від свійських собак та 108 зразків від безпритульних собак; в 2022 році – 66 зразків від свійських собак та 75 зразків від безпритульних собак, відповідно. Кожну пробу сироватки розділяли на 5–7 зразків та зберігали в пробірках типу «Епендорф» в морозильній камері за температури -15 °С до проведення серологічних досліджень.

Серологічні дослідження проводили в два етапи: перший етап – виявлення антитіл IgG проти борелій за допомогою ІФА; другий етап – розмежування специфічних і неспецифічних реакцій ІФА за допомогою Line Blot аналізу.

Антитіла класу IgG, спрямовані проти антигенів патогенних геновидів борелій *B. burgdorferi s.s.*, *B. afzelii* та *B. garinii*, виявляли методом

напівкількісного ІФА з використанням комерційного набору реагентів Anti-Borrelia ELISA Dog (IgG) (Euroimmun Medical Laboratory Diagnostics AG, Любек, Німеччина). Реакції ІФА проводили з використанням наступного обладнання: термостат-інкубатор Stat Fax 2200, промивач для планшетів Stat Fax 2600 та імуноферментний аналізатор планшетів Stat Fax 2100. Оптичну екстинцію забарвлення лунок вимірювали за довжини хвилі 450 нм і референтній довжині хвилі 650 нм. Результати інтерпретували шляхом визначення співвідношення оптичної щільності зразків до оптичної щільності розчину калібровки. Згідно з інструкцією виробника набору Anti-Borrelia ELISA Dog (IgG), якщо співвідношення оптичної щільності зразка та розчину калібровки становило менше 0,8 – результат ІФА негативний; від  $\geq 0,8$  до  $< 1,1$  – результат сумнівний та  $\geq 1,1$  – результат позитивний.

Наступним кроком було розмежування специфічних та неспецифічних реакцій для зразків, які мали сумнівний результат ІФА за допомогою лінійного імуноферментного аналізу – Line Blot (MegaLine Borrelia IgG, Hoerbranz, Австрія). Line Blot (лінійний блот) є спрощеною формою Вестерн-блоту та призначений для діагностики ЛБ у собак та коней. Принцип тесту полягає в тому, що антитіла зразка зв'язуються з антигенами (білками), позначеними кон'югатом на тест-смужках. Визначали наявність антитіл класу IgG до ряду високоспецифічних поверхневих білків *B. burgdorferi s.l.*, зокрема до білків: p100, VlsE, пептиду C6, p39 (VmpA), p31 (OspA – маркер вакцинації), p23 (OspC), p18 (DbpA), специфічного – p58 та білка ендофлагеліну p41 (Flagellin).

Інтерпретацію результатів здійснювали відповідно шаблону оцінки результатів з яким порівнювали тест-картки. Зразки вважалися позитивними, якщо на тест-картках проявлялися смужки, що відповідали розташуванню нанесених на шаблоні позицій VlsE та/або C6 або комбінації VlsE/C6 із проявленими смужками для одного або декількох білків p100, p58, p41, p39, OspC, p18. Така комбінація смужок свідчить про природне інфікування тварини бореліями.



Паралельно апробували використання швидких тестів ІХА для моніторингу антитіл проти *B. burgdorferi s.l.* у собак. За допомогою ІХА – набору тест-карток Lym Ab Canine Lyme Disease Test Paper Antibody test cards (Ysenmed, Китай). ІФА-позитивні та ІФА-сумнівні сироватки крові безпритульних собак були протестовані на наявність антитіл до *B. burgdorferi s.l.* Виконання реакцій полягало у нанесенні зразків сироваток крові та буферного розчину в лунку для зразка та візуальному зчитуванні результатів через 8–10 хв (відповідно до інструкції виробника набору). Результати реакції оцінювали візуально за наявністю смуг навпроти відповідних літер на картриджі: смуги навпроти літер Т і С – позитивний результат; С – негативний результат; Т – сумнівний результат.

**Картографічний аналіз** проводили за допомогою безкоштовного програмного забезпечення QGIS 3.4.6 (США, 2019). Карти хороплетів були створені з використанням проекції CRS:EPSG:102013 Europe Albers Equal Area Conic. Векторні шари кордонів та областей України завантажені з ресурсу з відкритими просторовими даними. Векторні шари кордонів та областей України отримані з використанням вільних просторових даних Diva-Gis [256]. Також деякі карти були створені за допомогою Microsoft Excel на основі Bing, © GeoNames, Microsoft, Navinfo, TomTom, Wikipedia.

**Статистичний аналіз** проводили з використанням точного критерію Фішера для набору даних 2×2 та двостороннього тесту [270]. Тести використовували для оцінки відмінностей у міжрегіональній поширеності кліщів *I. ricinus*, *D. reticulatus* та *H. marginatum*, а також відмінностей між щільністю заселення кліщами в різних типах біотопів. Ці ж статистичні тести застосовували для порівняння поширеності комплексу *B. burgdorferi s.l.* в межах регіонів та серед іксодових кліщів різного походження. Провели порівняльний аналіз поширеності геновидів *B. burgdorferi s.s.* та *B. afzelii* в межах регіонів та серед кліщів *I. ricinus* та *D. reticulatus*.

Для порівняння груп дані захворюваності собак на лайм-бореліоз дані групували за окремими кліматичними показниками та природними зонами. Встановлювали, чи впливають еколого-кліматичні фактори на розподіл

захворюваності ЛБ у собак на території України. Залежною змінною була середня кількість випадків ЛБ у собак на рік, незалежною змінною – зони окремих кліматичних показників та природні зони. Використовували непараметричний тест з одностороннім дисперсійним аналізом рангів – критерію Крускала-Уолліса [271]. Результати вважалися статистично значущими, якщо значення  $p < 0,0001$ . Для попарного порівняння груп даних захворюваності собак на ЛБ використовували статистичний U-тест Манна-Уїтні [272], при цьому різниця між групами вважали статистично вірогідною, якщо значення  $p < 0,05$ .

Для перевірки припущення про різницю в серопоширеності *B. burgdorferi s.l.* у кожній з популяцій собак та між роками використовували статистичний тест хі-квадрат. Результати вважалися статистично значущими, якщо значення  $p$  було менше  $< 0,001$ .

Для оцінки статистичної різниці в показниках захворюваності людей на ЛБ між роками та різниці між регіонами використовували критерій Крускала-Уолліса та критерій Данна. Результати вважалися статистично значущими, якщо значення  $p < 0,001$ . Для визначення динаміки захворюваності на ЛБ з роками використовували лінійну регресію. Кореляційний зв'язок між роками (часом) та захворюваністю на ЛБ, а також кореляційний зв'язок між захворюваністю на ЛБ людей та собак визначали за допомогою коефіцієнта кореляції Спірмена [270].

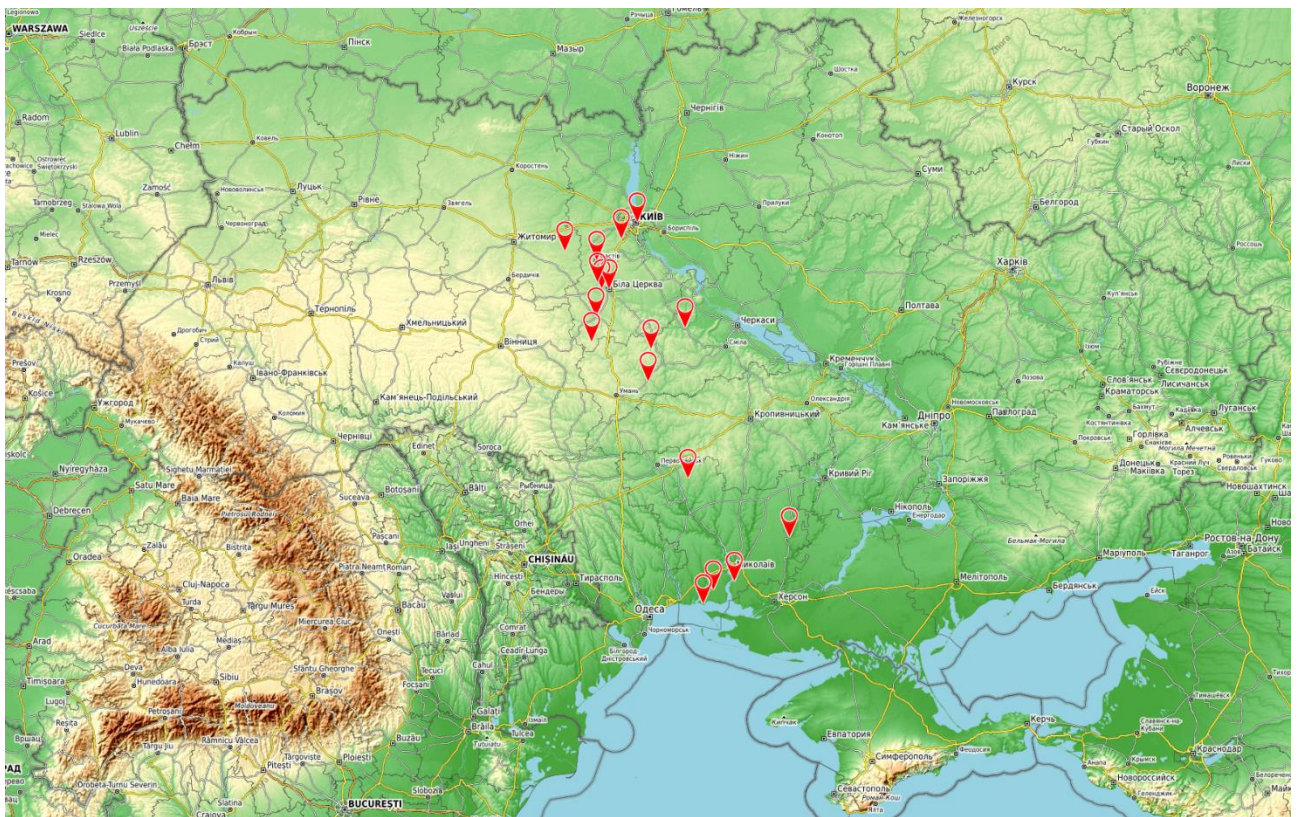
Для опису статистичних даних використовували такі дескриптори: середнє значення ( $\bar{x}$ ), стандартне відхилення ( $x \pm SD$ ), стандартне відхилення середнього арифметичного ( $x \pm SE$ ), медіана, мінімум (min) і максимум (max). Нормальність розподілу частот у групі даних перевіряли за допомогою тесту Шапіро-Уїлка. Для статистичного аналізу використовували комп'ютерну програму Jamovi (Австралія, 2023, версія 2.4) [257], а також веб-сайт Statistic Kingdom [258].

## РОЗДІЛ 3 РЕЗУЛЬТАТИ ДОСЛІДЖЕНЬ

### 3.1 Поширення та склад фауни іксодових кліщів у Київській, Черкаській та Миколаївській областях України

Результати акарологічних досліджень, свідчать про переважне поширення трьох видів іксодових кліщів – *I. ricinus*, *D. reticulatus* і *H. marginatum* – які варіювали в залежності від регіону, типів біотопів та видів тварин, на яких вони паразитували.

Поширеність іксодових кліщів вивчали у Київській (північний регіон), Черкаській (центральный регіон) та Миколаївській областях (південний регіон) України (рис. 3.1 та табл. 3.1).



**Рис. 3.1 Місця збору іксодових кліщів у Київській, Черкаській та Миколаївській областях (позначені червоними стрілками на мапі України)**

Таблиця 3.1

**Чисельність іксодових кліщів, зібраних для досліджень у трьох областях України**

Назва області	Населений пункт	Кількість зібраних кліщів, n
Київська	м. Київ	99
	сmt. Іванків	12
	м. Фастів	17
	с. Фурси	12
	м. Біла Церква	424
	м. Тетіїв	16
<i>Всього зібрано кліщів у Київській області:</i>		580
Черкаська	м. Корсунь	6
	м. Тальне	6
	с. Жаб'янка	237
	с. Білашки	7
<i>Всього зібрано кліщів у Черкаській області:</i>		256
Миколаївська	м. Миколаїв	20
	м. Очаків	9
	сmt. Арбузинка	101
	с. Благодатне	68
	с. Березнегувате	98
<i>Всього зібрано кліщів у Миколаївській області:</i>		296
<i>Всього зібрано кліщів у трьох областях України:</i>		1132

Загалом нами досліджено біоценози п'ятнадцяти населених пунктів, де зібрали 1132 іксодових кліща, включаючи кліщів зібраних з рослинності і кліщів, знятих з тварин.

### **3.1.1 Поширення та розподіл видового складу фауни іксодових кліщів, зібраних з рослинності**

За результатами вивчення поширення та розподілу видового складу іксодофауни зібраної з рослинності в Київській, Черкаській та Миколаївській областях всі екземпляри кліщів (n=682) були ідентифіковані як представники

родини *Ixodidae*. З них 410 кліщів належали до виду *I. ricinus* та 272 кліщі – до виду *D. reticulatus* (рис. 3.2 та 3.3).

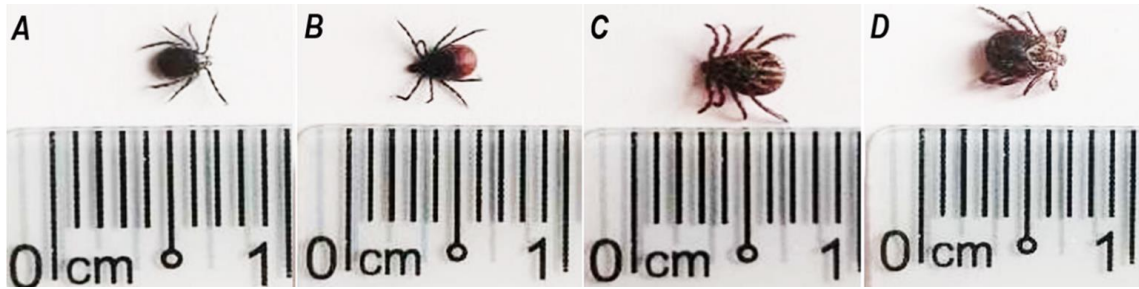


Рис. 3.2 Кліщі родини *Ixodidae*

Примітка. А – самець *I. ricinus*; В – самка *I. ricinus*;  
С – самець *D. reticulatus*; D – самка *D. reticulatus*.



Рис. 3.3 Іксові кліщі в полі зору мікроскопа

Примітка. А – дорсально і В – вентрально самка *I. ricinus*;  
С – дорсально і D – вентрально самка *D. reticulatus*.

У Київській області іксові кліщі були приурочені до урбанізованих біотопів – лісопарків та лісопосадок міст, у Черкаській – до луків та галявин без деревних насаджень поблизу селищ, в Миколаївській – до лучних ділянок пасовищ для тварин.

В урбоценозах Київської області переважали кліщі виду *I. ricinus* ( $n=339$ ; 82,1 %), а частка кліщів *D. reticulatus* ( $n=74$ ; 17,9 %) була вірогідно меншою ( $p<0,0001$ ). У Черкаській області кліщі виду *D. reticulatus* ( $n=162$ ; 75,0 %) домінували в природних біоценозах порівняно з кліщами виду *I. ricinus* ( $n=54$ ; 25,0 %) ( $p<0,0001$ ). Як і в Черкаській області, в природних ареалах Миколаївської області частка кліщів виду *D. reticulatus* ( $n=36$ ; 67,9 %) порівняно

з часткою *I. ricinus* (n=17; 32,1 %) була статистично вірогідно вищою (p=0,0127) (табл. 3.2, рис. 3.4).

Таблиця 3.2

**Чисельність, видовий склад і стадії розвитку іксодових кліщів,  
зібраних з рослинності у досліджуваних регіонах України**

Назва області	<i>I. ricinus</i> (n=410)				<i>D. reticulatus</i> (n=272)		Всього
	Самки	Самці	Німфи	Личинки	Самки	Самці	
Київська	183	71	63	22	56	18	413
Черкаська	29	11	7	7	123	39	216
Миколаївська	15	2	–	–	26	10	53
Всього	227	84	70	29	205	67	682

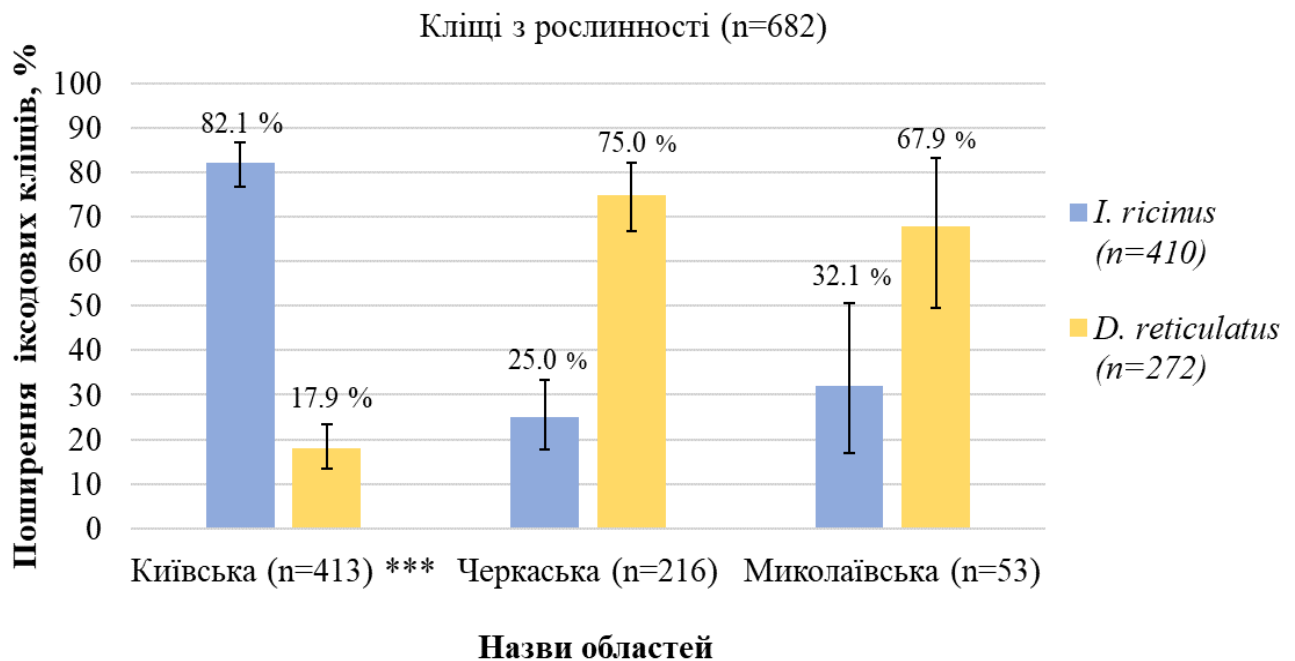


Рис. 3.4 Поширення та розподіл видового складу фауни іксодових кліщів, зібраних з рослинності у досліджуваних регіонах України

Примітка. \*\*\* – p<0,001 значення вказує на статистично значущу різницю у складі іксодофауни Київської області порівняно з Черкаською та Миколаївською областями.

Отже, порівняння розподілу іксодофауни між регіонами вказує на вірогідну різницю у видовому складі кліщів між Київською та Черкаською і

Миколаївською областями ( $p < 0,0001$ ), натомість між Черкаською і Миколаївською областями статистично вірогідної різниці не було ( $p = 0,3009$ ).

### 3.1.2 Поширення та розподіл видового складу фауни іксодових кліщів, зібраних з тварин

Колекція іксодових кліщів, зібраних з тварин ( $n=450$ ), включала види: *I. ricinus* ( $n=144$ ), *D. reticulatus* ( $n=80$ ) і *H. marginatum* ( $n=226$ ). Кліщі виду *I. ricinus* та *D. reticulatus* надавали перевагу живленню на м'ясоїдних тваринах (собаки і коти). Крім того, 30 із 144 кліщів *I. ricinus* і 16 з 80 кліщів *D. reticulatus* були зняті з диких трав'яїдних (ланей і кіз) і всеїдних (диких кабанів) тварин. Натомість кліщі *H. marginatum* надавали перевагу живленню виключно на жуйних тваринах (коровах, вівцях) і були типовими для біоценозів Миколаївської області (рис. 3.5, табл. 3.3).



Рис. 3.5 Самки іксодових кліщів, знятих з тварин (ситі)

Примітка. А – *I. ricinus*, В – *D. reticulatus* та С – *H. marginatum*.

Таблиця 3.3

### Чисельність, видовий склад та стадії розвитку іксодових кліщів, зібраних з тварин у досліджуваних регіонах України

Назва області	<i>I. ricinus</i> (n=144)		<i>D. reticulatus</i> (n=70)		<i>H. marginatum</i> (n=226)		Всього
	самки	самці	самки	самці	самки	самці	
Київська	100	23	33	11	–	–	167
Черкаська	12	4	19	5	–	–	40
Миколаївська	5	–	11	1	226	–	243
Всього	117	27	63	17	226	–	450

У Київській області іксодофауна зібрана з тварин представлена кліщами *I. ricinus* (n=123; 73,7 %) та *D. reticulatus* (n=44; 17,9 %), причому частка *I. ricinus* була вірогідно більшою від *D. reticulatus* ( $p < 0,0001$ ). У Черкаській ( $p = 0,2682$ ) та Миколаївській ( $p = 0,1435$ ) областях частки кліщів *I. ricinus* та *D. reticulatus* між собою статистично не відрізнялися.

Виявлено статистично значущу різницю у співвідношенні популяцій кліщів *I. ricinus* та *D. reticulatus* між Київською та Черкаською областями ( $p = 0,0001$ ), а також між Київською та Миколаївською областями ( $p = 0,0004$ ). Натомість, між Черкаською та Миколаївською областями вірогідної різниці у видовому складі кліщів не виявлено ( $p = 0,0377$ ). Кліщі *H. marginatum* виключені зі статистичного порівняння між регіонами, оскільки зібрані лише в Миколаївській області (рис. 3.6).

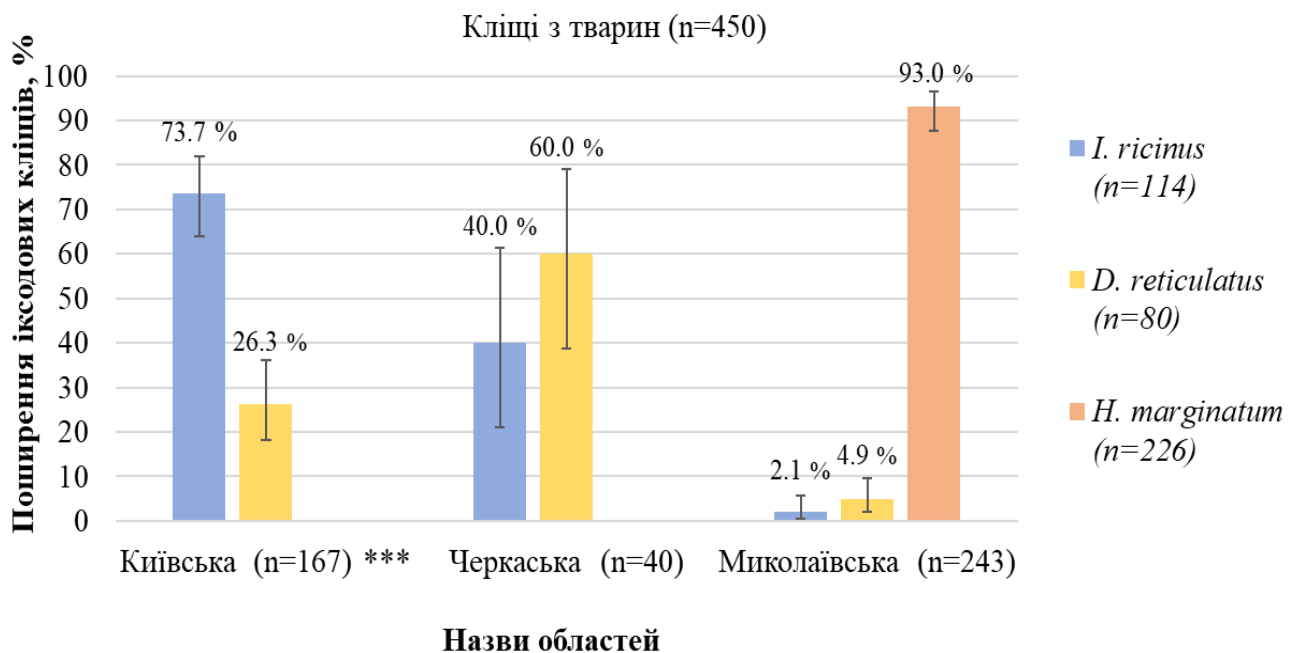


Рис. 3.6 Поширення та розподіл видового складу фауни іксодових кліщів, зібраних з тварин у досліджуваних регіонах України

Примітка. \*\*\* –  $p < 0,001$  значення вказує на статистично значущу різницю у складі іксодофауни Київської області порівняно з Черкаською та Миколаївською областями.



### 3.1.3 Щільність популяцій та склад іксодофауни в антропогенно-трансформованому лісовому та природному лучному біотопах

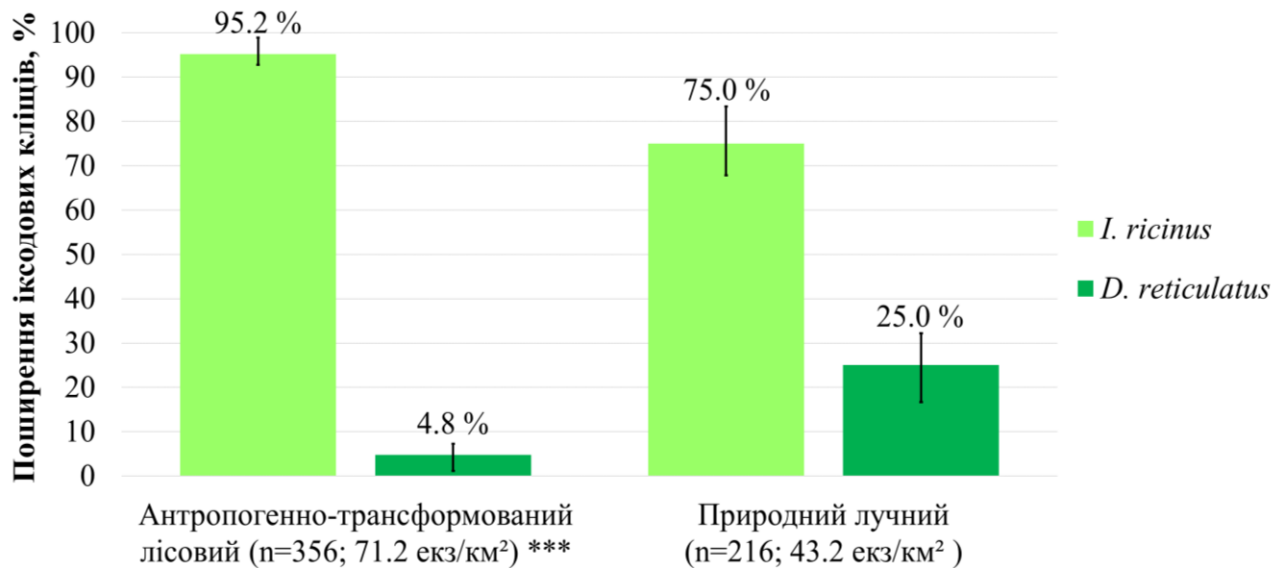
За результатами акарологічного обстеження антропогенно-трансформованого лісового біотопу в Київській області та природного біотопу лучного типу в Черкаській області, зібрали 572 кліща (*Ixodidae*). Серед них 393 кліщів виду *I. ricinus* та 179 кліщів виду *D. reticulatus*.

В антропогенно-трансформованому лісовому біотопі Київської області з площі 6 км<sup>2</sup> зібрали 356 іксодових кліщів. Більшість зібраних кліщів належали до виду *I. ricinus*, складаючи 95,2 % популяції іксодофауни (n=339), решта 4,8 % – належали до виду *D. reticulatus* (n=17). Відповідно, індекс щільності заселення *I. ricinus* склав 67,8 екз/км<sup>2</sup>, що майже в 20 разів перевищувало індекс щільності заселення кліщами *D. reticulatus* – 3,4 екз/км<sup>2</sup>. Статистичний аналіз підтвердив вірогідну різницю між частками кліщів *I. ricinus* та *D. reticulatus* (p<0,0001).

На території природного біотопу лучного типу Черкаської області з площі 6 км<sup>2</sup> зібрали 216 іксодових кліщів. Три четвертих популяції зібраних кліщів складала *D. reticulatus* – 162 кліщі (75,0 %), решта 54 кліщі (25,0 %) – *I. ricinus*. Відповідно, індекс щільності заселення *D. reticulatus* становив – 32,4 екз/км<sup>2</sup>, що в три рази перевищувало індекс щільності заселення кліщами *I. ricinus* – 10,8 екз/км<sup>2</sup>. Статистичний аналіз підтвердив вірогідну різницю між частками кліщів *D. reticulatus* та *I. ricinus* в природному лучному біотопі, де на відміну від антропогенно-трансформованого лісового біотопу, частка *D. reticulatus* була вірогідно більшою від частки *I. ricinus* (p<0,0001).

Загальний індекс щільності заселення іксодовими кліщами в антропогенно-трансформованому лісовому біотопі становив 71,2 екз/км<sup>2</sup>, що в 1,6 раза вище ніж в умовах природного біотопу лучного типу – 43,2 екз/км<sup>2</sup> (p=0,0114).

В антропогенно-трансформованому біотопі співвідношення *I. ricinus* до *D. reticulatus* становило близько 20:1. Натомість, в природному біотопі лучного типу спостерігали протилежну тенденцію, де співвідношення кліщів *I. ricinus* до *D. reticulatus* становило 1:3 (рис. 3.7).



#### Досліджені типи біотопів

Рис. 3.7 Розподіл іксодових кліщів в досліджених біотопах

Примітка. \*\*\* –  $p < 0,001$  значення вказує на вірогідну різницю у складі іксодофауни в різних біотопах.

Різниця у складі іксодофауни відображає зворотну залежність у розподілі кліщів *I. ricinus* та *D. reticulatus*, пов'язану з типом біотопу. Статистичний аналіз розподілу цих видів у двох типах біотопів підтвердив сильний зв'язок між видом кліща та типом біотопу ( $p < 0,0001$ ).

### 3.2 ПЛР-скринінг борелій комплексу *B. burgdorferi s.l* та патогенних генотипів *B. burgdorferi s.s.*, *B. afzelii*, *B. garinii* в іксодових кліщах

Результати ПЛР-скринінгу показали, що кліщі *I. ricinus* та *D. reticulatus* є основними носіями борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* у Київській та Черкаській областях. У Миколаївській області борелій серед досліджених іксодових кліщів не виявлено. В іксодових кліщів більш поширений генотип *B. afzelii*, ніж *B. burgdorferi s.s.* Філогенетичний аналіз підтвердив наявність генотипів: *B. afzelii*, *B. garinii*, *B. bissetiae*, *B. valaisiana*, *B. burgdorferi s.s.*

### 3.2.1 Результати оптимізації та апробації протоколів ПЛР

Оптимізацію протоколів класичної ПЛР з виявлення ДНК борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* та патогенних генотипів (*B. burgdorferi s.s.*, *B. afzelii*, *B. garinii*) проводили в два етапи. На першому етапі виявляли ДНК борелій у восьми пулах сукупного ДНК з кліщів, на другому етапі проводили оптимізацію умов ПЛР-ампліфікації для різних наборів праймерів, визначення їх чутливості та специфічності.

На першому етапі оптимізації ПЛР-протоколів ДНК борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* виявили у всіх 8 пулах, з використанням праймерів спрямованих на ділянку гена 16S рРНК (SL, SC) та праймерів спрямованих на ділянку гена *OspA B. burgdorferi s.l.* (*OspA*-праймери для вкладеної ПЛР). Натомість за допомогою набору LD (16S рРНК), ДНК *B. burgdorferi s.l.* виявили лише в 6 з 8 пулів сукупного ДНК з кліщів.

В результаті виконання оптимізації ПЛР з генотип-специфічними праймерами у 8 пулах сукупного ДНК з кліщів виявили ДНК генотипу *B. afzelii* (VS461), генотипу *B. burgdorferi s.s.* – у 2 пулах з 8 пулів (BB) відповідно. Натомість ДНК генотипу *B. garinii* (BG) не виявили в жодному з пулів (табл. 3.4).

Таблиця 3.4

#### Результати I етапу оптимізації ПЛР для виявлення ДНК *B. burgdorferi s.l.*

Цільовий генотип	Назва праймерів	п.н.	ПЛР-досліджені пули ДНК з кліщів (№)								Всього (ПЛР+ пули)
			1	2	3	4	5	6	7	8	
Комплекс <i>B. burgdorferi s.l.</i>	LD	357	+	+	-	+	+	+	-	+	6
	SC	325	+	+	+	+	+	+	+	+	8
	SL	307	+	+	+	+	+	+	+	+	8
	<i>OspA</i>	345	+	+	+	+	+	+	+	+	8
<i>B. burgdorferi s.s.</i>	BB	574	+	-	-	-	-	+	-	-	2
<i>B. garinii</i>	BG	574	-	-	-	-	-	-	-	-	0
<i>B. afzelii</i>	VS461	591	+	+	+	+	+	+	+	+	8

Примітка. «+» – ПЛР-позитивні пули; «-» – ПЛР-негативні пули.

За результатами оптимізації протоколів ПЛР встановили оптимальну температурою відпалу для LD-праймерів – 55 °С за 40 циклів ампліфікації (рис. 3.8).

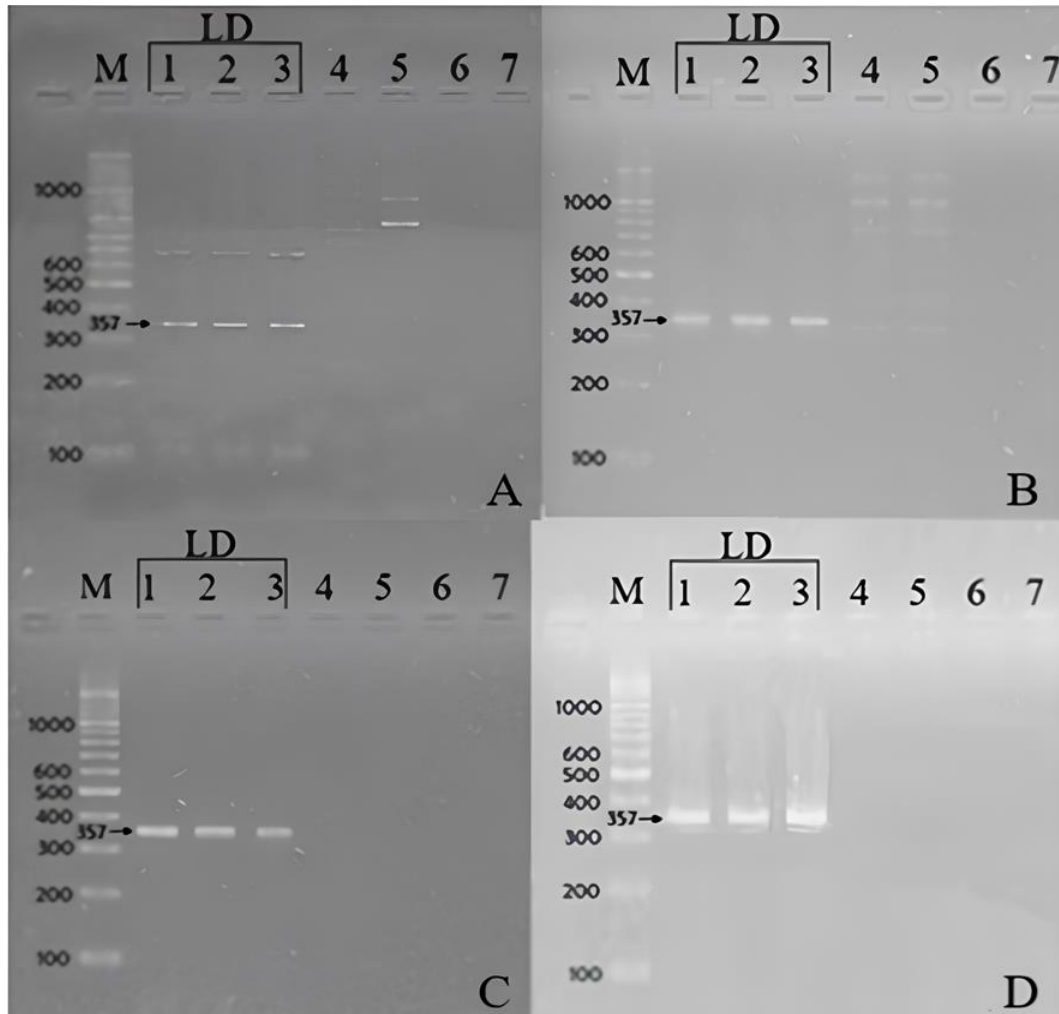
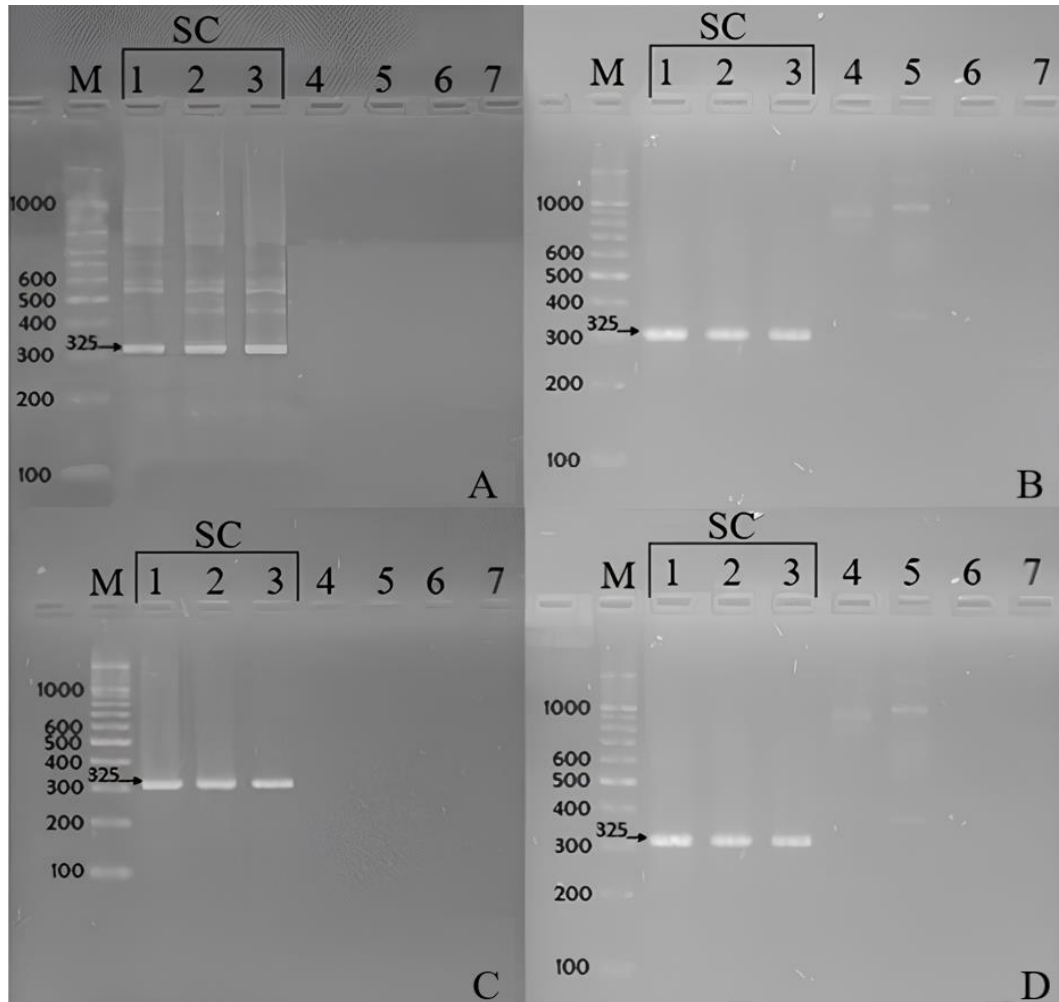


Рис. 3.8 Результати оптимізації ПЛР з набором LD-праймерів: А –  $T_a=47$  °С; В –  $T_a=51$  °С; С –  $T_a=55$  °С; D –  $T_a=59$  °С. М – молекулярний маркер; 1, 2, 3 – ПЛР-продукти очікуваної довжини 357 п.н.; негативні контролю: 4 – *L. canicola*; 5 – *L. rotomana*; 6 – контроль виділення ДНК; 7 – контроль реакційної суміші.

В агарозному гелі всі продукти ПЛР чітко візуалізували, з очікуваною довжиною фрагментів ДНК *B. burgdorferi s.l.* 357 п.н. без накопичення неспецифічних продуктів.

Для SC-праймерів оптимальні температури відпалу встановили в діапазоні від 51 °C до 59 °C (ампліфікація – 40 циклів). За цих умов фрагменти ДНК *B. burgdorferi s.l.* чітко візуалізували в агарозному гелі, з очікуваною довжиною специфічних фрагментів 325 п.н. (рис. 3.9).



**Рис. 3.9 Результати оптимізації ПЛР з набором SC-праймерів:** А –  $T_a=47$  °C; В –  $T_a=51$  °C; С –  $T_a=55$  °C; D –  $T_a=59$  °C. М – молекулярний маркер; 1, 2, 3 – ПЛР-продукти очікуваної довжини 325 п.н.; негативні контролі: 4 – *L. canicola*; 5 – *L. rotunda*; 6 – контроль виділення ДНК; 7 – контроль реакційної суміші.

За результатами оптимізації протоколу ПЛР з використанням набору SL-праймерів оптимальні діапазони температур відпалу встановили в межах 47–

55 °C (ампліфікація – 40 циклів). В агарозному гелі спостерігали чіткі смуги ДНК *B. burgdorferi s.l.* відповідного розміру 307 п.н. (рис. 3.10).

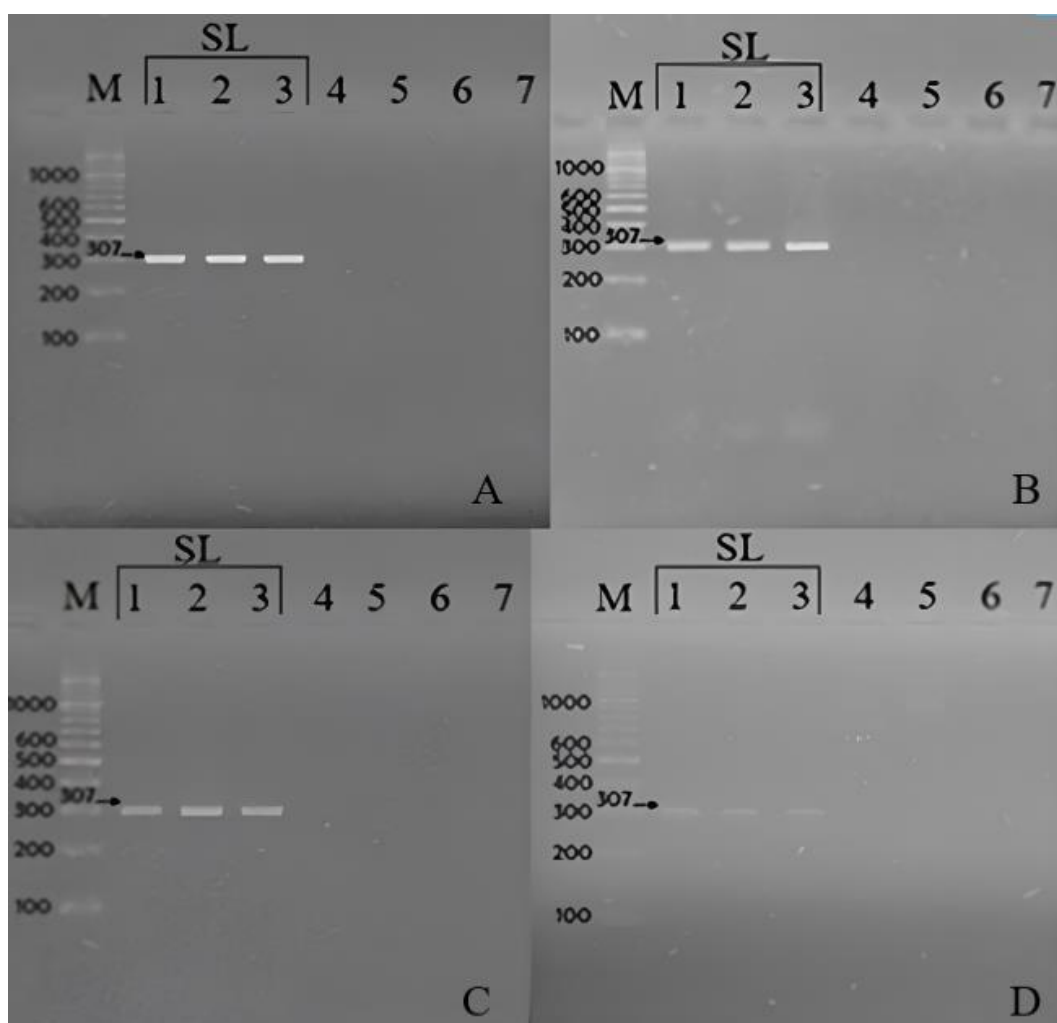


Рис. 3.10 Результати оптимізації ПЛР з набором SL-праймерів: А –  $T_a=47$  °C; В –  $T_a=51$  °C; С –  $T_a=55$  °C; D –  $T_a=59$  °C. М – молекулярний маркер; 1, 2, 3 – ПЛР-продукти очікуваної довжини 307 п.н.; негативні контролю: 4 – *L. canicola*; 5 – *L. romona*; 6 – контроль виділення ДНК; 7 – контроль реакційної суміші.

Оптимізація протоколу вкладеної ПЛР для внутрішніх праймерів *OspA int* показала, що ампліфікація в діапазоні температур відпалу 47–55 °C (ампліфікація – 40 циклів) призводить до утворення смужок ДНК-фрагментів *B. burgdorferi s.l.* розміром 345 п.н., але спостерігали нагромадження

неспецифічних продуктів. Після підвищення  $T_a$  до  $59\text{ }^\circ\text{C}$  нагромадження неспецифічних фрагментів зменшилось, а смужки ДНК були чіткішими (рис. 3.11).

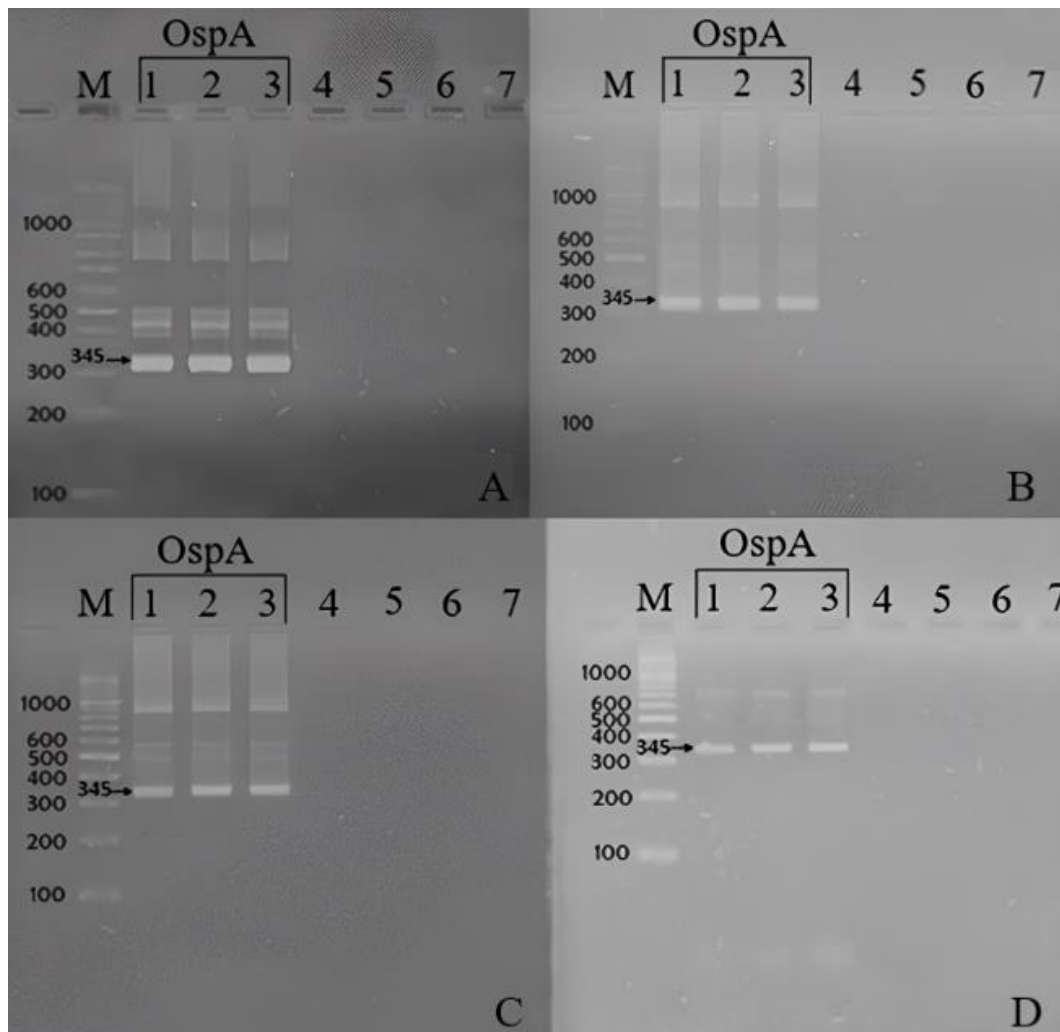
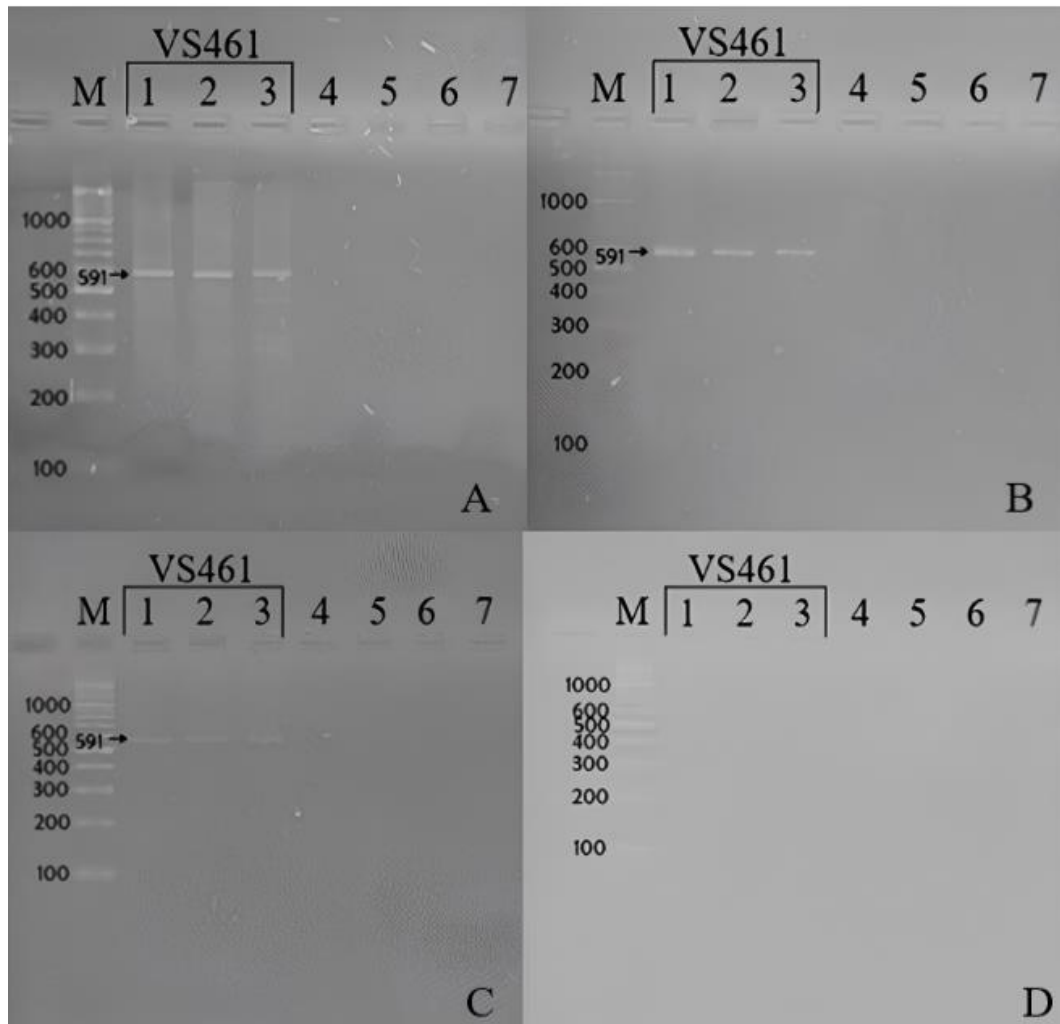


Рис. 3.11 Результати оптимізації ПЛР з набором *OspA* int - праймерів: А –  $T_a=47\text{ }^\circ\text{C}$ ; В –  $T_a=51\text{ }^\circ\text{C}$ ; С –  $T_a=55\text{ }^\circ\text{C}$ ; D –  $T_a=59\text{ }^\circ\text{C}$ . М – молекулярний маркер; 1, 2, 3 – ПЛР-продукт очікуваної довжини 345 п.н.; негативні контролю: 4 – *L. canicola*; 5 – *L. romona*; 6 – контроль виділення ДНК; 7 – контроль реакційної суміші.

В результаті оптимізації протоколів ПЛР для ідентифікації ДНК геновиду *B. afzelii* з набором VS461-праймерів оптимальною температурою відпалу

встановили 51 °С (ампліфікація – 40 циклів), візуалізуючи в агарозному гелі чіткі смуги фрагментів ДНК *B. afzelii* розміром 591 п.н. (рис. 3.12).



**Рис. 3.12 Результати оптимізації ПЛР з набором VS461-праймерів:** А –  $Ta=47$  °С; В –  $Ta=51$  °С; С –  $Ta=55$  °С; D –  $Ta=59$  °С. М – молекулярний маркер; 1, 2, 3 – ПЛР-продукт очікуваної довжини 591 п.н.; негативні контролю: 4 – *L. canicola*; 5 – *L. rotona*; 6 – контроль виділення ДНК; 7 – контроль реакційної суміші.

Для ВВ-праймерів, що ідентифікують генотип *B. burgdorferi s.s.* оптимальний діапазон температур відпалу визначили в межах 47–51 °С (ампліфікація – 40 циклів). В агарозному гелі спостерігали чіткі смужки ДНК-фрагментів *B. burgdorferi s.s.*, очікуваного розміру 574 п.н. (рис. 3.13).



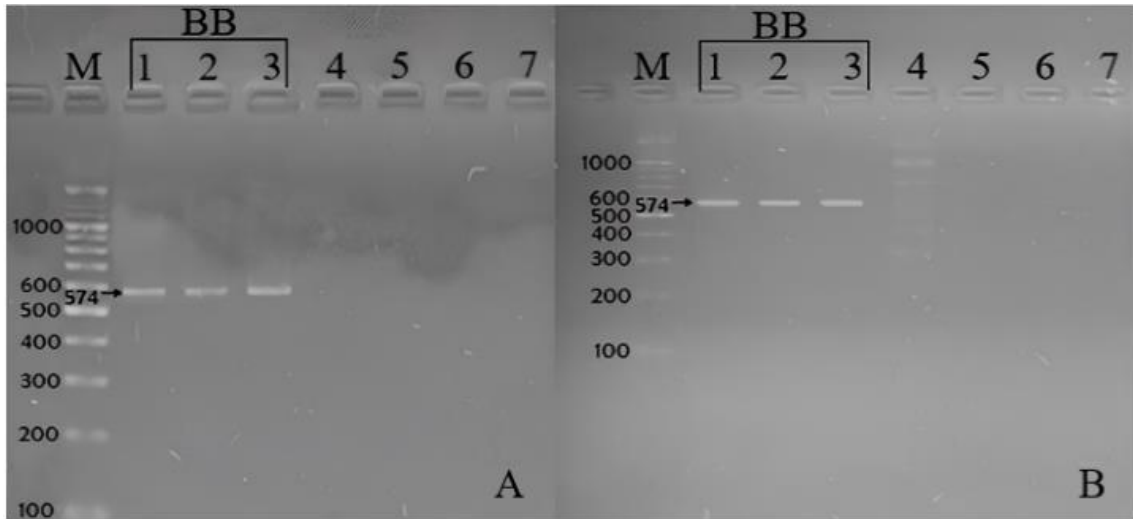


Рис. 3.13 Результати оптимізації ПЛР з набором ВВ-праймерів:  
 А –  $T_a=47$  °С; В –  $T_a=51$  °С. М – молекулярний маркер; 1, 2, 3 –  
 ПЛР-продукти очікуваної довжини 574 п.н.; негативні контролю:  
 4 – *L. canicola*; 5 – *L. romona*; 6 – контроль виділення ДНК;  
 7 – контроль приготування реакційної суміші.

Результати визначення оптимальних температур відпалу під час проведення ПЛР з використанням різних наборів праймерів для ідентифікації борелій наведено в таблиці 3.5.

Таблиця 3.5

**Результати оптимізації температур відпалу для наборів праймерів**

Праймери (розмір фрагменту)	Температури відпалу праймерів				
	47 °С	51 °С	55 °С	59 °С	63 °С
1	2	3	4	5	6
LD (357 п.н.)	Смуги ДНК та неспец.* фрагменти	Чіткі смуги ДНК	Чіткі смуги ДНК	Смуги ДНК і неспец. фрагменти	Продукти ПЛР відсутні
SC (325 п.н.)	Смуги ДНК та неспец. фрагменти	Чіткі смуги ДНК	Чіткі смуги ДНК	Чіткі смуги ДНК	Продукти ПЛР відсутні

## Продовження таблиці 3.5

1	2	3	4	5	6
SL (307 п.н.)	Чіткі смуги ДНК	Чіткі смуги ДНК	Чіткі смуги ДНК	Чіткі смуги ДНК	Продукти ПЛР відсутні
OspA (345 п.н.)	Смуги ДНК та неспец. фрагменти	Смуги ДНК і неспец. фрагменти	Смуги ДНК і неспец. фрагменти	Смуги ДНК і неспец. фрагменти	Продукти ПЛР відсутні
BB (574 п.н.)	Чіткі смуги ДНК	Чіткі смуги ДНК	Продукти ПЛР відсутні	ПЛР не проводили	ПЛР не проводили
BG (574 п.н.)	Продукти ПЛР відсутні	Продукти ПЛР відсутні	Продукти ПЛР відсутні	Продукти ПЛР відсутні	Продукти ПЛР відсутні
VS461 (591 п.н.)	Смуги ДНК та неспец. фрагменти	Чіткі смуги ДНК	Чіткі смуги ДНК	Продукти ПЛР відсутні	ПЛР не проводили

*Примітка.* неспец. – накопичення неспецифічних фрагментів.

Слід зазначити, що в ході оптимізації протоколів класичної ПЛР з набором BG-праймерів, призначених для ідентифікації геновиду *B. garinii*, позитивних результатів не отримали на жодному з етапів визначення оптимальних температур відпалу. На цьому етапі досліджень вважали, що ДНК геновиду *B. garinii* відсутнє в досліджених сукупного ДНК кліщів, або причиною негативних результатів є низька чутливість BG-праймерів.

Специфічність ПЛР оцінювали на всіх етапах з використанням ДНК *L. canicola* та *L. romana*. Хибнопозитивних продуктів ПЛР не спостерігали на жодному з етапів, що свідчить про високу специфічність наборів ПЛР-праймерів.

*Чутливість класичної ПЛР.* За допомогою спектрофотометрії визначали загальну концентрацію виділених нуклеїнових кислот (НК) у кожному з восьми пулів ДНК іксодових кліщів. В результаті мінімальна концентрація НК становила 18,5 мкг/мл, максимальна концентрація НК – 45 мкг/мл, середнє

значення НК відповідало 31 мкг/мл ( $SD \pm 10,01$ ). Чутливість ПЛР визначали у зразку ДНК із середньою концентрацією НК 31 мкг/мл. Методом серійних розведень отримували наступні концентрації НК: 1:10 – 3,1 мкг/мл ДНК та 1:100 – 0,31 мкг/мл, відповідно.

Результати вказали на різну чутливість різних наборів праймерів. Набори SC-праймерів та SL-праймерів демонстрували порівняно з іншими праймерами вищу чутливість за концентрації НК 3,1 мкг/мл, але при більшому розведенні – 1:100 (НК=0,31 мкг/мл) продукти ампліфікації не візуалізували. З рештою праймерів LD, OspA, BB та VS461 не отримали позитивних реакцій за розведень 1:10 (НК=3,1 мкг/мл) і 1:100 (НК=0,31 мкг/мл).

Отже, за результатами оптимізації та апробації внутрішньо лабораторних протоколів ПЛР було підбрано набори праймерів, які використовували для подальшого ПЛР-скринінгу борелій серед іксодових кліщів. Для ПЛР-ідентифікації борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* використовували набір найбільш високочутливих праймерів – SC, націлених на ділянку гена 16S рРНК, з оптимальною температурою відпалу 51 °С. Оптимізований протокол з SC-праймерами забезпечує чітку візуалізацію фрагментів (325 п.н.) ДНК *B. burgdorferi s.l.* в агарозному гелі без накопичення неспецифічних продуктів.

Для ПЛР-ідентифікації ДНК патогенних генотипів борелій відібрані BB-праймери (*B. burgdorferi s.s.*) та VS461-праймери (*B. afzelii*). Для обох праймерів оптимальною температурою відпалу визначено 51 °С (ампліфікація – 40 циклів). Хоча позитивних результатів з використанням праймерів BG (*B. garinii*) не отримали, його використовували для подальшого ПЛР-скринінгу.

### 3.2.2 Поширення *B. burgdorferi s.l.* в іксодових кліщах

На першому етапі ПЛР-скринінгу борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.*, з використанням набору SC-праймерів, проаналізували 56 пулів ДНК з кліщів *I. ricinus*, 35 пулів ДНК з *D. reticulatus* та 23 пули ДНК з *H. marginatum*. В результаті виявили 24 (n=288) позитивні пули з *I. ricinus*, 9 (n=108) позитивних

пулів з *D. reticulatus* і жодного позитивного пулу з ізолюваного ДНК кліщів *H. marginatum*.

На другому етапі провели ПЛР-аналіз 396 окремих зразків ДНК від кліщів з позитивних пулів *I. ricinus* та *D. reticulatus*. Специфічні фрагменти ДНК борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* виявили у 218 зразках виділеного ДНК з іксодових кліщів, з них у 162 зразках з *I. ricinus* та в 56 зразках з *D. reticulatus*. Кліщі *I. ricinus* мали вірогідно вищий рівень зараження *B. burgdorferi s.l.* – 29,2 % (162/554), ніж *D. reticulatus* – 16,0 % (56/352) ( $p < 0,0001$ ).

Зараженість кліщів *I. ricinus* та *D. reticulatus* комплексом *B. burgdorferi s.l.* серед зразків, зібраних з рослинності, становила 29,8 % (203/682), що вірогідно перевищувало зараженість кліщів, зібраних з тварин – 6,7 % (15/224) ( $p < 0,0001$ ) (рис. 3.14).

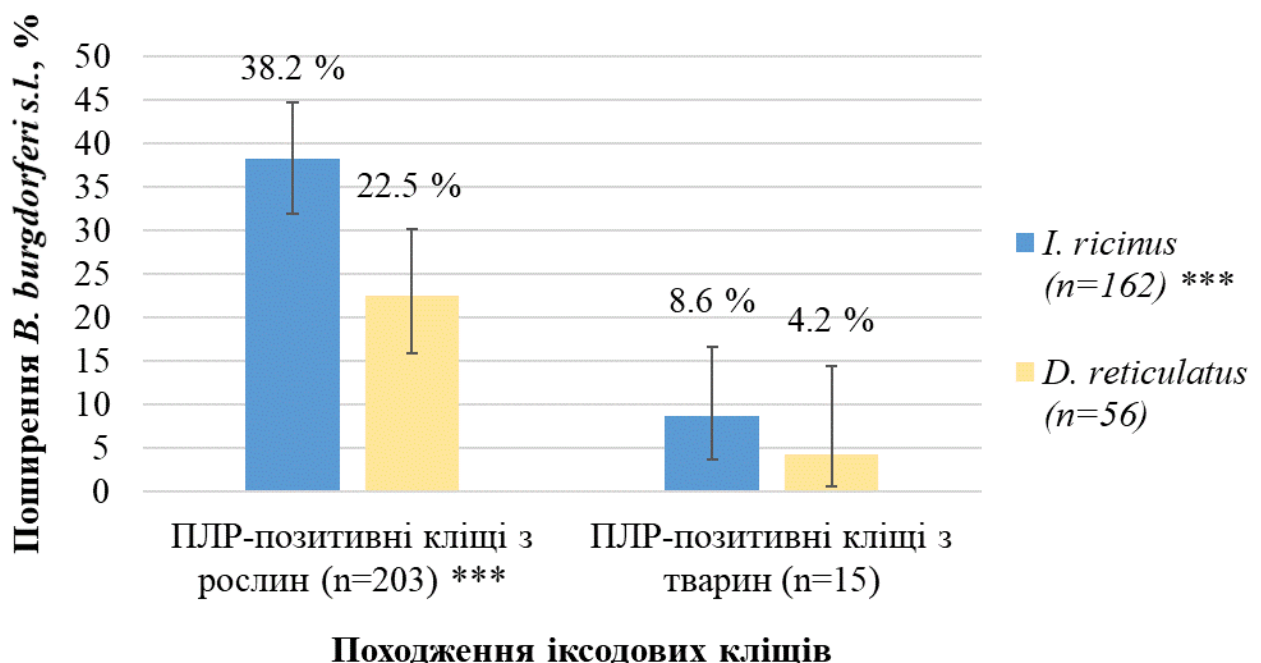


Рис. 3.14 Поширення борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* в іксодових кліщах зібраних з рослинності і тварин

Примітка. \*\*\* –  $p < 0,001$  значення вказує на вірогідно більшу поширеність ДНК борелій в *I. ricinus* та в іксодових кліщах обох видів, зібраних з рослин.

Отримані дані свідчать про різну поширеність борелій серед іксодових кліщів в Київській та Черкаській областях. В Київській області поширеність

борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* серед іксодових кліщів становила 28 % (162/580), з них серед кліщів *I. ricinus* – 31,4 % (145/462) та серед кліщів *D. reticulatus* – 14,4 % (17/118), відповідно ( $p < 0,0001$ ). В Черкаській області загальна поширеність борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* серед іксодових кліщів становила 22,0 % (56/256), з них серед кліщів *I. ricinus* – 24,3 % (17/70) та серед *D. reticulatus* – 21,0 % (39/186) ( $p = 0,0046$ ) (табл. 3.6).

Таблиця 3.6

**Поширення борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* в іксодових кліщах різного походження в Київській та Черкаській областях України**

Походження кліщів	<i>I. ricinus</i>		<i>D. reticulatus</i>	
	ПЛР-позитивні кліщі / загальна кількість кліщів	поширеність, %	ПЛР-позитивні кліщі / загальна кількість кліщів	поширеність, %
Київська область:				
З рослин	134/339	39,5	16/74	21,6
З тварин	11/123	9,0	1/44	2,3
Всього	145/462	31,4***	17/118	14,4
Черкаська область:				
З рослин	16/54	29,6	37/162	22,8
З тварин	1/16	6,3	2/24	8,3
Всього	17/70	24,3**	39/186	21,0
Миколаївська область:				
З рослин	0/17	0	0/36	0
З тварин	0/5	0	0/12	0
Всього	0/22	0	0/48	0
Сумарна поширеність	162/554	29,2***	56/352	16,0

*Примітка.* \*\* –  $p < 0,01$ ; \*\*\* –  $p < 0,001$  значення вказують на статистично вірогідну різницю в рівнях поширеності борелій між різними видами кліщів.

Вірогідної різниці в загальній поширеності борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* між іксодовими кліщами, зібраними в Київській та Черкаській областях, не виявили ( $p=0,0727$ ) (рис. 3.15).

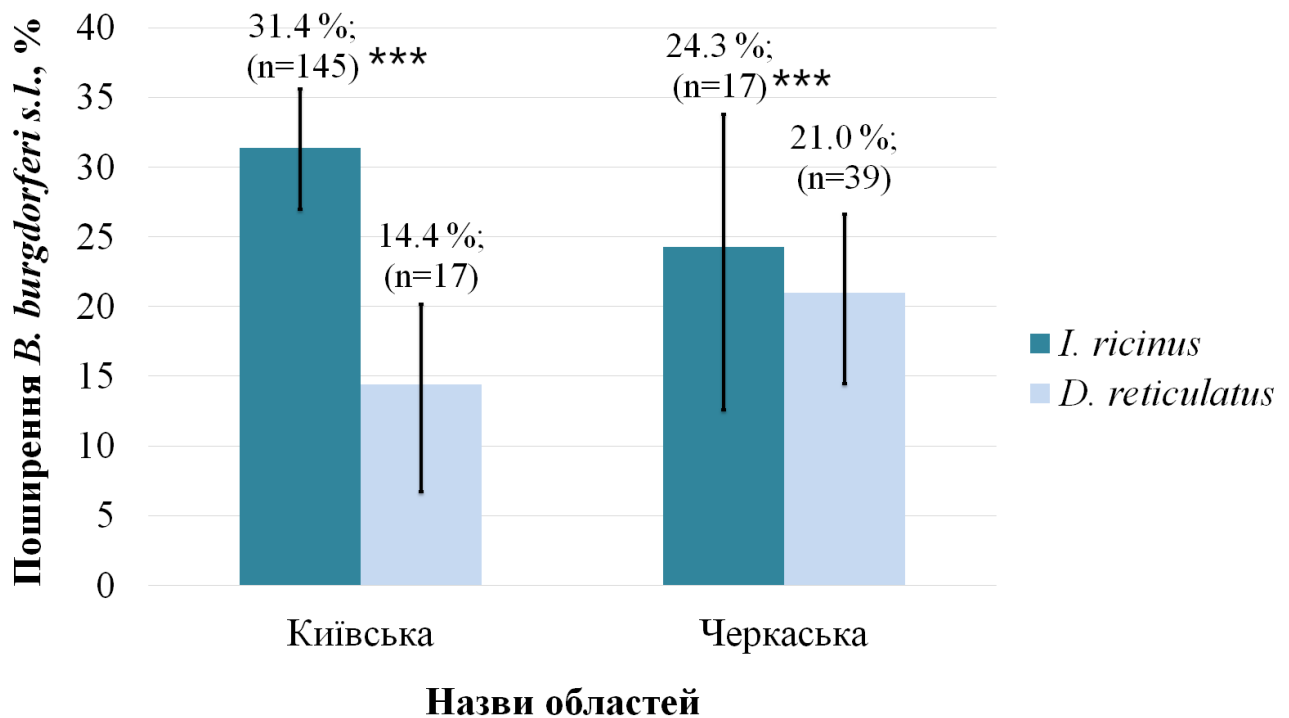


Рис. 3.15 Поширення борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* в іксодових кліщах у Київській та Черкаській областях

Примітка. \*\*\* –  $p < 0,001$  вказує на статистично вірогідну більшу поширеність ДНК борелій в кліщах *I. ricinus* порівняно з *D. reticulatus* у Київській та Черкаській областях

Серед кліщів *D. reticulatus* (0/48) та *I. ricinus* (0/22) з Миколаївської області позитивних результатів на ДНК *B. burgdorferi s.l.* не виявили. Подальше тестування на виявлення генотипів борелій у зразках ДНК іксодових кліщів з Миколаївської області не проводили.

Отже, за результатами вивчення поширеності борелій серед іксодових кліщів в трьох регіонах України встановили, що *I. ricinus* та *D. reticulatus* є носіями борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.*, особливо в Київській та Черкаській

областях, де *I. ricinus* мав вірогідно вищий загальний рівень зараження *B. burgdorferi s.l.* (29,2 %), ніж *D. reticulatus* (16 %) ( $p < 0,0001$ ).

### 3.2.3 Поширення генотипів *B. burgdorferi s.s.*, *B. afzelii*, *B. garinii*

За результатами ПЛР-ідентифікації генотипів борелій в іксодових кліщах з Київської та Черкаської областей, 130 (15,6 %) були позитивними на генотип *B. afzelii*, що вірогідно перевищувало частку позитивних кліщів на генотип *B. burgdorferi s.s.* – 78 (9,3 %) ( $p = 0,0004$ ). Також виявили 10 (4,6 %) зразків ДНК іксодових кліщів негативних на всі досліджені патогенні види борелій (*B. burgdorferi s.s.*, *B. afzelii*, *B. garinii*).

Всі продукти ПЛР-ампліфікації мали очікувану довжину фрагментів ДНК, зокрема: 574 п.н. для *B. burgdorferi s.s.* та 591 п.н. для *B. afzelii*. З набором ВГ-праймерів для ідентифікації виду *B. garinii* позитивних результатів не отримали.

Загальна поширеність генотипу *B. afzelii* серед досліджених кліщів *I. ricinus* становила 19,2 % (102/532), що вірогідно перевищувало поширеність генотипу *B. burgdorferi s.s.* на рівні 10,2 % (54/532) ( $p = 0,0002$ ). Серед кліщів *D. reticulatus* поширеність генотипу *B. afzelii* становила 9,2 % (28/304), що статистично не відрізнялося від поширеності *B. burgdorferi s.s.* на рівні 8,0 % (24/304) ( $p = 0,6778$ ). Поширеність генотипу *B. afzelii* серед кліщів *I. ricinus* була в 3,6 рази вища, ніж серед *D. reticulatus* ( $p = 0,0001$ ). І навпаки, поширеність генотипу *B. burgdorferi s.s.* серед кліщів цих видів не мала статистично значущої різниці ( $p = 0,3233$ ).

В Київській області серед 580 досліджених кліщів загальна поширеність генотипу *B. afzelii* становила 17,6 %, що вірогідно вище ніж поширення генотипу *B. burgdorferi s.s.* на рівні 9,5 % ( $p = 0,0002$ ). В Черкаській області серед 256 досліджених кліщів загальна поширеність генотипу *B. afzelii* (11,0 %) вірогідно не відрізнялася від поширеності *B. burgdorferi s.s.* (9,0 %) ( $p = 0,5758$ ). Не встановлено вірогідної різниці у поширеності генотипів *B. burgdorferi s.s.* та *B. afzelii* між кліщами обох видів, зібраних з рослинності та з тварин у Київській

області ( $p=0,2906$ ) та Черкаській області ( $p=1$ ), за винятком різниці між поширеністю генотипів у кліщах *I. ricinus* в Київській області, зібраних з рослинності та з тварин ( $p=0,007$ ) (табл. 3.7).

Таблиця 3.7

**Поширення генотипів *B. burgdorferi s.s.* та *B. afzelii* в кліщах *I. ricinus* та *D. reticulatus* у Київській та Черкаській областях**

Походження кліщів	<i>I. ricinus</i>				<i>D. reticulatus</i>			
	<i>B. burgdorferi s.s.</i>		<i>B. afzelii</i>		<i>B. burgdorferi s.s.</i>		<i>B. afzelii</i>	
	ПЛР-позитивні кліщі / загальна кількість	поширеність, %	ПЛР-позитивні кліщі / загальна кількість	поширеність, %	ПЛР-позитивні кліщі / загальна кількість	поширеність, %	ПЛР-позитивні кліщі / загальна кількість	поширеність, %
Київська область								
З рослин	39/339	11,5	90/339	26,5	7/74	9,5	9/74	12,2
З тварин	8/123	6,5	3/123	2,4	1/44	3,6	0/44	0
Всього	47/462	10,2	93/462	20,1	8/118	6,8	9/118	7,6
Черкаська область								
З рослин	6/54	11,1	9/54	16,7	14/162	8,6	19/162	11,6
З тварин	1/16	6,3	0/16	0	2/24	8,2	0/24	0
Всього	7/70	10,0	9/70	13	16/186	8,6	19/186	10,2
Всього	54/532	10,2	102/532	19,2	24/304	8,0	28/304	9,2

За порівняння поширеності генотипу *B. afzelii* між Київською 17,6 % (102/508) та Черкаською 11,0 % (28/256) областями статистично значущої різниці не встановлено ( $p=0,0169$ ). Аналогічно, не було виявлено статистично значущої різниці в комбінованій поширеності *B. burgdorferi s.s.* між Київською – 9,5 % (55/580) та Черкаською – 9,0 % (23/256) областями ( $p=0,8977$ ).



Загальні тенденції розподілу геновидів борелій *B. burgdorferi s.s.* та *B. afzelii* серед іксодових кліщів *I. ricinus* та *D. reticulatus* в Київській та Черкаській областях України показані на рис. 3.16.

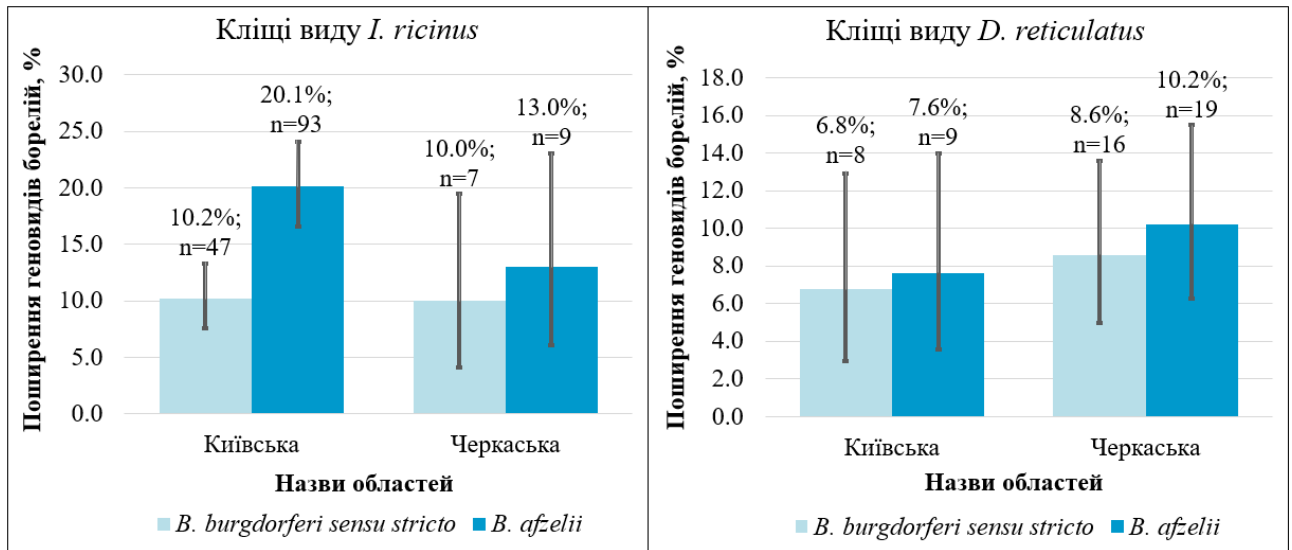


Рис. 3.16 Поширення геновидів борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* в іксодових кліщах у Київській та Черкаській областях

Отже, результати ПЛР-генотипування вказують, що серед іксодових кліщів у Київській та Черкаській областях поширені геновиди *B. afzelii* та *B. burgdorferi s.s.* Генотип *B. garinii* у цьому дослідженні не виявлений.

### 3.2.4 Молекулярно-філогенетичний аналіз нуклеотидних послідовностей борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.*

Після секвенування за методом Сенгера отримали десять часткових нуклеотидних послідовностей борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* Кожна послідовність позначена цифровими ідентифікаторами та відповідно до походження: 1 К-Ir, 2 К-Ir, 3 К-Ir, 4 К-Ir, 5 К-Ir (Київська область, *I. ricinus*); 6 Ch-Ir, 7 Ch-Ir, 8 Ch-Ir, 9 Ch-Ir (Черкаська область, *I. ricinus*); та 10 Ch-Dr (Черкаська область, *D. reticulatus*).

За результатами молекулярно-філогенетичного аналізу подібність між отриманими частковими нуклеотидними послідовностями знаходилась в межах 89,34–99,64 %, що вказує на їхню генетичну спорідненість і таксономічну

приналежність до одного роду – *Borrelia*. Матриця нуклеотидної ідентичності відображає відсоток схожості та генетичні дистанції між парами часткових нуклеотидних послідовностей *B. burgdorferi s.l.* (рис. 3.17).

	3K-Ir	8Ch-Ir	4K-Ir	1K-Ir	10Ch-Dr	6Ch-Ir	7Ch-Ir	9Ch-Ir	2K-Ir	5K-Ir
3K-Ir		90.51	91.97	89.34	91.14	94.85	94.16	93.43	93.8	93.41
8Ch-Ir	0.101		92.39	94.51	93.75	94.51	93.12	95.27	94.91	94.16
4K-Ir	0.085	0.08		92.31	94.12	95.6	94.95	97.09	97.49	95.62
1K-Ir	0.115	0.057	0.081		98.15	93.77	93.41	95.24	94.87	93.77
10Ch-Dr	0.094	0.066	0.061	0.019		94.1	93.75	96.32	96.69	94.85
6Ch-Ir	0.053	0.057	0.045	0.065	0.062		99.27	97.07	97.44	97.07
7Ch-Ir	0.061	0.072	0.052	0.069	0.065	0.007		96.36	96.74	96.35
9Ch-Ir	0.069	0.049	0.03	0.049	0.038	0.03	0.037		99.64	98.54
2K-Ir	0.065	0.053	0.026	0.053	0.034	0.026	0.033	0.004		98.18
5K-Ir	0.069	0.061	0.045	0.065	0.053	0.03	0.037	0.015	0.018	

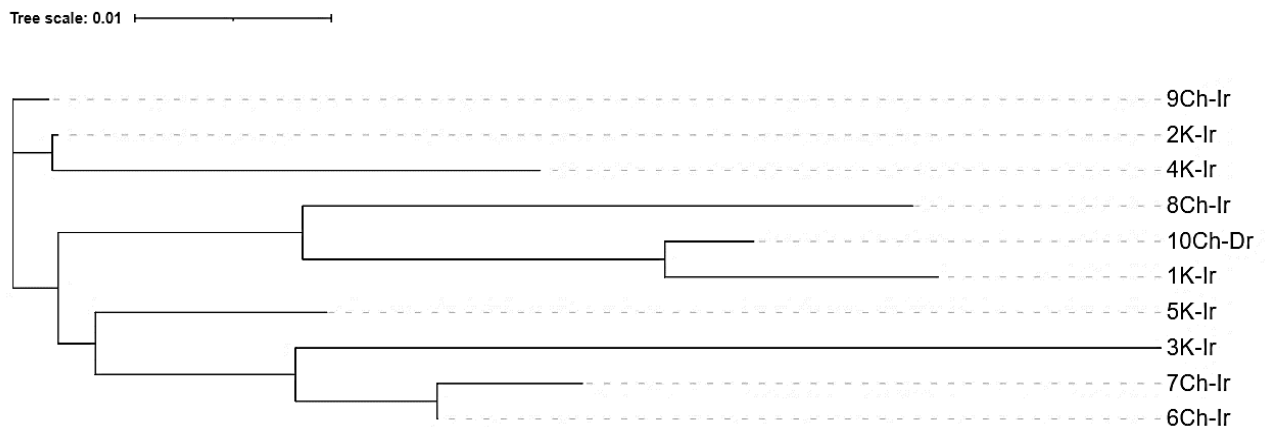
Рис. 3.17 Матриця відсоткової ідентичності/дистанцій між частковими нуклеотидними послідовностями *B. burgdorferi s.l.*

Значення матриці, представлені над діагоналлю, вказують на відсоток ідентичності між парами часткових послідовностей *B. burgdorferi s.l.*, тоді як значення під діагоналлю представляють відстані між послідовностями. Значення ідентичності послідовностей 98–100 % вказують на близьку генетичну спорідненість або недавнє спільне походження борелій. Натомість, значення менші 92 % можуть вказувати на певний ступінь дивергенції або еволюційну віддаленість окремих геновидів або штамів у межах комплексу *B. burgdorferi s.l.*

Пари нуклеотидних послідовностей з високим відсотком ідентичності демонструють менші генетичні дистанції. Як видно з матриці, ця залежність простежується в таких парах послідовностей, як 2 K-Ir і 9 Ch-Ir, в яких нуклеотидна ідентичність становить 99,64 % та генетична дистанція дорівнює 0,004, або 0,4 %. Також між парами послідовностей 6 Ch-Ir і 7 Ch-Ir, які

демонструють 99,27 % ідентичність і відстань 0,007, що еквівалентно 0,7 %. І навпаки, пари часткових нуклеотидних послідовностей *B. burgdorferi s.l.* з більшими генетичними дистанціями мають нижчий відсоток ідентичності. До таких пар належать: 1 K-Ir і 3 K-Ir (ідентичність – 89,34 %; дистанція – 0,115=11,5 %), 3 K-Ir і 8 Ch-Ir (ідентичність – 90,51 %; дистанція – 0,101=10,1 %).

Взаємозв'язки спорідненості та відмінності між нуклеотидними послідовностями, секвенованих з ПЛР-ампліконів *B. burgdorferi s.l.* простежуються на філогенетичному дереві (рис. 3.18).



**Рис. 3.18 Невкорінене філогенетичне дерево часткових нуклеотидних послідовностей *B. burgdorferi s.l.***

Філогенетичне дерево, скориговане відповідно до генетичних дистанцій між нуклеотидними послідовностями, показує зв'язки сусідів з високим відсотком ідентичності, які згруповані в кластери. Відповідно довжина кожної з гілок філогенетичного дерева пропорційна числу нуклеотидних замін, тобто числу еволюційних подій, що відбулися після точки розгалуження. Кластери послідовностей з високою ідентичністю вказують на тісний генетичний зв'язок або недавнє спільне походження між відповідними видами *B. burgdorferi s.l.* Наявність таких кластерів свідчить про те, що ці послідовності мають високий ступінь генетичної схожості, що потенційно може бути наслідком спільної еволюційної лінії. Це може свідчити про відносно недавню дивергенцію від

спільного предка, що відображає генетичну єдність у межах певної підгрупи або штаму комплексу *B. burgdorferi s.l.*

За результатами порівняння часткових нуклеотидних послідовностей з базами даних послідовностей BLAST та розрахунок статистичної значущості встановили високий відсоток ідентичності між досліджуваними послідовностями *B. burgdorferi s.l.* та різними геновидами борелій, включаючи *B. bissettae*, *B. mayonii*, *B. garinii*, *B. valaisiana*, *B. burgdorferi s.s.* та *B. afzelii* (Додаток Б) (табл. 3.8).

Таблиця 3.8

**Подібність між секвенованими послідовностями *B. burgdorferi s.l.* та нуклеотидними послідовностями геновидів борелій баз даних BLAST**

Ідентифікатор ID бази даних BLAST	Назва продукту секвенування та походження	Геновид борелій	Відсоток нуклеотидної ідентичності
OR532270	1 K-Ir	Подібний до <i>B. bissettae</i> та <i>B. mayonii</i>	97,45
OR532271	2 K-Ir	<i>B. garinii</i>	99,28
OR532272	3 K-Ir	<i>B. valaisiana</i>	97,83
OR532273	4 K-Ir	<i>B. garinii</i>	97,86
OR532274	5 K-Ir	<i>B. burgdorferi s.s.</i>	99,64
OR532275	6 Ch-Ir	<i>B. afzelii</i>	99,64
OR532276	7 Ch-Ir	<i>B. afzelii</i>	98,91
OR532277	8 Ch-Ir	<i>B. bissettae</i>	97,1
OR532278	9 Ch-Ir	<i>B. garinii</i>	98,55
OR532279	10 Ch-Dr	<i>B. garinii</i>	99,26

Дослідження показало, що нуклеотидні послідовності з найвищою генетичною схожістю, а саме послідовності 2 K-Ir та 9 Ch-Ir2, з рівнем вірогідності не менше 99,2 % належать до геновиду *B. garinii*. Аналогічно, генетично споріднені послідовності 6 Ch-Ir та 7 Ch-Ir демонструють відносно високий відсоток схожості з послідовностями геновиду *B. afzelii*, що досягає

99,6 та 98,9 %, відповідно. Очікувано, що найбільш генетично віддалені досліджувані нуклеотидні послідовності показали приналежність до різних генотипів борелій. Наприклад, пара нуклеотидних послідовностей 1 K-Ir і 3 K-Ir, які мали найнижчу генетичну подібність (89,34 %), показали подібність до різних генотипів. Зокрема, нуклеотидна послідовність 1 K-Ir була однаково подібною (97,45 %) до генотипів *B. bissetiae* та *B. mayonii*, а послідовність 3 K-Ir мала найбільшу подібність до генотипу *B. valaisiana* (97,83 %) відповідно. Крім того, пара послідовностей 3 K-Ir та 8 Ch-Ir, з відносно низькою нуклеотидною ідентичністю (90,51 %), також була генетично подібною до різних генотипів, зокрема, 3 K-Ir мала найвищий збіг з генотипом *B. valaisiana* (97,83 %), а послідовність 8 Ch-Ir з генотипом *B. bissetiae* (97,1 %), відповідно.

Отримані нуклеотидні послідовності *B. burgdorferi s.l.* депонували у базу GenBank [259], які доступні за номерами: OR532270; OR532271; OR532272; OR532273; OR532274; OR532275; OR532276; OR532277; OR532278; OR532279.

### **3.3 Епізоотична ситуація щодо лайм-бореліозу собак в Україні**

За результатами аналізу епізоотичної ситуації щодо лайм-бореліозу свійських собак в Україні встановлено географічні закономірності поширення. Фахівці ветеринарної медицини реєструють ЛБ у собак по всій території України, частіше в північних, центральних та деяких західних регіонах. В південних областях України ЛБ у собак фахівці ветеринарної медицини реєструють значно рідше. Встановлено, що на епізоотичну ситуацію щодо ЛБ собак опосередковано впливають сукупність природно-кліматичних факторів, які притаманні фізико-географічним ландшафтам України.

#### **3.3.1 Поширення та географічний розподіл лайм-бореліозу собак**

Результати розрахунків показників середньої кількості випадків ЛБ собак на рік у різних адміністративних регіонах України вказують на територіальні відмінності у показниках захворюваності. Найвищі середні показники кількості випадків ЛБ собак на рік спостерігаються в північних областях України: Чернігівській, Київській, Сумській областях (1,3–1,6 випадків на рік)

та у Черкаській області, що розташована в центральній частині України (1,4 випадків на рік), на заході – в Хмельницькій, Львівській, Тернопільській областях (1,0–1,2 випадків на рік), на сході – в Харківській області (1,1 випадків на рік). В решті регіонів України середня кількість випадків ЛБ собак на рік коливається від 0,9 до 0,1 випадків. Порівняно нижчі середні показники кількості випадків ЛБ собак на рік спостерігались у південному регіоні – Миколаївській, Одеській та Херсонській областях (0,1–0,4 випадки на рік) та в найзахіднішій частині України в Закарпатській області (0,5 випадків на рік) (табл. 3.9).

Таблиця 3.9

### Поширення лайм-бореліозу собак в розрізі областей України

Область	Середня кількість випадків захворювання собак лайм-бореліозом на рік в області, $x \pm SD$
1	2
Чернігівська	1,57±0,28
Київська	1,45±0,86
м. Київ	1,36±0,74
Черкаська	1,35±0,56
Сумська	1,32±0,95
Хмельницька	1,22±0,56
Вінницька	1,13±0,34
Харківська	1,11±0,73
Львівська	0,99±0,52
Тернопільська	0,97±0,35
Житомирська	0,85±0,48
Кіровоградська	0,84±0,29
Рівненська	0,76±0,33
Дніпропетровська	0,75±0,25
Івано-Франківська	0,69±0,53
Полтавська	0,67±0,25
Чернівецька	0,66±0,18
Закарпатська	0,53±0,27
Миколаївська	0,35±0,21
Запорізька	0,32±0,15
Волинська	0,31±0,15

## Продовження таблиці 3.9

1	2
Одеська	0,22±0,08
Херсонська	0,09±0,05
АР Крим	дані відсутні
Донецька	дані відсутні
Луганська	дані відсутні

Примітка.  $\bar{x}$  – середнє значення, SD – стандартне відхилення

Вища захворюваність у північних та центральних областях, і в деяких західних регіонах України вказує на потенційні еколого-кліматичні умови, які сприяють поширенню ЛБ. Географічні тенденції поширеності ЛБ собак в розрізі адміністративних регіонів України зображені на рис. 3.19.

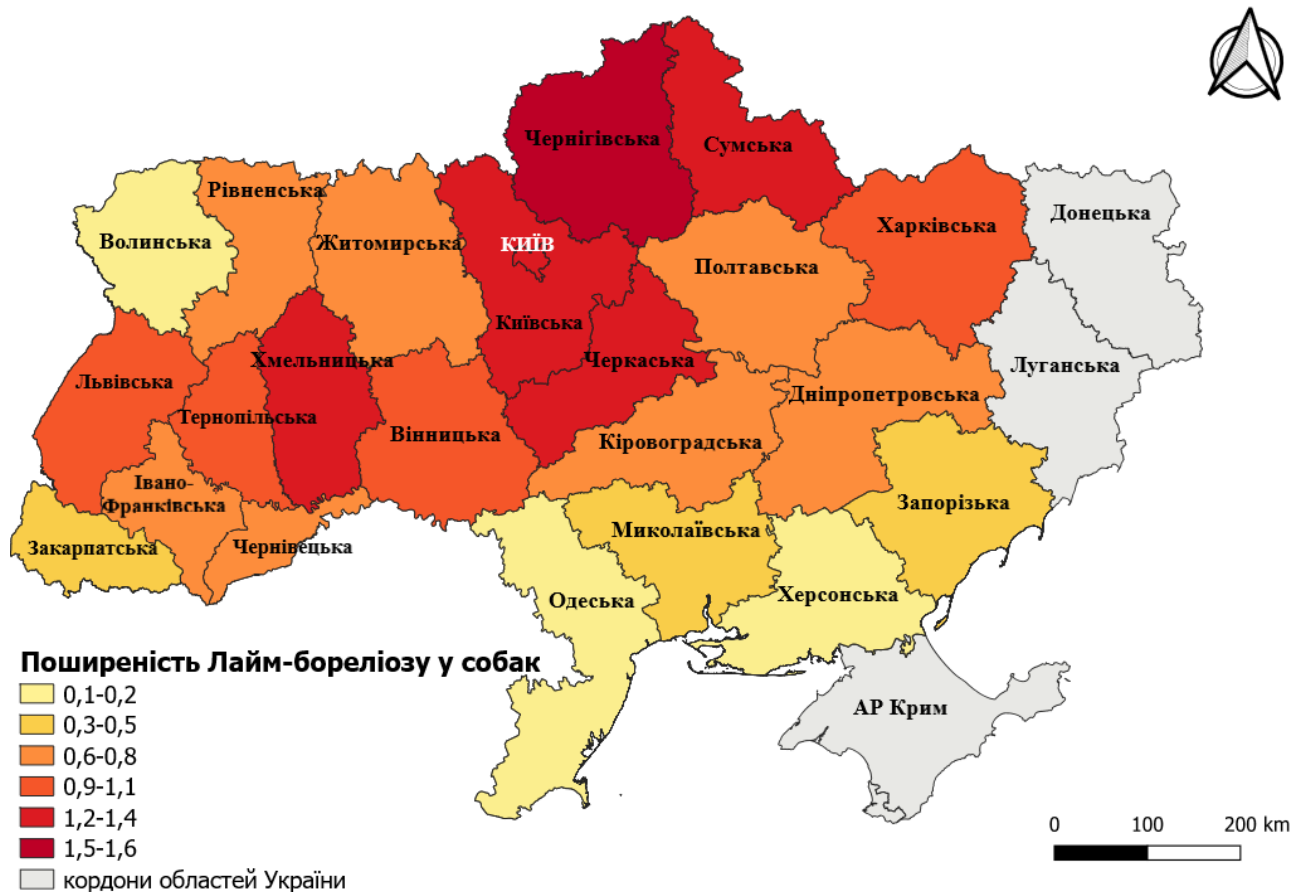


Рис. 3.19 Картографічний аналіз поширення лайм-бореліозу собак за адміністративними регіонами України

### 3.3.2 Еколого-кліматичні детермінанти поширення лайм-бореліозу собак в Україні

*Поширення лайм-бореліозу собак залежно від природних зон України.* На основі типів ландшафту територія України умовно поділяється на шість природних зон: мішані ліси, широколистяні ліси, лісостеп, Українські Карпати, степ та Кримські гори. Кожна зона має відмінні геологічні, рельєфні, кліматичні, гідрологічні, ґрунтові, рослинні та тваринні характеристики.

За результатами порівняльного аналізу поширеності лайм-бореліозу собак в природних зонах встановили, що найвищі показники захворюваності спостерігаються в лісостеповій зоні ( $1,2 \pm 0,11$  випадків на рік) та у зоні широколистяних лісів ( $1,0 \pm 0,12$  випадок на рік). Нижчі показники захворюваності собак лайм-бореліозом зафіксовані у зоні мішаних лісів –  $0,5 \pm 0,12$  випадків на рік, зоні Українських Карпат –  $0,5 \pm 0,08$  і в степовій зоні –  $0,4 \pm 0,05$  випадки на рік, відповідно.

За результатами порівняння груп даних щодо середньої кількості випадків ЛБ собак на рік в природних зонах України встановили статистично значущу різницю в залежній змінній між цими групами ( $p < 0,0001$ ) (табл. 3.10).

Таблиця 3.10

#### Поширення лайм-бореліозу собак залежно від природних зон в Україні

Статистичні дескриптори	Природні зони України				
	мішані ліси	широколистяні ліси	лісостеп	Карпати	степ
n	23	21	44	18	42
min–max	0–1,9	0–2,1	0,1–3,0	0–1,2	0–1,0
Медіана, $\pm SE$	$0,5 \pm 0,02$	$1,0 \pm 0,12$	$1,2 \pm 0,11$	$0,5 \pm 0,08$	$0,4 \pm 0,05$
Тест Крускала-Уолліса	$p < 0,0001$				

*Примітка.* n – обсяг вибірки (кількість отриманих анкет від ветеринарних фахівців); min – мінімальне значення та max – максимальне значення середньої кількості випадків лайм-бореліозу у собак на рік у відповідній природній зоні.



Порівняльний картографічний аналіз поширення лайм-бореліозу серед свійських собак свідчить про відмінності у розподілі захворювання в різних природних зонах України (рис. 3.20).



**Рис. 3.20 Картографічний аналіз поширення лайм-бореліозу собак залежно від природних зон України**

Результати статистичного порівняння підтверджують взаємозв'язок між поширеністю ЛБ у собак та природно-кліматичними умовами, характерними для різних природних зон України. Натомість попарне порівняння груп даних щодо захворюваності собак на ЛБ вказує як на статистично достовірні відмінності, так і на відсутність статистично значущої різниці між окремими групами даних щодо середньої кількості випадків ЛБ собак (табл. 3.11).

Таблиця 3.11

**Порівняння груп даних показників захворюваності собак на лайм-бореліоз між природними зонами**

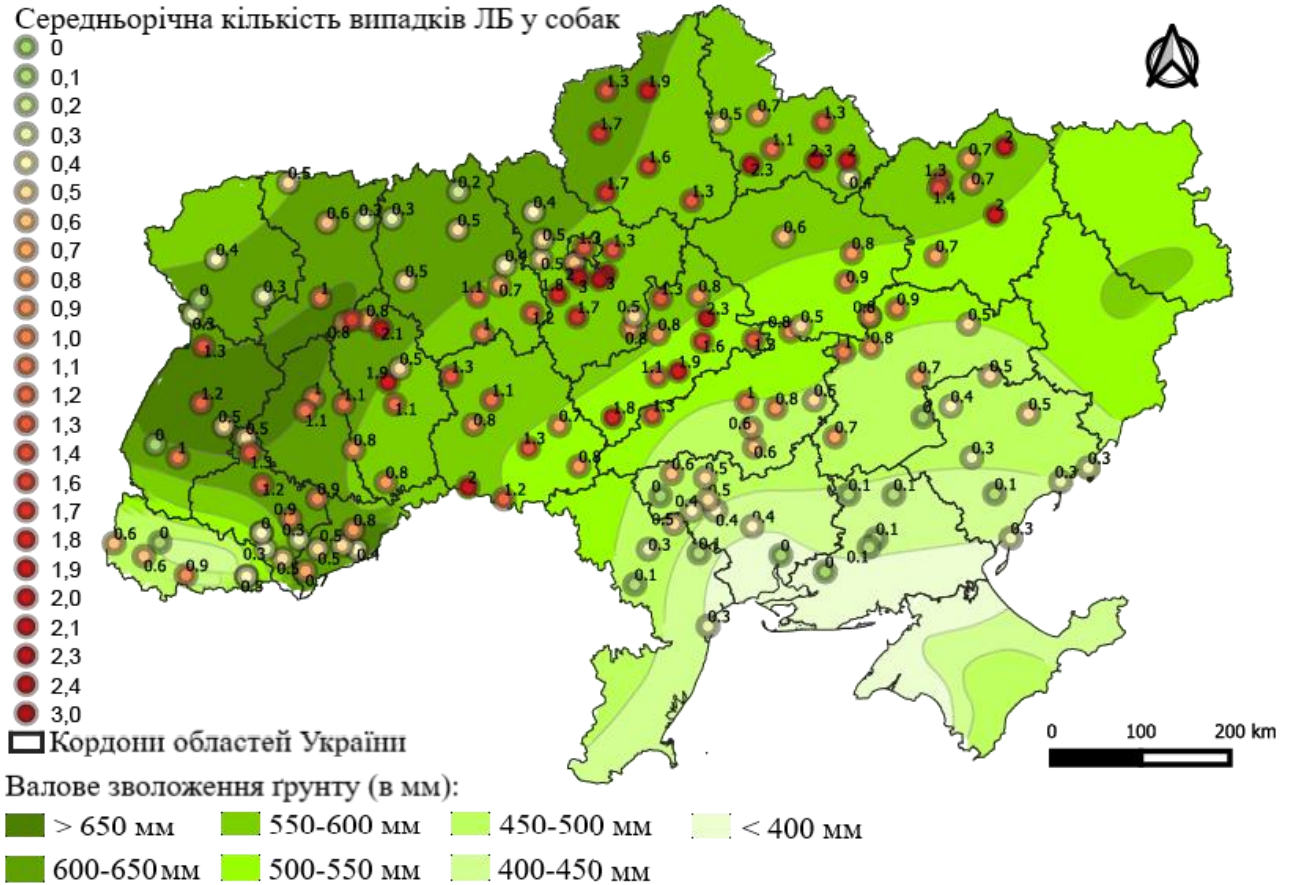
Природні зони і порівнювані групи даних (середня кількість випадків ЛБ у собак на рік, $\pm$ SE)		р-значення
Мішані ліси (0,5 $\pm$ 0,02)	Степ (0,4 $\pm$ 0,05)	0,0263 *
	Українські Карпати (0,5 $\pm$ 0,08)	0,2285
	Широколистяні ліси (1,0 $\pm$ 0,12)	0,187
	Лісостеп (1,2 $\pm$ 0,11)	0,0011 *
Степ (0,4 $\pm$ 0,05)	Українські Карпати (0,5 $\pm$ 0,08)	0,4833
	Широколистяні ліси (1,0 $\pm$ 0,12)	<0.0001 *
	Лісостеп (1,2 $\pm$ 0,11)	<0.0001 *
Українські Карпати (0,5 $\pm$ 0,08)	Широколистяні ліси (1,0 $\pm$ 0,12)	0,0155 *
	Лісостеп (1,2 $\pm$ 0,11)	<0.0001*
Широколистяні ліси (1,0 $\pm$ 0,12)	Лісостеп (1,2 $\pm$ 0,11)	0,0981

*Примітка.* \* –  $p < 0,05$  значення вказує на статистично вірогідну різницю між порівнюваними групами даних захворюваності собак на лайм-бореліоз.

*Поширення лайм-бореліозу собак залежно від валового зволоження ґрунту.* За показником валового зволоження ґрунту (мм в рік) територія України умовно поділена на 7 зон, серед яких виділяються зони з рівнем зволоження менше 400 мм; від 400 до 450 мм; від 450 до 500 мм; від 500 до 550 мм; від 550 до 600 мм; від 600 мм до 650 мм і більше 650 мм, відповідно.

Встановлено, що в зонах з різними показниками валового зволоження ґрунту відрізнялися показники середньої кількості випадків ЛБ собак на рік. Вищі показники захворюваності, від 0,9 $\pm$ 0,09 до 1,2 $\pm$ 0,9 випадків ЛБ на рік, спостерігалися на територіях, що характеризуються діапазоном валового зволоження ґрунту від 500 мм до більш ніж 650 мм. Вдвічі нижчі показники захворюваності на ЛБ собак – 0,4 $\pm$ 0,04 випадки на рік, зафіксовані на територіях з валовим зволоженням ґрунту 450–500 мм та найнижчий середній показник захворюваності – 0,1 $\pm$ 0,04 випадків ЛБ на рік – зафіксовано в зонах з валовим зволоженням ґрунту менше 450 мм.

Результати порівняльного картографічного аналізу поширення лайм-бореліозу в свійських собак вказує на відмінності у розподілі захворювання, які відрізняються в залежності від різних рівнів валового зволоження ґрунту (рис. 3.21).



**Рис. 3.21 Картографічний аналіз поширення лайм-бореліозу собак залежно від валового зволоження ґрунту (мм на рік) на території України**

За результатами порівняння груп даних щодо середньої кількості випадків ЛБ собак за рік, розподілених відповідно до зон валового зволоження ґрунту, виявлено статистично вірогідну різницю між показниками захворюваності ( $p < 0,0001$ ), що підтверджує опосередкований вплив валового зволоження ґрунту на поширення лайм-бореліозу серед собак (табл. 3.12).

Таблиця 3.12

**Поширення лайм-бореліозу собак залежно від валового зволоження ґрунту**

Статистичні дескриптори	Валове зволоження ґрунту (мм)						
	<400	400–450	450–500	500–550	550–600	600–650	>650
n	12	16	55	52	71	60	19
min–max	0–0,3	0,1–0,4	0–1,0	0,5–2,3	0–3,0	0–2,1	0,5–1,3
Медіана, $\pm$ SE	0,1 $\pm$ 0,04	0,1 $\pm$ 0,04	0,4 $\pm$ 0,04	1 $\pm$ 0,1	1,2 $\pm$ 0,09	1 $\pm$ 0,1	0,9 $\pm$ 0,09
Тест Крускала-Уолліса	p<0,0001						

*Примітка.* n – обсяг вибірки (кількість отриманих анкет від ветеринарних фахівців); min – мінімальне та max – максимальне значення середньої кількості випадків ЛБ собак на рік у відповідній зоні валового зволоження ґрунту.

За попарного порівняння груп даних щодо середньої кількості випадків ЛБ собак на рік виявили, як статистично значущі відмінності, так і відсутність вірогідних відмінностей між деякими порівнюваних груп даних (табл. 3.13).

Таблиця 3.13

**Порівняння груп даних показників захворюваності собак лайм-бореліозом на територіях з різними рівнями валового зволоження ґрунту**

Валове зволоження ґрунту (мм) і порівнювані групи даних (середня кількість випадків ЛБ у собак на рік, $\pm$ SE)		р-значення
1		2
<400 (0,1 $\pm$ 0,04)	400–550 (0,1 $\pm$ 0,04)	0,8563
	450–500 (0,4 $\pm$ 0,04)	0,1687
	500–550 (1,0 $\pm$ 0,1)	0,0003 *
	550–600 (1,2 $\pm$ 0,09)	0,0001 *
	600–650 (1,0 $\pm$ 0,1)	0,0113 *
	>650 (0,9 $\pm$ 0,09)	0,0071 *
400–550 (0,4 $\pm$ 0,04)	450–500 (0,4 $\pm$ 0,04)	0,088
	500–550 (1,0 $\pm$ 0,1)	0,0001 *
	550–600 (1,2 $\pm$ 0,09)	<0,0001 *

## Продовження таблиці 3.13

	1	2
400–550 (0,4±0,04)	600–650 (1,0±0,1)	0,0006 *
	>650 (0,9±0,09)	0,0016 *
450–500 (0,4±0,04)	500–550 (1,0±0,1)	0,0001 *
	550–600 (1,2±0,09)	<0,0001 *
	600–650 (1,0±0,1)	0,0186 *
	>650 (0,9±0,09)	0,026 *
500–550 (1,0±0,1)	550–600 (1,0±0,1)	0,7305
	600–650 (1,0±0,1)	0,0282 *
	>650 (0,9±0,09)	0,6529
550–600 (1,0±0,1)	600–650 (1,0±0,1)	0,0026 *
	>650 (0,9±0,09)	0,4948
600–650 (1,0±0,1)	>650 (0,9±0,09)	0,3717

*Примітка.* \* –  $p < 0,05$  значення вказує на статистично вірогідну різницю між порівнюваними групами даних захворюваності собак на лайм-бореліоз.

Встановлено, що поширення ЛБ собак на територіях з валовою вологістю ґрунту понад 500 мм є вірогідно вищою ( $p < 0,0001$ ), ніж на територіях де валове зволоження ґрунту менше 500 мм.

*Поширення лайм-бореліозу собак залежно від середньорічної температури повітря.* За показниками середньорічної температури повітря, територія країни умовно поділяється на 11 зон: менше 3 °С, від 3 до 4 °С, від 4 до 5 °С, від 5 до 6 °С, від 6 до 7 °С, від 7 до 8 °С, від 8 до 9 °С, від 10 до 11 °С, від 11 до 12 °С та вище 12 °С. Наявні дані для аналізу поширення ЛБ охоплюють території із середньорічною температурою повітря від 6–7 °С до 9–10 °С. З інших територій, де середньорічна температура коливається від нижче 3 °С до 5–6 °С, дані не були отримані, оскільки ці регіони розташовані на територіях гірських хребтів Українських Карпат. Також відсутні дані з територій, де спостерігається середньорічна температура повітря від 11–12 °С до більш ніж 12 °С, оскільки ці території знаходяться на Кримському півострові. Недостатньо даних було для статистичної обробки в районах із середньорічною температурою повітря 10–11 °С ( $n=3$ ). Проте, враховуючи поступовий перехід між зонами та

отримання даних з територій, що межують між зонами 10–11 °С та 9–10 °С, дані щодо поширення ЛБ собак були віднесені до зони із середньорічною температурою повітря 9–10 °С.

Встановлено чіткі закономірності поширеності ЛБ собак, які опосередковано залежать від територій з різними середньорічними показниками температури повітря. Найвищі показники захворюваності собак ( $0,9 \pm 0,07$  випадків на рік) спостерігалися на територіях із середньорічною температурою повітря 7–8 °С. Дещо нижчі показники ( $0,8 \pm 0,09$  випадків на рік) зафіксовано в зонах із середньорічною температурою повітря 6–7 °С, без статистично значущої різниці захворюваності між цими територіями ( $p=0,057$ ). Спостерігалось різке зниження рівнів захворюваності собак на ЛБ до  $0,5 \pm 0,07$  випадків в рік на територіях з середньорічною температурою повітря 8–9 °С. Найнижча середня кількість випадків ЛБ серед собак на рік –  $0,1 \pm 0,03$  – спостерігалася в районах з найвищою середньорічною температурою повітря 9–10 °С (рис. 3.22).

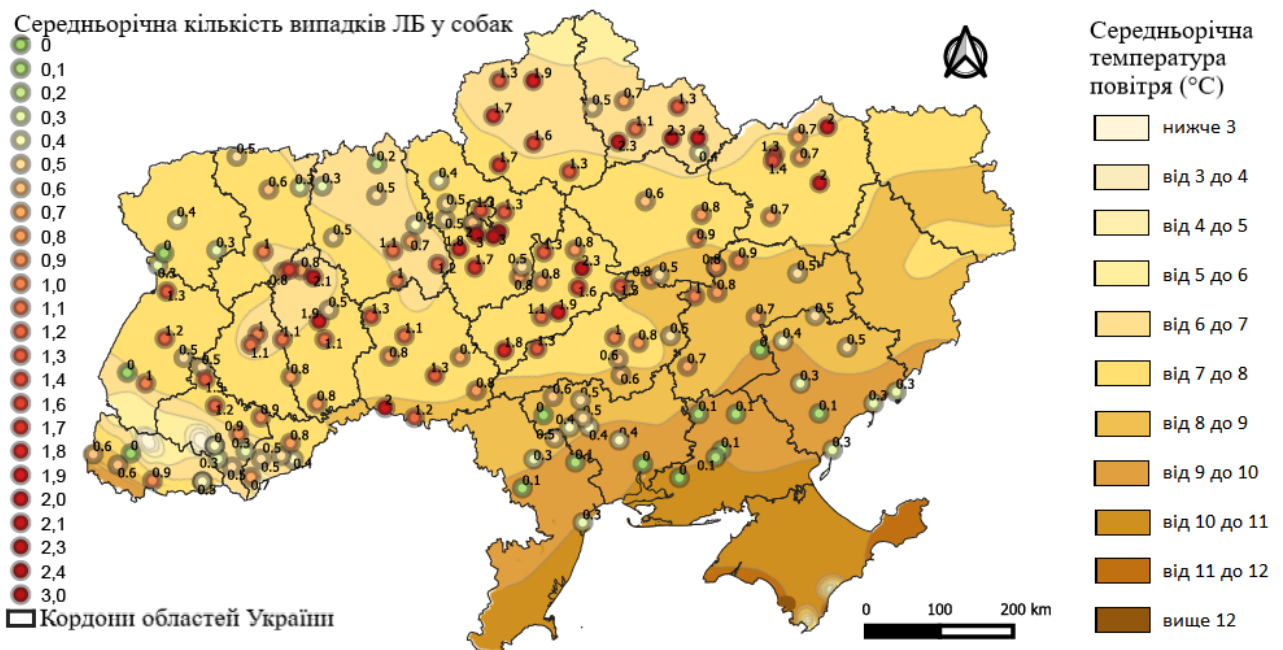


Рис. 3.22 Картографічний аналіз поширеності лайм-бореліозу собак залежно від показників середньорічної температури повітря

Результати порівняння груп даних щодо середньої кількості випадків ЛБ собак за рік, розподілених відповідно за показниками середньорічної температури повітря 6–7°C, 7–8 °C, 8–9 °C та 9–10 °C, вказують на статистично вірогідну різницю ( $p < 0,0001$ ) між групами порівнюваних даних, що підтверджує опосередкований вплив середньорічної температури повітря на поширення ЛБ у свійських собак (табл. 3.14).

Таблиця 3.14

**Поширення лайм-бореліозу собак залежно від показників середньорічної температури повітря**

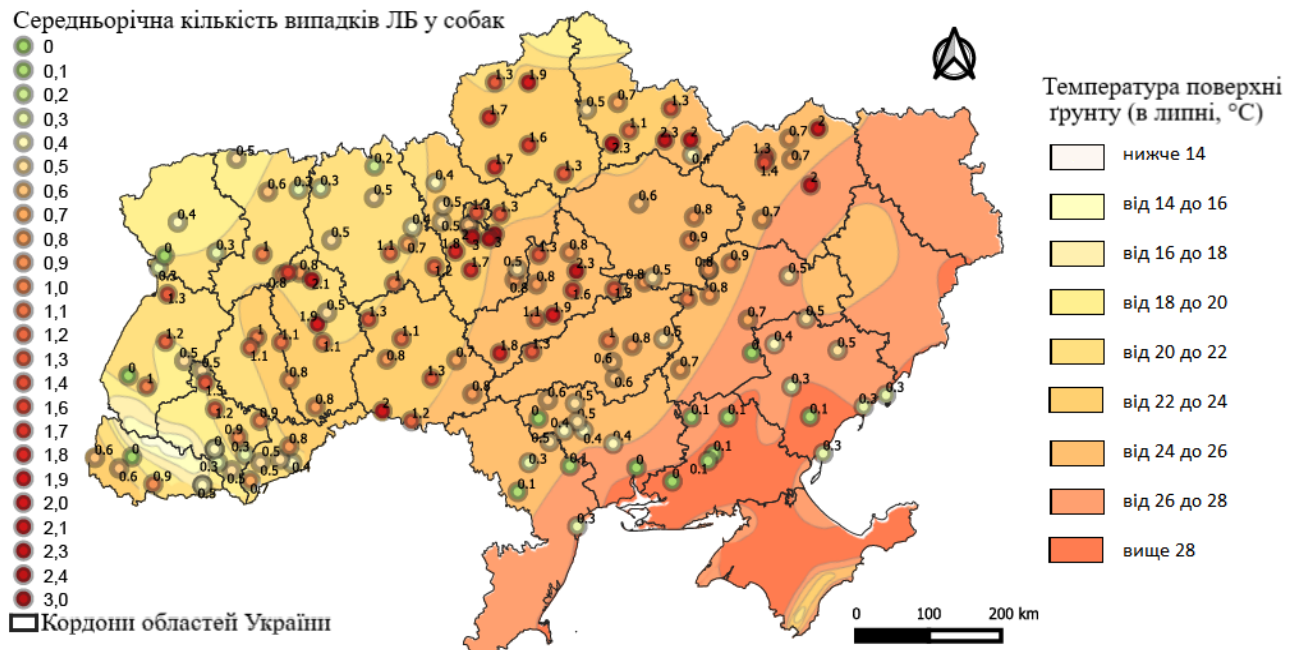
Статистичні дескриптори	Середньорічна температура повітря (°C)			
	6–7	7–8	8–9	9–10
n	78	95	68	44
min–max	0–2,3	0–3,0	0–2,0	0,1–0,4
Медіана, $\pm$ SE	0,8 $\pm$ 0,09	0,9 $\pm$ 0,07	0,5 $\pm$ 0,07	0,1 $\pm$ 0,03
Тест Крускала-Уолліса	$p < 0,0001$			

*Примітка.* n – обсяг вибірки (кількість отриманих анкет від ветеринарних фахівців); min – мінімальне та max – максимальне значення середньої кількості випадків лайм-бореліозу у собак за рік у відповідній зоні середньорічної температури повітря.

Таким чином, результати вказують на те, що території з середньорічною температурою повітря від 6 °C до 8 °C є найбільш сприйнятливими для поширення збудника *B. burgdorferi s.l.* серед собак. І навпаки, території з середньорічною температурою повітря вище 8 °C виявилися менш сприйнятливими для поширення захворювання.

*Поширення лайм-бореліозу в собак залежно від середньої температури поверхні ґрунту в теплу пору року (в липні).* За середньою температурою ґрунту територія України умовно поділяється на 9 зон: менше 14 °C; 14–16 °C; 16–18 °C; 18–20 °C; 20–22 °C; 22–24 °C; 24–26 °C; 26–28 °C та вище 28 °C.

Результати аналізу вказують, що поширення ЛБ собак опосередковано залежить від середньої температури поверхні ґрунту в теплу пору року (в липні), подібно до залежності від температури повітря та валового зволоження ґрунту. Найвищий показник середньої кількості випадків лайм-бореліозу в собак ( $1,2 \pm 0,11$  випадки на рік) спостерігається на територіях, де середня температура поверхні ґрунту в липні коливається від 22 до 24 °С. Натомість, у регіонах з показниками середньої температури поверхні ґрунту понад 28 °С, зафіксовано найнижчу середню кількість випадків ЛБ у собак на рік –  $0,1 \pm 0,04$ . Дані щодо поширеності ЛБ собак в Українських Карпатах, де температура поверхні ґрунту коливається від  $<14$  °С до 16–18 °С, відсутні (рис. 3.23).



**Рис. 3.23 Картографічний аналіз поширення лайм-бореліозу собак залежно від середньої температури поверхні ґрунту в теплу пору року (в липні)**

Порівняння між групами даних середньої кількості випадків хвороби Лайма у собак на рік, розподілених за показниками середньої температури ґрунту, показало статистично вірогідну різницю між всіма групами ( $p < 0,0001$ ).

У результаті парного порівняння груп даних з близькими значеннями медіан, які належали до зон із середньою температурою поверхні ґрунту 20–



22 °C ( $0,65 \pm 0,08$  випадків на рік) та 18–20 °C ( $0,05 \pm 0,01$  випадки на рік), було виявлено незначну різницю в залежній змінній ( $p=0,053$ ). Водночас, між групою даних, що належала до зони з середньою температурою поверхні ґрунту 20–22 °C ( $0,65 \pm 0,08$  випадків на рік), та групою даних із зони з середньою температурою 24–26 °C ( $0,8 \pm 0,08$  випадків на рік) статистично значущої різниці не спостерігалось ( $p=0,165$ ) (табл. 3.15).

Таблиця 3.15

**Поширення лайм-бореліозу собак залежно від середньої температури  
поверхні ґрунту в теплу пору року (в липні)**

Статистичні дескриптори	Середня температура поверхні ґрунту (°C)					
	18–20	20–22	22–24	24–26	26–28	>28
n	31	57	61	71	45	20
min–max	0–1,3	0,2–2,1	0,4–3,0	0–2,3	0–0,7	0–0,3
Медіана, $\pm$ SE	$0,5 \pm 0,01$	$0,65 \pm 0,08$	$1,2 \pm 0,11$	$0,8 \pm 0,08$	$0,4 \pm 0,07$	$0,1 \pm 0,04$
Тест Крускала- Уолліса	$p < 0,0001$					

*Примітка.* n – обсяг вибірки (кількість отриманих анкет від ветеринарних фахівців); min – мінімальне та max – максимальне значення середньої кількості випадків лайм-бореліозу в собак на рік у відповідній зоні середньої температури поверхні ґрунту.

Отже, результати порівняльного картографічного та статистичного аналізів підтверджують, що поширення лайм-бореліозу серед собак опосередковано залежить від низки кліматичних чинників, таких як температура ґрунту і повітря, зволоження ґрунту та природні зональні умови, в яких вони поєднуються.

### **3.3.3 Клінічні прояви, діагностика та антибіотикотерапія лайм-бореліозу в собак в Україні**

За результатами аналізу повідомлень опитаних фахівців ветеринарної медицини встановили, що практично найпоширенішою клінічною формою лайм-

бореліозу серед собак є лайм-артрит, який фахівці ветеринарної медицини спостерігали у 91,6 % (251 з 274) діагностованих випадків. Частка згадок про лайм-артрит була вірогідно вищою, ніж про інші клінічні форми ЛБ ( $p < 0,0001$ ). Однаково менш поширеними формами лайм-бореліозу, про які повідомляли фахівці ветеринарної медицини, були лайм-нефрит (103 з 274; 37,6 %) та нейробореліоз (92 з 274; 33,6 %), без вірогідної різниці між ними ( $p = 0,9815$ ). Натомість про симптоми лайм-кардиту респондентами повідомлялося найрідше (4 з 274; 1,5 %). В 15,3 % (42 з 274) випадків ветеринарні лікарі спостерігали почервоніння в місці укусу кліща (рис. 3.24).

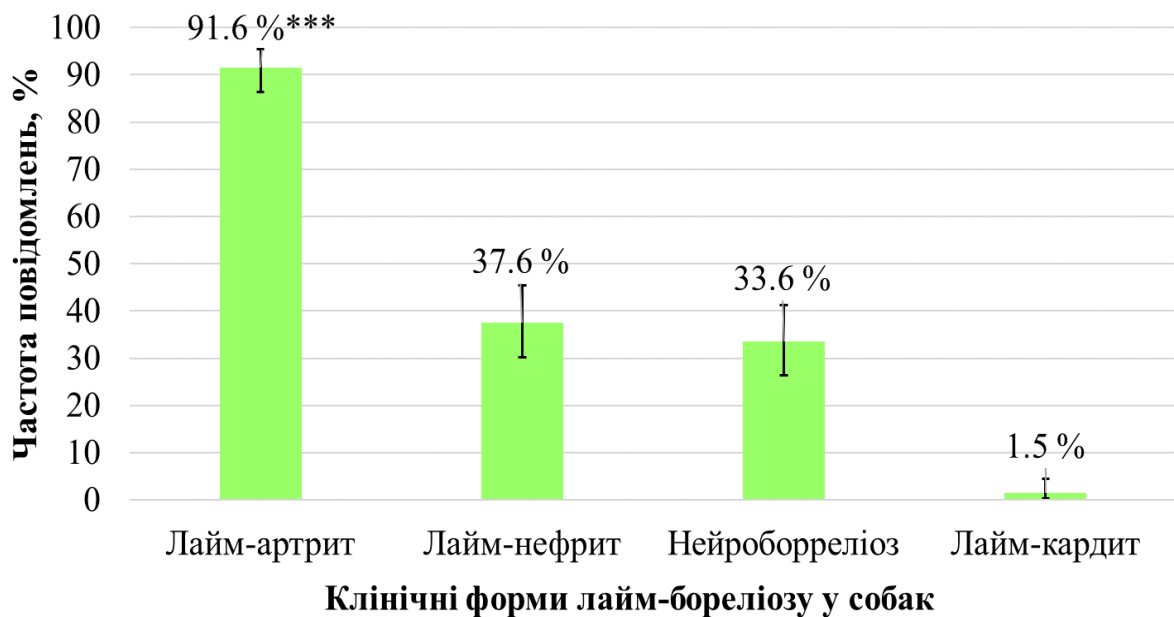


Рис. 3.24 Частота повідомлень фахівців ветеринарної медицини про клінічні форми прояву лайм-бореліозу в собак (n=274)

*Примітка.* \*\*\* –  $p < 0,001$  значення вказує на статистично вірогідну більшу частоту згадок про лайм-артрит порівняно з іншими клінічними формами.

Результати аналізу даних опитування фахівців ветеринарної медицини щодо методів діагностики ЛБ у собак показав, що для підтвердження діагнозу більшість респондентів (86 з 274; 31,4 %) використовували швидкі тести (ІХА). Дещо менше ветеринарів повідомили про використання ІФА та ІХА (62 з 274; 22,6 %), 17,9 % опитаних фахівців ветеринарної медицини (49 з 274)

діагностували ЛБ у собак за допомогою методу ІФА. Також 1,5 % респондентів (4 з 274) застосовували для діагностики імуноблотинг.

Загалом більшість фахівців ветеринарної медицини (201 з 274; 73,4 %) діагностували лайм-бореліоз застосовуючи серологічні методи. Натомість молекулярні методи (ПЛР) застосовували для діагностики ЛБ 10,6 % респондентів (29 з 274). Комбінацію молекулярних та серологічних методів використовували 8,0 % опитаних фахівців ветеринарної медицини (22 з 274), ще 7,3 % респондентів повідомили, що використовували ІХА, ІФА та ПЛР (20 з 274). Деякі фахівці ветеринарної медицини (2 з 274; 0,7 %) вказали в анкетах, що діагностували лайм-бореліоз у собак лише на основі клінічних проявів захворювання: артрит, кульгавість, лихоманка, збільшення лімфатичних вузлів (рис. 3.25).

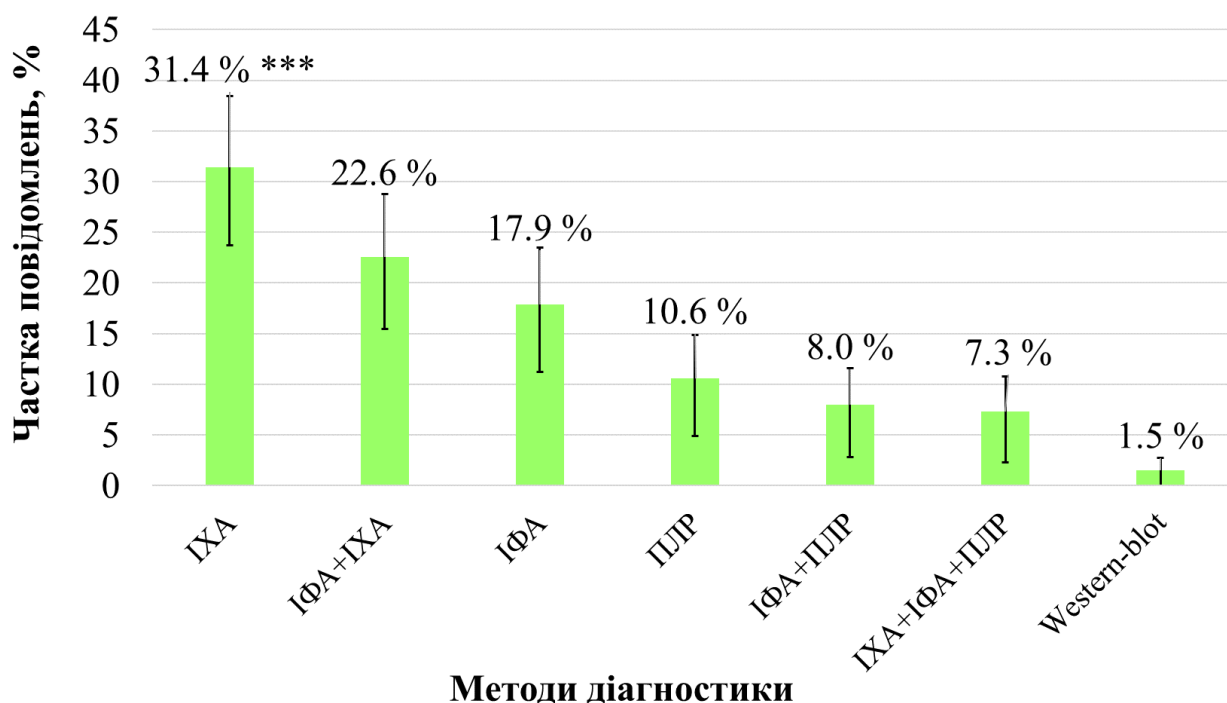


Рис. 3.25 Частота застосування фахівцями ветеринарної медицини різних методів діагностики лайм-бореліозу в собак (n=274)

*Примітка.* \*\*\* –  $p < 0,001$  значення вказує на статистично вірогідну більшу частоту застосування серологічного методу ІХА порівняно з іншими методами для діагностики лайм-бореліозу в собак.

Для лікування собак за лайм-бореліозу фахівці ветеринарної медицини найчастіше використовують бета-лактамі антибіотики. Зокрема, 79,9 % (219 з 274) респондентів повідомили про використання антибіотиків тетрациклінового ряду, 18,6 % (51 з 274) – цефалоспоринів, 10,6 % респондентів (29 з 274) повідомляли про застосування пеніцилінів. Антибіотики групи макролідів використовують 14,6 % фахівців ветеринарної медицини (40 з 274); аміноглікозиди – 7,9 % (22 з 274); карбапенеми – 2,6 % (7 з 274) і один респондент повідомив про використання лінкозамідів (1 з 274; 0,4 %) (рис. 3.26).

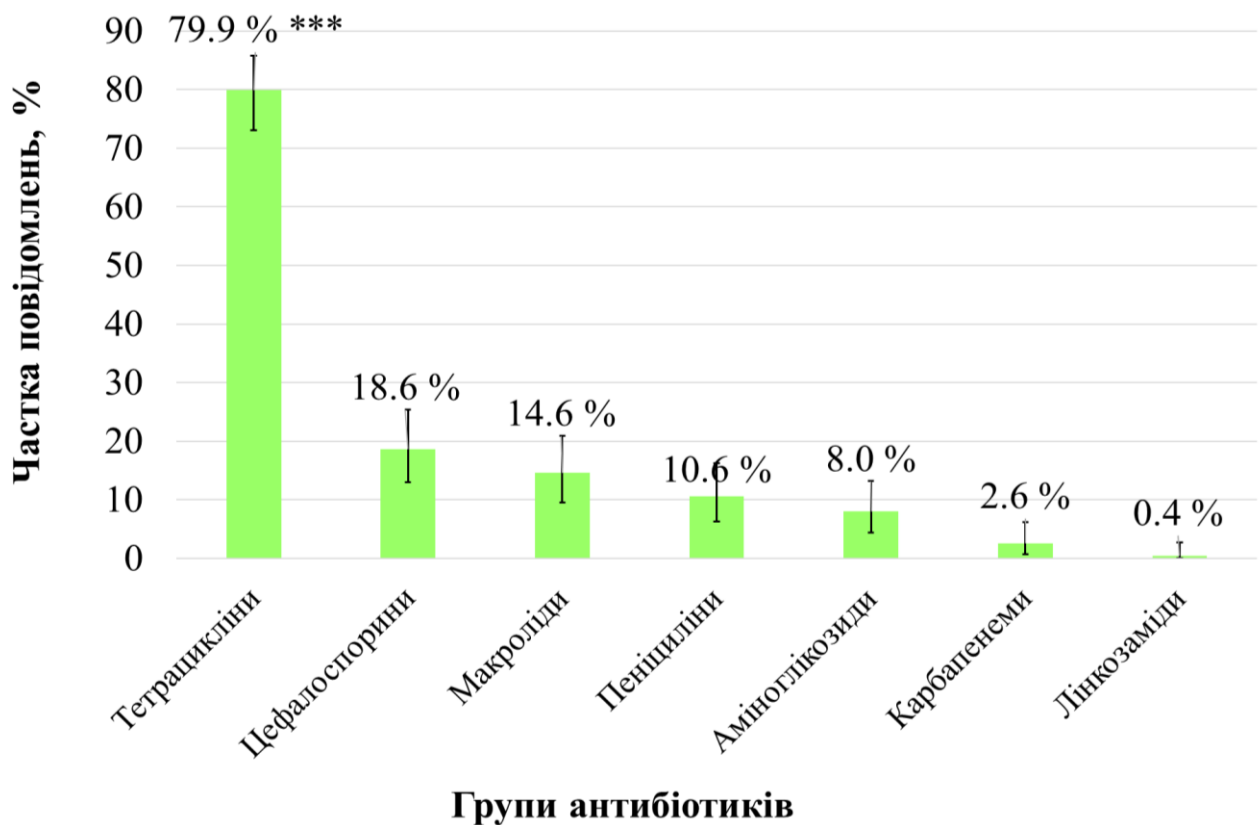


Рис. 3.26 Частота використання фахівцями ветеринарної медицини різних груп антибіотиків для лікування собак за лайм-бореліозу (n=274)

*Примітка.* \*\*\* –  $p < 0,001$  значення вказує на статистично вірогідну більшу частоту застосування антибіотиків тетрациклінового ряду для лікування собак за лайм-бореліозу.

Аналіз даних опитування показав, що на практиці фахівці ветеринарної медицини частіше у собак реєструють прояви лайм-артриту. Рідше респонденти

спостерігали лайм-нефрит та нейробореліоз. Крім того, практично кожен шостий випадок лайм-бореліозу в собак супроводжується почервонінням на місці укусу кліща. Частіше для діагностики ЛБ у собак застосовували серологічні методи. Основним терапевтичним вибором для лікування собак за ЛБ були антибіотики тетрациклінового ряду, хоча про використання інших груп антимікробних препаратів також повідомлялося.

### 3.3.4 Серопревалентність до *B. burgdorferi s.l.* серед популяцій свійських та безпритульних собак

На першому етапі серологічного скринінгу методом напівкількісного ІФА дослідили 351 зразок сироватки крові собак на наявність антитіл до генотипів *B. burgdorferi s.s.*, *B. afzelii* та *B. garinii*, з них 183 зразки, отриманих від безпритульних собак та 168 зразків від свійських собак.

За результатами ІФА виявили 14 серопозитивних та 10 сумнівних зразків сироваток крові, які належали безпритульним собакам (рис. 3.27).

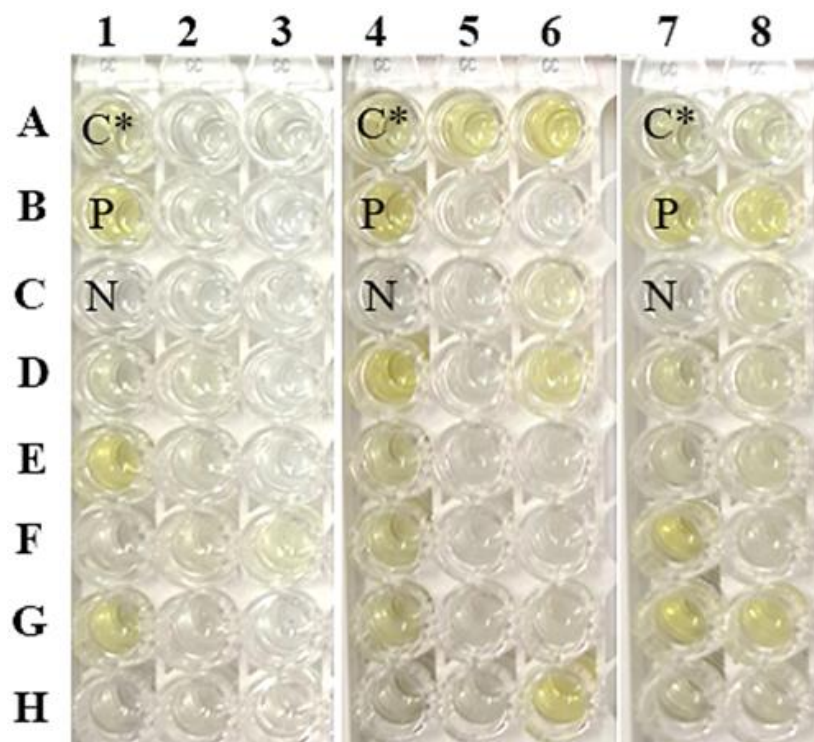


Рис. 3.27 Реакція ІФА з сироватками крові собак

Примітка. С\* – розчин калібрування;

Р – позитивний контроль; N – негативний контроль.

Співвідношення оптичної щільності позитивних зразків до калібрувального розчину перевищувало 1,1 і коливалося в межах 1,236–2,825. Співвідношення оптичної щільності сумнівних зразків до калібрувального розчину було в межах 0,814–0,946 (табл. 3.16).

Таблиця 3.16

**Інтерпретація результатів ІФА-тестування сироваток крові собак на антитіла класу IgG до генотипів *B. burgdorferi s.s.*, *B. afzelii* та *B. garinii***

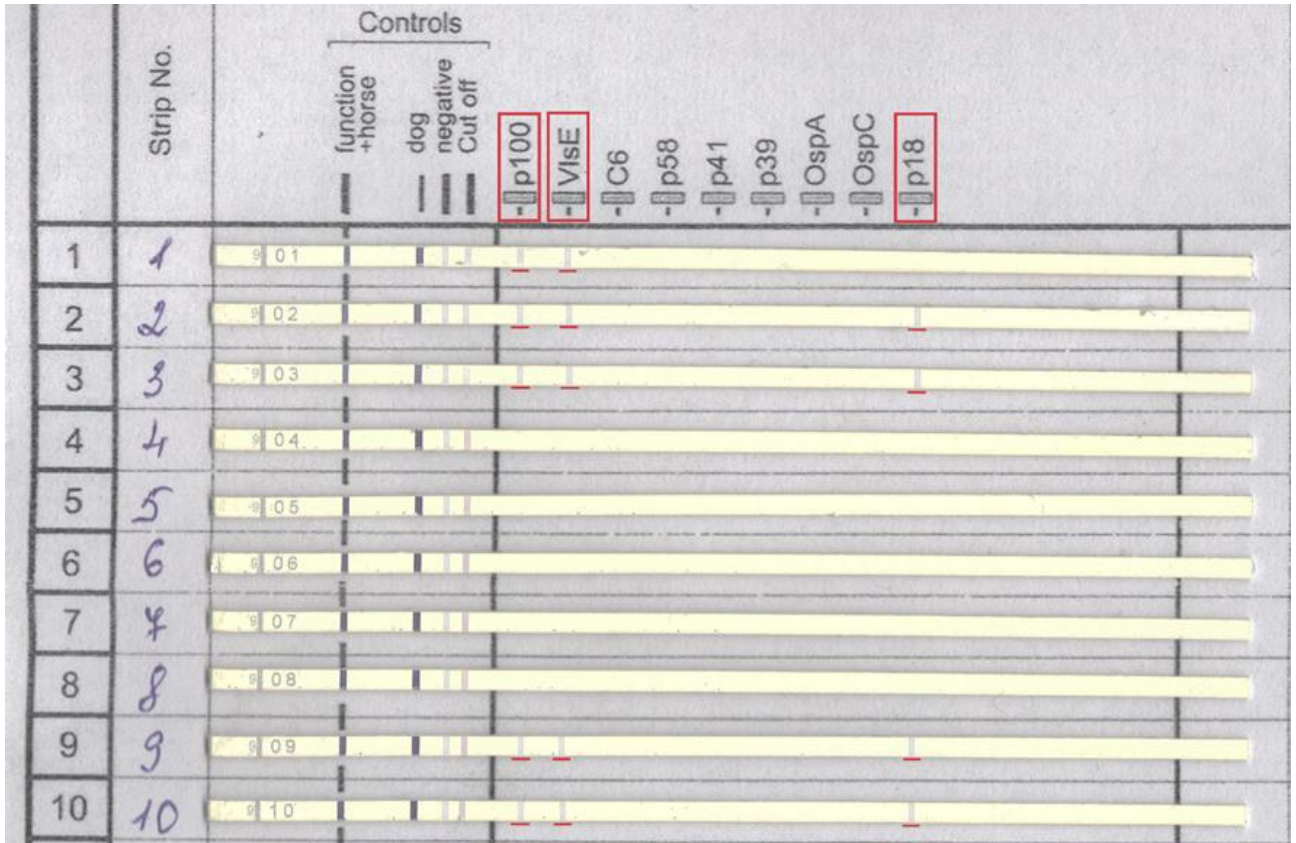
Ряд	Співвідношення оптичної щільності розчину калібрування та зразків							
	1	2	3	4	5	6	7	8
A	0,320 <sup>C</sup>	0,175	0,247	0,326 <sup>C</sup>	1,236*	2,653*	0,295 <sup>C</sup>	0,839**
B	0,654 <sup>P</sup>	0,197	0,088	0,683 <sup>P</sup>	0,227	0,107	0,644 <sup>P</sup>	2,247*
C	0,025 <sup>N</sup>	0,144	0,134	0,023 <sup>N</sup>	0,199	0,819**	0,023 <sup>N</sup>	0,826**
D	0,887**	0,858**	0,131	2,825*	0,328	1,939*	0,822**	0,946**
E	2,197*	0,241	0,122	1,436*	0,107	0,169	0,468	0,917**
F	0,200	0,826**	0,814**	1,834*	0,126	0,215	1,417*	0,302
G	1,653*	0,096	0,106	1,724*	0,172	0,276	2,603*	1,834*
H	0,197	0,288	0,266	0,267	0,218	1,721*	0,492	0,390

*Примітка.* С – розчин калібрування; Р – позитивний контроль; N – негативний контроль; \* Позитивні зразки (відношення оптичної щільності  $\geq 1,1$ ); \*\* Сумнівні зразки (відношення оптичної щільності від  $\geq 0,8$  до  $< 1,1$ ); всі інші непозначені зразки є негативними (відношення оптичної щільності  $< 0,8$ ).

Серед зразків сироваток крові отриманих від свійських собак позитивних або сумнівних результатів ІФА не встановлено.

На наступному етапі серологічного скринінгу провели розмежування специфічних та неспецифічних реакцій ІФА сумнівних зразків за допомогою Line Blot аналізу. Результати Line Blot аналізу вказали на присутність антитіл до високоспецифічних поверхневих білків *B. burgdorferi s.l.* у 5 з 10 ІФА-сумнівних зразків сироваток крові безпритульних собак. В одному з п'яти зразків сироватки виявлено антитіла до поверхневих білків борелій p100 і VlsE, в решти чотирьох зразках – до поверхневих білків борелій p100, VlsE і p18. Також вказані

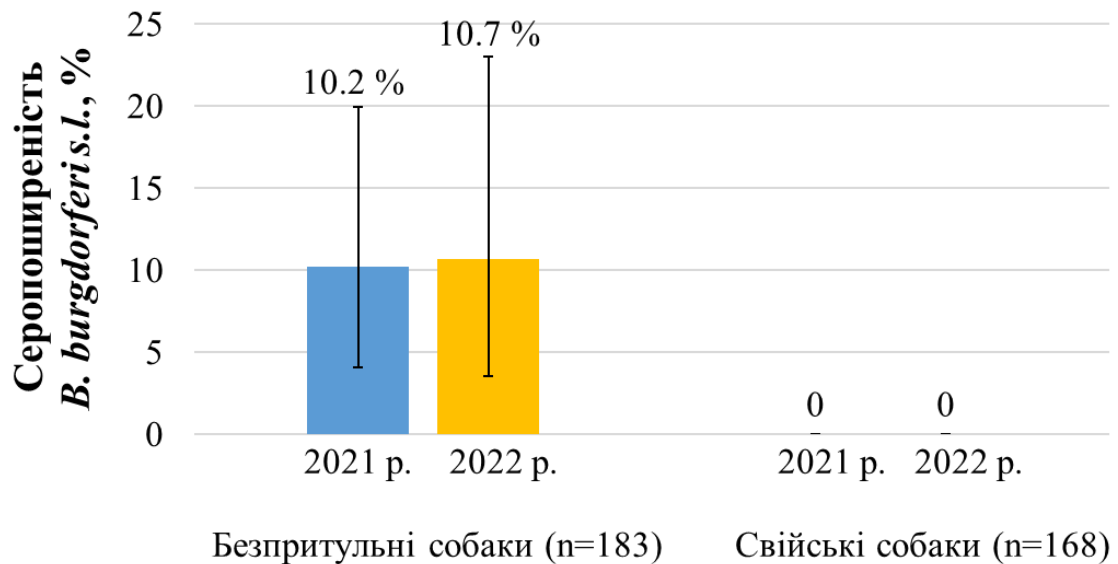
комбінації позитивних реакцій Line Blot на високоспецифічні поверхневі білки підтверджують природне інфікування безпритульних собак *B. burgdorferi s.l.* (рис. 3.28).



**Рис. 3.28 Результати Line Blot аналізу десяти ІФА-сумнівних зразків сироваток крові безпритульних собак**

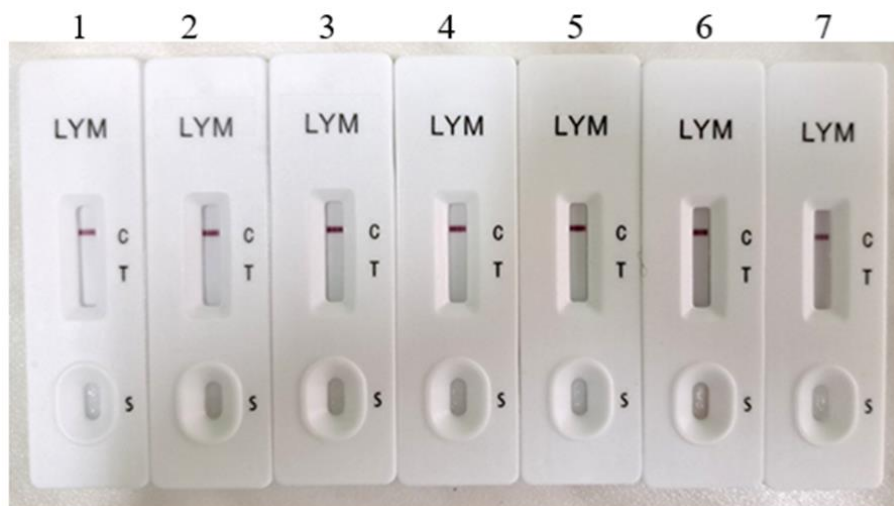
*Примітка.* Червоними прямокутниками позначені назви високоспецифічних білків; червоні лінії під тест-смужками – позитивні реакції антитіл на антиген; 1, 2, 3, 9, 10 – позитивні зразки; 4, 5, 6, 7, 8 – негативні зразки.

Отже, оцінка серопревалентності *B. burgdorferi s.l.* у популяціях свійських та безпритульних собак в урбанізованому середовищі м. Біла Церква Київської області показала, що у 2021 році серопревалентність серед безпритульних собак становила 10,2 % (11/108). У 2022 році серопревалентність дещо зросла до 10,7 %, (8/75) без статистично значущої різниці між двома роками ( $p=0,9164$ ). Натомість, антитіла до *B. burgdorferi s.l.* в сироватках крові отриманих від популяції свійських собак, не були виявлені (рис. 3.29).



**Рис. 3.29 Серопоширеність *B. burgdorferi s.l.* серед популяцій безпритульних та свійських собак в м. Біла Церква Київської області (2021–2022 роки)**

Щоб оцінити можливість використання швидких тестів для серологічного скринінгу, нами протестовано раніше серопозитивні сироватки від безпритульних собак (n=19) за допомогою методу ІХА. В результаті всі швидкі тести ІХА показали негативні результати на антитіла до *B. burgdorferi s.l.* (рис. 3.30).



**Рис. 3.30 Негативні результати швидких тестів ІХА сироваток безпритульних собак на антитіла до *B. burgdorferi s.l.***



Отже, негативні результати ІХА-тестування попередньо позитивних зразків сироваток крові безпритульних собак можуть вказувати на потенційне обмеження чутливості швидких тестів. Це потребує подальшого вивчення специфічності, чутливості та можливостей дослідження серопоширеності антитіл до *B. burgdorferi s.l.* у собак за допомогою методу ІХА.

### **3.4 Клінічні випадки лайм-артриту в собак**

Клінічні випадки ЛБ собак детально описані та проаналізовані у вигляді двох звітів про випадки захворювання. Спостережні дослідження описані в хронологічному порядку, включаючи маніпуляції з тваринами та результати їх обстеження.

*Випадок № 1 (собака № 1).* Анамнез: сука, породи ротвейлер, 1 р. 9 міс., масою тіла 42 кг, Київ, Україна. Собака утримується у вольєрі, періодично тварину вигулюють у паркових та лісопаркових зонах міста. Тварина була щеплена від інфекційних хвороб: чуми, аденовірозу, інфекційного гепатиту, парвовірозу, парагрипу, лептоспірозу та сказу, щеплень проти ЛБ не проводили. За словами власника, на тварині кліщів не було помічено. Остання профілактична обробка від ендо- та ектопаразитів була проведена за чотири місяці до того, як власник з твариною звернулися до ветеринарної клініки зі скаргами про періодичну кульгавість на праву тазову кінцівку упродовж останнього місяця.

*Результати клінічного огляду собаки № 1.* Під час огляду встановлено, що тварина перебувала у пригніченому стані, температура тіла була в межах норми (38,5 °C). Видимі слизові оболонки та поверхневі лімфатичні вузли в межах норми. При огляді кінцівок виявлено болючість та припухлість правого колінного суглоба, позитивний передній висувний тест колінного суглоба та крепітацію при згинанні правої кінцівки. Під час первинного обстеження інших відхилень не виявлено. За результатами обстеження було встановлено первинний діагноз – підозра на розтягнення/розрив зв'язок правого колінного суглоба. Для уточнення діагнозу призначені додаткові діагностичні

дослідження, зокрема комп'ютерна томографія (КТ) тазових кінцівок, загальний аналіз крові, кількісний аналіз на С-реактивний білок. Для лікування собаці було призначено прийом нестероїдного протизапального препарату Сimalgex (діюча речовина – симікоксиб) у дозі 80 мг один раз на добу впродовж семи діб та обмеження фізичної активності. Ефективність лікування планувалося проконтролювати через сім діб.

*Результати додаткових діагностичних досліджень собаки № 1.* Результати загального клінічного аналізу крові собаки вказав на незначну тенденцію підвищення середнього об'єму еритроцитів – 73,1 пг за максимальної фізіологічної норми 72 пг, гематокриту – 57 % за верхньої межі норми 56 % і відносної кількості лімфоцитів – 32 % за верхньої межі фізіологічної норми 30 %. Результат аналізу сироватки крові на білкові маркери гострої фази запалення – С-реактивний білок відповідав фізіологічній нормі – 4,9 мг/л. Обстеження тазових кінцівок собаки за допомогою КТ вказало на ознаки остеоартрозу та тендосиновіїту у правому та лівому колінних суглобах (табл. 3.17).

Таблиця 3.17

### Результати комп'ютерної томографії тазових кінцівок в собаки № 1

Показник	Опис результатів КТ	
	права тазова кінцівка	ліва тазова кінцівка
КТ тазових кінцівок:		
Щільність кісткових структур	не змінені	
Цілісність кісткових структур	не змінені	
М'які тканини	збільшення об'єму, щільності тканин та зміщення жирового тіла в області колінних суглобів	
Колінні суглоби	ознаки формування множинних остеофітів та ентезіофітів на рівні колінного суглобу з ділянками склерозу суглобової поверхні великогомілкової кістки	ознаки формування множинних остеофітів та ентезіофітів на рівні колінного суглобу

За результатами додаткових діагностичних досліджень було встановлено попередній діагноз: остеоартроз колінних суглобів з ознаками запалення суглобової оболонки. Початковий діагноз розтягнення/розрив зв'язок правого колінного суглоба був виключений, оскільки на КТ не було виявлено ознак пошкодження зв'язок. Клінічний аналіз крові та аналіз сироватки на С-реактивний білок не виявили ознак активного запалення. Для визначення причини стійких симптомів та диференціальної діагностики було проведено ІФА сироватки крові на антитіла до *Brucella canis* та *B. burgdorferi s.l.*, а також кількісний ПЛР-аналіз синовіальної рідини з уражених суглобів для визначення наявності ДНК *B. burgdorferi s.l.* Результати ІФА були негативними як на антитіла до *B. canis*, так і на антитіла до *B. burgdorferi s.l.* Однак кількісний ПЛР-аналіз синовіальної рідини з суглобів вказав на наявність ДНК *B. burgdorferi s.l.*

*Випадок № 2 (собака № 2).* Анамнез: кобель, лабрадор-ретривер, віком 2,5 років, масою тіла 31 кг. Вигул собаки проходить активно з фізичним навантаженням на спеціалізованих вигульних майданчиках, в парках, лісопаркових зонах, лісопосадках міста Києва. Собака був щеплений проти чуми, аденовірозу, інфекційного гепатиту, парвовірозу, парагрипу, лептоспірозу та сказу, проти ЛБ не щеплений. Зі слів власника кліщової інвазії на тварині не спостерігалось. Остання профілактична обробка собаки від ендо- та ектопаразитів була проведена за чотири місяці до прийому тварини.

*Результати клінічного огляду собаки № 2.* За первинного огляду собаки відмічали: пригнічення, температура тіла 38,8 °С, видимі слизові оболонки та поверхневі лімфатичні вузли у фізіологічних межах. У собаки спостерігалась періодична короткочасна кульгавість на тазові кінцівки протягом останніх двох місяців, до звернення в клініку, які супроводжується апатією та зниженням апетиту. За огляду тазових кінцівок встановлено гіпермобільність колінних чашечок у бік медіального вивиху, болючість та невеликий набряк в ділянці цих суглобів. Як і в першому випадку, попередній діагноз – підозра на розтягнення зв'язок колінних суглобів внаслідок травми. Для встановлення остаточного діагнозу були призначені додаткові діагностичні дослідження, зокрема:

розгорнутий клінічний аналіз крові, кількісний аналіз на С-реактивний білок, КТ колінних суглобів, ІФА на антитіла проти *B. canis* та *B. burgdorferi s.l.*, ПЛР-аналіз синовіальної рідини з уражених колінних суглобів для виявлення ДНК *B. burgdorferi s.l.*, і додатково цитологічне дослідження ліквору. Призначено курс лікування нестероїдним протизапальним засобом Сіналгех в дозі 80 мг 1 раз добу упродовж семи діб. Також було рекомендовано знизити фізичне навантаження та тривалість прогулянок.

*Результати додаткових діагностичних досліджень собаки № 2.*

За результатами додаткових діагностичних досліджень і, зокрема розгорнутого клінічного аналізу крові собаки не було виявлено клінічних відхилень від фізіологічних меж. Аналіз сироватки крові на білкові маркери гострої фази запалення показав, що вміст С-реактивного білка був – 4,49 мг/л і відповідав нормі. За результатами цитологічного аналізу, в зразку спино-мозкової рідини патологічних змін не виявлено: встановлено помірну кількість лейкоцитів різного ступеня зрілості, невелику кількість еритроцитів, поодинокі клітини мезотелію без особливостей. Атипових клітин не виявлено.

Обстеження тазових кінцівок за допомогою КТ вказало на остеоартроз колінних суглобів з ознаками синовіту (більше вираженого зліва) (табл. 3.18, рис. 3.31).

*Таблиця 3.18*

**Результати комп'ютерної томографії тазових кінцівок у собаки № 2**

Показник	Опис результатів КТ	
	права тазова кінцівка	ліва тазова кінцівка
Щільність кісткових структур	не змінена	
Цілісність кісткових структур	не змінена	
М'які тканини	збільшення об'єму синовіальної сумки колінного суглобу	
Колінний суглоб	візуалізується помірна кількість остеофітів, суглобова поверхня нерівна з ділянками склерозу	

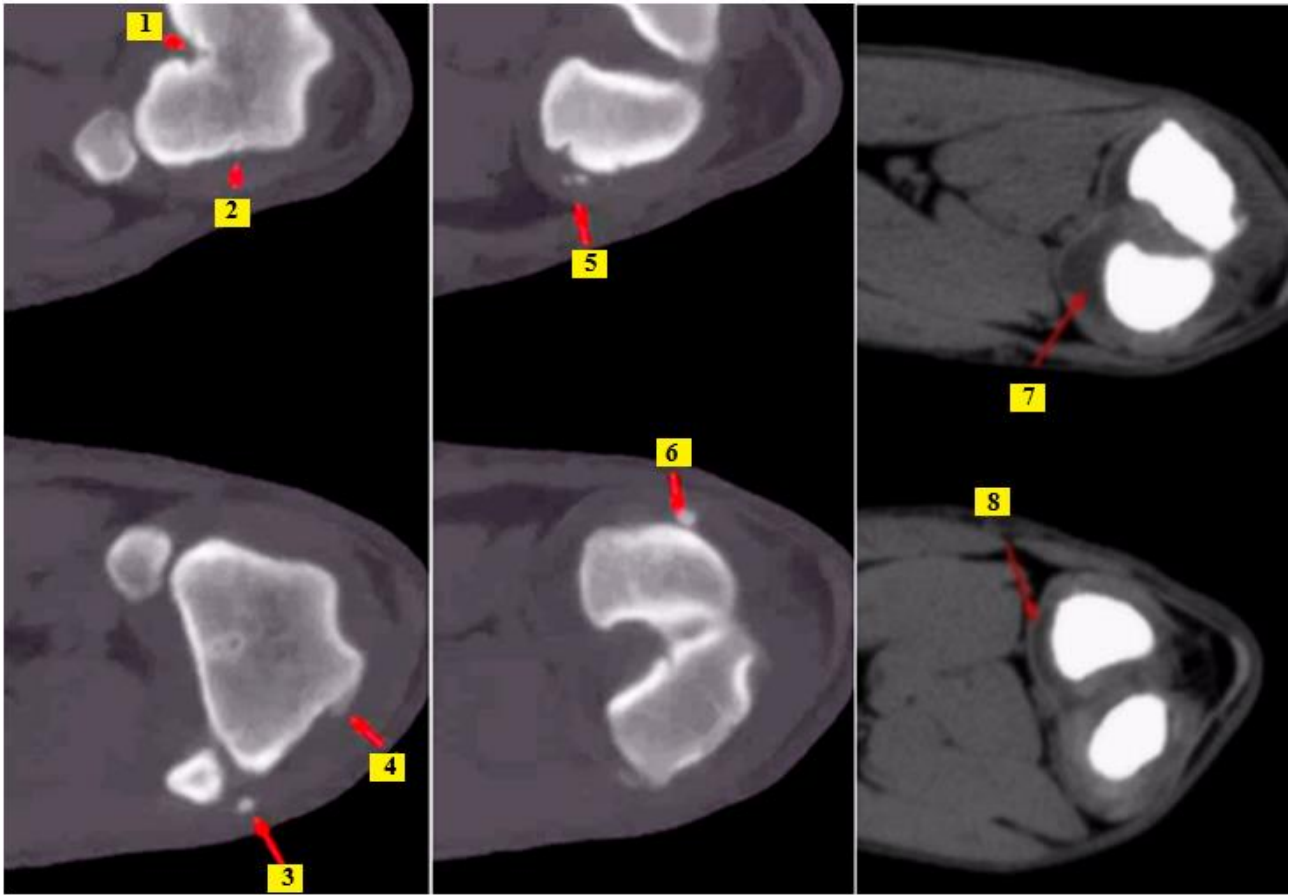


Рис. 3.31 Остеоартроз колінного суглоба з ознаками синовііту в собаки № 2

*Примітка.* 1, 2 – нерівність суглобової поверхні з ділянками некрозу;  
3, 4, 5, 6 – остеофіти; 7, 8 – збільшення об'єму синовіальної сумки.

Результати ІФА на антитіла до *B. burgdorferi s.l.* були негативними на IgM та сумнівними на IgG. Результат ІФА на антитіла до *B. canis* – негативний.

Як і в собаки № 1, у собаки № 2 результати кількісного ПЛР-тесту синовіальної рідини з обох суглобів на наявність ДНК *B. burgdorferi s.l.* були позитивними.

Для лікування собак за ЛБ був призначений курс доксицикліну у дозі 100 мг 1 раз на добу, тривалістю 30 діб, продовження симптоматичного лікування нестероїдним протизапальним препаратом Сіналгех (діюча речовина сімікоксиб) у дозі 80 мг 1 раз добу та обмеження фізичної активності.

Через два тижні було проведено моніторинг ефективності лікування. В обох собак відзначали покращення загального стану. У собаки № 1 набряк

правого колінного суглоба відсутній, позитивний передній висувний тест колінного суглоба і крепітація при згинанні кінцівки залишилися без змін; правий колінний суглоб у межах фізіологічної норми, як і при первинному огляді. У собаки № 2 набряк колінних суглобів відсутній, гіпермобільність колінних суглобів залишилася такою ж, як і при первинному огляді. У висновку в обох собак відзначено позитивну динаміку лікування лайм-артритів антибіотиком доксицикліном в комбінації з нестероїдним протизапальним препаратом Cimalgex.

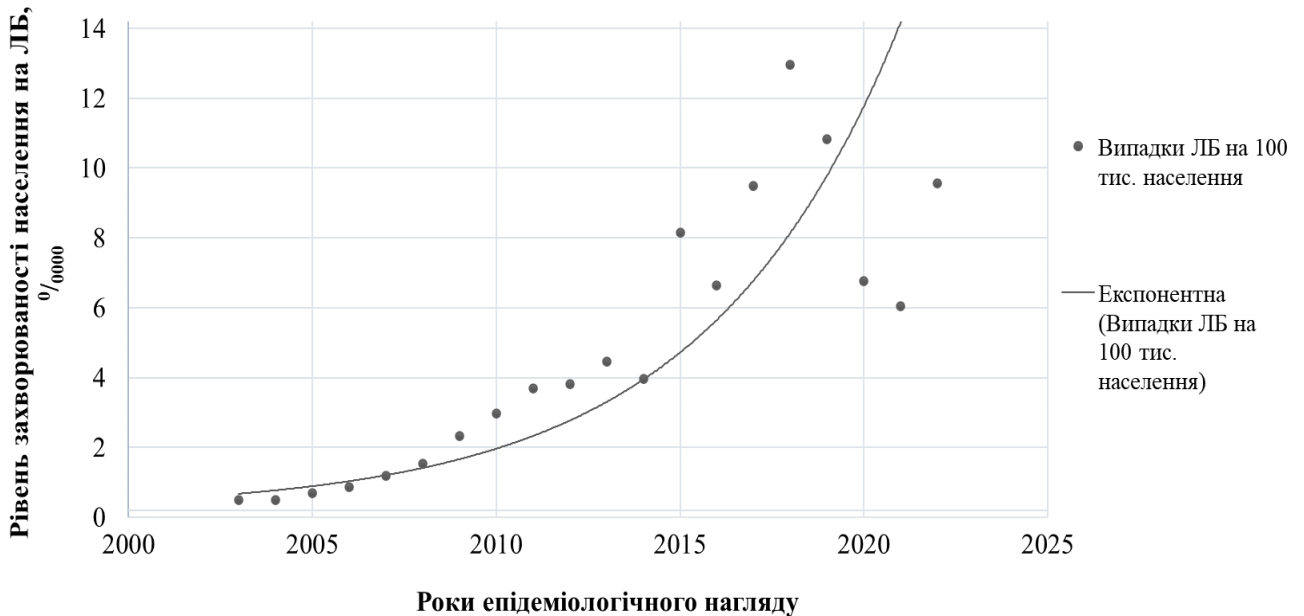
Аналіз описаних клінічних випадків ЛБ у собак підкреслює, що лайм-артрит може проявлятися у вигляді періодичної кульгавості, яка супроводжується болем та набряками суглобів кінцівок. В обох випадках збір анамнезу, клінічний огляд, результати інструментальних і лабораторних досліджень дозволили виключити травматичні ушкодження кінцівок, інші інфекції патології та неврологічні розлади. Пряма ПЛР ідентифікація ДНК *B. burgdorferi s.l.* у синовіальній рідині, відповідно до сучасних діагностичних критеріїв та модифікованих постулатів Коха 21 століття, стала вирішальним фактором у верифікації лайм-артриту, що підтверджує ефективність даного підходу у практиці ветеринарної медицини.

### **3.5 Епідемічна ситуація і кореляція між захворюваністю на лайм-бореліоз людей і собак в Україні**

*Аналіз епідемічної ситуації щодо лайм-бореліозу в Україні.* Аналіз даних пасивного епідеміологічного спостереження свідчить про загальне зростання захворюваності населення України на лайм-бореліоз впродовж останніх 20 років (2003–2022 рр.). Загалом, з 2003 року захворюваність зросла з 0,3 випадків на сто тисяч населення ( $0/0000$ ) до 9,4  $0/0000$  у 2022 році. Найнижчі показники зафіксовано на початку періоду епідеміологічного нагляду – 0,3–0,7  $0/0000$  у 2003–2006 рр. Зростання захворюваності на ЛБ розпочалося з 2007 року і тривало до 2013 року – від 1  $0/0000$  до 4,3  $0/0000$ . Найвищі показники були зафіксовані в період з 2016 по

2018 рр. – від 6,5 ‰ до 12,8 ‰. Після невеликого спаду захворюваності в 2019–2020 рр., в 2022 році показник захворюваності знову зріс до 9,4 ‰.

Кожен п'ятирічний період епідеміологічного нагляду за захворюваністю на ЛБ населення України, починаючи з 2003 року, демонстрував тенденцію до зростання (рис. 3.32).



**Рис. 3.32 Часові тенденції захворюваності населення України на лайм-бореліоз (2003–2022 рр.)**

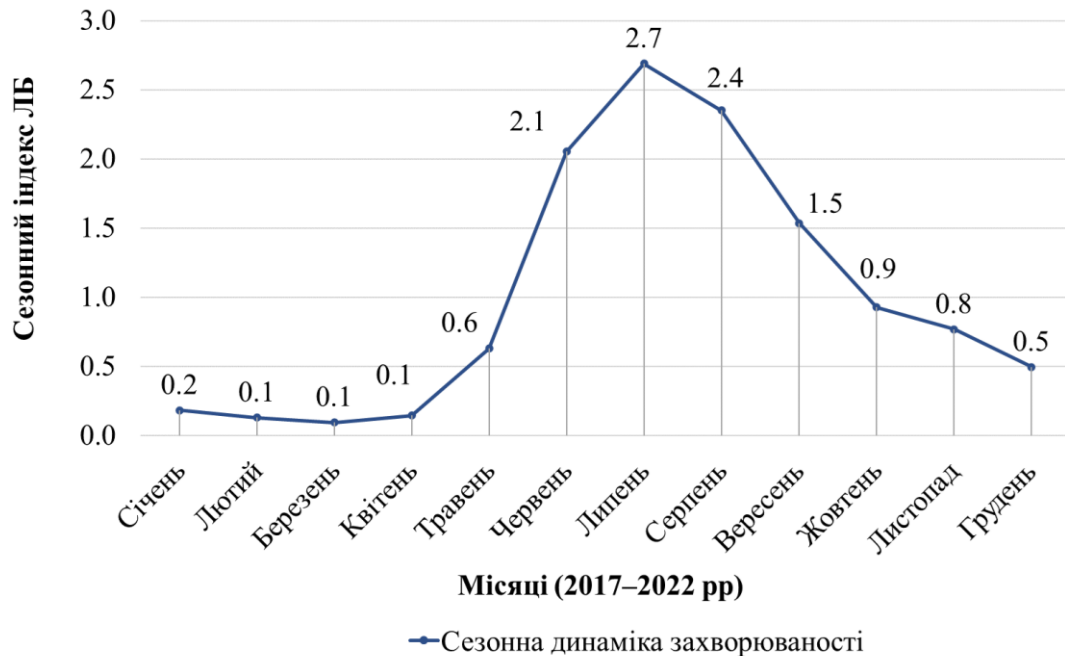
Результати аналізу географічного розподілу поширення лайм-бореліозу в Україні вказують на регіональні відмінності. Зокрема, найвищі рівні захворюваності спостерігаються у Черкаській (12,2 ‰), Київській (10,4 ‰) та Сумській (9,0 ‰) областях. Найнижчі рівні – в Одеській (0,5 ‰), Херсонській (0,3 ‰) та Запорізькій (1,2 ‰) областях. Переважна більшість областей мають помірні рівні захворюваності населення на ЛБ від 2,0 ‰ до 7,0 ‰. Крім того, існує певна закономірність, яка вказує на те, що регіони центральної та північної частини України мають вищі рівні захворюваності населення на ЛБ, ніж південні та західні регіони (рис. 3.33).

Області	Рівні захворюваності населення України на ЛБ за період 2003–2022 рр. (в інтенсивних показниках на 100 тис. населення)																				Всього за 2003–2022 рр.
	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	
Черкаська	0.4	0.4	0.9	1.5	2.8	3.5	4.5	6.6	8.4	8.9	10.8	10.0	24.3	13.9	26.0	41.5	25.4	17.0	13.2	24.1	12.2
Київська	0.0	0.0	0.2	0.3	0.9	0.0	2.9	4.1	5.5	5.3	7.2	7.8	15.7	11.8	17.6	30.1	29.0	22.2	18.8	29.1	10.4
Сумська	0.6	0.4	1.0	2.0	1.5	4.1	3.8	4.0	5.8	5.2	6.0	4.2	13.4	11.5	17.4	23.0	22.9	18.2	15.1	20.5	9.0
Вінницька	0.2	0.3	0.0	0.6	0.3	1.0	2.2	5.0	4.7	4.7	5.8	5.3	11.8	10.5	15.1	32.7	23.9	8.0	6.0	14.1	7.6
Тернопільська	0.0	0.0	0.3	0.6	0.5	1.5	2.6	2.8	5.5	5.5	6.6	6.8	10.7	10.5	15.5	17.4	19.9	9.2	10.3	25.8	7.6
Полтавська	0.1	0.2	0.0	0.9	1.1	1.4	1.4	0.6	1.9	3.6	3.3	3.0	10.5	8.7	14.9	17.7	17.4	11.2	11.4	26.9	6.8
Чернігівська	0.0	0.0	0.0	0.0	1.2	2.1	2.5	3.1	6.6	3.4	4.9	5.8	8.1	10.6	10.4	14.2	17.1	5.2	4.0	17.6	5.8
Львівська	1.0	1.2	1.3	2.3	2.0	2.3	3.3	3.8	4.8	3.1	4.2	5.4	7.2	6.0	12.3	13.0	9.6	6.8	5.3	11.2	5.3
Житомирська	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.2	1.8	3.2	4.2	3.7	4.1	5.4	5.4	9.2	12.2	12.1	9.7	7.1	13.0	4.6
Рівненська	0.2	0.1	0.2	0.1	0.2	0.3	1.2	3.5	2.3	3.9	3.9	2.1	6.8	7.2	8.3	12.3	8.3	5.4	5.4	10.5	4.1
Харківська	0.2	0.1	0.5	0.7	0.9	1.1	1.6	1.9	1.9	3.0	3.6	2.1	8.4	5.2	6.8	13.1	10.8	5.1	5.6	3.1	3.8
Дніпропетровська	0.2	0.1	0.3	0.4	0.8	0.7	1.7	2.0	3.4	3.9	2.2	2.6	9.2	7.2	8.8	8.4	7.2	3.8	3.2	6.1	3.6
Хмельницька	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.2	0.4	0.1	0.7	0.8	0.9	2.8	3.9	2.5	9.0	14.1	11.3	6.7	4.5	7.1	3.3
Донецька	0.9	1.0	1.4	1.1	2.0	2.9	3.8	4.2	5.3	5.6	6.9	2.2	4.7	3.2	5.0	4.4	3.6	2.6	4.2	0.4	3.3
Чернівецька	0.3	0.1	0.0	0.2	0.1	0.4	0.2	0.9	0.4	1.4	0.7	1.8	1.8	3.3	3.2	7.4	4.6	4.8	6.5	12.4	2.5
Івано-Франківська	0.1	0.1	0.3	0.4	0.6	0.7	1.2	0.9	0.9	1.8	2.3	1.9	2.9	2.8	4.7	4.3	4.5	2.5	1.8	12.4	2.4
Закарпатська	0.1	0.3	0.3	0.5	0.2	0.4	1.0	0.7	0.8	1.4	1.1	1.0	2.6	2.7	2.4	7.6	6.6	4.1	2.6	6.9	2.2
Кіровоградська	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1	0.0	0.7	0.7	0.5	0.4	0.6	0.5	2.9	1.8	4.3	7.9	8.0	4.8	3.0	6.7	2.2
Волинська	0.0	0.0	0.0	0.2	0.6	0.5	0.8	0.5	0.9	0.6	1.0	0.9	1.9	3.0	3.8	4.2	5.7	0.5	1.3	6.2	1.6
Луганська	0.0	0.0	0.1	0.2	0.4	0.5	1.8	2.4	1.8	2.2	3.2	0.4	1.5	1.1	2.1	2.8	1.8	1.9	2.9	0.1	1.4
Запорізька	0.0	0.3	0.6	0.5	1.1	0.7	0.7	1.3	0.7	0.5	1.0	1.8	2.8	1.4	2.4	2.1	2.3	1.4	1.5	1.4	1.2
Миколаївська	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0	0.0	0.2	0.3	0.8	0.8	0.7	0.7	1.0	0.9	2.2	2.3	1.9	0.4	0.4	0.6	0.7
Одеська	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.7	0.3	0.3	0.5	0.7	0.4	0.3	0.3	0.6	1.0	1.6	1.5	0.2	0.7	0.6	0.5
Херсонська	0.3	0.0	0.0	0.0	0.7	0.3	0.4	0.2	0.6	0.4	0.2	0.1	0.7	1.1	0.8	0.6	0.2	0.2	0.1	0.1	0.3
АР Крим	0.1	0.0	0.2	0.0	0.8	1.0	0.9	1.3	1.2	1.4	2.1										
<b>УКРАЇНА</b>	<b>0.3</b>	<b>0.3</b>	<b>0.5</b>	<b>0.7</b>	<b>1.0</b>	<b>1.3</b>	<b>2.1</b>	<b>2.8</b>	<b>3.5</b>	<b>3.6</b>	<b>4.3</b>	<b>3.8</b>	<b>8.0</b>	<b>6.5</b>	<b>9.3</b>	<b>12.8</b>	<b>10.6</b>	<b>6.6</b>	<b>5.9</b>	<b>9.4</b>	<b>4.6</b>

Рис. 3.33 Динаміка захворюваності людей на лайм-бореліоз за останні 20 років в розрізі адміністративних регіонів України (2003–2022 рр.)



Аналіз даних щодо захворюваності людей на ЛБ за кожен місяць епідеміологічного нагляду з 2017 по 2022 рр. виявив, що рівень захворюваності коливається упродовж року та демонструє сезонну динаміку (рис. 3.34).



**Рис. 3.34** Сезонна динаміка захворюваності людей на лайм-бореліоз впродовж календарного року в Україні

Аналіз розрахунків сезонного індексу захворюваності людей на ЛБ вказує, що в червні (2,1), липні (2,8), серпні (2,5) та вересні (1,5) він перевищує одиницю. Це свідчить про те, що в ці місяці захворюваність на ЛБ вища порівняно з середнім показником захворюваності 0,75 ‰ на рік. В інші місяці року середній показник захворюваності на ЛБ має сезонний індекс нижче одиниці. У листопаді сезонний індекс становить 0,8, у травні – 0,7, у грудні – 0,5, у січні та квітні – 0,2, у лютому та березні – 0,1. Статистичний аналіз підтвердив наявність різниці в показниках захворюваності між місяцями впродовж року ( $p < 0,0001$ ).

Результати аналізу сезонної динаміки показують, що найвищий рівень захворюваності людей на лайм-бореліоз спостерігається в літні місяці (1,85 ‰), що у 2,2 рази вище, ніж восени (0,84 ‰;  $p = 0,0825$ ), у 5,4 рази вище, ніж взимку (0,34 ‰,  $p = 0,0002$ ), і у 8 разів вище, ніж навесні (0,23 ‰,  $p = 0,0006$ ). Отже,

аналіз підтверджує наявність вираженої сезонності захворюваності на лайм-бореліоз з піком у літні місяці.

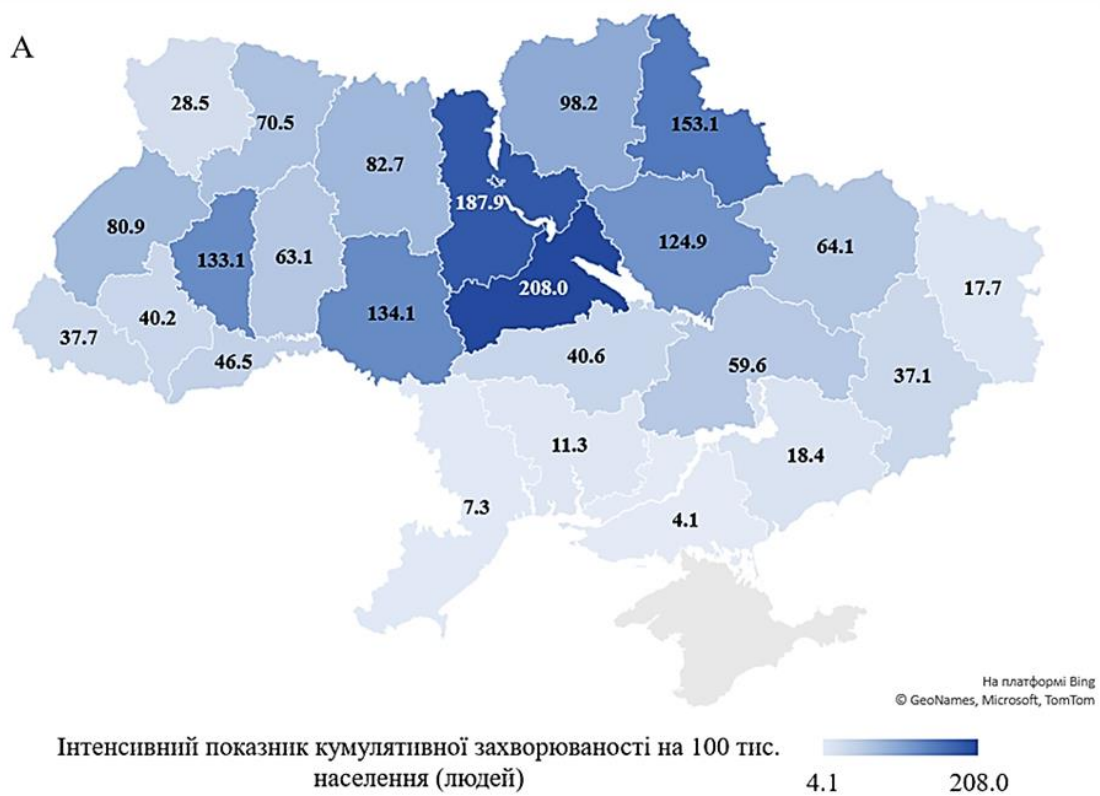
*Кореляція між показниками кумулятивної захворюваності людей та свійських собак на лайм-бореліоз в Україні.* За результатами аналізу даних за останнє десятиліття (2013–2022 рр.) та порівняння кумулятивної захворюваності на ЛБ людей та свійських собак встановлено сильну позитивну кореляцію між цими показниками в регіонах України ( $R=0,89$ ;  $p<0,001$ ). Зокрема, найвищі показники як для людей, так і для собак спостерігалися в Черкаській, Київській, Сумській, Вінницькій, Тернопільській областях та м. Києві ( $R=0,89$ ;  $p=0,0436$ ). Натомість найнижчі показники зафіксовано в Закарпатській, Волинській, Запорізькій, Миколаївській, Одеській та Херсонській областях ( $R=0,83$ ;  $p=0,042$ ). Луганська, Донецька області та АР Крим були виключені з аналізу через відсутність даних щодо собак. Водночас у Луганській та Донецькій областях спостерігалися помірні рівні захворюваності людей на ЛБ. Проте у 2022 році через військову агресію Російської Федерації, дані з цих областей практично відсутні (табл. 3.19 та рис. 3.35).

Аналіз за географічними регіонами виявив схожу епідемічну ситуацію щодо лайм-бореліозу серед людей і собак, зокрема: найвищі показники кумулятивної захворюваності зафіксовано на Півночі (люди –  $144,6 \text{ }^0/0000$ ; собаки –  $22,8 \text{ }^0/0000$ ) та дещо нижчі – в Центрі (люди –  $126,9 \text{ }^0/0000$ ; собаки –  $17,3 \text{ }^0/0000$ ). Відносно нижчі показники спостерігаються на Заході країни (люди –  $77,2 \text{ }^0/0000$ ; собаки –  $12,4 \text{ }^0/0000$ ) та найнижчі – на Півдні (люди –  $20,4 \text{ }^0/0000$ ; собаки –  $5,6 \text{ }^0/0000$ ), за винятком АР Крим. Це підтверджує сильний кореляційний зв'язок між поширенням ЛБ серед людей та популяцій собак ( $R=0,9859$ ;  $p=0,0141$ ). У Східному регіоні кумулятивний показник захворюваності людей на ЛБ становив  $39,6 \text{ }^0/0000$ . Поширеність ЛБ серед собак у цьому регіоні не оцінювали та не порівнювали через брак даних, зокрема з Луганської та Донецької областей. Різниця в поширеності ЛБ між різними географічними регіонами є статистично значущою як для популяції свійських собак ( $p=0,0003$ ), так і для людей ( $p=0,0016$ ) (рис. 3.36).

Таблиця 3.19

**Кумулятивна захворюваність людей та свійських собак на лайм-бореліоз  
у розрізі адміністративних регіонів України (2013–2022 рр.)**

Області	Середня чисельність населення	Приблизна чисельність свійських собак	Загальна кількість випадків ЛБ за 2013–2022 рр.		Інтенсивний показник кумулятивної захворюваності за 2013–2022 рр. (‰)	
			свійські собаки	люди	свійські собаки	люди
Черкаська	1214571	534411	178	2526	33,3	207,97
м. Київ	2896188	1274323	300	5823	23,5	201,06
Київська	1758722	773838	241	3305	31,1	187,9
Сумська	1089265	479277	97	1668	20,2	153,1
Вінницька	1567889	689871	94	2103	13,6	134,1
Тернопільська	1049322	461702	73	1397	15,8	133,1
Полтавська	1409544	620200	81	1760	13,1	124,9
Чернігівська	1018246	448028	98	1000	21,9	98,2
Житомирська	1223497	538339	85	1012	15,8	82,7
Львівська	2508620	1103793	132	2030	12,0	80,9
Рівненська	1148933	505531	51	810	10,1	70,5
Харківська	2669846	1174732	120	1711	10,2	64,1
Хмельницька	1271146	559304	56	802	10,0	63,1
Дніпропетровська	3201060	1408466	123	1907	8,7	59,6
Чернівецька	898530	395353	45	418	11,4	46,5
Кіровоградська	949115	417611	38	385	9,1	40,6
Івано-Франківська	1365892	600993	63	549	10,5	40,2
Закарпатська	1249058	549586	29	471	5,3	37,7
Донецька	4043520	1779148	–	1580	–	37,1
Волинська	1030426	453388	21	294	4,6	28,5
Запорізька	1711088	752879	27	315	3,6	18,4
Луганська	2097056	922704	–	389	–	17,7
Миколаївська	1132131	498138	35	128	7,0	11,3
Одеська	2371798	1043591	14	174	1,3	7,3
Херсонська	1039582	457416	10	43	2,2	4,1



**Рис. 3.35 Порівняльний картографічний аналіз поширеності лайм-бореліозу серед людей (A) і свійських собак (B) в розрізі адміністративних регіонів України (кумулятивна захворюваність за 2013–2022 рр.)**

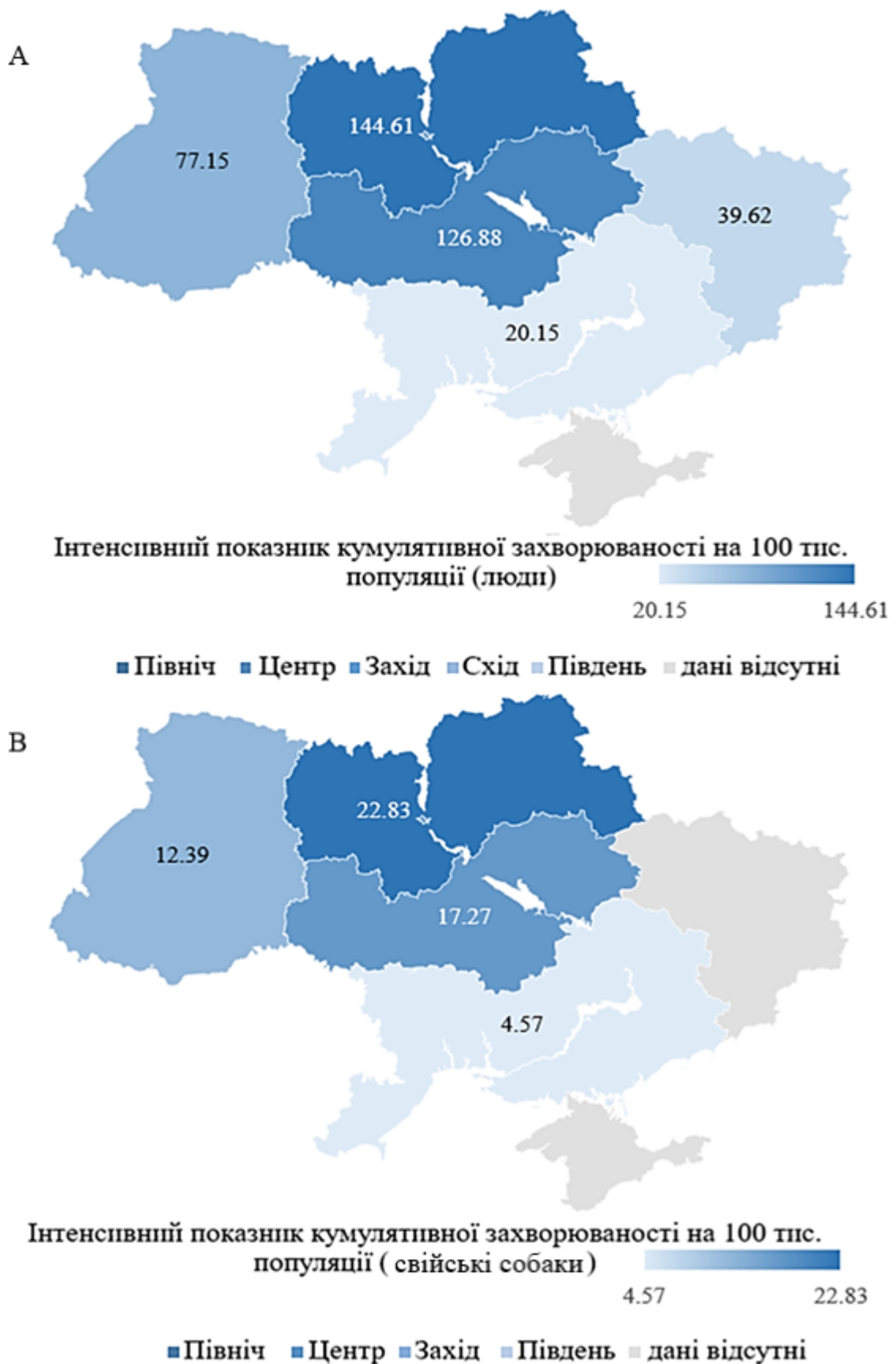


Рис. 3.36 Порівняльний картографічний аналіз поширеності лайм-бореліозу серед людей (A) і свійських собак (B) за географічними регіонами України (кумулятивна захворюваність за 2013–2022 рр.)

Отже, результати цих досліджень підкреслюють складний взаємозв'язок між здоров'ям людини, тварин та довкіллям. Лайм-бореліоз не обмежується однією територією та в різній мірі реєструється серед людей і собак по всій Україні, а на її поширення опосередковано впливають фактори навколишнього середовища. Зростаюча поширеність захворювання в Україні свідчить не лише про загрозу для здоров'я населення, а й про його вплив на популяції собак. Ця складність підкреслює необхідність цілісного підходу до розуміння та управління лайм-бореліозом, що потребує співпраці між науками про здоров'я людини й тварин, а також екологічними та кліматичними науками. Вивчаючи хворобу з цієї багатогранної перспективи, такі дослідження покращують розуміння епідеміології, епізоотології та просторового поширення лайм-бореліозу, що в результаті сприятиме розробці більш ефективних та науково обґрунтованих стратегій його профілактики. Результати дослідження доповнюють знання про роль свійських собак в епідеміології цього захворювання. Сильна позитивна кореляція між показниками захворюваності серед людей і свійських собак підкреслює важливість включення ветеринарних даних у діяльність з нагляду за хворобою.

### **Висновки до розділу 3**

Іксодові кліщі широко поширені в біоценозах України. Проведені дослідження в Київській, Черкаській та Миколаївській областях виявили домінування різних видів іксодових кліщів залежно від регіону та типу біотопу. Зокрема, встановлено, що в урбоценозах Київщини *I. ricinus* (79,7 %) значно переважають над *D. reticulatus* (20,3 %) ( $p < 0,0001$ ), співвідношення 4:1. Натомість у природних біоценозах Черкаської області переважає *D. reticulatus* (72,7 %) над *I. ricinus* (27,3 %) ( $p < 0,0001$ ), співвідношення 3:1. На півдні, в Миколаївській області, вирізняється домінування *H. marginatum* (76,4 %), особливо серед іксодофауни продуктивних (сільськогосподарських) тварин, за поширенням переважаючи як *D. reticulatus* (16,2 %) так і *I. ricinus* (7,4 %) ( $p < 0,0001$ ), співвідношення останніх 1:2.

Дослідження показало, що щільність заселення іксодових кліщів відрізняється в різних біотопах. Зокрема, в антропогенно-трансформованому лісовому біотопі щільність популяції іксодових кліщів в 1,6 рази вище, ніж у природному лучному біотопі ( $p=0,0114$ ). *I. ricinus* домінує в лісових біотопах (співвідношення до *D. reticulatus* 20:1), тоді як *D. reticulatus* переважає в лучних біотопах (співвідношення до *I. ricinus* 1:3). Ця взаємо обернена відмінність у складі іксодофауни підкреслює приуроченість *I. ricinus* до мікроклімату лісового типу біотопів, а *D. reticulatus* надає перевагу мікроклімату більш відкритим лучним біотопам (без деревних насаджень).

Проведений нами ПЛР-скринінг поширеності борелій серед іксодових кліщів показує, що *I. ricinus* (29,2 %) та *D. reticulatus* (15,9 %) є основними переносниками борелій у Київській та Черкаській областях ( $p<0,0001$ ), тоді як серед досліджених кліщів з Миколаївської області борелій не виявлено. При цьому генотип *B. afzelii* (15,6 %) зустрічався частіше, ніж *B. burgdorferi* s.s. (9,3 %) ( $p=0,0004$ ). Генотип *B. garinii* не був ідентифікований за допомогою методу класичної ПЛР. Результати секвенування та філогенетичного аналізу нуклеотидних послідовностей фрагментів геному борелій (16S рРНК), підтвердили наявність різних генотипів борелій, зокрема: 2 зразки мали 98,91–99,64 % схожості з *B. afzelii*, 4 зразки – 97,86–99,28 % схожості з *B. garinii*, 2 зразки мали 97,1–97,45 % схожості з *B. bissettae*, 1 зразок – 97,83 % схожості з *B. valaisiana*, 1 зразок – 99,64 % схожості з *B. burgdorferi* s.s.

Серологічний моніторинг, проведений у м. Біла Церква Київської області в 2021–2022 рр., виявив серопоширеність ЛБ серед безпритульних собак на рівні 10,2 % у 2021 році та 10,7 % у 2022 році ( $p=0,9164$ ). На противагу цьому, популяція свійських собак була серонегативною в обидва роки. Результати підкреслюють важливість тривалого моніторингу та потенціал використання безпритульних собак як маркерного виду для оцінки ризиків поширення ЛБ.

За результатами аналізу епізоотичної ситуації щодо лайм-бореліозу собак в Україні встановлено географічні закономірності поширення захворювання залежно від еколого-кліматичних умов. Для циркуляції збудника ЛБ найбільш

сприйнятливими є північні та центральні регіони України в межах лісостепової та широколистяно-лісової природних зон з середньорічною температурою повітря 6–8 °С, температурою ґрунту 22–26 °С та вологістю ґрунту 500–650 мм. Натомість, південні степові регіони з температурою ґрунту 26–28 °С, середньорічною температурою повітря 10–12 °С і вологістю ґрунту менше 450 мм є порівняно несприятливими для поширення лайм-бореліозу.

Опитування ветеринарних фахівців показало, що у собак ЛБ найчастіше проявляється у формі лайм-артриту (91,6 %), рідше – лайм-нефриту (37,6 %) та нейробореліозу (33,6 %) та найрідше спостерігаються прояви лайм-кардиту (1,5 %).

Аналіз клінічних випадків ЛБ у собак вказує, що лайм-артрит у собак проявляється у вигляді кульгавості та болючих набряків суглобів. Для встановлення остаточного діагнозу лайм-артриту важливим є детальний збір анамнезу, ретельний клінічний огляд та комплекс інструментальних і лабораторних досліджень. Зокрема, пряма ПЛР-ідентифікація ДНК *B. burgdorferi s.l.* у синовіальній рідині, відповідно до сучасних діагностичних критеріїв та модифікованих постулатів Коха ХХІ століття, дозволяє з високою ймовірністю підтвердити діагноз лайм-артриту.

Упродовж останніх двох десятиліть спостерігається тенденція до зростання захворюваності на ЛБ серед населення України ( $R=0,87$ ;  $p<0,001$ ;  $\beta=0,56$ ). Найвищі показники захворюваності на ЛБ припадають на літні місяці – червень, липень, серпень та перший місяць осені – вересень. Існують географічні відмінності в поширенні лайм-бореліозу в Україні. Північні та центральні регіони, включаючи Київську, Сумську, Чернігівську, Черкаську, Вінницьку та Полтавську області, мають стабільно вищі показники захворюваності на ЛБ як серед людей, так і серед свійських собак, порівняно з південними регіонами України, зокрема Одеською, Миколаївською та Херсонською областями, де захворюваність на ЛБ є значно нижчою. Виявлено сильний кореляційний зв'язок ( $R=0,9859$ ,  $p=0,0141$ ) між географічним поширенням ЛБ серед людей і свійських собак, а також різницю в поширеності ЛБ між різними географічними регіонами



як для популяції свійських собак ( $p=0,0003$ ), так і для людей ( $p=0,0016$ ). Сильна позитивна кореляція між захворюваністю на ЛБ серед людей та свійських собак в Україні підкреслює потенціал використання собак як маркерного виду тварин для систем раннього попередження в моніторингу та управлінні хворобами.

Отримані результати розширюють уявлення про епізоотологію та епідеміологію лайм-бореліозу в Україні та мають значення для удосконалення систем нагляду і контролю цієї хвороби.

Матеріали наших досліджень опубліковано в наукових працях [3, 6, 196–201].

## РОЗДІЛ 4

### АНАЛІЗ ТА УЗАГАЛЬНЕННЯ РЕЗУЛЬТАТІВ ДОСЛІДЖЕНЬ

У всьому світі спостерігається тенденція до зростання захворюваності на Лайм-бореліоз, яку пов'язують зі зміною клімату, еколого-географічними факторами та посиленням антропогенного впливу на природне середовище [4, 10, 145]. Різні фактори навколишнього середовища, такі як температура, вологість та опади, є важливими предикторами просторового і часового розподілу кліщів та трансмісивних хвороб [7, 202–204]. Тісний контакт людини і тварин-компаньйонів з природним середовищем підвищує ризик зараження кліщовими інфекціями. Вчені вказують на низку кліматичних факторів, які впливають на ризик виникнення, поширення та ендемічність територій щодо лайм-бореліозу, таких як температура, вологість, висота над рівнем моря, тривалість вегетаційного періоду та інші абіотичні та біотичні фактори середовища [205–208].

Циркуляція збудників ЛБ тісно пов'язана з поширенням іксодових кліщів [209]. Іксодові кліщі поширені у всьому світі, хоча більшість видів характерні для певних регіонів, наприклад, в Україні та Європі найбільше медичне та ветеринарне значення мають види *I. ricinus* та *D. reticulatus* [21–23, 137, 210, 211].

Результати наших досліджень оновлюють та доповнюють попередні дані щодо поширення векторно-компетентних іксодових кліщів для *B. burgdorferi s.l.* в Україні [101–103, 142, 212, 213]. Ми проаналізували поширення та склад іксодофауни у Київській, Черкаській та Миколаївській областях України на основі вибірки з 1 132 іксодові кліщі різного походження, що включала іксодових кліщів, зібраних з рослинності та з тварин. Результати дослідження висвітлюють певні варіації в розподілі видів іксодових кліщів у досліджуваних регіонах та вказують на відмінності в екологічних уподобаннях та асоціаціях біотопів.

Встановлено, що іксодові кліщі, зібрані з рослинності та тварин, вірогідно не відрізнялися за складом видів *I. ricinus* та *D. reticulatus*. Тому розподіл цих іксодид представлено агреговано для біоценозів досліджених регіонів.

В урбобіоценозах Київської області, розташованих у північній частині України, серед зібраних кліщів домінував *I. ricinus* (близько 80 %), тоді як *D. reticulatus* становив близько 20 % ( $p < 0,0001$ ). Це узгоджується з результатами попередніх досліджень, в яких також повідомлялося про переважання *I. ricinus* (60 %) над *D. reticulatus* (40 %) у цьому регіоні ( $p < 0,0001$ ) [102]. Ми відмітили помітну приуроченість *I. ricinus* до лісопаркових та лісопосадкових зон в межах населених пунктів, що узгоджується з попередніми дослідженнями [214]. Натомість *D. reticulatus* здебільшого зустрічалися на більш відкритих ділянках без деревних насаджень, таких як луки та галявини.

У Черкаській області, розташованій на південь від Київської області в центральній частині України, спостерігалася протилежна тенденція в розподілі видового складу іксодових кліщів. Тут домінував *D. reticulatus*, частка якого становила близько 73 %, тоді як *I. ricinus* – близько 27 % ( $p < 0,0001$ ). Раніше повідомлялося, що в середині 1980-х років, *D. reticulatus* переважав у західних та північних регіонах України. Проте вже на початку 2000-х років ареали домінування *D. reticulatus* змістилися до центральних та частково південних областей, що узгоджується з нашими даними [211].

На відмінності у видовому складі іксодових кліщів між Київською та Черкаською областями ( $p < 0,0001$ ) могли вплинути різні типи біотопів, де проводився їх збір. Зокрема в Київській області це були переважно урбобіоценози, лісопарки і лісопосадки, тоді як у Черкаській – природні лучні біотопи та ландшафти сільської місцевості. Відомо, що *I. ricinus* приурочений до лісів (листяних, хвойних, змішаних), чагарників, зелених рекреаційних зон у містах – до місць з помірною та високою вологістю. Натомість *D. reticulatus* віддає перевагу відносно сухішим місцям – алювіальним лучним ґрунтам, лукам, галявинам, пасовищам, тощо. Однак у помірно вологих місцевостях він може заселяти біотоп паралельно з *I. ricinus* [111].

На півдні України у Миколаївській області іксодофауна була представлена трьома видами кліщів: *H. marginatum* (77,0 %), *D. reticulatus* (16,0 %) та *I. ricinus* (7,0 %) ( $p < 0,0001$ ). В Миколаївській області домінував вид

*H. marginatum*, особливо серед іксодофауни продуктивних тварин (93,0 %). Цей вид іксодид не збирався з рослинності, що узгоджується з його біологічними особливостями та даними про переважне поширення *H. marginatum* на півдні та сході України [215].

Кліщі видів *D. reticulatus* та *I. ricinus* були менш поширені в Миколаївській області, ніж *H. marginatum*, але їх розподіл був подібним до іксодофауни Черкаської області ( $p=0,5494$ ) і вірогідно відрізнявся від Київської області ( $p<0,0001$ ).

Отже, варіації поширеності іксодових кліщів пояснюються синергізмом екологічних чинників, таких як клімат, рослинність, тварини-господарі, особливості землекористування та інші фізико-географічні характеристики досліджених регіонів [7, 216].

Різниця у видовому складі іксодових кліщів між досліджуваними областями зумовлена відмінностями біотопів, що відповідають екологічним уподобанням домінуючих видів кліщів у цих екологічних угрупованнях. Зокрема, на півночі поширені хвойні та мішані ліси, в центрі – лісостеп, на півдні – степова зона.

Незважаючи на обмежену вибірку, отримані дані відображають загальні тенденції розподілу векторно-компетентних кліщів та є підґрунтям для подальших досліджень. Детальне вивчення особливостей поширення різних видів кліщів та їх збудників, які вони поширюють, дозволить розробити регіональні програми профілактики трансмісивних хвороб, а комплексний моніторинг кліщів має стати частиною систем громадського здоров'я та ветеринарії в Україні.

Окрім міжрегіонального розподілу іксодових кліщів, наші дослідження демонструють відмінності у щільності заселення кліщами *I. ricinus* та *D. reticulatus* на одиниці площі різних типів біотопів. Зокрема, в антропогенно-трансформованому лісовому біотопі встановлено домінування *I. ricinus* (95,0 %; 67,8 екз./км<sup>2</sup>), натомість *D. reticulatus* був менш поширеним (4,8 %; 3,4 екз./км<sup>2</sup>). У природному лучному біотопі щільність кліщів *I. ricinus* була нижчою (25,0 %;

10,8 екз./км<sup>2</sup>), тоді як *D. reticulatus* вірогідно переважав в цій популяції іксодид (75,0 %; 32,4 екз./ км<sup>2</sup>).

Отримані дані узгоджуються з екологічними уподобаннями цих видів кліщів та підтверджують їх приуроченість до різних умов біотопів. Вид *I. ricinus* тяжіє до більш вологих територій лісових масивів, тоді як на відносно сухіших територіях по типу відкритих ландшафтів лучних біотопів виявилися більш поширені *D. reticulatus*, хоча в меншій мірі, вид *I. ricinus* також був відмічений в лучному біотопі.

Знання щільності кліщової популяції на певній території є важливим показником для кількісної оцінки ризику інфікування людей і тварин не лише збудниками лайм-бореліозу, але й іншими збудниками трансмісивних хвороб та планування превентивних заходів.

Варіації в поширенні іксодових кліщів впливають на поширення трансмісивних хвороб [26]. Поширеність борелій серед кліщів вважається одним з найважливіших елементів оцінки ризику ЛБ [217]. Для визначення цього показника нами проведено молекулярно-генетичні дослідження зібраних іксодид на предмет вивчення рівнів їх інфікованості бореліями комплексу *B. burgdorferi s.l.* та патогенних геновидів *B. burgdorferi s.s.*, *B. afzelii* та *B. garinii*.

Полімеразна ланцюгова реакція вважається чутливим методом для виявлення та ідентифікації патогенних збудників, проте для отримання достовірних результатів необхідна ретельна оптимізація ПЛР-протоколів [218]. Для цього нами було проведено підбір специфічних праймерів для ідентифікації борелій, оптимізовано умови ПЛР-ампліфікації, оцінено чутливість і специфічність обраних праймерів.

Крім того, для ефективного виконання ПЛР необхідне якісне виділення НК патогенних збудників з кліщів [219]. Для цього був застосований модифікований метод екстракції ДНК з використанням комерційного набору, що дозволило отримати НК у достатній концентрації (31 мкг/мл; SD±10,01).

Нами встановлено, що кліщі *I. ricinus* відіграють важливу роль у поширенні збудників лайм-бореліозу, принаймні в двох з трьох досліджених

регіонів України. Кліщі *D. reticulatus*, у яких ми також ідентифікували ДНК борелій методом ПЛР, можуть бути індикатором в оцінці ендемічності територій паралельно з *I. ricinus*.

Кліщі *I. ricinus* продемонстрували вірогідно вищий рівень комбінованої інфекції бореліями комплексу *B. burgdorferi s.l.* – близько 30 % у досліджених регіонах, на відміну від майже вдвічі нижчого показника, близько 16 %, у кліщах *D. reticulatus*.

В географічному відношенні, в Київській області, кліщі *I. ricinus* мали вищий рівень зараженості *B. burgdorferi s.l.* (31,0 %), порівняно з *D. reticulatus* (14,0 %). На противагу цьому, в межах Черкаської області рівень інфікованості *I. ricinus* та *D. reticulatus* бореліями був подібним та становив 24,3 і 21,0 %, відповідно.

Різниця в показниках зараженості кліщів бореліями комплексу *B. burgdorferi s.l.* між регіонами, ймовірно, була пов'язана з переважанням *I. ricinus* у досліджених урбобіоценозах Київської області та переважанням *D. reticulatus* у природних біоценозах Черкаської області. Крім того, різниця може бути зумовлена деякими особливостями життєвого циклу кліщів у поєднанні з наявністю тварин-резервуарів для *B. burgdorferi s.l.*, на яких переважно паразитують *I. ricinus* і *D. reticulatus*, а також адаптацією кліщів до мікроклімату екосистем.

Раніше опубліковані дослідження щодо поширення *B. burgdorferi s.l.* серед іксодових кліщів в Україні були переважно зосереджені на вивченні ролі виду *I. ricinus* [102, 103, 142]. У минулому повідомлялося, що в північно-західних областях України сумарна поширеність *B. burgdorferi s.l.* серед *I. ricinus* становила – 26,0 % (2018) [142]; на півночі в Чорнобильській зоні відчуження – 13,5 % (2016), в м. Києві – від 5,15 % у 2016 р. і до 10,7 % в 2017 р. [220]. Інші дослідження кліщів, зібраних з рослинності у 2009–2014 рр. на заході України, показали поширеність борелій серед *I. ricinus* на рівні 29,0 % [101]. Разом з тим, наші дослідження та дослідження інших авторів вказують на те, що

поширеність *B. burgdorferi s.l.* серед кліщів *I. ricinus* у північних, західних та центральних регіонах України становить близько 20,8 % (SE±4,8 %).

Наші дані щодо поширеності *B. burgdorferi s.l.* серед кліщів *I. ricinus* у Київській та Черкаській областях (24–31 %) є порівнянними з середнім показником для Центральної та Східної Європи. На це вказують результати загальноєвропейського мета-аналізу (2010–2016 рр.) поширеності *B. burgdorferi s.l.* серед *I. ricinus*, де рівень інвазії кліщів у Центральній Європі становив – 19,3 %, з подальшою тенденцією до зниження на Балканському півострові – 18,5 %; Скандинавії – 15,5 %; Південній Європі – 15,3 %; Західній Європі – 10,2 %; Піренейському півострові – 9,5 % та Британських островах – 3,6 % відповідно [149]. Це вказує на відносно високу циркуляцію збудників лайм-бореліозу серед популяцій *I. ricinus* в досліджених регіонах України.

У нашому дослідженні рівень поширення ДНК борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* серед кліщів *D. reticulatus* становить 14,0–21,0 %. Це вище, ніж у Польщі, де інфікованість цього виду кліщів була на рівні 0,1–4,0 % [19]. Однак в Україні одне дослідження показало, що в західних областях поширеність ДНК борелій серед *D. reticulatus* становила 32,0 % [101], що в 1,5–2 рази вище порівняно з нашими результатами. Слід зазначити, що ми не зустрічали попередніх даних про поширеність борелій серед *D. reticulatus* у північних та центральних областях України, тому ми не можемо порівняти отримані нами результати щодо поширення збудника в цих регіонах.

Відомо, що *D. reticulatus* може заражатися *B. burgdorferi s.l.*, але не є основним її переносником. В експериментальних умовах екстракти кишечка та слинних залоз кліщів *D. reticulatus*, стадії імаго, пригнічують ріст борелій в культурах *in vitro* [112, 113]. Таким чином, *D. reticulatus*, ймовірно, є неефективним переносником збудників лайм-бореліозу. Це вимагає подальшого вивчення циркуляції борелій між різними стадіями розвитку *D. reticulatus* (личинки і німфи) та їх здатності передавати збудник тваринам-резервуарам і сприйнятливим видам в експериментальних умовах. Однак, на нашу думку, дані ПЛР-скринінгу інфікованості *D. reticulatus* бореліями можуть бути індикатором

ендемічності ЛБ і важливою складовою інформації про поширення збудника на певних територіях.

Досліджені нами іксодові кліщі з рослинності (голодні) мали вищий рівень зараження *B. burgdorferi s.l.* – майже 30 %, порівняно з кліщами, зібраними з тварин (ситі) – майже 7 %. Дослідження Левицької В. та ін. (2021) показало протилежні показники зараженості кліщів, де серед *I. ricinus*, насичених кров'ю тварин, частка заражених становила 27–44 %, на відміну від 0–14 % у голодних кліщів, зібраних з рослинності [142]. З іншого боку, в дослідженні Pacilly F. та ін. (2014) [221] зазначено, що рівень інфікованості голодних кліщів був вищим, ніж у кліщів, насичених кров'ю, тоді як вважається, що після зараження кліщі залишаються інфікованими на все життя. Наші результати і результати Pacilly F. та ін. можуть вказувати на те, що кліщі втрачають *B. burgdorferi s.l.*, живлячись кров'ю великих хребетних, але не дрібних гризунів [117, 221]. Це потребує подальшого вивчення та перевірки в експериментальних умовах.

У Миколаївській області жоден з досліджених кліщів *H. marginatum*, *D. reticulatus* та *I. ricinus* не містив ДНК *B. burgdorferi s.l.* Наші результати узгоджуються з попередніми дослідженнями, проведеними на *D. marginatus*, *D. reticulatus* та *R. rossicus* з південно-східних областей України, які також були негативними щодо *B. burgdorferi s.l.*, за винятком *I. ricinus*, рівень зараження якого становив 8,6–12,7 % [212], що більш ніж удвічі нижче, ніж на півночі (Київська область) та в центрі (Черкаська область) України (24–31 %). Відсутність позитивних ПЛР-результатів на ДНК *B. burgdorferi s.l.* у Миколаївській області може бути пов'язана з порівняно невеликою вибіркою досліджених нами *I. ricinus* (n=22) та *D. reticulatus* (n=48), а також з унікальними природно-кліматичними факторами регіону, які не є сприятливими для циркуляції збудників лайм-бореліозу. Для кращого розуміння цього явища необхідні подальші дослідження з більшою вибіркою кліщів в південному регіоні України.

Порівняльний аналіз розподілу генотипів борелій у досліджених іксодових кліщах, виявив закономірні відмінності. Серед кліщів *I. ricinus* та



*D. reticulatus* найпоширенішим генотипом був *B. afzelii* (сукупна поширеність 14,3 %), тоді як менш поширеним генотипом був *B. burgdorferi s.s.* (сукупна поширеність 8,6 %). Крім того, поширеність *B. afzelii* була вищою серед кліщів *I. ricinus* (18,4 %) порівняно з *D. reticulatus* (8 %).

Регіональні відмінності в поширеності генотипів показують, що *B. afzelii* більш поширений у Київській області – 17,6 % порівняно з Черкаською – 11,0 %. На відміну від *B. afzelii*, генотип *B. burgdorferi s.s.* мав вузькі варіації серед кліщів *D. reticulatus* (8,0 %) та *I. ricinus* (9,7 %), а також між Київською (9,5 %) та Черкаською (9,0 %) областями.

Попередні ПЛР-дослідження також вказували на високий рівень інфікованості *I. ricinus* генотипом *B. afzelii* (96,4 %) у Київській області [103]. Загалом, наші результати узгоджуються з попередніми даними, згідно яких *B. afzelii* є домінуючим генотипом у Київській області [102]. Крім того, наше дослідження вперше продемонструвало генотиповий склад комплексу *B. burgdorferi s.l.* у Черкаській області.

*Borrelia spp.*, що передаються іксодовими кліщами, поділяються на дві групи: одна відповідає за ЛБ у людей і тварин – *B. burgdorferi s.l.*, а інша асоціюється з рецидивною лихоманкою [222]. Аналіз нуклеотидних послідовностей, отриманих шляхом короткогеномного секвенування десяти ПЛР-позитивних ампліконів на комплекс *B. burgdorferi s.l.*, показав схожість з різними генотипами борелій, включаючи *B. mayonii*, *B. garinii*, *B. bissettiae*, *B. valaisiana*, *B. burgdorferi s.s.* і *B. afzelii*. Хоча попередні дослідження в Україні були зосереджені на поширеності комплексу *B. burgdorferi s.l.*, детальне генотипування борелій обмежене деякими повідомленнями про специфічні генотипи, такі як *B. burgdorferi s.s.*, *B. afzelii*, *B. spielmanii* та *B. valaisiana* у кліщів *I. ricinus* [102, 142]. Однак комплексне вивчення генотипового складу борелій в Україні відсутнє.

Аналіз наукової літератури щодо генотипів, які демонструють нуклеотидну подібність із зібраними нами зразками, показує, що принаймні чотири з ідентифікованих генотипів: *B. mayonii*, *B. garinii*, *B. afzelii* та

*B. burgdorferi s.s.*, асоціюються з ЛБ у людини і тварин [37]. Дані свідчать, що *B. valaisiana* може викликати ЛБ у людини та є одним з найпоширеніших генотипів серед *I. ricinus* в Європі [63, 223]. Інші генотипи, такі як *B. bissettiae*, продемонстрували інфекційність у білих мишей, і один задокументований випадок бореліозу у людини в Європі [224, 225]. Різноманіття видів *Borrelia* spp. підкреслює важливість продовження дослідження генотипового складу групи *B. burgdorferi s.l.* в Україні. Не всі генотипи комплексу *B. burgdorferi s.l.* здатні викликати захворювання на ЛБ у людини і тварин, тому знання розподілу окремих клінічно-важливих генотипів борелій допоможе краще оцінити ризики, пов'язані з лайм-бореліозом.

Близько чотирьох десятків видів диких ссавців та птахів визнані компетентними резервуарами для *B. burgdorferi s.l.* [226]. Серед свійських тварин собаки були визначені як сприйнятливі хазяї для *B. burgdorferi s.l.* [173]. Прогнозування потенційної ендемічної території щодо лайм-бореліозу є складним завданням. Відомо, що *B. burgdorferi s.l.* вже давно вийшли за межі природних осередків в урбанізоване середовище [7, 137, 138]. Тому визначення ендемічності територій шляхом встановлення взаємозв'язків між кліщами та хазяями, популяціями кліщів та поширеністю антитіл проти борелій у диких резервуарних хазяїв може бути недостатньо ефективним на урбанізованих територіях.

Вперше в Україні нами досліджено серопревалентність до збудників лайм-бореліозу серед популяцій свійських та безпритульних собак в урбанізованому середовищі на прикладі м. Біла Церква Київської області впродовж 2021–2022 років.

Було виявлено суттєві відмінності у поширеності антитіл до *B. burgdorferi s.l.* між досліджуваними популяціями тварин. Серед безпритульних собак серопревалентність стабільно перевищувала 10,0 %, тоді як свійські собаки були серонегативними в обидва роки моніторингу. Стабільний рівень серопревалентності ЛБ упродовж 2021 та 2022 років у безпритульних собак свідчить про постійну персистенцію борелій в

урбанізованому середовищу міста Біла Церква. Це підкреслює потенційну роль безпритульних собак як компетентних індикаторів – «маркерного» виду для оцінки ендемічності територій щодо лайм-бореліозу.

Різні дослідники пропонували собак як «вартових тварин» для виявлення нових зон ризику щодо лайм-бореліозу [227–230]. Враховуючи тісний зв'язок між собакою і людиною та їхню подібну діяльність у природі, необхідно оцінити значення собаки як важливої тварини в еко-епідеміології та епізоотології ЛБ. Окрім того, безпритульні собаки в Україні становлять серйозну медичну та ветеринарну проблему. Безпритульні собаки, які постійно живуть в урбанізованому середовищі (на вулиці), мають набагато вищий ризик контакту з інфікованими кліщами, ніж свійські собаки, яких утримують і доглядають люди. У нашому дослідженні повідомлялося, що власники систематично обробляли своїх улюбленців від ектопаразитів і регулярно оглядали їх на наявність кліщів після прогулянок, що, ймовірно, сприяло уникненню потрапляння збудника ЛБ в організм тварини і, як наслідок, нульовій серопоширеності серед свійських собак.

Дані щодо поширеності антитіл проти *B. burgdorferi s.l.* у популяціях собак з інших регіонів України наразі відсутні, тому ми не можемо підтвердити або порівняти релевантність наших результатів з іншими періодами та регіонами в Україні. Проте, в Європі серопоширеність лайм-бореліозу в собак вивчалася більш широко. Загалом наші дані узгоджуються з показниками серопоширеності ЛБ у собак в Чеській Республіці (9,2 %), Франції (10,4 %) та Східній Польщі (11,0 %). Порівняно вищі показники зафіксовані у Швейцарії (57,5 %), Німеччині (43,3 %), Польщі (40,2 %) та Словаччині (33,5 %) [82]. Крім того, серопоширеність ЛБ у собак в регіонах з різним рівнем ендемічності в європейських країнах сильно відрізняється, і може коливається від нуля до 57,5 % [108].

Наші результати серологічних досліджень та інші спостереження вказують на те, що серологічний моніторинг антитіл до борелій у популяціях

собак є перспективним інструментом для виявлення ендемічних щодо лайм-бореліозу територій, які становлять потенційний ризик для людей [162].

Люди та собаки мають багато спільних факторів ризику контакту з кліщами, інфікованими *B. burgdorferi s.l.*, через їх тісний взаємозв'язок. Таким чином, собаки служать ефективними вартовими у виявленні ризику щодо лайм-бореліозу для людини. Цей зв'язок підкреслюється порівнянням карт поширеності ЛБ у людини з картами серопоширеності *B. burgdorferi s.l.* у собак [158].

Перевагами серологічного тестування популяцій собак порівняно з іншими видами тварин є: доступність відбору зразків, ефективне подальше спостереження та зворотний зв'язок, а також вища кореляція для оцінки ризику лайм-бореліозу серед людей. З іншого боку, дослідження поширення кліщів, маркування, відлов гризунів та інших диких тварин є трудомістким і тривалим процесом. Крім того, серопоширеність *B. burgdorferi s.l.* у дикій природі не може бути безпосередньо використана для оцінки ризику захворювання на лайм-бореліоз в урбанізованих умовах, оскільки люди та тварини-компаньйони рідко контактують з кліщами у лісових угіддях. Визначення щільності популяції та поширеності інфікованих кліщів у містах та їхніх околицях, особливо в зелених рекреаційних зонах поблизу місць проживання людей, є одним із важливих підходів до оцінки ризику захворювання на лайм-бореліоз. Оскільки собаки, особливо безпритульні, мають вільний і постійний доступ до таких місць, поєднання досліджень щільності кліщів та їх інфікованості з дослідженнями серопоширеності *B. burgdorferi s.l.* у безпритульних собак може бути ефективним інструментом для оцінки реального ризику лайм-бореліозу в урбанізованих місцевостях.

Наші результати вказують, що ІФА та імуноблотинг є більш надійними та чутливими методами для виявлення антитіл до *B. burgdorferi s.l.* порівняно з швидкими тестами ІХА. Метод ІХА продемонстрував низьку здатність виявляти антитіла при моніторингу серопоширеності ЛБ серед собак. Тому для проведення епізоотичного моніторингу доцільніше застосовувати метод ІФА з

подальшим підтвердженням позитивних та сумнівних результатів методом імуноблотингу.

Використовуючи методи описової ветеринарної епідеміології, ми вперше в Україні дослідили взаємозв'язок між поширенням лайм-бореліозу серед свійських собак та впливом еколого-кліматичних та фізико-географічних факторів.

Результати вказали, що ЛБ у свійських собак реєструється по всій території країни, проте існують закономірні відмінності у міжрегіональній поширеності хвороби. Встановлено, що ЛБ серед собак найбільш поширений у північних, центральних та західних областях (1 і більше випадків на рік) та набагато рідше реєструється на півдні, в Карпатах та на крайній півночі України (0,1–0,5 випадків на рік).

Ці відмінності пояснюються опосередкованим впливом еколого-кліматичних факторів та різноманіттям ландшафтів природних зон України. Українські ландшафти умовно поділяються на шість природних зон: мішані ліси, широколистяні ліси, лісостеп, Українські Карпати, степ та Кримські гори. Кожна з них має свої відмінні характеристики щодо геології, рельєфу, клімату, гідрології, ґрунтів, рослинності та тваринного світу.

Найвища захворюваність собак лайм-бореліозом спостерігається в зоні лісостепу та зоні широколистяних лісів –  $1,2 \pm 0,11$  та  $1,0 \pm 0,12$  випадків на рік відповідно. Ці природні зони охоплюють східну, центральну та західну території України, межують та плавно переходять одна в одну. Вони характеризуються достатньо теплою середньодобовою температурою в теплий період року ( $17\text{--}24\text{ }^\circ\text{C}$ ) та високим коефіцієнтом зволоження ( $1,2\text{--}2,8$ ). Північні лісостепові ландшафти є достатньо зволженими, натомість південні – сформувалися в умовах більш посушливого клімату. Тому спостерігається зниження захворюваності собак на ЛБ у південному напрямку цієї зони.

У природній зоні мішаних лісів захворюваність собак на ЛБ в середньому становить  $0,5 \pm 0,02$  випадків на рік, що удвічі менше, ніж у зоні широколистяних лісів, і у 2,4 рази менше, ніж у лісостеповій зоні. Зона мішаних лісів розташована

на півночі України. Вона характеризується континентальним помірним кліматом та позитивним балансом вологи, що сприяє густій гідрографічній мережі та високій заболоченості ґрунтів у північних регіонах. Такі умови є менш сприятливими для поширення збудника ЛБ.

В Українських Карпатах, як і в зоні мішаних лісів, поширення лайм-бореліозу серед собак в середньому становить  $0,5 \pm 0,08$  випадків на рік. Природна зона Українських Карпат утворена ярусною системою гірських хребтів та міжгірських улоговин. Абсолютні висоти коливаються від 120–140 м біля підніжжя гір до понад 2000 м уздовж хребтів. Порівняно нижча захворюваність собак на ЛБ в цій природній зоні пов'язана з тим, що висота над рівнем моря впливає на виживання та розподіл іксодових кліщів. Дослідження показують, що зі збільшенням висоти зменшується чисельність тварин-хазяїв та відповідно самих кліщів *I. ricinus*. Це дозволяє припустити, що у міжгірських районах Карпат, з висотою понад 500–800 м над рівнем моря, ризик зараження лайм-бореліозом є нижчим. Крім того, у гірських районах низька щільність населення, що також впливає на поширення інфекції у сприйнятливих популяціях.

Порівняно найнижча захворюваність собак на лайм-бореліоз ( $0,4 \pm 0,05$  випадків на рік) спостерігається у степовій зоні на півдні України. Для цієї зони характерна недостатня вологість ґрунтів та переважання трав'янистої, лучної рослинності. Відомо, що *I. ricinus* та *D. reticulatus* менш поширені у степових ландшафтах. Дослідження свідчать, що *I. ricinus* трапляється тут з різною щільністю, але не є домінуючим видом [23, 231].

Отже, сукупність природно-кліматичних факторів характерних для ландшафтів України впливає на поширеність переносників – кліщів і, відповідно, на епізоотичну ситуацію щодо ЛБ серед собак в різних регіонах країни.

Окрім визначення комплексного впливу природно-кліматичних факторів, ми встановили взаємозв'язок між рівнем поширення лайм-бореліозу собак та окремими кліматичними показниками, такими як: валове зволоження ґрунту,

середньорічна температура повітря та середня температура поверхні ґрунту (в липні).

На територіях з показниками валового зволоження ґрунту від 500 мм до більш ніж 650 мм захворюваність собак лайм-бореліозом була відносно найвищою – від  $0,9 \pm 0,09$  до  $1,2 \pm 0,09$  випадків на рік. Зі зменшенням рівня валового зволоження ґрунту від 500 мм і менше встановлено різке зниження захворюваності собак – від  $0,1 \pm 0,04$  до  $0,4 \pm 0,04$  випадків на рік. До таких територій відносяться південні регіони України степової зони та гірські масиви Карпат. Це пов'язано з біологічною потребою іксодових кліщів підтримувати стабільність водного балансу організму, що забезпечується оптимальними умовами вологості в середовищі існування. На посушливих територіях чисельність та активність кліщів знижуються, що призводить до зменшення циркуляції збудника лайм-бореліозу [232, 233]. Отже, рівень зволоження території є важливим чинником, що впливає на епізоотичну ситуацію щодо лайм-бореліозу в собак.

Аналіз впливу середньорічної температури повітря на поширення лайм-бореліозу собак вказує, що хвороба частіше зустрічається в північних, центральних та східних областях, де середньорічна температура повітря коливається в діапазоні від  $6^\circ\text{C}$  до  $8^\circ\text{C}$  (від  $0,8 \pm 0,09$  до  $0,9 \pm 0,07$  випадків на рік). За підвищення середньорічної температури повітря від  $8^\circ\text{C}$  до  $10^\circ\text{C}$  у південних областях України захворюваність собак на ЛБ зменшується в напрямку з півночі на південь від  $0,5 \pm 0,07$  до  $0,1 \pm 0,03$  випадків на рік. У США дослідження впливу змін клімату на захворюваність населення ЛБ показують схожість з нашими результатами, які свідчать про значно вищі показники захворюваності при середньорічних температурах в діапазоні  $7\text{--}9^\circ\text{C}$  [233]. Взаємозв'язок між температурними коливаннями та динамікою кліщових хвороб є складним процесом, оскільки поширення збудників залежить від активності кліщів на різних стадіях життєвого циклу та наявності тварин-хазяїв [232, 234].

Встановлено зв'язок між поширенням лайм-бореліозу собак та температурою ґрунту в теплий період року. Найбільша кількість випадків лайм-

бореліозу в собак реєструється на територіях з температурою поверхні ґрунту 22–26 °С (від 0,8±0,08 до 1,2±0,11 випадків на рік). Регіони з температурними показниками поверхні ґрунту в діапазоні від 22 °С до 26 °С розташовані в північних та центральних областях України. При підвищенні температури поверхні ґрунту понад 26 °С у південних регіонах України захворюваність собак лайм-бореліозом зменшується з півночі на південь з 0,4±0,07 до 0,1±0,04 випадків на рік. У західних областях України за температури поверхні ґрунту від 18 °С до 22 °С захворюваність собак на лайм-бореліоз має порівняно середній рівень поширеності (від 0,5±0,01 до 0,7±0,08 випадків на рік). Отже, температура поверхні ґрунту є не менш важливим кліматичним фактором, що впливає на поширення збудника ЛБ. Коливання амплітуд температури ґрунту впливають на чисельність і активність іксодових кліщів [235], що в свою чергу впливає на поширення ЛБ.

Лайм-бореліоз – це мультисистемне інфекційне захворювання. Багато уваги приділяється його клінічним проявам у людини, але не менш важливо зрозуміти його вплив на собак, які є найбільш сприйнятливим видом тварин до цієї інфекції [30]. Вважається, що різниця у проявах клінічних симптомокомплексів лайм-бореліозу пов'язана з генетичною гетерогенністю борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* [236]. У Сполучених Штатах лайм-бореліоз у собак переважно асоціюється з геновидом *B. burgdorferi s.s.* Клінічні ознаки хвороби часто охоплюють цілий спектр симптомів, причому артрит є найбільш поширеним проявом [30]. В Європі циркулює більш широкий спектр патогенних геновидів борелій, який включає *B. burgdorferi s.s.*, *B. afzelii*, *B. bavariensis* і *B. garinii* [1, 30, 237, 238]. Це генетичне різноманіття борелій сприяє різним клінічним проявам хвороби, що робить європейський ландшафт лайм-бореліозу людини та собак особливо складним.

За допомогою описового ретроспективного дослідження нами вперше в Україні визначено найбільш поширені клінічні прояви лайм-бореліозу в собак. Встановлено, що найчастіше – у 91,6 % випадків, спостерігаються клінічні прояви лайм-артриту. Дещо рідше, в 37,6 % випадків спостерігається – лайм-



нефрит, в 33,6 % випадків – нейробореліоз та в 1,5 % випадків – лайм-кардит. Крім того, встановлено, що майже кожен шостий випадок лайм-бореліозу в собак (15,3 %) супроводжувався ураженням шкіри на місці укусу кліща, у вигляді почервоніння, хоча вважається, що мігруюча еритема не зустрічається у собак. Ураження шкіри, які спостерігали ветеринарні фахівці, скоріше за все були пов'язані з тим, що після присмокування кліща часто розвиватися поверхнева екскоріація шкіри – місцева алергічна реакція та алопеція [178, 239, 240]. На відміну від ветеринарної медицини у медичній практиці мігруюча еритема вважається патогномонічним симптомом лайм-бореліозу людини, а її наявність при встановленому контакті з кліщем в ендемічній зоні є достатнім приводом для встановлення діагнозу та початку лікування без додаткових обстежень [154].

У нашому дослідженні нами проаналізовано підходи до діагностики лайм-бореліозу в собак, які використовують ветеринарні лікарі в Україні. Найпоширенішими є серологічні методи встановлення діагнозу (73,4 %). Зокрема, найчастіше ветеринарні фахівці застосують ІХА метод (31,4 %), що, ймовірно, пов'язано зі швидкістю проведення аналізу та доступністю діагностичних тестів на ринку України. В 17,9 % випадках ветеринарні фахівці використовують ІФА. Невелика частка ветеринарних фахівців (1,5 %) користуються імуноблотингом. Молекулярну діагностику методом ПЛР застосовують у 10,6 % випадків, а комбінацію методів ІФА та ПЛР – у 8,0 % випадків встановлення діагнозу – лайм-бореліоз собак. Проведення ІФА- та ПЛР-діагностики, вимагає наявності додаткового обладнання та кваліфікованого персоналу для досліджень. В Україні клініки ветеринарної медицини зазвичай не мають можливості самостійно проводити ІФА та ПЛР, тому клінічні зразки необхідно відправляти до спеціалізованих діагностичних лабораторій, які переважно розташовані у містах обласного значення, наприклад, Києві, Львові, Харкові, Одесі тощо. Це ускладнює логістичний процес транспортування проб клінічного матеріалу, збільшує витрати часу та підвищує вартість діагностики, що ймовірно за все є причиною того, що ветеринарні фахівці рідше застосовують ці методи і частіше використовують швидкі тести ІХА.

Порівняно з нашими даними щодо підходів до діагностики лайм-бореліозу в собак, у США ветеринарні фахівці діагностують лайм-бореліоз за такими критеріями: типові клінічні ознаки; виключення захворювань зі схожими симптомами (диференціальна діагностика); виражена реакція на лікування антибіотиками; встановлений контакт з кліщем або проживання в ендемічній зоні; наявність антитіл у сироватці крові [241]. У деяких джерелах зазначається, що серологічна діагностика у собак є єдиним рекомендованим засобом оцінки експозиції до *B. burgdorferi s.l.*, але наявність антитіл проти C6, VlsE, OspC (у невакцинованих тварин). У той же час OspF свідчить лише про те, що організм собаки контактував зі збудником бореліозу і не є доказом причини виникнення клінічних ознак або їх розвитку в майбутньому [30]. В деяких дослідженнях зазначається про доцільність використання методу ПЛР для виявлення ДНК антигену у собак з клінічними проявами лайм-бореліозу, особливо за артритної форми захворювання [82]. Отже, дані опитування респондентів-ветеринарів України свідчать про недоліки в діагностичних підходах, що вказує на необхідність впровадження в клінічну ветеринарну практику науково обґрунтованого алгоритму діагностики лайм-бореліозу в собак.

Терапевтичні підходи, зокрема вибір антимікробних препаратів для лікування собак за лайм-бореліозу в Україні, загалом відповідають світовій практиці. Встановлено, що в більшості випадків (майже 80 %) для лікування собак використовуються антибіотики тетрациклінового ряду (доксциклін), та значно рідше (майже 19 %) застосовуються цефалоспорини (цефікс, цефтріаксон).

Зазвичай у собак, хворих на лайм-бореліоз, спостерігається швидка реакція на антибіотикотерапію упродовж 1–2 діб. Бета-лактамі та тетрациклінові антибіотики вважаються ефективними для лікування собак [242]. За ЛБ призначається 3–4 тижневий курс антибіотиків зі щоденним прийомом. Використання доксицикліну, як препарату першого вибору, для лікування собак за лайм-бореліозу рекомендовано у всьому світі завдяки його простоті у застосуванні, протиартритним та протизапальним властивостям, а також

ефективності за інших супутніх інфекцій, таких як анаплазмоз, ерліхіоз та лептоспіроз [178]. Експериментальні дослідження також демонструють успішне застосування цефалоспоринів (цефовецин) для лікування собак [243].

Нами описано та проаналізовано два клінічні випадки лайм-бореліозу в собак з проявами лайм-артриту, висвітлюючи ключові діагностичні проблеми. В обох собак артрит колінних суглобів спочатку був хибно пов'язаний з травмою, що відтермінувало встановлення діагнозу ЛБ більш ніж на місяць. Хоча вважається, що собаки менш сприйнятливі до *B. burgdorferi s.l.*, ніж людина, це уявлення може призвести до того, що ветеринарні фахівці не беруть до уваги лайм-бореліоз серед диференційних діагнозів. Підтвердження діагнозу лайм-бореліоз у собак також ускладнюється відсутністю специфічних тестів і стандартизованих діагностичних протоколів.

Проаналізовані нами випадки лайм-артритів у собак мали кілька спільних особливостей. Зокрема, жодна із собак не була вакцинована проти лайм-бореліозу. Обоє тварин востаннє обробляли від паразитів приблизно за 4 місяці до прояву кульгавості. Власники не помічали ураження собак іксодовими кліщами, що, ймовірно, було пов'язано з малим розміром личинок або німф іксодових кліщів, які могли б заразити собак бореліями. Клінічно в обох собак спостерігали артрит колінних суглобів, який супроводжувався болем, набряком, кульгавістю, крепітацією та гіпермобільністю уражених суглобів. Візуалізація КТ продемонструвала остеоартроз, синовіт, остеофіти, ентезофіти, склероз суглобових поверхонь та збільшення синовіальних мішків. Як високоінвазивні та адгезивні бактерії з вираженим тропізмом до суглобових тканин, *B. burgdorferi s.l.* можуть викликати запалення сполучної тканини, що проявляється у вигляді рецидивуючої кульгавості та артрити [176].

Незважаючи на артрит, інші клінічні показники залишалися у фізіологічних межах, включаючи С-реактивний білок, аналіз спинномозкової рідини та клінічні показники аналізів крові, за винятком незначного лімфоцитозу в однієї із собак. Таким чином, ці тести не мали діагностичної цінності, що

узгоджується з іншими даними про не специфічність цих лабораторних показників за клінічної форми лайм-бореліозу собак [91, 180].

Обидві собаки продемонстрували відсутність імунної відповіді на антигени збудника лайм-бореліозу в реакції ІФА, за винятком сумнівного IgG в однієї із них. Відсутність імунної відповіді пояснюється здатністю борелій уникати імунного розпізнавання за допомогою поверхневих ліпопротеїнів. Інгібування комплементу білками Osp також сприяє персистенції інфекції. Отже, частково симптоми артриту зумовлені патогенними збудниками та частково результатом автоімунної відповіді самого організму тварини. Дослідження вказують, що не у всіх собак із проявами лайм-артриту розвивається імунна відповідь на *B. burgdorferi s.l.* [244, 245].

Таким чином, жоден окремий лабораторний тест не може остаточно підтвердити діагноз лайм-бореліозу в собак. Оптимальним є комплексний підхід, який запропонували Littman M. та ін. (2016) [178]. Однак їх рекомендації базувалися на традиційних методах діагностики та не враховували ПЛР, яка дозволяє виявляти ДНК збудника безпосередньо у клінічному матеріалі. Згідно з модифікованими постулатами Коха для XXI століття, присутність нуклеїнової кислоти мікроорганізму саме в уражених тканинах є критичним доказом його етіологічної ролі в захворюванні [246]. Відповідно до нашого аналізу, ПЛР метод має високу діагностичну цінність за лайм-бореліозу в собак. Тому пропонуємо доповнити алгоритм діагностики лайм-бореліозу в собак з проявами лайм-артриту виявленням ДНК борелій в синовіальній рідині методом ПЛР. Ці прямі молекулярні докази присутності патогенного збудника в уражених тканинах разом з клінічною картиною, оцінкою факторів ризику, серологією та відповіддю на лікування посилять діагностичну точність.

У дослідженні вперше проаналізовано епідемічну та епізоотичну ситуації щодо лайм-бореліозу в Україні. Встановлено, що захворюваність населення України на лайм-бореліоз має тенденцію до зростання. Зокрема, в 2003–2007 рр. інтенсивний показник захворюваності становив 2,7 на 100 000 населення, тоді як у 2018–2022 рр. він зріс майже у 16 разів до 45,2 на 100 000 населення.

Ці результати узгоджуються з попереднім аналізом динаміки захворюваності в Україні [247].

Виявлено виражену сезонність лайм-бореліозу, з піками захворюваності влітку та восени, що узгоджуються з попередніми дослідженнями [248]. Сезонність лайм-бореліозу пояснюється поведінкою іксодових кліщів, які є основними переносниками *B. burgdorferi s.l.* Початок і припинення активності іксодових кліщів залежить від температурних порогів. Зокрема, *I. ricinus* потребує відносної вологості повітря вище 45,0 % та стабільної середньодобової температури 7–8 °C для початку пошуку хазяїна. Спостереження в Центральній Європі показали, що *I. ricinus* залишається переважно неактивним протягом зимових місяців, як правило, з листопада по лютий. На противагу цьому, з березня по жовтень вони більш активні у пошуках хазяїна, що пояснює сезонність захворювання.

Результати нашого дослідження свідчать про подібність епідемічної та епізоотичної картини лайм-бореліозу людей та популяції собак впродовж останнього десятиліття (2013–2022 рр.) в Україні. Порівняно високі показники захворюваності на лайм-бореліоз серед людей та свійських собак спостерігаються на півночі та центрі України. Значно нижчі показники, однаково як для людей так і для собак простежуються у південних регіонах України. Міжрегіональна різниця в захворюваності на лайм-бореліоз людей та свійських собак пояснюється опосередкованим впливом природно-кліматичних особливостей цих регіонів. Зокрема, більш посушливий клімат півдня України перешкоджає поширенню векторно-компетентних кліщів, тоді як помірний клімат і лісистість північних і центральних областей сприяють циркуляції збудника лайм-бореліозу. Крім того, наше дослідження виявило сильну кореляцію та лінійний зв'язок між поширеністю лайм-бореліозу серед людей та свійських собак в Україні ( $R=0,83$ ;  $p=0,042$ ). Така схожість у поширеності лайм-бореліозу серед людей і собак не є унікальною і узгоджується з результатами попередніх досліджень. Зокрема в США було виявлено позитивну кореляцію між серопозитивними до лайм-бореліозу собаками та захворюваністю на лайм-

бореліоз у людей ( $r^2$  0,75;  $p < 0,001$ ) [249]. Більше того, існують дослідження, які підтверджують зв'язок між людиною та свійськими собаками на основі кількісних оцінок, що в кінцевому підсумку підтверджує їх роль як системи раннього попередження хвороби серед населення [250].

Результати нашого дослідження узгоджується з принципами концепції «Єдине здоров'я», що визнає складну взаємодію між людиною, дикою природою, свійськими тваринами, кліщами та навколишнім середовищем [123, 251]. Лайм-бореліоз у різній мірі реєструється серед людей і собак по всій території України, на що впливають різні еколого-кліматичні фактори притаманні ландшафтам країни. Наше дослідження підтвердило циркуляцію патогенних генотипів борелій серед іксодових кліщів у регіонах України з найвищими рівнями захворюваності на лайм-бореліоз серед людей і собак – у Київській та Черкаській областях. Натомість нами не виявлено борелій у жодному з досліджених кліщів з Миколаївської області, яка відноситься до південних регіонів з найнижчим рівнем захворюваності на лайм-бореліоз.

Зростаюча поширеність лайм-бореліозу в Україні вказує на загрозу не лише для здоров'я населення, а й для собак. Це підкреслює необхідність цілісного підходу до розуміння і контролю лайм-бореліозу, що вимагає співпраці між різними секторами, зокрема, охороною громадського здоров'я, охороною здоров'я тварин та охороною навколишнього середовища.

Результати дослідження доповнюють знання про роль свійських собак в епідеміології лайм-бореліозу. Сильна позитивна кореляція між показниками захворюваності серед людей і свійських собак підкреслює важливість включення даних сектору ветеринарної медицини щодо зареєстрованих випадків лайм-бореліозу в собак у діяльність з нагляду за зоонозними хворобами. Інтеграція цих даних в епідеміологічний нагляд за лайм-бореліозом допоможе оцінити ризики зараження і попередити його динаміку.

Враховуючи, що собаки також мають високий ризик зараження *B. burgdorferi s.l.*, дослідження підкреслює важливість розгляду стратегій профілактики лайм-бореліозу для свійських собак. Наразі на українському

ветеринарному ринку зареєстрована лише одна вакцина для щеплення собак проти лайм-бореліозу – Борелім 3 (Bioveta, Чехія). Однак в Україні вакцинація проти лайм-бореліозу собак не є інтегрованою в протоколи щеплень. Зусилля з популяризації вакцинації та профілактичних заходів могли б значно знизити рівень захворюваності на лайм-бореліоз серед свійських собак.

Таким чином, вплив лайм-бореліозу виходить за рамки охорони здоров'я і охоплює різні аспекти ветеринарних наук, ентомології та екології. Поглиблення знань про лайм-бореліоз за допомогою науково обґрунтованих незалежних досліджень може сприяти вдосконаленню стратегій превентивних заходів з ним. Такий підхід не лише захистить здоров'я населення, але й добробут тварин-компаньйонів, зокрема собак, які є невід'ємною частиною багатьох домогосподарств в Україні.

## ВИСНОВКИ

У дисертації визначено епізоотичні аспекти і еколого-кліматичні детермінанти лайм-бореліозу собак в Україні із застосуванням комплексного підходу у вивченні поширення іксодових кліщів та збудника хвороби – борелій комплексу *Borrelia burgdorferi sensu lato* і патогенних геновидів *Borrelia afzelii*, *Borrelia burgdorferi sensu stricto* і *Borrelia garinii*, а також вивченні епізоотичної та епідемічної ситуацій. Здійснено молекулярно-генетичну характеристику борелій комплексу *Borrelia burgdorferi sensu lato* отриманих з ізольованої ДНК іксодових кліщів. Науково обґрунтовано комплексний підхід до діагностики лайм-бореліозу у собак із застосуванням методу ПЛР у встановленні остаточного діагнозу. Доведено взаємозв'язок між поширенням лайм-бореліозу та природно-кліматичними умовами, що притаманні ландшафтам України. Визначено географічні регіони з високим, середнім і низьким поширенням лайм-бореліозу у людей та собак. Отримані результати проведених досліджень дозволяють зробити наступні висновки:

1. В урбобіоценозах Київської області кліщі *Ixodes ricinus* (79,7 %) трапляються частіше, ніж *Dermacentor reticulatus* (20,3 %), співвідношення яких становить 4:1 ( $p < 0,0001$ ). У природних біоценозах Черкаської області переважає вид кліщів *Dermacentor reticulatus* (72,7 %) над *Ixodes ricinus* (27,3 %), співвідношення становить 3:1 ( $p < 0,0001$ ). У Миколаївській області поширені кліщі виду *Hyalomma marginatum* (76,4 %), особливо серед кліщів знятих з продуктивних тварин. Кліщі *Dermacentor reticulatus* (16,2 %) та *Ixodes ricinus* (7,4 %) в Миколаївській області менш поширені порівняно з *Hyalomma marginatum*. Співвідношення між *Dermacentor reticulatus* та *Ixodes ricinus* становить 2:1 у Миколаївській області, що є подібним до співвідношення цих видів кліщів у Черкаській області ( $p = 0,5494$ ), проте достовірно відрізняється від співвідношення в Київській області ( $p < 0,0001$ ).

2. В антропогенно-трансформованому лісовому біотопі домінує вид іксодових кліщів *Ixodes ricinus* (95,0 %; щільність популяції – 67,8 екз./км<sup>2</sup>), тоді



як *Dermacentor reticulatus* менш поширений (4,8 %; щільність популяції – 3,4 екз./км<sup>2</sup>) ( $p < 0,0001$ ). Натомість у природному лучному біотопі превалює *Dermacentor reticulatus* (75,0 %; щільність популяції – 32,4 екз./км<sup>2</sup>), а *Ixodes ricinus* трапляється у чотири рази рідше (25,0 %; щільність популяції – 10,8 екз./км<sup>2</sup>) ( $p < 0,0001$ ).

3. Загальна поширеність комплексу борелій *Borrelia burgdorferi sensu lato* у Київській та Черкаській областях серед кліщів виду *Ixodes ricinus* становить 29,2 %, тоді як серед кліщів виду *Dermacentor reticulatus* вона є вірогідно нижчою – 16,0 % ( $p < 0,0001$ ). У кліщах, зібраних у Миколаївській області, ДНК борелій серед іксодових кліщів не виявлено. Серед ідентифікованих борелій вірогідно частіше зустрічається генотип *Borrelia afzelii* (15,6 %) порівняно з видом *Borrelia burgdorferi sensu stricto* (9,3 %) ( $p = 0,0004$ ).

4. Серед секвенованих нуклеотидних послідовностей борелій комплексу *Borrelia burgdorferi sensu lato*, отриманих із природних зразків іксодових кліщів, підтверджено наявність генотипів *Borrelia afzelii*, *Borrelia burgdorferi sensu stricto* і *Borrelia garinii*, а також вперше в Україні встановлено присутність генотипів *Borrelia bissettiae*, *Borrelia mayonii* та *Borrelia valaisiana*.

5. Виявлено відмінності в поширеності антитіл до *Borrelia burgdorferi sensu lato* між популяціями безпритульних і домашніх собак в урбанізованому середовищі м. Біла Церква Київської області. Серед безпритульних собак спостерігався стабільний рівень серопоширеності, який протягом 2021 та 2022 років становив 10,2 і 10,7 % відповідно, тоді як домашні собаки були серонегативними протягом усього періоду моніторингу.

6. Лайм-бореліоз у свійських собак реєструється на всій території України, з частотою від 0 до 3 випадків на рік. Найсприятливіші умови для циркуляції збудника лайм-бореліозу спостерігаються в природних зонах лісостепу та широколистяних лісів (північні та центральні області), де зафіксовано найвищі показники захворюваності собак – від  $1,0 \pm 0,12$  до  $1,2 \pm 0,11$  випадків на рік. Території з найбільшим поширенням лайм-бореліозу серед свійських собак характеризуються оптимальними кліматичними умовами

для життєдіяльності та активності іксодових кліщів, зокрема: середньорічною температурою повітря (6–8 °C), температурою поверхні ґрунту в теплу пору року (22–26 °C) та валовим зволоженням ґрунту (від 500 до >650 мм). У природних зонах Українських Карпат, мішаних лісів та степу випадки лайм-бореліозу у собак реєструються рідше (від  $0,4 \pm 0,05$  до  $0,5 \pm 0,02$  випадків на рік) ( $p < 0,0001$ ).

7. Лайм-артрит є найпоширенішим клінічним проявом лайм-бореліозу в собак, який реєструється у 91,6 % випадків захворювання. Клінічні форми лайм-нефрит (37,6 %), нейробореліоз (33,6 %) та лайм-кардит (1,5 %), зустрічаються статистично вірогідно рідше у собак, порівняно з лайм-артритом ( $p < 0,0001$ ). Результати аналізу клінічних випадків захворювання собак на лайм-артрит обґрунтовують необхідність включення цього захворювання до переліку диференціальних діагнозів при розгляді патології суглобів кінцівок. Для встановлення етіологічного діагнозу лайм-артриту у собак доцільно використовувати ПЛР-аналіз синовіальної рідини з метою виявлення ДНК збудника *Borrelia burgdorferi sensu lato*.

8. Встановлено однаково високі рівні кумулятивної захворюваності людей (126,9–144,6 випадків на 100 000 населення) і свійських собак (17,3–22,8 випадків на 100 000 популяції собак) у північних та центральних областях України, що вказує на високий ризик інфікування лайм-бореліозом людей і собак у цих регіонах. Виявлено тісний зв'язок між епізоотичною та епідемічною ситуацією щодо лайм-бореліозу в Україні та її географічним розшаруванням (коефіцієнт кореляції Пірсона  $R=0,9859$ ,  $p=0,0141$ ), що обумовлено комплексом природно-кліматичних і ландшафтних чинників.

## ПРОПОЗИЦІЇ ВИРОБНИЦТВУ

Для моніторингу поширеності комплексу *Borrelia burgdorferi sensu lato* та клінічно важливих видів борелій серед іксодових кліщів рекомендуємо використовувати метод класичної полімеразної ланцюгової реакції із наборами праймерів, що використовувались в дисертаційній роботі. Зокрема, праймери (SC-праймери) націлені на ділянку гена 16s рРНК усіх видів борелій комплексу *B. burgdorferi s.l.* та набори праймерів для ідентифікації патогенних генотипів борелій: *B. burgdorferi s.s.* (BB-праймери) та *B. afzelii* (VS461-праймери).

Для моніторингу поширеності антитіл до збудника у собак рекомендуємо застосовувати імуноферментний аналіз та верифікацію ІФА-сумнівних зразків за допомогою аналізу Line Blot. Для оцінки ризиків поширення лайм-бореліозу пропонуємо інтегрувати ветеринарні дані про діагностовані випадки лайм-бореліозу в собак у діяльність з епідеміологічного нагляду за зоонозними хворобами на основі підходу «Єдине здоров'я».

Для організації клінічної та лабораторної діагностики лайм-бореліозу рекомендуємо використовувати методичні рекомендації щодо діагностики лайм-бореліозу у собак затверджені вченою радою факультету ветеринарної медицини Білоцерківського національного аграрного університету 22 лютого 2024 року, протокол № 14 (Пантелеєнко О. В., Мельник А. Ю., Сахнюк В. В., Савченко М. О., Царенко Т. М. Методичні рекомендації: «Діагностика Лайм-бореліозу в собак». – Біла Церква, 2024. – 35 с.).

Результати досліджень рекомендуємо використовувати за підготовки фахівців зі спеціальності «Ветеринарна медицина» у закладах вищої освіти України.

## СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. Steere, A. C., Strle, F., Wormser, G. P., Hu, L. T., Branda, J. A., Hovius, J. W., Li, X., & Mead, P. S. (2016). Lyme borreliosis. *Nature reviews. Disease primers*, 2, 16090. DOI:10.1038/nrdp.2016.90.
2. Burn, L., Vyse, A., Pilz, A., Tran, T. M. P., Fletcher, M. A., Angulo, F. J., Gessner, B. D., Moïsi, J. C., & Stark, J. H. (2023). Incidence of Lyme Borreliosis in Europe: A Systematic Review (2005-2020). *Vector borne and zoonotic diseases (Larchmont, N.Y.)*, 23(4), 172–194. DOI:10.1089/vbz.2022.0070.
3. Panteleienko O. V., Makovska I. F., and Tsarenko T. M. (2022). Influence of ecological and climatic conditions on the spread of *Borrelia burgdorferi* in domestic dogs in Ukraine. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*. 13(4), 431–442. DOI:10.15421/022257.
4. Rogovsky, A. S., Biatov, A. P., Davis, M. A., Liu, S., & Nebogatkin, I. V. (2020). Upsurge of Lyme borreliosis in Ukraine: a 20-year survey. *Journal of travel medicine*, 27(6), taaa100. DOI:10.1093/jtm/taaa100.
5. Little, S. E., Heise, S. R., Blagburn, B. L., Callister, S. M., & Mead, P. S. (2010). Lyme borreliosis in dogs and humans in the USA. *Trends in parasitology*, 26(4). 213–218. DOI:10.1016/j.pt.2010.01.006.
6. Panteleienko, O. V., Garcia D., Bilyk, S. A., Dovhal, O. V., & Tsarenko, T. M. (2023). Prevalence and distribution of *Borrelia burgdorferi sensu lato* genotypes among ixodid ticks in three regions of Ukraine. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 14(3), 511–515. DOI:10.15421/022373.
7. Medlock, J. M., Hansford, K. M., Bormane, A., Derdakova, M., Estrada-Peña, A., George, J.C., Golovljova, I., Jaenson, T. G., Jensen, J. K., Jensen, P. M., Kazimirova, M., Oteo, J. A., Papa, A., Pfister, K., Plantard, O., Randolph, S. E., Rizzoli, A., Santos-Silva, M. M., Sprong, H., Vial, L., ... Van Bortel, W. (2013). Driving forces for changes in geographical distribution of *Ixodes ricinus* ticks in Europe. *Parasites & vectors*, 6, 1. DOI:10.1186/1756-3305-6-1.

8. Rizzoli, A., Silaghi, C., Obiegala, A., Rudolf, I., Hubálek, Z., Földvári, G., Plantard, O., Vayssier-Taussat, M., Bonnet, S., Spitalská, E., & Kazimírová, M. (2014). *Ixodes ricinus* and Its Transmitted Pathogens in Urban and Peri-Urban Areas in Europe: New Hazards and Relevance for Public Health. *Frontiers in public health*, 2, 251. DOI:10.3389/fpubh.2014.00251.
9. Sertour, N., Cotté, V., Garnier, M., Malandrin, L., Ferquel, E., & Choumet, V. (2018). Infection Kinetics and Tropism of *Borrelia burgdorferi sensu lato* in Mouse After Natural (via Ticks) or Artificial (Needle) Infection Depends on the Bacterial Strain. *Frontiers in microbiology*, 9, 1722. DOI:10.3389/fmicb.2018.01722.
10. Rizzoli, A., Hauffe, H., Carpi, G., Vourc H, G., Neteler, M., & Rosa, R. (2011). Lyme borreliosis in Europe. *Euro surveillance : bulletin Europeen sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin*, 16(27), 19906.
11. Jongejans, F., & Uilenberg, G. (2004). The global importance of ticks. *Parasitology*, 129 Suppl, S3–S14. DOI:10.1017/s0031182004005967.
12. Alkishe, A. A., Peterson, A. T., & Samy, A. M. (2017). Climate change influences on the potential geographic distribution of the disease vector tick *Ixodes ricinus*. *PloS one*, 12(12), e0189092. DOI:10.1371/journal.pone.0189092.
13. Cabello, F. C., Godfrey, H. P., Bugrysheva, J. V., & Newman, S. A. (2017). Sleeper cells: the stringent response and persistence in the *Borrelia* (*Borrelia*) *burgdorferi* enzootic cycle. *Environmental microbiology*, 19(10), 3846–3862. DOI:10.1111/1462-2920.13897.
14. Radolf, J. D., Caimano, M. J., Stevenson, B., & Hu, L. T. (2012). Of ticks, mice and men: understanding the dual-host lifestyle of Lyme disease spirochaetes. *Nature reviews. Microbiology*, 10(2), 87–99. DOI:10.1038/nrmicro2714.
15. Caimano, M. J., Drecktrah, D., Kung, F., & Samuels, D. S. (2016). Interaction of the Lyme disease spirochete with its tick vector. *Cellular microbiology*, 18(7), 919–927. DOI:10.1111/cmi.12609.
16. Taragel'ová, V. R., Mahríková, L., Selyemová, D., Václav, R., & Derdáková, M. (2016). Natural foci of *Borrelia lusitaniae* in a mountain region of

Central Europe. *Ticks and tick-borne diseases*, 7(2), 350–356. DOI:10.1016/j.ttbdis.2015.12.006.

17. Vandekerckhove, O., De Buck, E., & Van Wijngaerden, E. (2021). Lyme disease in Western Europe: an emerging problem? A systematic review. *Acta clinica Belgica*, 76(3), 244–252. DOI:10.1080/17843286.2019.1694293.

18. Pawełczyk, A., Bednarska, M., Hamera, A., Religa, E., Poryszewska, M., Mierzejewska, E. J., & Welc-Falęciak, R. (2021). Long-term study of *Borrelia* and *Babesia* prevalence and co-infection in *Ixodes ricinus* and *Dermacentor reticulatus* ticks removed from humans in Poland, 2016-2019. *Parasites & vectors*, 14(1), 348. DOI:10.1186/s13071-021-04849-5.

19. Mierzejewska, E. J., Pawełczyk, A., Radkowski, M., Welc-Falęciak, R., & Bajer, A. (2015). Pathogens vectored by the tick, *Dermacentor reticulatus*, in endemic regions and zones of expansion in Poland. *Parasites & vectors*, 8, 490. DOI:10.1186/s13071-015-1099-4.

20. Obiegala, A., Król, N., Oltersdorf, C., Nader, J., & Pfeffer, M. (2017). The enzootic life-cycle of *Borrelia burgdorferi* (*sensu lato*) and tick-borne rickettsiae: an epidemiological study on wild-living small mammals and their ticks from Saxony, Germany. *Parasites & vectors*, 10(1), 115. DOI:10.1186/s13071-017-2053-4.

21. L.Ya. Fedonyuk and S. S. Podobivskiy. (2012). Spreading of *Dermacentor reticulatus* ticks in Ukraine. *Clinical and experimental pathology*. 19, no. 477, 128–137, 2012, DOI:10.1007/SpringerReference\_140936.

22. Rubel, F., Brugger, K., Pfeffer, M., Chitimia-Dobler, L., Didyk, Y. M., Leverenz, S., Dautel, H., & Kahl, O. (2016). Geographical distribution of *Dermacentor marginatus* and *Dermacentor reticulatus* in Europe. *Ticks and tick-borne diseases*, 7(1), 224–233. DOI:10.1016/j.ttbdis.2015.10.015.

23. Кассіч, В. Ю., Короза, Е., Лівщенко, Л. П., та Лівощенко, Є. М. (2017). Моніторинг кліщів *Ixodes ricinus* і *Dermacentor reticulatus* на території Сумської області. *Вісник Сумського національного аграрного університету. Серія «Ветеринарна медицина»*, 1(40), 124–128. <https://repo.snau.edu.ua/bitstream/123456789/5733/1/28.pdf>

24. Michalski, M. M., Kubiak, K., Szczotko, M., Chajęcka, M., & Dmitryjuk, M. (2020). Molecular Detection of *Borrelia burgdorferi* Sensu Lato and *Anaplasma phagocytophilum* in Ticks Collected from Dogs in Urban Areas of North-Eastern Poland. *Pathogens (Basel, Switzerland)*, 9(6), 455. DOI:10.3390/pathogens9060455.
25. Fedoniuk, L.Ya., Podobivskiy, S. S., Pryvrotska, I. B., Miklashevska, O. A., & Marchuk, O. M. (2021). The results of the study of the epidemiological status and spread of *Dermacentor reticulatus* ticks in Ukraine over the last 10 years. *Wiadomości Lekarskie*. 74(8), 1952–1959, Aug. DOI:10.36740/WLek202108130.
26. Estrada-Peña, A., Cutler, S., Potkonjak, A., Vassier-Tussaut, M., Van Bortel, W., Zeller, H., Fernández-Ruiz, N., & Mihalca, A. D. (2018). An updated meta-analysis of the distribution and prevalence of *Borrelia burgdorferi s.l.* in ticks in Europe. *International journal of health geographics*, 17(1), 41. DOI:10.1186/s12942-018-0163-7.
27. Gray, J. S., Dautel, H., Estrada-Peña, A., Kahl, O., & Lindgren, E. (2009). Effects of climate change on ticks and tick-borne diseases in Europe. *Interdisciplinary perspectives on infectious diseases*, 2009, 593232. DOI:10.1155/2009/593232.
28. Janus, I., Noszczyk-Nowak, A., Nowak, M., Cepiel, A., Ciaputa, R., Paśławska, U., Dziegiel, P., & Jabłońska, K. (2014). Myocarditis in dogs: etiology, clinical and histopathological features (11 cases: 2007-2013). *Irish veterinary journal*, 67(1), 28. DOI:10.1186/s13620-014-0028-8.
29. Hoyt, K., Chandrashekar, R., Beall, M., Leutenegger, C., & Lappin, M. R. (2018). Evidence for Clinical Anaplasmosis and Borreliosis in Cats in Maine. *Topics in companion animal medicine*, 33(2), 40–44. DOI:10.1053/j.tcam.2018.05.002.
30. Littman, M. P., Gerber, B., Goldstein, R. E., Labato, M. A., Lappin, M. R., & Moore, G. E. (2018). ACVIM consensus update on Lyme borreliosis in dogs and cats. *Journal of veterinary internal medicine*, 32(3), 887–903. DOI:10.1111/jvim.15085.

31. Azuma, Y., Kawamura, K., Isogai, H., & Isogai, E. (1993). Neurologic abnormalities in two dogs suspected Lyme disease. *Microbiology and immunology*, 37(4), 325–329. DOI:10.1111/j.1348-0421.1993.tb03217.x.
32. Johnstone, L. K., Engiles, J. B., Aceto, H., Buechner-Maxwell, V., Divers, T., Gardner, R., Levine, R., Scherrer, N., Tewari, D., Tomlinson, J., & Johnson, A. L. (2016). Retrospective Evaluation of Horses Diagnosed with Neuroborreliosis on Postmortem Examination: 16 Cases (2004-2015). *Journal of veterinary internal medicine*, 30(4), 1305–1312. DOI:10.1111/jvim.14369.
33. Adaszek, Ł., Gatellet, M., Mazurek, Ł., Dębiak, P., Skrzypczak, M., & Winiarczyk, S. (2020). Myocarditis secondary to *Borrelia* infection in a dog: a case report. *Annals of parasitology*, 66(2), 255–257. DOI:10.17420/ap6602.263.
34. Wagner, B., Freer, H., Rollins, A., Garcia-Tapia, D., Erb, H.N., Earnhart, C., Marconi, R., & Meeus, P. (2012). Antibodies to *Borrelia burgdorferi* OspA, OspC, OspF, and C6 antigens as markers for early and late infection in dogs. *Clinical and vaccine immunology : CVI*, 19(4), 527–535. DOI:10.1128/CVI.05653-11.
35. Callister, S. M., LaFleur, R. L., Jobe, D. A., Lovrich, S. D., & Wasmoen, T. L. (2015). Antibody responses to *Borrelia burgdorferi* outer surface proteins C and F in experimentally infected Beagle dogs. *Journal of veterinary diagnostic investigation : official publication of the American Association of Veterinary Laboratory Diagnosticians, Inc*, 27(4), 526–530. DOI:10.1177/1040638715583868.
36. Fudge, J. M., Boyanowski, B., Page, B., Liu, S., & Rogovskyy, A. S. (2020). Serological prevalence of six vector-borne pathogens in dogs presented for elective ovariohysterectomy or castration in the South central region of Texas. *BMC veterinary research*, 16(1), 381. DOI:10.1186/s12917-020-02607-w.
37. Barbour, A.G. & Qiu, W. (2019). *Borreliella* in Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria. Wiley, 1–22. DOI:10.1002/9781118960608.gbm01525.
38. Adeolu, M., & Gupta, R. S. (2014). A phylogenomic and molecular marker based proposal for the division of the genus *Borrelia* into two genera: the



emended genus *Borrelia* containing only the members of the relapsing fever *Borrelia*, and the genus *Borrelia* gen. nov. containing the members of the Lyme disease *Borrelia* (*Borrelia burgdorferi sensu lato* complex). *Antonie van Leeuwenhoek*, 105(6), 1049–1072. DOI:10.1007/s10482-014-0164-x.

39. Gupta R. S. (2019). Distinction between *Borrelia* and *Borrelia* is more robustly supported by molecular and phenotypic characteristics than all other neighbouring prokaryotic genera: Response to Margos' et al. "The genus *Borrelia* reloaded" (PLoS ONE 13(12): e0208432). *PloS one*, 14(8), e0221397. DOI:10.1371/journal.pone.0221397.

40. Margos, G., Gofton, A., Wibberg, D., Dangel, A., Marosevic, D., Loh, S. M., Oskam, C., & Fingerle, V. (2018). The genus *Borrelia* reloaded. *PloS one*, 13(12), e0208432. DOI:10.1371/journal.pone.0208432.

41. Takano, A., Goka, K., Une, Y., Shimada, Y., Fujita, H., Shiino, T., Watanabe, H., & Kawabata, H. (2010). Isolation and characterization of a novel *Borrelia* group of tick-borne borreliae from imported reptiles and their associated ticks. *Environmental microbiology*, 12(1), 134–146. DOI:10.1111/j.1462-2920.2009.02054.x.

42. Casjens, S. R., Mongodin, E. F., Qiu, W. G., Luft, B. J., Schutzer, S. E., Gilcrease, E. B., Huang, W. M., Vujadinovic, M., Aron, J. K., Vargas, L. C., Freeman, S., Radune, D., Weidman, J. F., Dimitrov, G. I., Khouri, H. M., Sosa, J. E., Halpin, R. A., Dunn, J. J., & Fraser, C. M. (2012). Genome stability of Lyme disease spirochetes: comparative genomics of *Borrelia burgdorferi* plasmids. *PloS one*, 7(3), e33280. DOI:10.1371/journal.pone.0033280.

43. Bankole, A. A., Kumsa, B., Mamo, G., Ogo, N. I., Elelu, N., Morgan, W., & Cutler, S. J. (2023). Comparative Analysis of Tick-Borne Relapsing Fever Spirochaetes from Ethiopia and Nigeria. *Pathogens (Basel, Switzerland)*, 12(1), 81. DOI:10.3390/pathogens12010081.

44. Cutler S. J. (2015). Relapsing Fever *Borrelia*: A Global Review. *Clinics in laboratory medicine*, 35(4), 847–865. DOI:10.1016/j.cll.2015.07.001.

45. Postic, D., Ras, N. M., Lane, R. S., Hendson, M., & Baranton, G. (1998). Expanded diversity among Californian borrelia isolates and description of *Borrelia bissetii* sp. nov. (formerly *Borrelia* group DN127). *Journal of clinical microbiology*, 36(12), 3497–3504. DOI:10.1128/JCM.36.12.3497-3504.1998.
46. Burgdorfer, W., Barbour, A. G., Hayes, S. F., Benach, J. L., Grunwaldt, E., & Davis, J.P. (1982). Lyme disease—a tick-borne spirochetosis?. *Science (New York, N.Y.)*, 216(4552), 1317–1319. DOI:10.1126/science.7043737.
47. Baranton, G., Postic, D., Saint Girons, I., Boerlin, P., Piffaretti, J. C., Assous, M., & Grimont, P. A. (1992). Delineation of *Borrelia burgdorferi sensu stricto*, *Borrelia garinii* sp. nov., and group VS461 associated with Lyme borreliosis. *International journal of systematic bacteriology*, 42(3), 378–383. DOI:10.1099/00207713-42-3-378.
48. Wolcott, K. A., Margos, G., Fingerle, V., & Becker, N. S. (2021). Host association of *Borrelia burgdorferi sensu lato*: A review. *Ticks and tick-borne diseases*, 12(5), 101766. DOI:10.1016/j.ttbdis.2021.101766.
49. Meier-Kolthoff, J. P., Carbasse, J. S., Peinado-Olarte, R. L., & Göker, M. (2022). TYGS and LPSN: a database tandem for fast and reliable genome-based classification and nomenclature of prokaryotes. *Nucleic acids research*, 50(D1), D801–D807. DOI:10.1093/nar/gkab902.
50. Parte, A. C., Sardà Carbasse, J., Meier-Kolthoff, J. P., Reimer, L. C., & Göker, M. (2020). List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature (LPSN) moves to the DSMZ. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 70(11), 5607–5612. DOI:10.1099/ijsem.0.004332.
51. Canica, M. M., Nato, F., du Merle, L., Mazie, J. C., Baranton, G., & Postic, D. (1993). Monoclonal antibodies for identification of *Borrelia afzelii* sp. nov. associated with late cutaneous manifestations of Lyme borreliosis. *Scandinavian journal of infectious diseases*, 25(4), 441–448. DOI:10.3109/00365549309008525.
52. Rudenko, N., Golovchenko, M., Lin, T., Gao, L., Grubhoffer, L., & Oliver, J. H., Jr (2009). Delineation of a new species of the *Borrelia burgdorferi Sensu*

Lato Complex, *Borrelia americana* sp. nov. *Journal of clinical microbiology*, 47(12), 3875–3880. DOI:10.1128/JCM.01050-09.

53. Marconi, R. T., Liveris, D., & Schwartz, I. (1995). Identification of novel insertion elements, restriction fragment length polymorphism patterns, and discontinuous 23S rRNA in Lyme disease spirochetes: phylogenetic analyses of rRNA genes and their intergenic spacers in *Borrelia japonica* sp. nov. and genomic group 21038 (*Borrelia andersonii* sp. nov.) isolates. *Journal of clinical microbiology*, 33(9), 2427–2434. DOI:10.1128/jcm.33.9.2427-2434.1995

54. Margos, G., Wilske, B., Sing, A., Hizo-Teufel, C., Cao, W. C., Chu, C., Scholz, H., Straubinger, R. K., & Fingerle, V. (2013). *Borrelia bavariensis* sp. nov. is widely distributed in Europe and Asia. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 63(Pt 11), 4284–4288. DOI:10.1099/ijs.0.052001-0.

55. Margos, G., Lane, R.S., Fedorova, N., Koloczek, J., Piesman, J., Hojgaard, A., Sing, A., & Fingerle, V. (2016). *Borrelia bissettae* sp. nov. and *Borrelia californiensis* sp. nov. prevail in diverse enzootic transmission cycles. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 66(3), 1447–1452. DOI:10.1099/ijsem.0.000897.

56. Johnson, R. C., Schmid, G. P., Hyde, F. W., Steigerwalt, A. G., & Brenner, D. J. (1984). *Borrelia burgdorferi* sp. nov.: etiologic agent of Lyme disease. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 34(4), 496-497. DOI:10.1099/00207713-34-4-496.

57. Rudenko, N., Golovchenko, M., Grubhoffer, L., & Oliver, J.H. (2011). *Borrelia carolinensis* sp. nov., a novel species of the *Borrelia burgdorferi sensu lato* complex isolated from rodents and a tick from the south-eastern USA. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 61(Pt 2), 381–383. DOI:10.1099/ijs.0.021436-0.

58. Ivanova, L. B., Tomova, A., González-Acuña, D., Murúa, R., Moreno, C. X., Hernández, C., Cabello, J., Cabello, C., Daniels, T. J., Godfrey, H. P., & Cabello, F. C. (2014). *Borrelia chilensis*, a new member of the *Borrelia burgdorferi sensu lato* complex that extends the range of this genospecies in the Southern

Hemisphere. *Environmental microbiology*, 16(4), 1069–1080. DOI:10.1111/1462-2920.12310.

59. Casjens, S. R., Fraser-Liggett, C. M., Mongodin, E. F., Qiu, W. G., Dunn, J. J., Luft, B. J., & Schutzer, S. E. (2011). Whole genome sequence of an unusual *Borrelia burgdorferi sensu lato* isolate. *Journal of bacteriology*, 193(6), 1489–1490. DOI:10.1128/JB.01521-10.

60. Kawabata, H., Masuzawa, T., & Yanagihara, Y. (1993). Genomic analysis of *Borrelia japonica* sp. nov. isolated from *Ixodes ovatus* in Japan. *Microbiology and immunology*, 37(11), 843–848. DOI:10.1111/j.1348-0421.1993.tb01714.x

61. Margos, G., Piesman, J., Lane, R.S., Ogden, N. H., Sing, A., Straubinger, R. K., & Fingerle, V. (2014). *Borrelia kurtenbachii* sp. nov., a widely distributed member of the *Borrelia burgdorferi sensu lato* species complex in North America. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 64(Pt 1), 128–130. DOI:10.1099/ij.s.0.054593-0.

62. Margos, G., Piesman, J., Lane, R. S., Ogden, N. H., Sing, A., Straubinger, R. K., & Fingerle, V. (2014). *Borrelia kurtenbachii* sp. nov., a widely distributed member of the *Borrelia burgdorferi sensu lato* species complex in North America. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 64(Pt 1), 128–130. DOI:10.1099/ij.s.0.054593-0.

63. Wang, G., van Dam, A. P., Le Fleche, A., Postic, D., Peter, O., Baranton, G., de Boer, R., Spanjaard, L., & Dankert, J. (1997). Genetic and phenotypic analysis of *Borrelia valaisiana* sp. nov. (*Borrelia* genomic groups VS116 and M19). *International journal of systematic bacteriology*, 47(4), 926–932. DOI:10.1099/00207713-47-4-926.

64. Pritt, B. S., Respicio-Kingry, L. B., Sloan, L. M., Schriefer, M. E., Replogle, A. J., Bjork, J., Liu, G., Kingry, L. C., Mead, P. S., Neitzel, D. F., Schiffman, E., Hoang Johnson, D. K., Davis, J. P., Paskewitz, S. M., Boxrud, D., Deedon, A., Lee, X., Miller, T. K., Feist, M. A., Steward, C. R., ... Petersen, J. M. (2016). *Borrelia mayonii* sp. nov., a member of the *Borrelia burgdorferi sensu lato*

complex, detected in patients and ticks in the upper midwestern United States. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 66(11), 4878–4880. DOI:10.1099/ijsem.0.001445.

65. Masuzawa, T., Takada, N., Kudeken, M., Fukui, T., Yano, Y., Ishiguro, F., Kawamura, Y., Imai, Y., & Ezaki, T. (2001). *Borrelia sinica* sp. nov., a Lyme disease-related *Borrelia* species isolated in China. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 51(Pt 5), 1817–1824. DOI:10.1099/00207713-51-5-1817.

66. Richter, D., Schlee, D. B., Allgöwer, R., & Matuschka, F. R. (2004). Relationships of a novel Lyme disease spirochete, *Borrelia spielmani* sp. nov., with its hosts in Central Europe. *Applied and environmental microbiology*, 70(11), 6414–6419. DOI:10.1128/AEM.70.11.6414-6419.2004.

67. Fukunaga, M., Hamase, A., Okada, K., & Nakao, M. (1996). *Borrelia tanukii* sp. nov. and *Borrelia turdae* sp. nov. found from ixodid ticks in Japan: rapid species identification by 16S rRNA gene-targeted PCR analysis. *Microbiology and immunology*, 40(11), 877–881. DOI:10.1111/j.1348-0421.1996.tb01154.x.

68. Margos, G., Chu, C.Y., Takano, A., Jiang, B.G., Liu, W., Kurtenbach, K., Masuzawa, T., Fingerle, V., Cao, W. C., & Kawabata, H. (2015). *Borrelia yangtzensis* sp. nov., a rodent-associated species in Asia, is related to *Borrelia valaisiana*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 65(11), 3836–3840. DOI:10.1099/ijsem.0.000491.

69. Fedorova, N., Kleinjan, J. E., James, D., Hui, L. T., Peeters, H., & Lane, R. S. (2014). Remarkable diversity of tick or mammalian-associated *Borreliae* in the metropolitan San Francisco Bay Area, California. *Ticks and tick-borne diseases*, 5(6), 951–961. DOI:10.1016/j.ttbdis.2014.07.015.

70. Gatellet, M., Vanderheyden, S., Abee, M., Adaszek, Ł., & Varloud, M. (2019). A Suspected Case of Lyme Borreliosis in a Dog from Belgium. *Case reports in veterinary medicine*, 2019, 3973901. DOI:10.1155/2019/3973901.

71. Steere, A. C., Grodzicki, R. L., Kornblatt, A. N., Craft, J. E., Barbour, A. G., Burgdorfer, W., Schmid, G.P., Johnson, E., & Malawista, S.E. (1983).

The spirochetal etiology of Lyme disease. *The New England journal of medicine*, 308(13), 733–740. DOI:10.1056/NEJM198303313081301.

72. Benach, J. L., Bosler, E.M., Hanrahan, J. P., Coleman, J. L., Habicht, G. S., Bast, T. F., Cameron, D. J., Ziegler, J. L., Barbour, A. G., Burgdorfer, W., Edelman, R., & Kaslow, R.A. (1983). Spirochetes isolated from the blood of two patients with Lyme disease. *The New England journal of medicine*, 308(13), 740–742. DOI:10.1056/NEJM198303313081302.

73. Skotarczak B. (2014). Why are there several species of *Borrelia burgdorferi* sensu lato detected in dogs and humans?. *Infection, genetics and evolution : journal of molecular epidemiology and evolutionary genetics in infectious diseases*, 23, 182–188. DOI:10.1016/j.meegid.2014.02.014.

74. Hanincová, K., Liveris, D., Sandigursky, S., Wormser, G. P., & Schwartz, I. (2008). *Borrelia burgdorferi* sensu stricto is clonal in patients with early Lyme borreliosis. *Applied and environmental microbiology*, 74(16), 5008–5014. DOI:10.1128/AEM.00479-08.

75. Wormser, G. P., Brisson, D., Liveris, D., Hanincová, K., Sandigursky, S., Nowakowski, J., Nadelman, R.B., Ludin, S., & Schwartz, I. (2008). *Borrelia burgdorferi* genotype predicts the capacity for hematogenous dissemination during early Lyme disease. *The Journal of infectious diseases*, 198(9), 1358–1364. DOI:10.1086/592279.

76. Barbour, A. G., & Cook, V. J. (2018). Genotyping Strains of Lyme Disease Agents Directly From Ticks, Blood, or Tissue. *Methods in molecular biology (Clifton, N.J.)*, 1690, 1–11. DOI:10.1007/978-1-4939-7383-5\_1.

77. Steere, A. C., Coburn, J., & Glickstein, L. (2004). The emergence of Lyme disease. *The Journal of clinical investigation*, 113(8), 1093–1101. DOI:10.1172/JCI21681.

78. Korshus, J. B., Munderloh, U. G., Bey, R. F., & Kurtti, T. J. (2004). Experimental infection of dogs with *Borrelia burgdorferi* sensu stricto using *Ixodes scapularis* ticks artificially infected by capillary feeding. *Medical microbiology and immunology*, 193(1), 27–34. DOI:10.1007/s00430-003-0178-x.

79. Strle, K., Drouin, E. E., Shen, S., El Khoury, J., McHugh, G., Ruzic-Sabljić, E., Strle, F., & Steere, A. C. (2009). *Borrelia burgdorferi* stimulates macrophages to secrete higher levels of cytokines and chemokines than *Borrelia afzelii* or *Borrelia garinii*. *The Journal of infectious diseases*, 200(12), 1936–1943. DOI:10.1086/648091.
80. Skotarczak B. (2018). The role of companion animals in the environmental circulation of tick-borne bacterial pathogens. *Annals of agricultural and environmental medicine : AAEM*, 25(3), 473–480. DOI:10.26444/aaem/93381.
81. Skotarczak B. (2002). Canine borreliosis--epidemiology and diagnostics. *Annals of agricultural and environmental medicine : AAEM*, 9(2), 137–140.
82. Skotarczak, B., Wodecka, B., Rymaszewska, A., Sawczuk, M., Maciejewska, A., Adamska, M., Hermanowska-Szpakowicz, T., & Swierzbńska, R. (2005). Prevalence of DNA and antibodies to *Borrelia burgdorferi sensu lato* in dogs suspected of borreliosis. *Annals of agricultural and environmental medicine : AAEM*, 12(2), 199–205..
83. Eisen, L., Eisen, R. J., Mun, J., Salkeld, D. J., & Lane, R. S. (2009). Transmission cycles of *Borrelia burgdorferi* and *B. bissettii* in relation to habitat type in northwestern California. *Journal of vector ecology : journal of the Society for Vector Ecology*, 34(1), 81–91. DOI:10.3376/038.034.0110.
84. Busch, U., Hizo-Teufel, C., Boehmer, R., Fingerle, V., Nitschko, H., Wilske, B., & Preac-Mursic, V. (1996). Three species of *Borrelia burgdorferi sensu lato* (*B. burgdorferi sensu stricto*, *B. afzelii*, and *B. garinii*) identified from cerebrospinal fluid isolates by pulsed-field gel electrophoresis and PCR. *Journal of clinical microbiology*, 34(5), 1072–1078. DOI:10.1128/jcm.34.5.1072-1078.1996
85. Van Dam, A. P., Kuiper, H., Vos, K., Widjojokusumo, A., De Jongh, B. M., Spanjaard, L., Ramselaar, A. C., Kramer, M. D., & Dankert, J. (1993). Different genospecies of *Borrelia burgdorferi* are associated with distinct clinical manifestations of Lyme borreliosis. *Clinical infectious diseases : an official*

publication of the *Infectious Diseases Society of America*, 17(4), 708–717.  
DOI:10.1093/clinids/17.4.708

86. Adaszek, Ł., Winiarczyk, S., Puchalski, A., Garbal, M., & Górna, M. (2009). The diagnose of *Borrelia afzelii* infections in dogs. *Annales Universitatis Mariae Curie-Skłodowska sectio DD Medicina Veterinaria*, 64(1), 15-21.

87. Marques, A. R., Strle, F., & Wormser, G. P. (2021). Comparison of Lyme Disease in the United States and Europe. *Emerging infectious diseases*, 27(8), 2017–2024. DOI:10.3201/eid2708.204763.

88. Hanincová, K., Schäfer, S. M., Etti, S., Sewell, H. S., Taragelová, V., Ziak, D., Labuda, M., & Kurtenbach, K. (2003). Association of *Borrelia afzelii* with rodents in Europe. *Parasitology*, 126(Pt 1), 11–20.  
DOI:10.1017/s0031182002002548.

89. Kurtenbach, K., De Michelis, S., Etti, S., Schäfer, S. M., Sewell, H. S., Brade, V., & Kraiczy, P. (2002). Host association of *Borrelia burgdorferi sensu lato*—the key role of host complement. *Trends in microbiology*, 10(2), 74–79.  
DOI:10.1016/s0966-842x(01)02298-3

90. Stanek, G., Fingerle, V., Hunfeld, K. P., Jaulhac, B., Kaiser, R., Krause, A., Kristoferitsch, W., O'Connell, S., Ornstein, K., Strle, F., & Gray, J. (2011). Lyme borreliosis: clinical case definitions for diagnosis and management in Europe. *Clinical microbiology and infection : the official publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*, 17(1), 69–79.  
DOI:10.1111/j.1469-0691.2010.03175.x.

91. Inokuma, H., Maetani, S., Fujitsuka, J., Takano, A., Sato, K., Fukui, T., Masuzawa, T., & Kawabata, H. (2013). Astasia and pyrexia related to *Borrelia garinii* infection in two dogs in Hokkaido, Japan. *The Journal of veterinary medical science*, 75(7), 975–978. DOI:10.1292/jvms.13-0027.

92. Olsen, B., Duffy, D. C., Jaenson, T. G., Gylfe, A., Bonnedahl, J., & Bergström, S. (1995). Transhemispheric exchange of Lyme disease spirochetes by seabirds. *Journal of clinical microbiology*, 33(12), 3270–3274.  
DOI:10.1128/jcm.33.12.3270-3274.1995.



93. Comstedt, P., Bergström, S., Olsen, B., Garpmo, U., Marjavaara, L., Mejlon, H., Barbour, A. G., & Bunikis, J. (2006). Migratory passerine birds as reservoirs of Lyme borreliosis in Europe. *Emerging infectious diseases*, *12*(7), 1087–1095. DOI:10.3201/eid1207.060127.
94. Smith, R. P., Jr, Muzaffar, S. B., Lavers, J., Lacombe, E. H., Cahill, B. K., Lubelczyk, C. B., Kinsler, A., Mathers, A. J., & Rand, P. W. (2006). *Borrelia garinii* in seabird ticks (*Ixodes uriae*), Atlantic Coast, North America. *Emerging infectious diseases*, *12*(12), 1909–1912. DOI:10.3201/eid1212.060448.
95. Munro, H. J., Ogden, N. H., Mechai, S., Lindsay, L. R., Robertson, G. J., Whitney, H., & Lang, A. S. (2019). Genetic diversity of *Borrelia garinii* from *Ixodes uriae* collected in seabird colonies of the northwestern Atlantic Ocean. *Ticks and tick-borne diseases*, *10*(6), 101255. DOI:10.1016/j.ttbdis.2019.06.014.
96. Markowicz, M., Ladstatter, S., Schotta, A. M., Reiter, M., Pomberger, G., & Stanek, G. (2015). Oligoarthritis caused by *Borrelia bavariensis*, Austria, 2014. *Emerging infectious diseases*, *21*(6), 1052–1054. DOI:10.3201/eid2106.141516.
97. Kingry, L. C., Replogle, A., Batra, D., Rowe, L. A., Sexton, C., Dolan, M., Connally, N., Petersen, J. M., & Schriefer, M. E. (2017). Toward a Complete North American *Borrelia miyamotoi* Genome. *Genome announcements*, *5*(5), e01557-16. DOI:10.1128/genomeA.01557-16.
98. Maraspin, V., Ruzic-Sabljić, E., & Strle, F. (2006). Lyme borreliosis and *Borrelia spielmanii*. *Emerging infectious diseases*, *12*(7), 1177. DOI:10.3201/eid1207.060077.
99. Fingerle, V., Schulte-Spechtel, U. C., Ruzic-Sabljić, E., Leonhard, S., Hofmann, H., Weber, K., Pfister, K., Strle, F., & Wilske, B. (2008). Epidemiological aspects and molecular characterization of *Borrelia burgdorferi* s.l. from southern Germany with special respect to the new species *Borrelia spielmanii* sp. nov. *International journal of medical microbiology : IJMM*, *298*(3-4), 279–290. DOI:10.1016/j.ijmm.2007.05.002.
100. Levytska, V. A., Mushinsky, A. B., Zubrikova, D., Blanarova, L., Długosz, E., Vichova, B., Slivinska, K. A., Gajewski, Z., Gizinski, S., Liu, S., Zhou,

L., & Rogovsky, A. S. (2021). Detection of pathogens in ixodid ticks collected from animals and vegetation in five regions of Ukraine. *Ticks and tick-borne diseases*, 12(1), 101586. DOI:10.1016/j.ttbdis.2020.101586.

101. Ben, I., & Lozynskyi, I. (2019). Prevalence of *Anaplasma phagocytophilum* in *Ixodes ricinus* and *Dermacentor reticulatus* and Coinfection with *Borrelia burgdorferi* and Tick-Borne Encephalitis Virus in Western Ukraine. *Vector borne and zoonotic diseases (Larchmont, N.Y.)*, 19(11), 793–801. DOI:10.1089/vbz.2019.2450.

102. Rogovsky, A., Batool, M., Gillis, D. C., Holman, P.J., Nebogatkin, I. V., Rogovska, Y. V., & Rogovsky, M. S. (2018). Diversity of *Borrelia* spirochetes and other zoonotic agents in ticks from Kyiv, Ukraine. *Ticks and tick-borne diseases*, 9(2), 404–409. DOI:10.1016/j.ttbdis.2017.12.006.

103. Didyk, Y. M., Blaňárová, L., Pogrebnyak, S., Akimov, I., Peřko, B., & Vichová, B. (2017). Emergence of tick-borne pathogens (*Borrelia burgdorferi sensu lato*, *Anaplasma phagocytophilum*, *Rickettsia raoultii* and *Babesia microti*) in the Kyiv urban parks, Ukraine. *Ticks and tick-borne diseases*, 8(2), 219–225. DOI:10.1016/j.ttbdis.2016.10.002.

104. Kenedy, M. R., Lenhart, T. R., & Akins, D. R. (2012). The role of *Borrelia burgdorferi* outer surface proteins. *FEMS immunology and medical microbiology*, 66(1), 1–19. DOI:10.1111/j.1574-695X.2012.00980.x.

105. Stevenson B. (2023). The Lyme disease spirochete, *Borrelia burgdorferi*, as a model vector-borne pathogen: insights on regulation of gene and protein expression. *Current opinion in microbiology*, 74, 102332. DOI:10.1016/j.mib.2023.102332.

106. Chu, C.-Y. et al., “Novel Genospecies of *Borrelia burgdorferi* Sensu Lato from Rodents and Ticks in Southwestern China,” *J Clin Microbiol*, vol. 46, no. 9, pp. 3130–3133, Sep. 2008, doi:10.1128/JCM.01195-08.

107. Bankhead T. (2016). Role of the VlsE Lipoprotein in Immune Avoidance by the Lyme Disease Spirochete *Borrelia burgdorferi*. *Forum on immunopathological*

*diseases* and *therapeutics*, 7(3-4), 191–204.  
DOI:10.1615/ForumImmunDisTher.2017019625.

108. Springer, A., Glass, A., Topp, A.K., & Strube, C. (2020). Zoonotic Tick-Borne Pathogens in Temperate and Cold Regions of Europe-A Review on the Prevalence in Domestic Animals. *Frontiers in veterinary science*, 7, 604910. DOI:10.3389/fvets.2020.604910.

109. Heylen, D., Fonville, M., Docters van Leeuwen, A., Stroo, A., Duisterwinkel, M., van Wieren, S., Diuk-Wasser, M., de Bruin, A., & Sprong, H. (2017). Pathogen communities of songbird-derived ticks in Europe's low countries. *Parasites & vectors*, 10(1), 497. DOI:10.1186/s13071-017-2423-y.

110. Gassner, F., Hansford, K. M., & Medlock, J.M. (2016). Greener cities, a wild card for ticks?. In *Ecology and prevention of Lyme borreliosis*. Wageningen Academic Publishers. 29-33. DOI:10.3920/978-90-8686-838-4\_13.

111. Földvári, G., & Farkas, R. (2005). Ixodid tick species attaching to dogs in Hungary. *Veterinary parasitology*, 129(1-2), 125–131. DOI:10.1016/j.vetpar.2004.11.032.

112. Rudolf, I., & Hubálek, Z. (2003). Effect of the salivary gland and midgut extracts from *Ixodes ricinus* and *Dermacentor reticulatus* (Acari: *Ixodidae*) on the growth of *Borrelia garinii* in vitro. *Folia parasitologica*, 50(2), 159–160..

113. Rudolf, I., Sikutová, S., Kopecký, J., & Hubálek, Z. (2010). Salivary gland extract from engorged *Ixodes ricinus* (Acari: *Ixodidae*) stimulates in vitro growth of *Borrelia burgdorferi* sensu lato. *Journal of basic microbiology*, 50(3), 294–298. DOI:10.1002/jobm.200900237.

114. Voordouw M. J. (2015). Co-feeding transmission in Lyme disease pathogens. *Parasitology*, 142(2), 290–302. DOI:10.1017/S0031182014001486.

115. Anderson J. F. (2002). The natural history of ticks. *The Medical clinics of North America*, 86(2), 205–218. DOI:10.1016/s0025-7125(03)00083-x.

116. Richter, D., Debski, A., Hubalek, Z., & Matuschka, F.R. (2012). Absence of Lyme disease spirochetes in larval *Ixodes ricinus* ticks. *Vector borne and zoonotic diseases (Larchmont, N.Y.)*, 12(1), 21–27. DOI:10.1089/vbz.2011.0668.

117. Gern L. (2008). *Borrelia burgdorferi sensu lato*, the agent of Lyme borreliosis: life in the wilds. *Parasite (Paris, France)*, 15(3), 244–247. DOI:10.1051/parasite/2008153244.
118. Ogden N. H. (2018). Review of "Ecology and prevention of Lyme borreliosis" edited by Marieta A. H. Braks, Sipke E. van Wieren, Willem Takken and Hein Sprong. *Parasites & vectors*, 11(1), 143. DOI:10.1186/s13071-018-2675-1.
119. Tracy, K. E., & Baumgarth, N. (2017). *Borrelia burgdorferi* Manipulates Innate and Adaptive Immunity to Establish Persistence in Rodent Reservoir Hosts. *Frontiers in immunology*, 8, 116. DOI:10.3389/fimmu.2017.00116.
120. Perret, J. L., Rais, O., & Gern, L. (2004). Influence of climate on the proportion of *Ixodes ricinus* nymphs and adults questing in a tick population. *Journal of medical entomology*, 41(3), 361–365. DOI:10.1603/0022-2585-41.3.361.
121. Voyiatzaki, C., Papailia, S. I., Venetikou, M. S., Pouris, J., Tsoumani, M. E., & Papageorgiou, E. G. (2022). Climate Changes Exacerbate the Spread of *Ixodes ricinus* and the Occurrence of Lyme Borreliosis and Tick-Borne Encephalitis in Europe-How Climate Models Are Used as a Risk Assessment Approach for Tick-Borne Diseases. *International journal of environmental research and public health*, 19(11), 6516. DOI:10.3390/ijerph19116516.
122. Hofmeester, T. R., Coipan, E. C., Van Wieren, S. E., Prins, H. H. T., Takken, W., & Sprong, H. (2016). Few vertebrate species dominate the *Borrelia burgdorferi* life cycle. *Environmental Research Letters*, 11(4), 043001. DOI:10.1088/1748-9326/11/4/043001.
123. Ghai, R. R., Wallace, R. M., Kile, J. C., Shoemaker, T. R., Vieira, A. R., Negron, M. E., Shadomy, S. V., Sinclair, J. R., Goryoka, G. W., Salyer, S. J., & Barton Behravesh, C. (2022). A generalizable one health framework for the control of zoonotic diseases. *Scientific reports*, 12(1), 8588. DOI:10.1038/s41598-022-12619-1.
124. Randolph S. E. (2008). Dynamics of tick-borne disease systems: minor role of recent climate change. *Revue scientifique et technique (International Office of Epizootics)*, 27(2), 367–381.

125. Ogden N. H. (2018). Review of "Ecology and prevention of Lyme borreliosis" edited by Marieta A.H. Braks, Sipke E. van Wieren, Willem Takken and Hein Sprong. *Parasites & vectors*, 11(1), 143. DOI:10.1186/s13071-018-2675-1.

126. Lindgren, E., & Jaenson, T. G. (2006). *Lyme borreliosis in Europe: influences of climate and climate change, epidemiology, ecology and adaptation measures* (No. EUR/04/5046250). World Health Organization. Regional Office for Europe.

[http://www.euro.who.int/\\_\\_data/assets/pdf\\_file/0006/96819/E89522.pdf?ua=1](http://www.euro.who.int/__data/assets/pdf_file/0006/96819/E89522.pdf?ua=1)

127. Ogden, N. H., Bigras-Poulin, M., Hanincová, K., Maarouf, A., O'Callaghan, C. J., & Kurtenbach, K. (2008). Projected effects of climate change on tick phenology and fitness of pathogens transmitted by the North American tick *Ixodes scapularis*. *Journal of theoretical biology*, 254(3), 621–632. DOI:10.1016/j.jtbi.2008.06.020.

128. Gilbert, L. (2016). 11. How landscapes shape Lyme borreliosis risk. In *Ecology and prevention of Lyme borreliosis* (pp. 161-171). Wageningen Academic. DOI:10.3920/978-90-8686-838-4\_11.

129. Ndongo, M. S., Ndiaye, P. I., Gharbi, M., Rekik, M., BenMiled, S., & Darghouth, M. A. (2022). A climate-based model for tick life cycle: positive semigroup theory on Cauchy problem approach. *Journal of mathematical biology*, 84(6), 52. DOI:10.1007/s00285-022-01755-x.

130. Perret, J. L., Guigoz, E., Rais, O., & Gern, L. (2000). Influence of saturation deficit and temperature on *Ixodes ricinus* tick questing activity in a Lyme borreliosis-endemic area (Switzerland). *Parasitology research*, 86(7), 554–557. DOI:10.1007/s004360000209.

131. Randolph S. E. (2004). Tick ecology: processes and patterns behind the epidemiological risk posed by ixodid ticks as vectors. *Parasitology*, 129 Suppl, S37–S65. DOI:10.1017/s0031182004004925.

132. Braks, M. A., Mulder, A. C., Swart, A., & Wint, W. (2016). Grasping risk mapping. In *Ecology and prevention of Lyme borreliosis* (p. 370). Wageningen Academic Publishers. DOI:10.3920/978-90-8686-838-4.

133. Millins, C., Gilbert, L., Medlock, J., Hansford, K., Thompson, D. B., & Biek, R. (2017). Effects of conservation management of landscapes and vertebrate communities on Lyme borreliosis risk in the United Kingdom. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*, 372(1722), 20160123. DOI:10.1098/rstb.2016.0123.

134. Jackson, L. E., Hilborn, E. D., & Thomas, J. C. (2006). Towards landscape design guidelines for reducing Lyme disease risk. *International journal of epidemiology*, 35(2), 315–322. DOI:10.1093/ije/dyi284.

135. Rizzoli, A., Merler, S., Furlanello, C., & Genchi, C. (2002). Geographical information systems and bootstrap aggregation (bagging) of tree-based classifiers for Lyme disease risk prediction in Trentino, Italian Alps. *Journal of medical entomology*, 39(3), 485–492. DOI:10.1603/0022-2585-39.3.485.

136. Altobelli, A., Boemo, B., Mignozzi, K., Bandi, M., Floris, R., Menardi, G., & Cinco, M. (2008). Spatial Lyme borreliosis risk assessment in north-eastern Italy. *International Journal of Medical Microbiology*, 298, 125-128. DOI:10.1016/j.ijmm.2008.05.005.

137. Rogovsky, A. S., Nebogatkin, I. V., & Scoles, G. A. (2017). Ixodid ticks in the megapolis of Kyiv, Ukraine. *Ticks and tick-borne diseases*, 8(1), 99–102. DOI:10.1016/j.ttbdis.2016.10.004.

138. Fedonyuk, L., Pryvrotska, I., & Rujytska, O. (2019). Ecological features, distribution and epidemiological significance of family ixodidae ticks. *Scientific Horizons*, 84(11), 121-129. DOI:10.33249/2663-2144-2019-84-11-121-129.

139. Corrain, R., Drigo, M., Fenati, M., Menandro, M.L., Mondin, A., Pasotto, D., & Martini, M. (2012). Study on ticks and tick-borne zoonoses in public parks in Italy. *Zoonoses and public health*, 59(7), 468–476. DOI:10.1111/j.1863-2378.2012.01490.x.

140. Акімов, І. А., & Небогаткін, І. В. (2011). Динаміка чисельності і деякі екологічні особливості іксодових кліщів урбанізованих ландшафтів м. Києва з початку ХХІ століття.

141. Воронова, Н. В., Горбань, В. В., & Богаткіна, В. А. (2017). Трофічні зв'язки іксодових кліщів у природних і урбанізованих біогеоценозах Запорізької області. *Питання біоіндикації та екології*, (22, № 2), 153-165.
142. Levytska, V. A., Mushinsky, A. B., Zubrikova, D., Blanarova, L., Długosz, E., Vichova, B., Slivinska, K. A., Gajewski, Z., Gizinski, S., Liu, S., Zhou, L., & Rogovsky, A. S. (2021). Detection of pathogens in ixodid ticks collected from animals and vegetation in five regions of Ukraine. *Ticks and tick-borne diseases*, 12(1), 101586. DOI:10.1016/j.ttbdis.2020.101586.
143. Stark, J. H., Pilz, A., Jodar, L., & Moïsi, J. C. (2023). The Epidemiology of Lyme Borreliosis in Europe: An Updated Review on a Growing Public Health Issue. *Vector borne and zoonotic diseases (Larchmont, N.Y.)*, 23(4), 139–141. DOI:10.1089/vbz.2022.0068.
144. Steere, A. C., Malawista, S. E., Snyderman, D. R., Shope, R. E., Andiman, W. A., Ross, M. R., & Steele, F. M. (1977). Lyme arthritis: an epidemic of oligoarticular arthritis in children and adults in three connecticut communities. *Arthritis and rheumatism*, 20(1), 7–17. DOI:10.1002/art.1780200102.
145. Wilske B. (2005). Epidemiology and diagnosis of Lyme borreliosis. *Annals of medicine*, 37(8), 568–579. DOI:10.1080/07853890500431934.
146. Наказ МОЗ України: «Про посилення заходів з діагностики та профілактики іксодових кліщових бореліозів в Україні» № 218. 2005.
147. Stanek, G., & Strle, F. (2018). Lyme borreliosis-from tick bite to diagnosis and treatment. *FEMS microbiology reviews*, 42(3), 233–258. DOI:10.1093/femsre/fux047.
148. Marques, A. R., Strle, F., & Wormser, G. P. (2021). Comparison of Lyme Disease in the United States and Europe. *Emerging infectious diseases*, 27(8), 2017–2024. DOI:10.3201/eid2708.204763.
149. Strnad, M., Hönig, V., Růžek, D., Grubhoffer, L., & Rego, R. O. M. (2017). Europe-Wide Meta-Analysis of *Borrelia burgdorferi Sensu Lato* Prevalence in Questing *Ixodes ricinus* Ticks. *Applied and environmental microbiology*, 83(15), e00609-17. DOI:10.1128/AEM.00609-17.

150. Coburn, J., Garcia, B., Hu, L. T., Jewett, M. W., Kraiczy, P., Norris, S. J., & Skare, J. (2021). Lyme Disease Pathogenesis. *Current issues in molecular biology*, 42, 473–518. DOI:10.21775/cimb.042.473.
151. Rupprecht, T. A., Koedel, U., Fingerle, V., & Pfister, H. W. (2008). The pathogenesis of lyme neuroborreliosis: from infection to inflammation. *Molecular medicine (Cambridge, Mass.)*, 14(3-4), 205–212. DOI:10.2119/2007-00091.Rupprecht.
152. Schoen R.T. (2020). Lyme disease: diagnosis and treatment. *Current opinion in rheumatology*, 32(3), 247–254. DOI:10.1097/BOR.0000000000000698.
153. Schwartz, A. M., Hinckley, A. F., Mead, P. S., Hook, S. A., & Kugeler, K. J. (2017). Surveillance for Lyme Disease - United States, 2008-2015. *Morbidity and mortality weekly report. Surveillance summaries (Washington, D.C. : 2002)*, 66(22), 1–12. DOI:10.15585/mmwr.ss6622a1.
154. Nadelman R. B. (2015). Erythema migrans. *Infectious disease clinics of North America*, 29(2), 211–239. DOI:10.1016/j.idc.2015.02.001.
155. Girschick, H. J., Morbach, H., & Tappe, D. (2009). Treatment of Lyme borreliosis. *Arthritis research & therapy*, 11(6), 258. DOI:10.1186/ar2853.
156. Wright, W. F., Riedel, D. J., Talwani, R., & Gilliam, B. L. (2012). Diagnosis and management of Lyme disease. *American family physician*, 85(11), 1086-1093.
157. Vanousová, D., & Hercogová, J. (2008). Lyme borreliosis treatment. *Dermatologic therapy*, 21(2), 101–109. DOI:10.1111/j.1529-8019.2008.00177.x.
158. Krupka, I., & Straubinger, R. K. (2010). Lyme borreliosis in dogs and cats: background, diagnosis, treatment and prevention of infections with *Borrelia burgdorferi sensu stricto*. *The Veterinary clinics of North America. Small animal practice*, 40(6), 1103–1119. DOI:10.1016/j.cvsm.2010.07.011.
159. Gettings, J. R., Self, S. C. W., McMahan, C. S., Brown, D. A., Nordone, S. K., & Yabsley, M. J. (2020). Regional and Local Temporal Trends of *Borrelia burgdorferi* and *Anaplasma* spp. Seroprevalence in Domestic Dogs:



Contiguous United States 2013-2019. *Frontiers in veterinary science*, 7, 561592. DOI:10.3389/fvets.2020.561592.

160. Companion Animal Parasite Council, 2022: Lyme disease – prevalence map. Accessed: Feb. 23, 2024.[Online]. Available: <https://capcvet.org/about-capc/news-events/companion-animal-parasite-council-releases-2022-annual-pet-parasite-forecast/>

161. Milich, K. A., Dong, C., Rosenkrantz, W. S., & Herrin, B. H. (2022). Seroprevalence of *Borrelia burgdorferi* in Shelter Dogs in Los Angeles County. *Topics in companion animal medicine*, 50, 100676. DOI:10.1016/j.tcam.2022.100676.

162. Bhide, M., Travnicek, M., Curlik, J., & Stefancikova, A. (2004). The importance of dogs in eco-epidemiology of Lyme borreliosis: a review. *Veterinárni medicína*, 49(4), 135. DOI:10.17221/5687-VETMED.

163. Gerber, B., Eichenberger, S., Wittenbrink, M. M., & Reusch, C. E. (2007). Increased prevalence of *Borrelia burgdorferi* infections in Bernese Mountain Dogs: a possible breed predisposition. *BMC veterinary research*, 3, 15. DOI:10.1186/1746-6148-3-15.

164. Preyß-Jägeler, C., Müller, E., Straubinger, R.K., & Hartmann, K. (2016). Prevalence of antibodies against *Borrelia burgdorferi*, *Anaplasma phagocytophilum*, and *Leptospira interrogans* serovars in Bernese Mountain Dogs. *Tierärztliche Praxis. Ausgabe K, Kleintiere/Heimtiere*, 44(2), 77–85. DOI:10.15654/TPK-140962.

165. Štefančíková, A., Derdáková, M., Škardová, I., Szešáková, E., Čisláková, L., Kováčová, D., ... & Peťko, B. (2008). Some epidemiological and epizootiological aspects of Lyme borreliosis in Slovakia with the emphasis on the problems of serological diagnostics. *Biologia*, 63, 1135-1142. DOI:10.2478/s11756-008-0177-x.

166. Farkas, R., Gyurkovszky, M., Lukács, Z., Aladics, B., & Solymosi, N. (2014). Seroprevalence of some vector-borne infections of dogs in Hungary. *Vector borne and zoonotic diseases (Larchmont, N.Y.)*, 14(4), 256–260. DOI:10.1089/vbz.2013.1469.

167. Kybicová, K., Baštová, K., & Malý, M. (2017). Detection of *Borrelia burgdorferi sensu lato* and *Anaplasma phagocytophilum* in questing ticks *Ixodes ricinus* from the Czech Republic. *Ticks and tick-borne diseases*, 8(4), 483–487. DOI:10.1016/j.ttbdis.2017.02.007.

168. Davoust, B., & Boni, M. (1998). Lyme disease in dogs: a serological investigation of its epidemiology in the south east of France. DOI:10.1016/s0399-077x(98)70242-2.

169. Dzięciel, B., Adaszek, Ł., Carbonero, A., Łyp, P., Winiarczyk, M., Dębiak, P., & Winiarczyk, S. (2016). Detection of canine vector-borne diseases in eastern Poland by ELISA and PCR. *Parasitology research*, 115(3), 1039–1044. DOI:10.1007/s00436-015-4832-1.

170. Прус, М. П., & Шайдюк, М. В. (2015). Діагностика деяких трансмісивних хвороб собак в Україні. *Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України. Серія: Ветеринарна медицина, якість і безпека продукції тваринництва*, (221), 268-273.

171. Littman M. P. (2003). Canine borreliosis. *The Veterinary clinics of North America. Small animal practice*, 33(4), 827–862. DOI:10.1016/s0195-5616(03)00037-8.

172. Sala, V., & De Faveri, E. (2016). Epidemiology of Lyme disease in domestic and wild animals. *The Open Dermatology Journal*, 10(1). DOI:10.2174/1874372201610010015.

173. Lin, Y., Zhao, Y., Qiu, X., Ma, J., Yang, Q., Shao, M., & Zhu, T. (2013). Spatial distribution of polychlorinated naphthalenes in the atmosphere across North China based on gridded field observations. *Environmental pollution (Barking, Essex: 1987)*, 180, 27–33. DOI:10.1016/j.envpol.2013.04.037.

174. Wilczek, C. K., Wenderlein, J., Hiereth, S., & Straubinger, R. K. (2022). A Retrospective Study with a Commercial Vaccine against Lyme Borreliosis in Dogs Using Two Different Vaccination Schedules: Characterization of the Humoral Immune Response. *Vaccines*, 11(1), 43. DOI:10.3390/vaccines11010043.

175. Wilczek, C. K., Wenderlein, J., Hiereth, S., & Straubinger, R. K. (2022). A Retrospective Study with a Commercial Vaccine against Lyme Borreliosis in Dogs Using Two Different Vaccination Schedules: Characterization of the Humoral Immune Response. *Vaccines*, *11*(1), 43. DOI:10.3390/vaccines11010043.

176. Krupka, I., & Straubinger, R. K. (2010). Lyme borreliosis in dogs and cats: background, diagnosis, treatment and prevention of infections with *Borrelia burgdorferi sensu stricto*. *The Veterinary clinics of North America. Small animal practice*, *40*(6), 1103–1119. DOI:10.1016/j.cvsm.2010.07.011.

177. Radolf, J. D., Strle, K., Lemieux, J. E., & Strle, F. (2021). Lyme Disease in Humans. *Current issues in molecular biology*, *42*, 333–384. DOI:10.21775/cimb.042.333.

178. Littman, M. P., Goldstein, R. E., Labato, M. A., Lappin, M. R., & Moore, G. E. (2006). ACVIM small animal consensus statement on Lyme disease in dogs: diagnosis, treatment, and prevention. *Journal of veterinary internal medicine*, *20*(2), 422–434. DOI:10.1892/0891-6640(2006)20[422:asacso]2.0.co;2.

179. Soontornvipart, K., Kohout, P., & Proks, P. (2003). Septic arthritis in dogs: a retrospective study of 20 cases (2000-2002). *Acta veterinaria BRNO*, *72*(3), 405-413.

180. Susta, L., Uhl, E. W., Grosenbaugh, D. A., & Krimer, P. M. (2012). Synovial lesions in experimental canine Lyme borreliosis. *Veterinary pathology*, *49*(3), 453–461. DOI:10.1177/0300985811424754.

181. Littman M. P. (2013). Lyme nephritis. *Journal of veterinary emergency and critical care (San Antonio, Tex. : 2001)*, *23*(2), 163–173. DOI:10.1111/vec.12026.

182. Hutton, T. A., Goldstein, R. E., Njaa, B. L., Atwater, D. Z., Chang, Y. F., & Simpson, K. W. (2008). Search for *Borrelia burgdorferi* in kidneys of dogs with suspected "Lyme nephritis". *Journal of veterinary internal medicine*, *22*(4), 860–865. DOI:10.1111/j.1939-1676.2008.0131.x.

183. Gerber, B., Eichenberger, S., Haug, K., & Wittenbrink, M. M. (2009). Das Dilemma der Lyme Borreliose beim Hund unter besonderer Berücksichtigung der

"Lyme Nephritis". *Schweizer Archiv fur Tierheilkunde*, 151(10), 479–483. DOI:10.1024/0036-7281.151.10.479.

184. Hutton, T. A., Goldstein, R. E., Njaa, B. L., Atwater, D. Z., Chang, Y. F., & Simpson, K. W. (2008). Search for *Borrelia burgdorferi* in kidneys of dogs with suspected "Lyme nephritis". *Journal of veterinary internal medicine*, 22(4), 860–865. DOI:10.1111/j.1939-1676.2008.0131.x.

185. Jäderlund, K. H., Bergström, K., Egenvall, A., & Hedhammar, A. (2009). Cerebrospinal fluid PCR and antibody concentrations against *Anaplasma phagocytophilum* and *Borrelia burgdorferi sensu lato* in dogs with neurological signs. *Journal of veterinary internal medicine*, 23(3), 669–672. DOI:10.1111/j.1939-1676.2009.0313.x.

186. Agudelo, C. F., Schanilec, P., Kybicova, K., & Kohout, P. (2011). Cardiac manifestations of borreliosis in a dog: a case report.

187. Сорока, Н. М., Овчарук, Н. П., Овчарук, В. М., & Кравчук, О. О. (2019). Превентивні заходи за лайм-бореліозу собак (вітчизняний та зарубіжний досвід). DOI:10.31548/ujvs2019.02.058.

188. Паничев, В.О., Андрейчин, М.А. и Кашуба, М.О. (2020). Оцінка щільності заселення біотопів кліщами з використанням індексу заселення. Порівняння ефективності різних засобів збору кліщів. *Інфекційні хвороби*, (1), 20-26. DOI:10.11603/1681-2727.2020.1.11093.

189. Литвиненко, О. П., Меженська, Н. А., Мірошніченко, О. І., Нікіфорова, О. В. (2021). Визначення родової приналежності іксодових кліщів, методи їх збору та транспортування до лабораторії.

190. Nosek, J., & Sixl, W. (1972). Central-European ticks (Ixodoidea). *Mitt Abt Zool Landesmus Joanneum*, 1(6192), 480Pomerantzev.

191. Marconi, R. T., & Garon, C. F. (1992). Development of polymerase chain reaction primer sets for diagnosis of Lyme disease and for species-specific identification of Lyme disease isolates by 16S rRNA signature nucleotide analysis. *Journal of clinical microbiology*, 30(11), 2830–2834. DOI:10.1128/jcm.30.11.2830-2834.1992.

192. Demaerschack, I., Ben Messaoud, A., De Kesel, M., Hoyois, B., Lobet, Y., Hoet, P., Bigaignon, G., Bollen, A., & Godfroid, E. (1995). Simultaneous presence of different *Borrelia burgdorferi* genospecies in biological fluids of Lyme disease patients. *Journal of clinical microbiology*, 33(3), 602–608. DOI:10.1128/jcm.33.3.602-608.1995
193. Guttman, D. S., Wang, P. W., Wang, I. N., Bosler, E. M., Luft, B. J., & Dykhuizen, D. E. (1996). Multiple infections of *Ixodes scapularis* ticks by *Borrelia burgdorferi* as revealed by single-strand conformation polymorphism analysis. *Journal of clinical microbiology*, 34(3), 652–656. DOI:10.1128/jcm.34.3.652-656.1996.
194. Gallagher, S. R., & Desjardins, P. (2011). Quantitation of nucleic acids and proteins. *Current Protocols Essential Laboratory Techniques*, 5(1), 2-2. DOI:10.1002/9780470089941.et0202s5.
195. Суховія, М. І., & Шафраньош, І. І. (2022). Молекулярна біофізика. <https://dspace.uzhnu.edu.ua/jspui/handle/lib/45761>.
196. Пантелеєнко, О. В., Ярчук, Б. М., & Царенко, Т. М. (2021). Сучасний стан проблеми Лайм-бореліозу тварин (систематичний огляд). *Науковий вісник ветеринарної медицини*. DOI:10.33245/2310-4902-2021-165-1-64-78.
197. Пантелеєнко, О. В., & Царенко, Т. М. (2022). Вивчення та порівняння індексів щільності заселення іксодовими кліщами різних біотопів Київської та Черкаської областей. *Науковий вісник ветеринарної медицини*. DOI:10.33245/2310-4902-2022-173-1-63-71.
198. Пантелеєнко, О. В., & Царенко, Т. М. (2022). Оптимізація полімеразної ланцюгової реакції для моніторингу інфікованості іксодових кліщів *Borrelia burgdorferi*. *Науковий вісник ветеринарної медицини*. DOI:10.33245/2310-4902-2022-176-2-20-32.
199. Panteleienko, O., & Tsarenko, T. (2023). Diagnostic value of PCR analysis of synovial fluid for the diagnosis of Lyme borreliosis in dogs. *Naukovij visnik veterinarnoi medicini*. DOI:10.33245/2310-4902-2023-180-1-59-69.
200. Panteleienko, O.V., Chernenko, L.M., Vydayko, N.B., Ukhovskiy, V.V., Melnyk, A.Y., & Tsarenko, T.M. (2023). Lyme borreliosis in humans and dogs: One

Health perspective. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 14(4), 570-575. DOI:10.15421/022383.

201. Panteleienko, O., Melnyk, A., & Tsarenko, T. Serological screening of antibodies to *Borrelia burgdorferi* in stray and pet dogs populations in Ukraine. *Naukovij visnik veterinarnoï medicini*, 2(184), 93–100. DOI:10.33245/2310-4902-2023-184-2-93-100.

202. Estrada-Peña, A. (2001). Forecasting habitat suitability for ticks and prevention of tick-borne diseases. *Veterinary parasitology*, 98(1-3), 111–132. DOI:10.1016/s0304-4017(01)00426-5.

203. Randolph, S. E., & Rogers, D. J. (2007). Ecology of tick-borne disease and the role of climate. In *Crimean-Congo hemorrhagic fever: a global perspective* (pp. 167-186). Dordrecht: Springer Netherlands. DOI:doi:10.1007/978-1-4020-6106-6\_14.

204. Voyiatzaki, C., Papailia, S. I., Venetikou, M. S., Pouris, J., Tsoumani, M. E., & Papageorgiou, E. G. (2022). Climate Changes Exacerbate the Spread of *Ixodes ricinus* and the Occurrence of Lyme Borreliosis and Tick-Borne Encephalitis in Europe-How Climate Models Are Used as a Risk Assessment Approach for Tick-Borne Diseases. *International journal of environmental research and public health*, 19(11), 6516. DOI:10.3390/ijerph19116516.

205. Bregnard, C., Rais, O., & Voordouw, M. J. (2020). Climate and tree seed production predict the abundance of the European Lyme disease vector over a 15-year period. *Parasites & vectors*, 13(1), 408. DOI:10.1186/s13071-020-04291-z.

206. Semenza, J. C., & Suk, J. E. (2018). Vector-borne diseases and climate change: a European perspective. *FEMS microbiology letters*, 365(2), fnx244. DOI:10.1093/femsle/fnx244.

207. Li, S., Gilbert, L., Vanwambeke, S. O., Yu, J., Purse, B. V., & Harrison, P. A. (2019). Lyme Disease Risks in Europe under Multiple Uncertain Drivers of Change. *Environmental health perspectives*, 127(6), 67010. DOI:10.1289/EHP4615.

208. Omazic, A., Han, S., Albihn, A., Ullman, K., Choklikitumnuey, P., Perissinotto, D., & Grandi, G. (2023). Ixodid tick species found in northern Sweden -

Data from a frontier area. *Ticks and tick-borne diseases*, 14(6), 102244. DOI:10.1016/j.ttbdis.2023.102244.

209. Boulanger, N., Boyer, P., Talagrand-Reboul, E., & Hansmann, Y. (2019). Ticks and tick-borne diseases. *Medecine et maladies infectieuses*, 49(2), 87–97. DOI:10.1016/j.medmal.2019.01.007.

210. Noll, M., Wall, R., Makepeace, B.L., Newbury, H., Adaszek, L., Bødker, R., Estrada-Peña, A., Guillot, J., da Fonseca, I.P., Probst, J., Overgaauw, P., Strube, C., Zakham, F., Zanet, S., & Rose Vineer, H. (2023). Predicting the distribution of *Ixodes ricinus* and *Dermacentor reticulatus* in Europe: a comparison of climate niche modelling approaches. *Parasites & vectors*, 16(1), 384. DOI:10.1186/s13071-023-05959-y.

211. Akimov, I.A., & Nebogatkin, I.V. (2011). Distribution of ticks from the Genus *Dermacentor* (Acari, *Ixodidae*) in Ukraine. *Zoodiversity*. 45(1), p. e-1-e-6. DOI:doi:10.2478/v10058-011-0001-x.

212. Kovryha, N., Tsyhankova, A., Zelenuchina, O., Mashchak, O., Terekhov, R., & Rogovskyy, A.S. (2021). Prevalence of *Borrelia burgdorferi* and *Anaplasma phagocytophilum* in Ixodid Ticks from Southeastern Ukraine. *Vector borne and zoonotic diseases (Larchmont, N.Y.)*, 21(4), 242–246. DOI:10.1089/vbz.2020.2716.

213. Weiner, M., Żukiewicz-Sobczak, W., Tokarska-Rodak, M., Plewik, D., Pańczuk, A., Siłuch, M., Zagórski, J., Sobczak, P., Chmielewski, T., Tylewska-Wierzbanowska, S., Shkilna, M., Korda, M., Klisch, I., Andreychyn, M., & Pavliuk, M. (2018). Prevalence of *Borrelia Burgdorferi Sensu Lato* in Ticks from the Ternopil Region in Ukraine. *Journal of veterinary research*, 62(3), 275–280. DOI:10.2478/jvetres-2018-0039.

214. Akimov, I. A., & Nebogatkin, I. V. (2022). Distribution of *Ixodes ricinus* (Arachnida, *Ixodidae*) in Ukraine in the context of tick hazard, and factors favoring its persistence in conditions of fast-going environmental change. *Zoodiversity*, 56(5). DOI:10.15407/zoo2022.05.429.

215. Akimov, I. A., & Nebogatkin, I. V. (2011). Distribution of the Ixodid Tick *Hyalomma marginatum* (Acari, Ixodidae) in Ukraine. *Zoodiversity*, 45(4) p. e-25-e-28, Jan. 2011, DOI: 10.2478/v10058-011-0022-5.
216. Rubel, F., Brugger, K., Monazahian, M., Habedank, B., Dautel, H., Leverenz, S., & Kahl, O. (2014). The first German map of georeferenced ixodid tick locations. *Parasites & vectors*, 7, 477. DOI:10.1186/s13071-014-0477-7.
217. Rauter, C., & Hartung, T. (2005). Prevalence of *Borrelia burgdorferi sensu lato* genospecies in *Ixodes ricinus* ticks in Europe: a metaanalysis. *Applied and environmental microbiology*, 71(11), 7203–7216. DOI:10.1128/AEM.71.11.7203-7216.2005.
218. Yang, S., & Rothman, R. E. (2004). PCR-based diagnostics for infectious diseases: uses, limitations, and future applications in acute-care settings. *The Lancet. Infectious diseases*, 4(6), 337–348. DOI:10.1016/S1473-3099(04)01044-8
219. Levytska, V., Mushinsky, A., Dwuznik, D., Mierzejewska, E. J., & Bajer, A. (2020). Comparison of methods of DNA extraction from ixodid ticks. Bulletin of Sumy National Agrarian University. *The series: Veterinary Medicine*, (1 (48)), 9-15. DOI:10.32845/bsnau.vet.2020.1.2.
220. Rogovskyy, A. S., Threadgill, D. W., Akimov, I. A., Nebogatkin, I. V., Rogovska, Y. V., Melnyk, M. V., & Rogovskyy, S. P. (2019). *Borrelia* and Other Zoonotic Pathogens in *Ixodes ricinus* and *Dermacentor reticulatus* Ticks Collected from the Chernobyl Exclusion Zone on the 30th Anniversary of the Nuclear Disaster. *Vector borne and zoonotic diseases (Larchmont, N.Y.)*, 19(7), 466–473. DOI:10.1089/vbz.2018.2318.
221. Pacilly, F. C., Benning, M. E., Jacobs, F., Leidekker, J., Sprong, H., Van Wieren, S. E., & Takken, W. (2014). Blood feeding on large grazers affects the transmission of *Borrelia burgdorferi sensu lato* by *Ixodes ricinus*. *Ticks and tick-borne diseases*, 5(6), 810–817. DOI:10.1016/j.ttbdis.2014.06.004.
222. Szekeres, S., Lügner, J., Fingerle, V., Margos, G., & Földvári, G. (2017). Prevalence of *Borrelia miyamotoi* and *Borrelia burgdorferi sensu lato* in questing ticks



from a recreational coniferous forest of East Saxony, Germany. *Ticks and tick-borne diseases*, 8(6), 922–927. DOI:10.1016/j.ttbdis.2017.08.002.

223. Margos, G., Sing, A., & Fingerle, V. (2017). Published data do not support the notion that *Borrelia valaisiana* is human pathogenic. *Infection*, 45(4), 567–569. DOI:10.1007/s15010-017-1032-1.

224. Leydet, B. F., Jr, & Liang, F. T. (2015). Similarities in murine infection and immune response to *Borrelia bissettii* and *Borrelia burgdorferi sensu stricto*. *Microbiology (Reading, England)*, 161(12), 2352–2360. DOI:10.1099/mic.0.000192.

225. Jacquet, M., Margos, G., Fingerle, V., & Voordouw, M. J. (2016). Comparison of the lifetime host-to-tick transmission between two strains of the Lyme disease pathogen *Borrelia afzelii*. *Parasites & vectors*, 9(1), 645. DOI:10.1186/s13071-016-1929-z.

226. Gern, L., Estrada-Peña, A., Frandsen, F., Gray, J. S., Jaenson, T. G., Jongejan, F., Kahl, O., Korenberg, E., Mehl, R., & Nuttall, P. A. (1998). European reservoir hosts of *Borrelia burgdorferi sensu lato*. *Zentralblatt fur Bakteriologie : international journal of medical microbiology*, 287(3), 196–204. DOI:10.1016/s0934-8840(98)80121-7.

227. Mrljak, V., Kuleš, J., Mihaljević, Ž., Torti, M., Gotić, J., Crnogaj, M., Živičnjak, T., Mayer, I., Šmit, I., Bhide, M., & Barić Rafaj, R. (2017). Prevalence and Geographic Distribution of Vector-Borne Pathogens in Apparently Healthy Dogs in Croatia. *Vector borne and zoonotic diseases (Larchmont, N.Y.)*, 17(6), 398–408. DOI:10.1089/vbz.2016.1990.

228. Merino, F. J., Serrano, J. L., Saz, J. V., Nebreda, T., Gegundez, M., & Beltran, M. (2000). Epidemiological characteristics of dogs with Lyme borreliosis in the province of Soria (Spain). *European journal of epidemiology*, 16(2), 97–100. DOI:10.1023/a:1007690807637.

229. Falco, R. C., Smith, H. A., Fish, D., Mojica, B. A., Bellinger, M. A., Harris, H. L., & Hechemy, K. E. (1993). The distribution of canine exposure to

*Borrelia burgdorferi* in a Lyme-Disease endemic area. *American journal of public health*, 83(9), 1305–1310. DOI:10.2105/ajph.83.9.1305

230. Lindenmayer, J. M., Marshall, D., & Onderdonk, A. B. (1991). Dogs as sentinels for Lyme disease in Massachusetts. *American journal of public health*, 81(11), 1448–1455. DOI:10.2105/ajph.81.11.1448.

231. Акімов, І. А., & Небогаткін, І. В. (1996). Про південну межу поширення Європейського лісового кліща (*Ixodes ricinus*). *Вісник зоології*, 30(6), 84-86.

232. Herrmann, C., Gern, L., & Voordouw, M. J. (2013). Species co-occurrence patterns among Lyme borreliosis pathogens in the tick vector *Ixodes ricinus*. *Applied and environmental microbiology*, 79(23), 7273–7280. DOI:10.1128/AEM.02158-13.

233. Dumić, I., & Severnini, E. (2018). "Ticking Bomb": The Impact of Climate Change on the Incidence of Lyme Disease. *The Canadian journal of infectious diseases & medical microbiology = Journal canadien des maladies infectieuses et de la microbiologie medicale*, 2018, 5719081. DOI:10.1155/2018/5719081.

234. Hancock, P. A., Brackley, R., & Palmer, S. C. (2011). Modelling the effect of temperature variation on the seasonal dynamics of *Ixodes ricinus* tick populations. *International journal for parasitology*, 41(5), 513–522. DOI:10.1016/j.ijpara.2010.12.012.

235. Hubálek, Z., Halouzka, J., & Juricová, Z. (2003). Host-seeking activity of ixodid ticks in relation to weather variables. *Journal of vector ecology : journal of the Society for Vector Ecology*, 28(2), 159–165..

236. Pachner, A. R., Dail, D., Bai, Y., Sondey, M., Pak, L., Narayan, K., & Cadavid, D. (2004). Genotype determines phenotype in experimental Lyme borreliosis. *Annals of neurology*, 56(3), 361–370. DOI:10.1002/ana.20192.

237. Geurden, T., Becskei, C., Six, R. H., Maeder, S., Latrofa, M. S., Otranto, D., & Farkas, R. (2018). Detection of tick-borne pathogens in ticks from dogs and cats in different European countries. *Ticks and tick-borne diseases*, 9(6), 1431–1436. DOI:10.1016/j.ttbdis.2018.06.013.

238. Claerebout, E., Losson, B., Cochez, C., Casaert, S., Dalemans, A. C., De Cat, A., Madder, M., Saegerman, C., Heyman, P., & Lempereur, L. (2013). Ticks and associated pathogens collected from dogs and cats in Belgium. *Parasites & vectors*, *6*, 183. DOI:10.1186/1756-3305-6-183.
239. Bjurman, N. K., Bradet, G., & Lloyd, V. K. (2016). Lyme disease risk in dogs in New Brunswick. *The Canadian Veterinary Journal*, *57*(9), 981.
240. Appel, M. J., Allan, S., Jacobson, R. H., Lauderdale, T. L., Chang, Y. F., Shin, S. J., Thomford, J. W., Todhunter, R. J., & Summers, B. A. (1993). Experimental Lyme disease in dogs produces arthritis and persistent infection. *The Journal of infectious diseases*, *167*(3), 651–664. DOI:10.1093/infdis/167.3.651
241. Lohr, B., Fingerle, V., Norris, D. E., & Hunfeld, K. P. (2018). Laboratory diagnosis of Lyme borreliosis: Current state of the art and future perspectives. *Critical reviews in clinical laboratory sciences*, *55*(4), 219–245. DOI:10.1080/10408363.2018.1450353.
242. Wormser, G. P., & O'Connell, S. (2011). Treatment of infection caused by *Borrelia burgdorferi sensu lato*. *Expert review of anti-infective therapy*, *9*(2), 245–260. DOI:10.1586/eri.10.174.
243. Wagner, B., Johnson, J., Garcia-Tapia, D., Honsberger, N., King, V., Strietzel, C., Hardham, J. M., Heinz, T. J., Marconi, R. T., & Meeus, P. F. (2015). Comparison of effectiveness of cefovecin, doxycycline, and amoxicillin for the treatment of experimentally induced early Lyme borreliosis in dogs. *BMC veterinary research*, *11*, 163. DOI:10.1186/s12917-015-0475-9.
244. Petzke, M., & Schwartz, I. (2015). *Borrelia burgdorferi* Pathogenesis and the Immune Response. *Clinics in laboratory medicine*, *35*(4), 745–764. DOI:10.1016/j.cll.2015.07.004.
245. Dulipati, V., Meri, S., & Panelius, J. (2020). Complement evasion strategies of *Borrelia burgdorferi sensu lato*. *FEBS letters*, *594*(16), 2645–2656. DOI:10.1002/1873-3468.13894.

246. Cochran, G. M., Ewald, P. W., & Cochran, K. D. (2000). Infectious causation of disease: an evolutionary perspective. *Perspectives in biology and medicine*, 43(3), 406–448. DOI:10.1353/pbm.2000.0016.
247. Ionov, Y., & Rogovskyy, A. S. (2020). Comparison of motif-based and whole-unique-sequence-based analyses of phage display library datasets generated by biopanning of anti-*Borrelia burgdorferi* immune sera. *PloS one*, 15(1), e0226378. DOI:10.1371/journal.pone.0226378.
248. Nebogatkin, I., & Shulhan, A. (2021). Epidemiological and epizootic features of Lyme disease in 2019 in Ukraine. *Actual infectology*, 8(5-6), 44–48. DOI:10.22141/2312-413x.8.5-6.2020.217959.
249. Mead, P., Goel, R., & Kugeler, K. (2011). Canine serology as adjunct to human Lyme disease surveillance. *Emerging infectious diseases*, 17(9), 1710–1712. DOI:10.3201/eid1709.110210.
250. Liu, Y., Nordone, S. K., Yabsley, M. J., Lund, R. B., McMahan, C. S., & Gettings, J. R. (2019). Quantifying the relationship between human Lyme disease and *Borrelia burgdorferi* exposure in domestic dogs. *Geospatial health*, 14(1), 10.4081/gh.2019.750. DOI:10.4081/gh.2019.750.
251. Ellwanger, J. H., Byrne, L. B., & Chies, J. A. B. (2022). Examining the paradox of urban disease ecology by linking the perspectives of Urban One Health and Ecology with Cities. *Urban ecosystems*, 25(6), 1735–1744. DOI:10.1007/s11252-022-01260-5.
252. New England Biolabs. (2012, September 11). *Protocol for OneTaq® Quick-Load 2X Master Mix with Standard Buffer (M0486) NEB*. <http://surl.li/rtcbu>.
253. *NEB TM Calculator*. (n.d.). NEBTm Calculator. <https://tmcalculator.neb.com/#!/main>.
254. Clustal Omega. (n.d.). Multiple Sequence Alignment (MSA). <https://www.ebi.ac.uk/jdispatcher/msa/clustalo>.
255. Free Spatial Data | DIVA-GIS. (n.d.). <https://www.diva-gis.org/Data>.
256. *Jamovi - open statistical software for the desktop and cloud*. (n.d.). <https://www.jamovi.org/>.

257. *Statistics online - checks assumptions, interprets results.* (n.d.). <http://www.statskingdom.com/>.

258. *National Center for Biotechnology Information.* (n.d.). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>.

259. *Географічні координати Києва. Широта, довгота та висота над рівнем моря Києва, Україна.* (n.d.). <https://dateandtime.info/uk/citycoordinates.php>.

260. Грачов, А. (n.d.). *Кліматичні умови України*. <https://geomap.land.kiev.ua/climate.html>.

261. *BLAST: Basic Local Alignment Search Tool.* (n.d.). <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>.

262. Crossley, B. M., Bai, J., Glaser, A., Maes, R., Porter, E., Killian, M. L., Clement, T., & Toohey-Kurth, K. (2020). Guidelines for Sanger sequencing and molecular assay monitoring. *Journal of veterinary diagnostic investigation : official publication of the American Association of Veterinary Laboratory Diagnosticians, Inc*, 32(6), 767–775. DOI:10.1177/1040638720905833.

263. Dohoo, I. R., Martin, S. W., & Stryhn, H. (2009). *Veterinary Epidemiologic research.* <http://ci.nii.ac.jp/ncid/BA78324900>.

264. Іщенко В., Волощук Н., Стерлікова О., Гуменюк Л., Скляр В., Калакайло Л., Іщенко Ю., Іщенко Л. М. (2019). Міжлабораторна апробація праймерів для молекулярно-генетичної ідентифікації гриба *Fusarium link.* *Наукові Доповіді Національного Університету Біоресурсів і Природокористування України*, 6(82). DOI:10.31548/dopovidi2019.06.017.

265. *Європейська конвенція про захист хребетних тварин, що використовують для дослідних та інших наукових цілей.* Офіційний Вебпортал Парламенту України. [https://zakon.rada.gov.ua/laws/show/994\\_137#Текст](https://zakon.rada.gov.ua/laws/show/994_137#Текст).

266. *Закон України «Про захист тварин від жорстокого поводження».* Офіційний Вебпортал Парламенту України. <https://zakon.rada.gov.ua/laws/main/3447-15#Текст>.

267. *Наказ Міністерства освіти і науки, молоді та спорту України від 01.03.2012р. №249 «Про затвердження Порядку проведення науковими*

установами дослідів, експериментів на тваринах». Офіційний Вебпортал Парламенту України. <https://zakon.rada.gov.ua/laws/show/z0416-12#Текст>.

268. Grassly, N. C., & Fraser, C. (2006). Seasonal infectious disease epidemiology. *Proceedings. Biological sciences*, 273(1600), 2541–2550. DOI:10.1098/rspb.2006.3604.

269. Hernandez, J. B. R., & Kim, P. Y. (2022). Epidemiology Morbidity And Mortality. In *StatPearls*. StatPearls Publishing. PMID: 31613448.

270. Fisher, R. A. (1992). Statistical methods for research workers. In Springer series in statistics, 66–70. DOI:10.1007/978-1-4612-4380-9\_6.

271. Dodge, Y. The Concise Encyclopedia of Statistics. (2008). In Springer eBooks. DOI:10.1007/978-0-387-32833-1.

272. Xie, J., & Li, L. (2021). Comments on the utilization of Mann-Whitney U test and Kaplan-Meier method. *Journal of gynecologic oncology*, 32(3), e46. DOI:10.3802/jgo.2021.32.e46.

273. Sievers, F., & Higgins, D. G. (2014). Clustal omega. *Current protocols in bioinformatics*, 48, 3.13.1–3.13.16. DOI:10.1002/0471250953.bi0313s48.

274. Sayers, E. W., Cavanaugh, M., Clark, K., Ostell, J., Pruitt, K. D., & Karsch-Mizrachi, I. (2019). GenBank. *Nucleic acids research*, 47(D1), D94–D99. DOI:10.1093/nar/gky989.

275. Domán, M., Makrai, L., & Bányai, K. (2022). Molecular Phylogenetic Analysis of *Candida krusei*. *Mycopathologia*, 187(4), 333–343. DOI:10.1007/s11046-022-00640-x.

## ДОДАТКИ

## Додаток А

## Часткові нуклеотидні послідовності секвенованого гена 16S рРНК

*B. burgdorferi s.l.*, депоновані в базу даних GenBank**Uncultured Borrelia sp. clone 1K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence**

GenBank: OR532270.1

[FASTA Graphics](#)[Go to:](#)

LOCUS OR532270 273 bp DNA linear ENV 13-SEP-2023  
DEFINITION Uncultured Borrelia sp. clone 1K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.  
ACCESSION OR532270  
VERSION OR532270.1  
KEYWORDS ENV.  
SOURCE uncultured Borrelia sp.  
ORGANISM [uncultured Borrelia sp.](#)  
Bacteria; Spirochaetota; Spirochaetia; Spirochaetales; Borreliaceae; Borrelia; environmental samples.  
REFERENCE 1 (bases 1 to 273)  
AUTHORS Panteleienko,O. and Tsarenko,T.  
TITLE Direct Submission  
JOURNAL Submitted (08-SEP-2023) Department of Epizootology and Infectious Diseases, Bila Tserkva National Agrarian University, 8/1 Soborna Square, Bila Tserkva, Kyiv region 09117, Ukraine  
COMMENT ##Assembly-Data-START##  
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
##Assembly-Data-END##  
FEATURES Location/Qualifiers  
source 1..273  
/organism="uncultured Borrelia sp."  
/mol\_type="genomic DNA"  
/host="Ixodes ricinus female"  
/db\_xref="taxon:[198435](#)"  
/clone="1K-Ir"  
/environmental\_sample  
/country="Ukraine: Kyiv region"  
[rRNA](#) <1..>273  
/product="16S ribosomal RNA"  
ORIGIN  
1 gctggcagtg gtcttaagca tgcaagtcaa acggaatgta gcaatacatt cagtggcgaa  
61 cgggtgagta acgctggat gatctaccta cgagatgggg ataactatta gaaatagtag  
121 ctaataccga ataaagtcaa ttaatttggt aattgatgaa aggaagcctt taaagcttcg  
181 cttgtagatg agtctgcgtc ttattagcta gttggtggga taagtgccta ccaaggcgat  
241 gataagtaac cggcctgaga gggatgaacgt cac  
//



## Uncultured *Borrelia* sp. clone 2K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

GenBank: OR532271.1

[FASTA Graphics](#)

[Go to:](#)

LOCUS OR532271 279 bp DNA linear ENV 13-SEP-2023  
 DEFINITION Uncultured *Borrelia* sp. clone 2K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.  
 ACCESSION OR532271  
 VERSION OR532271.1  
 KEYWORDS ENV.  
 SOURCE uncultured *Borrelia* sp.  
 ORGANISM [uncultured \*Borrelia\* sp.](#)  
 Bacteria; Spirochaetota; Spirochaetia; Spirochaetales; Borreliaceae; *Borrelia*; environmental samples.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 279)  
 AUTHORS Panteleienko, O. and Tsarenko, T.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (08-SEP-2023) Department of Epizootology and Infectious Diseases, Bila Tserkva National Agrarian University, 8/1 Soborna Square, Bila Tserkva, Kyiv region 09117, Ukraine  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..279  
 /organism="uncultured *Borrelia* sp."  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /host="Ixodes ricinus female"  
 /db\_xref="taxon:[198435](#)"  
 /clone="2K-Ir"  
 /environmental\_sample  
 /country="Ukraine: Kyiv region"  
[rRNA](#) <1..>279  
 /product="16S ribosomal RNA"  
 ORIGIN  
 1 tgctggcagt gcgctttaag catgcaagtc aaacgggatg tagcaataca tttagtggcg  
 61 aacgggtgag taacgcgtgg atgatctacc tacgagatgg ggataactat tagaaatagt  
 121 agctaatacc gaataaagtc aattaatttg ttaattgatg aaaggaagcc tttaaagctt  
 181 cgctttaga tgagtctgcg tcttattagc tagttggtag ggtaaagcc taccaaggcg  
 241 atgataagta accggcctga gaggggtgaac gtcacactg

//

## Uncultured *Borrelia* sp. clone 3K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

GenBank: OR532272.1

[FASTA Graphics](#)

[Go to:](#)

LOCUS OR532272 274 bp DNA linear ENV 13-SEP-2023  
 DEFINITION Uncultured *Borrelia* sp. clone 3K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.  
 ACCESSION OR532272  
 VERSION OR532272.1  
 KEYWORDS ENV.  
 SOURCE uncultured *Borrelia* sp.  
 ORGANISM [uncultured \*Borrelia\* sp.](#)  
 Bacteria; Spirochaetota; Spirochaetia; Spirochaetales; Borreliaceae; *Borrelia*; environmental samples.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 274)  
 AUTHORS Panteleienko,O. and Tsarenko,T.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (08-SEP-2023) Department of Epizootology and Infectious Diseases, Bila Tserkva National Agrarian University, 8/1 Soborna Square, Bila Tserkva, Kyiv region 09117, Ukraine  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..274  
 /organism="uncultured *Borrelia* sp."  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /host="Ixodes ricinus female"  
 /db\_xref="taxon:[198435](#)"  
 /clone="3K-Ir"  
 /environmental\_sample  
 /country="Ukraine: Kyiv region"  
[rRNA](#) <1..>274  
 /product="16S ribosomal RNA"  
 ORIGIN  
 1 tgctggcagt gcgctcttaag catccaagtc aaacgggatg tagtaataca tttagtggcg  
 61 aacgggtgag taacgcgtgg atgatctacc tatgagatgg ggataactac tagaaatagt  
 121 agctaatacc gaataaggtc aattaatttg ttaattgatg aaaggaagcc tttaaagctt  
 181 cgcttgtaga tgagtctgcg tcttattagt tagttggtgg ggtaaacct accaaggcga  
 241 tgataagtaa cggcctgag aggggaacgt caca

//

## Uncultured *Borrelia* sp. clone 4K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

GenBank: OR532273.1

[FASTA Graphics](#)

[Go to:](#)

```

LOCUS          OR532273                282 bp    DNA        linear    ENV 13-SEP-2023
DEFINITION    Uncultured Borrelia sp. clone 4K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial
              sequence.
ACCESSION     OR532273
VERSION       OR532273.1
KEYWORDS      ENV.
SOURCE        uncultured Borrelia sp.
  ORGANISM    uncultured Borrelia sp.
              Bacteria; Spirochaetota; Spirochaetia; Spirochaetales;
              Borreliaceae; Borrelia; environmental samples.
REFERENCE     1 (bases 1 to 282)
  AUTHORS     Panteleienko,O. and Tsarenko,T.
  TITLE       Direct Submission
  JOURNAL     Submitted (08-SEP-2023) Department of Epizootology and Infectious
              Diseases, Bila Tserkva National Agrarian University, 8/1 Soborna
              Square, Bila Tserkva, Kyiv region 09117, Ukraine
COMMENT       ##Assembly-Data-START##
              Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
              ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
   source             1..282
                     /organism="uncultured Borrelia sp."
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /host="Ixodes ricinus female"
                     /db_xref="taxon:198435"
                     /clone="4K-Ir"
                     /environmental_sample
                     /country="Ukraine: Kyiv region"
   rRNA             <1..>282
                     /product="16S ribosomal RNA"
ORIGIN
   1 ttgctggcag tgcgtcttaa gcatgcaagt caaacgggat gtagcaatac atctagtggc
  61 gaacgggtga gtaacgcgtg gatgatctac ctacgagatg gggataacta ctaggaaaag
 121 gtagctaata ccgaataaag tcaattaatt tgttaattga tgaaaggaag cctttaaacg
 181 ttcgcttggt gatgagtctg cgtcttatta gctagttggt agggtaaagt cctaccaagg
 241 cgatgataag taaccggcct gagagggtga acgtcacact gg
//

```

## Uncultured *Borrelia* sp. clone 5K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

GenBank: OR532274.1

[FASTA Graphics](#)

[Go to:](#)

```

LOCUS      OR532274                274 bp    DNA        linear    ENV 13-SEP-2023
DEFINITION Uncultured Borrelia sp. clone 5K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial
            sequence.
ACCESSION  OR532274
VERSION   OR532274.1
KEYWORDS  ENV.
SOURCE    uncultured Borrelia sp.
  ORGANISM uncultured Borrelia sp.
            Bacteria; Spirochaetota; Spirochaetia; Spirochaetales;
            Borreliaceae; Borrelia; environmental samples.
REFERENCE  1 (bases 1 to 274)
  AUTHORS  Panteleienko,O. and Tsarenko,T.
  TITLE    Direct Submission
  JOURNAL  Submitted (08-SEP-2023) Department of Epizootology and Infectious
            Diseases, Bila Tserkva National Agrarian University, 8/1 Soborna
            Square, Bila Tserkva, Kyiv region 09117, Ukraine
COMMENT   ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source            1..274
                       /organism="uncultured Borrelia sp."
                       /mol_type="genomic DNA"
                       /host="Ixodes ricinus female"
                       /db_xref="taxon:198435"
                       /clone="5K-Ir"
                       /environmental_sample
                       /country="Ukraine: Kyiv region"
     rRNA           <1..>274
                       /product="16S ribosomal RNA"
ORIGIN
     1  gctggcagtg  cgtcttaagc  atgcaagtca  aacgggatgt  agcaatacat  tcagtggcga
    61  acgggtgagt  aacgcgtgga  tgatctacct  atgagatggg  gataactatt  agaaatagta
   121  gctaataccg  aataagggtca  gttaatttgt  taattgatga  aaggaagcct  ttaaagcttc
   181  gctttagat  gagtctgcgt  cttattagct  agttggtagg  gtaaatgcct  accaaggcaa
   241  tgataagtaa  cgggcctgag  aggggtgaac  tcac
//

```

## Uncultured *Borrelia* sp. clone 6Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

GenBank: OR532275.1

[FASTA Graphics](#)

[Go to:](#)

```

LOCUS       OR532275                273 bp    DNA        linear    ENV 13-SEP-2023
DEFINITION  Uncultured Borrelia sp. clone 6Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene,
              partial sequence.
ACCESSION   OR532275
VERSION     OR532275.1
KEYWORDS    ENV.
SOURCE      uncultured Borrelia sp.
  ORGANISM  uncultured Borrelia sp.
              Bacteria; Spirochaetota; Spirochaetia; Spirochaetales;
              Borreliaceae; Borrelia; environmental samples.
REFERENCE   1 (bases 1 to 273)
  AUTHORS   Panteleienko,O. and Tsarenko,T.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (08-SEP-2023) Department of Epizootology and Infectious
              Diseases, Bila Tserkva National Agrarian University, 8/1 Soborna
              Square, Bila Tserkva, Kyiv region 09117, Ukraine
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
              Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
              ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source            1..273
                       /organism="uncultured Borrelia sp."
                       /mol_type="genomic DNA"
                       /host="Ixodes ricinus female"
                       /db_xref="taxon:198435"
                       /clone="6Ch-Ir"
                       /environmental_sample
                       /country="Ukraine: Cherkasy region"
     rRNA            <1..>273
                       /product="16S ribosomal RNA"
ORIGIN
      1 ctggcagtgc gtcttaagca tgcaagtcaa acggaatgta gcaatacatt tagtggcgaa
     61 cgggtgagta acgctgggat gatctaccta tgagatgggg ataactacta gaaatagtag
    121 ctaataccga ataaggtcaa ttaatttggt aattgatgaa aggaagcctt taaagcttcg
    181 cttgtagatg agtctgcgtc ttattagtta gttggtgggg taaatgccta ccaagacgat
    241 gataagtaac cggcctgaga gggatgaacgt cac
//

```

## Uncultured *Borrelia* sp. clone 7Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

GenBank: OR532276.1

[FASTA Graphics](#)

[Go to:](#)

LOCUS OR532276 278 bp DNA linear ENV 13-SEP-2023  
 DEFINITION Uncultured *Borrelia* sp. clone 7Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene,  
 partial sequence.  
 ACCESSION OR532276  
 VERSION OR532276.1  
 KEYWORDS ENV.  
 SOURCE uncultured *Borrelia* sp.  
 ORGANISM [uncultured \*Borrelia\* sp.](#)  
 Bacteria; Spirochaetota; Spirochaetia; Spirochaetales;  
 Borreliaceae; *Borrelia*; environmental samples.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 278)  
 AUTHORS Panteleienko,O. and Tsarenko,T.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (08-SEP-2023) Department of Epizootology and Infectious  
 Diseases, Bila Tserkva National Agrarian University, 8/1 Soborna  
 Square, Bila Tserkva, Kyiv region 09117, Ukraine  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..278  
 /organism="uncultured *Borrelia* sp."  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /host="Ixodes ricinus female"  
 /db\_xref="taxon:[198435](#)"  
 /clone="7Ch-Ir"  
 /environmental\_sample  
 /country="Ukraine: Cherkasy region"  
[rRNA](#) <1..>278  
 /product="16S ribosomal RNA"  
 ORIGIN  
 1 cttgctggca gtccgtctta agcatgcaag tcaaacggaa tgtagcaata catttagtgg  
 61 cgaacgggtg agtaacgcgt ggatgatcta cctatgagat ggggataact actagaaata  
 121 gtagctaatt ccgaataagg tcaattaatt tgtaattga tgaaaggaag cctttaaagc  
 181 ttcgcttgta gatgagtctg cgtcttatta gttagttggt ggggtaaattg cctaccaaga  
 241 cgatgataag taaccggcct gagaggggtga acgtcaca  
 //

## Uncultured *Borrelia* sp. clone 8Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

GenBank: OR532277.1

[FASTA Graphics](#)

[Go to:](#)

LOCUS OR532277 276 bp DNA linear ENV 13-SEP-2023  
 DEFINITION Uncultured *Borrelia* sp. clone 8Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene,  
 partial sequence.  
 ACCESSION OR532277  
 VERSION OR532277.1  
 KEYWORDS ENV.  
 SOURCE uncultured *Borrelia* sp.  
 ORGANISM [uncultured \*Borrelia\* sp.](#)  
 Bacteria; Spirochaetota; Spirochaetia; Spirochaetales;  
 Borreliaceae; *Borrelia*; environmental samples.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 276)  
 AUTHORS Panteleienko,O. and Tsarenko,T.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (08-SEP-2023) Department of Epizootology and Infectious  
 Diseases, Bila Tserkva National Agrarian University, 8/1 Soborna  
 Square, Bila Tserkva, Kyiv region 09117, Ukraine  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..276  
 /organism="uncultured *Borrelia* sp."  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /host="Ixodes ricinus female"  
 /db\_xref="taxon:[198435](#)"  
 /clone="8Ch-Ir"  
 /environmental\_sample  
 /country="Ukraine: Cherkasy region"  
[rRNA](#) <1..>276  
 /product="16S ribosomal RNA"  
 ORIGIN  
 1 tgctggcagt tgcgtcttaa gcatgcaagt caaacggaat gtagcaatac attcagtggc  
 61 gaacgggtga gtaacgcgtg gatgatctac ctacgagatg gggataacta ttagaatag  
 121 tagctaatac cgaataaagt caattaatgt gttaattgat gaaaggaagc ctttaaagct  
 181 tcgctttag atgagtctgc gtcttattag ctagttggtg gggtaaaagc ctaccaaggc  
 241 gatgataagt aaccggcctg agagggtgat cgtcac  
 //

## Uncultured *Borrelia* sp. clone 9Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

GenBank: OR532278.1

[FASTA Graphics](#)

[Go to:](#)

LOCUS OR532278 276 bp DNA linear ENV 13-SEP-2023

DEFINITION Uncultured *Borrelia* sp. clone 9Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION OR532278

VERSION OR532278.1

KEYWORDS ENV.

SOURCE uncultured *Borrelia* sp.

ORGANISM [uncultured \*Borrelia\* sp.](#)

Bacteria; Spirochaetota; Spirochaetia; Spirochaetales; Borreliaceae; *Borrelia*; environmental samples.

REFERENCE 1 (bases 1 to 276)

AUTHORS Panteleienko, O. and Tsarenko, T.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (08-SEP-2023) Department of Epizootology and Infectious Diseases, Bila Tserkva National Agrarian University, 8/1 Soborna Square, Bila Tserkva, Kyiv region 09117, Ukraine

COMMENT ##Assembly-Data-START##

Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing

##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers

```

source          1..276
                 /organism="uncultured Borrelia sp."
                 /mol_type="genomic DNA"
                 /host="Ixodes ricinus female"
                 /db_xref="taxon:198435"
                 /clone="9Ch-Ir"
                 /environmental_sample
                 /country="Ukraine: Cherkasy region"
                 <1..>276
                 /product="16S ribosomal RNA"

```

[rRNA](#)

ORIGIN

```

1  tgctggcagt gcgctcttaag catgcaagtc aaacgggatg tagcaataca ttcagtggcg
61  aacgggtgag taaacgcgtg gatgatctac ctacgagatg gggataacta ttagaaatag
121 tagctaatac cgaataaagt caattaattt gttaattgat gaaaggaagc ctttaaagct
181 tcgctttag atgagtcctgc gtcttattag ctagttggta gggtaaagtc ctaccaaggc
241 gatgataagt aaccggcctg agagggtgaa cgctcac

```

//



## Uncultured *Borrelia* sp. clone 10Ch-Dr 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

GenBank: OR532279.1

[FASTA Graphics](#)

[Go to:](#)

```

LOCUS      OR532279                272 bp    DNA        linear    ENV 13-SEP-2023
DEFINITION Uncultured Borrelia sp. clone 10Ch-Dr 16S ribosomal RNA gene,
           partial sequence.
ACCESSION  OR532279
VERSION    OR532279.1
KEYWORDS   ENV.
SOURCE     uncultured Borrelia sp.
  ORGANISM uncultured Borrelia sp.
           Bacteria; Spirochaetota; Spirochaetia; Spirochaetales;
           Borreliaceae; Borrelia; environmental samples.
REFERENCE  1 (bases 1 to 272)
  AUTHORS  Panteleienko,O. and Tsarenko,T.
  TITLE    Direct Submission
  JOURNAL  Submitted (08-SEP-2023) Department of Epizootology and Infectious
           Diseases, Bila Tserkva National Agrarian University, 8/1 Soborna
           Square, Bila Tserkva, Kyiv region 09117, Ukraine
COMMENT    ##Assembly-Data-START##
           Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
           ##Assembly-Data-END##
FEATURES   Location/Qualifiers
   source   1..272
            /organism="uncultured Borrelia sp."
            /mol_type="genomic DNA"
            /host="Dermacentor reticulatus female"
            /db_xref="taxon:198435"
            /clone="10Ch-Dr"
            /environmental_sample
            /country="Ukraine: Cherkasy region"
   rRNA   <1..>272
            /product="16S ribosomal RNA"
ORIGIN
   1 ggctggcagt ggtcttaagc atgcaagtca aacgggatgt agcaatacat ttagtggcga
   61 acgggtgagt aacgcgtgga tgatctacct acgagatggg gataactatt agaaatagta
  121 gctaataccg aataaagtca attaatttgt taattgatga aaggaagcct ttaaagcttc
  181 gctttagat  gagtctgcgt cttattagct agttggtagg gtaaatgcct accaaggcga
  241 tgataagtaa ccggcctgag aggggtgaacg tc
//

```

## Додаток Б

## Порівняння секвенованих часткових нуклеотидних послідовностей борелій з базами даних нуклеотидів BLAST

ID: OR532270

> SeqID1[organism=*Borrelia* sp.][clone=1K-Ir]

GTGACGTTACCCCTCTCAGGCCGGTACTTATCATCGCCTTGGTAGGCACT  
TATCCCACCACTAGCTAATAAGACGCAGACTCATCTACAAGCGAAGCTT  
TAAAGGCTTCSTTTCATCAATTAACAAATTAATTGACTTTATTTCGGTATTA  
GCTACTATTTCTAATAGTTATCCCCATCTCGTAGGTAGATCATCCACGCGT  
TACTCACCCGTTTCGCCACTGAATGTATTGCTACATTCCGTTTGACTTGCAT  
GCTTAAGACCACTGCCAGC

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone 1K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	uncultured <i>Borrelia</i> sp.	505	505	100%	3e-138	100.00%	273	OR532270.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone 10Ch-Dr 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	uncultured <i>Borrelia</i> sp.	473	473	99%	9e-129	98.15%	272	OR532279.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone 9Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	uncultured <i>Borrelia</i> sp.	473	473	100%	9e-129	97.82%	276	OR532278.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone 2K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	uncultured <i>Borrelia</i> sp.	472	472	100%	3e-128	97.81%	279	OR532271.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> bissettiae isolate HLJ232 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<i>Borrelia</i> bissettiae	468	468	100%	4e-127	97.45%	514	MK121656.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> bissettiae isolate HLJ-233 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<i>Borrelia</i> bissettiae	468	468	100%	4e-127	97.45%	514	MG557642.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> bissettiae DN127 16S ribosomal RNA, complete sequence</a>	<i>Borrelia</i> bissettiae DN127	468	468	100%	4e-127	97.45%	1536	NR_148750.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> mayonii strain MN14-1420 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia</i> mayonii	468	468	100%	4e-127	97.45%	904387	CP015780.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> mayonii strain MN14-1539 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia</i> mayonii	468	468	100%	4e-127	97.45%	904387	CP015796.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone 8Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	uncultured <i>Borrelia</i> sp.	468	468	100%	4e-127	97.45%	276	OR532277.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> bissettiae strain Pgeb chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia</i> bissettiae	468	468	100%	4e-127	97.45%	901242	CP124109.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> bissettiae DN127 16S ribosomal RNA, partial sequence</a>	<i>Borrelia</i> bissettiae DN127	468	468	100%	4e-127	97.45%	1522	NR_102956.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> bissettiae DN127 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia</i> bissettiae DN127	468	468	100%	4e-127	97.45%	900755	CP002746.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> andersonii strain 21123 16S ribosomal RNA (rsl) gene, partial sequence</a>	<i>Borrelia</i> andersonii	468	468	100%	4e-127	97.45%	522	DQ393300.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> sp. SI-10 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<i>Borrelia</i> sp. SI-10	468	468	100%	4e-127	97.45%	1552	AF467959.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> bissettiae DN127 16S ribosomal RNA, partial sequence</a>	<i>Borrelia</i> bissettiae DN127	468	468	100%	4e-127	97.45%	1467	NR_114707.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone Tekeli-16.8 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	uncultured <i>Borrelia</i> sp.	462	462	100%	2e-125	97.09%	724	MT186169.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> garinii isolate HLJ156 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<i>Borrelia</i> garinii	462	462	100%	2e-125	97.09%	514	MK121661.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> bissettiae isolate HLJ231 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<i>Borrelia</i> bissettiae	462	462	100%	2e-125	97.09%	514	MK121657.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> garinii strain 20047 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia</i> garinii	462	462	100%	2e-125	97.09%	906449	CP028861.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> garinii isolate HLJ-159 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<i>Borrelia</i> garinii	462	462	100%	2e-125	97.09%	514	MG557640.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> burgdorferi partial 16S rRNA gene, strain Ir-4721</a>	<i>Borrelia</i> burgdorferi	462	462	100%	2e-125	97.09%	554	LT631697.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> burgdorferi strain Ir-3519 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<i>Borrelia</i> burgdorferi	462	462	100%	2e-125	97.09%	519	KU672543.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> garinii strain 17-63N1 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia</i> garinii	462	462	100%	2e-125	97.09%	903547	CP117839.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> garinii strain CIP 103362 isolate 20047 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia</i> garinii	462	462	100%	2e-125	97.09%	905638	CP018744.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> garinii strain FNG-2714 chromosome</a>	<i>Borrelia</i> garinii	462	462	100%	2e-125	97.09%	901779	CP117887.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> garinii strain 17-54Z3 chromosome</a>	<i>Borrelia</i> garinii	462	462	100%	2e-125	97.09%	901917	CP117894.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> californiensis strain CA446 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia</i> californiensis	462	462	100%	2e-125	97.09%	902659	CP132476.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> andersonii strain MOD-5 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia</i> andersonii	462	462	100%	2e-125	97.09%	901189	CP132472.1
<input type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> californiensis strain CA443 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia</i> californiensis	462	462	100%	2e-125	97.09%	902651	CP132476.1

ID: OR532271

>SeqID2[organism=*Borrelia* sp.][clone=2K-Ir]

CAGTGTGACGTTACCCCTCTCAGGCCGGTACTTATCATCGCCTTGGTAGG  
 CATTACCCTACCAACTAGCTAATAAGACGCAGACTCATCTACAAGCGAA  
 GCTTTAAAGGCTTCCTTTCATCAATTAACAAATTAATTGACTTTTATTCGGT  
 ATTAGCTACTATTTCTAATAGTTATCCCCATCTCGTAGGTAGATCATCCAC  
 GCGTTACTCACCCGTTCCGCACTAAATGTATTGCTACATCCCGTTTGACTT  
 GCATGCTTAAGACGCACTGCCAGCA

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone 2K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	516	516	100%	1e-141	100.00%	279	<a href="#">OR532271.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone Tekeli-16.8 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	724	<a href="#">MT186169.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> garinii isolate HLJ156 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	514	<a href="#">MK121661.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain 20047 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	906449	<a href="#">CP028861.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate HLJ-159 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	514	<a href="#">MG557640.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain 17-63N1 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	903547	<a href="#">CP117839.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain CIP 103362 isolate 20047 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	905638	<a href="#">CP018744.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain FNG-2214 chromosome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	901779	<a href="#">CP117887.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain 17-54Z3 chromosome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	901917	<a href="#">CP117894.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate Alkhanay-160-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	604	<a href="#">OQ061235.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate Alkhanay-158-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	604	<a href="#">OQ061234.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate Alkhanay-145-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	604	<a href="#">OQ061230.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate Alkhanay-42-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	604	<a href="#">OQ061221.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain HT59 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	905915	<a href="#">CP075402.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain PKie chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	901425	<a href="#">CP075403.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain NT31 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	902872	<a href="#">CP075406.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain J21 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	905112	<a href="#">CP075407.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain Tms1190 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	905071	<a href="#">CP075408.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain Ekb701 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	901747	<a href="#">CP075409.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain Ekb706 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	901747	<a href="#">CP075410.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain Tms1192 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	905351	<a href="#">CP075411.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain Tms1218 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	905215	<a href="#">CP075412.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain 20047 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	905593	<a href="#">CP075413.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain Malouyn chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	901906	<a href="#">CP075414.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain PMa chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	902648	<a href="#">CP075415.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain PNov chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	904672	<a href="#">CP075416.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain Ekb712 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	905653	<a href="#">CP075418.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain U04 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	901603	<a href="#">CP075421.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain U03 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	852383	<a href="#">CP075451.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain U02 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	503	503	99%	1e-137	99.28%	901027	<a href="#">CP075422.1</a>

ID: OR532272

> SeqID3[organism=*Borrelia* sp.][clone=3K-Ir]

TGTGACGTTCCCCTCTCAGGCCGGTACTTATCATCGCCTTGGTAGGTTTT  
 ACCCCACCAACTAATAAGACGCAGACTCATCTACAAGCGAAGCTTT  
 AAAGGCTTCCTTTCATCAATTAACAAATTAATTGACCTTATTCGGTATTAG  
 CТАCTATTTCTAGTAGTTATCCCCATCTCATAGGTAGATCATCCACGCGTT  
 ACTCACCCGTTCGCCACTAAATGTATTACTACATCCCGTTTGACTTGGATG  
 CTTAAGACGCACTGCCAGCA

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone 3K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	507	507	100%	8e-139	100.00%	274	<a href="#">OR532272.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelieella valaisiana isolate 14 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelieella valaisiana</a>	475	475	100%	2e-129	97.83%	1436	<a href="#">MW301932.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi isolate Ku10 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelieella burgdorferi</a>	473	473	99%	9e-129	97.83%	550	<a href="#">AY083474.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelieella valaisiana VS116 16S ribosomal RNA, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelieella valaisiana VS116</a>	473	473	99%	9e-129	97.83%	1514	<a href="#">NR_036807.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia sp. 16S rRNA gene</a>	<a href="#">Borrelia sp.</a>	473	473	99%	9e-129	97.83%	1371	<a href="#">AJ225165.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia valaisiana strain Rio6 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelieella valaisiana</a>	470	470	99%	1e-127	97.46%	462	<a href="#">AF245109.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelieella spielmanii strain Ir-5215 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelieella spielmanii</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	503	<a href="#">KU672542.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelieella valaisiana strain 100B40 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelieella valaisiana</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	915327	<a href="#">CP143564.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelieella valaisiana strain 89B13 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelieella valaisiana</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	912938	<a href="#">CP116874.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelieella spielmanii strain Pmew chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelieella spielmanii</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	902672	<a href="#">CP124042.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelieella valaisiana strain 100B40 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelieella valaisiana</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	915319	<a href="#">CP124014.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelieella valaisiana strain Am501 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelieella valaisiana</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	914593	<a href="#">CP124010.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelieella valaisiana Tom4006 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelieella valaisiana Tom4006</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	912160	<a href="#">CP009117.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia burgdorferi</i> group bacterium clone 902F 16S ribosomal RNA, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelieella</i> sp.</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	552	<a href="#">GU247970.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia yangtzensis strain QX-S13 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelieella yangtzensis</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	1480	<a href="#">EU135598.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia yangtzensis strain QLZSP1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelieella yangtzensis</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	1480	<a href="#">EU135593.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia valaisiana strain M7 16S ribosomal RNA (rrs) gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelieella valaisiana</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	522	<a href="#">DQ393306.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia valaisiana strain Am501 16S ribosomal RNA (rrs) gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelieella valaisiana</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	522	<a href="#">DQ393305.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi isolate To76 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelieella burgdorferi</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	556	<a href="#">AY083475.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi 16S rRNA gene, UK strain, VS116 group</a>	<a href="#">Borrelieella burgdorferi</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	1511	<a href="#">X98233.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia spielmanii partial 16S rRNA gene, strain PZ30802</a>	<a href="#">Borrelieella spielmanii</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	523	<a href="#">AM055830.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia valaisiana gene for 16S ribosomal RNA, strain: CKA1</a>	<a href="#">Borrelieella valaisiana</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	1522	<a href="#">AB022141.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia sp. A14S 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelieella spielmanii</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	1503	<a href="#">AF102056.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia sp. DNA for 16S ribosomal RNA</a>	<a href="#">Borrelia sp.</a>	468	468	99%	4e-127	97.46%	1367	<a href="#">D67021.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone 6Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	464	464	98%	5e-126	97.44%	273	<a href="#">OR532275.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelieella afzelii isolate 378 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelieella afzelii</a>	464	464	100%	5e-126	97.11%	1378	<a href="#">MW301928.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelieella</i> sp. clone Tekeli-8.7 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelieella</i> sp.</a>	462	462	99%	2e-125	97.10%	724	<a href="#">MT182724.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelieella</i> sp. clone Tekeli-15.8 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelieella</i> sp.</a>	462	462	99%	2e-125	97.10%	724	<a href="#">MT182723.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelieella</i> sp. clone Tekeli-16.5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelieella</i> sp.</a>	462	462	99%	2e-125	97.10%	724	<a href="#">MT182722.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelieella</i> sp. clone Talgar-14 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelieella</i> sp.</a>	462	462	99%	2e-125	97.10%	724	<a href="#">MT182721.1</a>

ID: OR532273

> SeqID4[organism=*Borrelia* sp.][clone=4K-Ir]

CCAGTGTGACGTTCAACCTCTCAGGCCGGTACTTATCATCGCCTTGGTAG  
 GCATTTACCCTACCAACTAGCTAATAAGACGCAGACTCATCAACAAGCGA  
 AGCTTTAAAGGCTTCCTTTCATCAATTAACAAATTAATTGACTTTATTCGG  
 TATTAGCTACCTTTTCCTAGTAGTTATCCCCATCTCGTAGGTAGATCATCC  
 ACGCGTACTCACCCGTTTCGCCACTAGATGTATTGCTACATCCCGTTTGAC  
 TTGCATGCTTAAGACGCACTGCCAGCAA

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone 4K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	521	521	100%	3e-143	100.00%	282	<a href="#">OR532273.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain JAASAAM1086 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	484	484	99%	4e-132	97.86%	901961	<a href="#">CP075228.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone Tekeli-16.8 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	724	<a href="#">MT186169.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate HLJ156 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	514	<a href="#">MK121661.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain 20047 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	906449	<a href="#">CP028861.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate HLJ-159 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	514	<a href="#">MG557640.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain 17-63N1 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	903547	<a href="#">CP117839.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain CIP_103362 isolate 20047 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	905638	<a href="#">CP018744.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain FNG-2214 chromosome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	901779	<a href="#">CP117887.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain 17-54Z3 chromosome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	901917	<a href="#">CP117894.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate Alkhanay-160-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	604	<a href="#">OQ061235.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate Alkhanay-158-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	604	<a href="#">OQ061234.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate Alkhanay-145-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	604	<a href="#">OQ061230.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate Alkhanay-42-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	604	<a href="#">OQ061221.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain HT59 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	905915	<a href="#">CP075402.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain PKie chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	901425	<a href="#">CP075403.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain NT31 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	902872	<a href="#">CP075406.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain J21 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	905112	<a href="#">CP075407.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain Tms1190 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	905071	<a href="#">CP075408.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain Ekb701 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	901747	<a href="#">CP075409.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain Ekb706 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	901747	<a href="#">CP075410.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain Tms1192 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	905351	<a href="#">CP075411.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain Tms1218 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	905215	<a href="#">CP075412.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain 20047 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	905593	<a href="#">CP075413.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain Malouvrh chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	901906	<a href="#">CP075414.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain PMa chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	902648	<a href="#">CP075415.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain PNov chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	904672	<a href="#">CP075416.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain Ekb712 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	905653	<a href="#">CP075418.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain U04 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	901603	<a href="#">CP075421.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain U03 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	479	479	99%	2e-130	97.51%	852383	<a href="#">CP075451.1</a>

**ID: OR532274**

> SeqID5[organism=*Borrelia* sp.][clone=5K-Ir]

GTGACGTTACCCCTCTCAGGCCGGTACTTATCATTGCCTTGGTAGGCATT  
TACCCTACCAACTAGCTAATAAGACGCAGACTCATCTACAAGCGAAGCTT  
TAAAGGCTTCCTTTCATCAATTAACAAATTAAGTACCTTATTCGGTATTA  
GCTACTATTTCTAATAGTTATCCCCATCTCATAGGTAGATCATCCACGCGT  
TACTCACCCGTTTCGCCACTGAATGTATTGCTACATCCCGTTTGACTTGCAT  
GCTTAAGACGCACTGCCAGC

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone 5K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	uncultured Borre...	507	507	100%	8e-139	100.00%	274	<a href="#">OR532274.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain MM1 chromosome main, complete sequence</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	908512	<a href="#">CP031412.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain B31_NRZ, complete sequence</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	909921	<a href="#">CP019767.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain PAbe chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	910728	<a href="#">CP019916.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain PAli chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	909921	<a href="#">CP019844.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Chain A, 16S ribosomal RNA</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	1529	<a href="#">BFMW_A</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain Z9 chromosome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	910071	<a href="#">CP132441.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain 217_5 chromosome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	909798	<a href="#">CP132437.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain SCW_9 chromosome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	909722	<a href="#">CP132429.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain Bol29 chromosome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	911399	<a href="#">CP132425.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain Fr93 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	909591	<a href="#">CP132421.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain 80a chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	902811	<a href="#">CP124108.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain NE_5248 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	910663	<a href="#">CP124104.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain NE_5261 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	910422	<a href="#">CP124100.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain NE_5267 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	910422	<a href="#">CP124096.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain Am293 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	910655	<a href="#">CP124092.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain Am315 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	910229	<a href="#">CP124088.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain Am388 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	910563	<a href="#">CP124084.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain Sh-2-82 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	907764	<a href="#">CP124080.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain B408 chromosome 1</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	903249	<a href="#">CP094561.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain B379 chromosome 1</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	920773	<a href="#">CP094579.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain B31-5A4 chromosome 1</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	909655	<a href="#">CP094597.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain B500 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	903660	<a href="#">CP074054.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi CA382, complete genome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	910736	<a href="#">CP005925.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain B-17/2013 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	909995	<a href="#">CP077727.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain B331 chromosome, complete genome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	903654	<a href="#">CP017201.2</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi JD1, complete genome</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	922801	<a href="#">CP002312.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain 212 16S ribosomal RNA (rrs) gene, partial sequence</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	554	<a href="#">DQ111062.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi strain Sh-2-82 16S ribosomal RNA (rrs) gene, partial sequence</a>	<i>Borrelia burgd...</i>	501	501	100%	4e-137	99.64%	522	<a href="#">DQ393297.1</a>

**ID: OR532275**

> SeqID6[organism=*Borrelia* sp.][clone=6Ch-Ir]

GTGACGTTACCCCTCTCAGGCCGGTACTTATCATCGTCTTGGTAGGCATT  
TACCCACCAACTAATAAGACGCAGACTCATCTACAAGCGAAGCTT  
TAAAGGCTTCCTTTCATCAATTAACAAATTAATTGACCTTATTCGGTATTA  
GCTACTATTTCTAGTAGTTATCCCCATCTCATAGGTAGATCATCCACGCGT  
TACTCACCCGTTTCGCCACTAAATGTATTGCTACATTCCGTTTGACTTGCAT  
GCTTAAGACGCACTGCCAG

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone 6Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	505	505	100%	3e-138	100.00%	273	OR532275.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone Tekeli-8.7 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	724	MT182724.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone Tekeli-15.8 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	724	MT182723.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone Tekeli-16.5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	724	MT182722.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone Talgar-14 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	724	MT182721.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone Talgar-9 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	724	MT182720.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone Almaty-196 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	724	MT180532.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone Almaty-41 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	724	MT180531.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone Almaty-12 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	724	MT180530.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone Almaty-3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	724	MT180529.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borrelia</i> afzelii isolate HLJ-180 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	514	MG557641.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii strain BO23, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	905394	CP018262.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii isolate Alkhanay-162-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	604	OQ061237.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii isolate Alkhanay-153-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	604	OQ061233.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii isolate Alkhanay-134-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	604	OQ061229.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii isolate Alkhanay-55-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	604	OQ061225.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii isolate Alkhanay-49-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	604	OQ061224.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii isolate Alkhanay-43-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	604	OQ061222.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii strain PBabu chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	903559	CP075440.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii strain PBec chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	899896	CP075441.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii strain PFes chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	899763	CP075442.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii strain PHam chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	900162	CP075443.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii strain PJe chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	825708	CP075444.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii strain PKL chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	867990	CP075445.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii strain PKr chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	887504	CP075446.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii strain PMel chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	900173	CP075447.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii strain PObf chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	903227	CP075448.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii strain PSto chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	900022	CP075449.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii strain PWat chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	901903	CP075450.1
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia afzelii strain JAASAAF1010 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia afzelii</a>	499	499	100%	1e-136	99.64%	906076	CP075216.1

ID: OR532276

> SeqID7[organism=*Borrelia* sp.][clone=7Ch-Ir]

TGTGACGTTACCCCTCTCAGGCCGGTTACTTATCATCGTCTTGGTAGGCAT  
 TTACCCACCAACTAACTAATAAGACGCAGACTCATCTACAAGCGAAGCT  
 TTAAAGGCTTCCTTTCATCAATTAACAAATTAATTGACCTTATTCGGAATT  
 AGCTACTATTTCTAGTAGTTATCCCCATCTCATAGGTAGATCATCCACGCG  
 TTAATCACCCGTTTCGCCACTAAATGTATTGCTACATTCCGTTTGACTTGCA  
 TGCTTAAGACGGACTGCCAGCAAG

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone 7Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	514	514	100%	5e-141	100.00%	278	<a href="#">OR532276.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borrelia</i> sp. clone 6Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borrelia</i> sp.</a>	494	494	98%	7e-135	99.27%	273	<a href="#">OR532275.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#"><i>Borreliella afzelii</i> isolate 378 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	494	494	99%	7e-135	98.92%	1378	<a href="#">MW301928.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borreliella</i> sp. clone Tekeli-8.7 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borreliella</i> sp.</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	724	<a href="#">MT182724.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borreliella</i> sp. clone Tekeli-15.8 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borreliella</i> sp.</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	724	<a href="#">MT182723.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borreliella</i> sp. clone Tekeli-16.5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borreliella</i> sp.</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	724	<a href="#">MT182722.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borreliella</i> sp. clone Talgar-14 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borreliella</i> sp.</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	724	<a href="#">MT182721.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borreliella</i> sp. clone Talgar-9 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borreliella</i> sp.</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	724	<a href="#">MT182720.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borreliella</i> sp. clone Almaty-196 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borreliella</i> sp.</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	724	<a href="#">MT180532.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borreliella</i> sp. clone Almaty-41 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borreliella</i> sp.</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	724	<a href="#">MT180531.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borreliella</i> sp. clone Almaty-12 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borreliella</i> sp.</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	724	<a href="#">MT180530.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured <i>Borreliella</i> sp. clone Almaty-3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured <i>Borreliella</i> sp.</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	724	<a href="#">MT180529.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii isolate HLJ-180 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	514	<a href="#">MG557641.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii strain BO23, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	905394	<a href="#">CP018262.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii isolate Alkhanay-162-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	604	<a href="#">OQ061237.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii isolate Alkhanay-153-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	604	<a href="#">OQ061233.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii isolate Alkhanay-134-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	604	<a href="#">OQ061229.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii isolate Alkhanay-55-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	604	<a href="#">OQ061225.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii isolate Alkhanay-49-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	604	<a href="#">OQ061224.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii isolate Alkhanay-43-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	604	<a href="#">OQ061222.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii strain PBabu chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	903559	<a href="#">CP075440.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii strain PBec chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	899896	<a href="#">CP075441.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii strain PFes chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	899763	<a href="#">CP075442.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii strain PHam chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	900162	<a href="#">CP075443.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii strain PJe chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	825708	<a href="#">CP075444.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii strain PKL chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	867990	<a href="#">CP075445.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii strain PKr chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	887504	<a href="#">CP075446.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii strain PMel chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	900173	<a href="#">CP075447.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii strain PObf chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	903227	<a href="#">CP075448.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella afzelii strain PSto chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella afzelii</a>	492	492	98%	2e-134	98.91%	900022	<a href="#">CP075449.1</a>



ID: OR532277

&gt; SeqID8[organism=Borrelia sp.][clone=8Ch-Ir]

GTGACGATCACCTCTCAGGCCGGTACTTATCATCGCCTTGGTAGGCTTT  
TACCCACCAACTAGCTAATAAGACGCAGACTCATCTACAAGCGAAGCTT  
TAAAGGCTTCCTTTCATCAATTAACACATTAATTGACTTTATTCGGTATTA  
GCTACTATTTCTAATAGTTATCCCCATCTCGTAGGTAGATCATCCACGCGT  
TACTCACCCGTTCCGCACTGAATGTATTGCTACATTCCGTTTGACTTGCAT  
GCTTAAGACGCAACTGCCAGCA

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Borrelia sp. clone 8Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured Borrelia sp.</a>	510	510	100%	7e-140	100.00%	276	<a href="#">OR532277.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Borrelia sp. clone 9Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured Borrelia sp.</a>	472	472	100%	3e-128	97.47%	276	<a href="#">OR532278.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Borrelia sp. clone 2K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured Borrelia sp.</a>	470	470	100%	1e-127	97.46%	279	<a href="#">OR532271.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Borrelia sp. clone 1K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured Borrelia sp.</a>	468	468	99%	4e-127	97.45%	273	<a href="#">OR532270.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella bissettiae isolate HLJ232 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella bissettiae</a>	464	464	99%	5e-126	97.10%	514	<a href="#">MK121656.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella bissettiae isolate HLJ-233 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella bissettiae</a>	464	464	99%	5e-126	97.10%	514	<a href="#">MG557642.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella bissettiae DN127 16S ribosomal RNA, complete sequence</a>	<a href="#">Borreliella bissettiae DN127</a>	464	464	99%	5e-126	97.10%	1536	<a href="#">NR_148750.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella mayonii strain MN14-1420 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella mayonii</a>	464	464	99%	5e-126	97.10%	904387	<a href="#">CP015780.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella mayonii strain MN14-1539 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella mayonii</a>	464	464	99%	5e-126	97.10%	904387	<a href="#">CP015796.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella bissettiae strain Pgeb chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella bissettiae</a>	464	464	99%	5e-126	97.10%	901242	<a href="#">CP124109.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella bissettiae DN127 16S ribosomal RNA, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella bissettiae DN127</a>	464	464	99%	5e-126	97.10%	1522	<a href="#">NR_102956.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella bissettiae DN127 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella bissettiae DN127</a>	464	464	99%	5e-126	97.10%	900755	<a href="#">CP002746.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia andersonii strain 21123 16S ribosomal RNA (rrs) gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella andersonii</a>	464	464	99%	5e-126	97.10%	522	<a href="#">DQ393300.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia sp. SI-10 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella sp. SI-10</a>	464	464	99%	5e-126	97.10%	1552	<a href="#">AF467959.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella bissettiae DN127 16S ribosomal RNA, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella bissettiae DN127</a>	464	464	99%	5e-126	97.10%	1467	<a href="#">NR_114707.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Borreliella sp. clone Tekeli-16.8 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured Borreliella sp.</a>	459	459	99%	2e-124	96.74%	724	<a href="#">MT186169.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii isolate HLJ156 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	459	459	99%	2e-124	96.74%	514	<a href="#">MK121661.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella bissettiae isolate HLJ231 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella bissettiae</a>	459	459	99%	2e-124	96.74%	514	<a href="#">MK121657.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain 20047 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	459	459	99%	2e-124	96.74%	906449	<a href="#">CP028861.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii isolate HLJ-159 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	459	459	99%	2e-124	96.74%	514	<a href="#">MG557640.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia miyamotoi gene for 16S rRNA, partial sequence, strain: Y15T1</a>	<a href="#">Borrelia miyamotoi</a>	459	459	99%	2e-124	96.74%	1490	<a href="#">LC164108.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia miyamotoi gene for 16S rRNA, partial sequence, strain: Y14T1</a>	<a href="#">Borrelia miyamotoi</a>	459	459	99%	2e-124	96.74%	1490	<a href="#">LC164096.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella burgdorferi partial 16S rRNA gene, strain Ir-4721</a>	<a href="#">Borreliella burgdorferi</a>	459	459	99%	2e-124	96.74%	554	<a href="#">LT631697.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella burgdorferi strain Ir-3519 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella burgdorferi</a>	459	459	99%	2e-124	96.74%	519	<a href="#">KU672543.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain 17-63N1 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	459	459	99%	2e-124	96.74%	903547	<a href="#">CP117839.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain CIP 103362 isolate 20047 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	459	459	99%	2e-124	96.74%	905638	<a href="#">CP018744.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain FNG-2Z14 chromosome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	459	459	99%	2e-124	96.74%	901779	<a href="#">CP117887.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain 17-54Z3 chromosome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	459	459	99%	2e-124	96.74%	901917	<a href="#">CP117894.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella californiensis strain CA446 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella californiensis</a>	459	459	99%	2e-124	96.74%	902659	<a href="#">CP132476.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella andersonii strain MOD-5 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella andersonii</a>	459	459	99%	2e-124	96.74%	901189	<a href="#">CP132472.1</a>

ID: OR532278

&gt; SeqID9[organism=Borrelia sp.][clone=9Ch-Ir]

GTGACGTTACCCCTCTCAGGCCGGTACTTATCATCGCCTTGGTAGGCATT  
TACCCTACCAACTAGCTAATAAGACGCAGACTCATCTACAAGCGAAGCTT  
TAAAGGCTTCCTTTCATCAATTAACAAATTAATTGACTTTATTCGGTATTA  
GCTACTATTTCTAATAGTTATCCCCATCTCGTAGGTAGATCATCCACGCGT  
TACTCACCCGTTTCGCCACTGAATGTATTGCTACATCCCGTTTGACTTGCA  
TGCTTAAGACGCACTGCCAGCA

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Borrelia sp. clone 9Ch-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured Borrelia sp.</a>	510	510	100%	7e-140	100.00%	276	<a href="#">OR532278.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Borrelia sp. clone 2K-Ir 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured Borrelia sp.</a>	497	497	100%	5e-136	99.28%	279	<a href="#">OR532271.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia bissettiae isolate HLJ232 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia bissettiae</a>	492	492	99%	2e-134	98.91%	514	<a href="#">MK121656.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia bissettiae isolate HLJ-233 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia bissettiae</a>	492	492	99%	2e-134	98.91%	514	<a href="#">MG557642.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia bissettiae DN127 16S ribosomal RNA, complete sequence</a>	<a href="#">Borrelia bissettiae DN127</a>	492	492	99%	2e-134	98.91%	1536	<a href="#">NR_148750.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia bissettiae strain Pgeb chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia bissettiae</a>	492	492	99%	2e-134	98.91%	901242	<a href="#">CP124109.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia bissettiae DN127 16S ribosomal RNA, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia bissettiae DN127</a>	492	492	99%	2e-134	98.91%	1522	<a href="#">NR_102956.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia bissettiae DN127 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia bissettiae DN127</a>	492	492	99%	2e-134	98.91%	900755	<a href="#">CP002746.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia bissettiae DN127 16S ribosomal RNA, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia bissettiae DN127</a>	492	492	99%	2e-134	98.91%	1467	<a href="#">NR_114707.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Borrelia sp. clone Tekeli-16.8 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured Borrelia sp.</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	724	<a href="#">MT186169.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate HLJ156 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	514	<a href="#">MK121661.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia bissettiae isolate HLJ231 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia bissettiae</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	514	<a href="#">MK121657.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain 20047 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	906449	<a href="#">CP028861.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate HLJ-159 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	514	<a href="#">MG557640.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia burgdorferi partial 16S rRNA gene, strain Ir-4721</a>	<a href="#">Borrelia burgdorferi</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	554	<a href="#">LT631697.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain 17-63N1 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	903547	<a href="#">CP117839.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain CIP_103362 isolate 20047 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	905638	<a href="#">CP018744.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain FNG-2714 chromosome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	901779	<a href="#">CP117887.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain 17-54Z3 chromosome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	901917	<a href="#">CP117894.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Borrelia sp. clone 10Ch-Dr 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured Borrelia sp.</a>	486	486	98%	1e-132	98.90%	272	<a href="#">OR532279.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia kurtenbachii strain 25015 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia kurtenbachii</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	901026	<a href="#">CP124058.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate Alkhanay-160-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	604	<a href="#">OQ061235.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate Alkhanay-158-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	604	<a href="#">OQ061234.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate Alkhanay-145-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	604	<a href="#">OQ061230.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate Alkhanay-56-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	486	486	99%	1e-132	98.19%	604	<a href="#">OQ061226.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii isolate Alkhanay-42-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	604	<a href="#">OQ061221.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain HT59 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	905915	<a href="#">CP075402.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain PKie chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	901425	<a href="#">CP075403.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain NT31 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	902872	<a href="#">CP075406.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borrelia garinii strain J21 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borrelia garinii</a>	486	486	99%	1e-132	98.55%	905112	<a href="#">CP075407.1</a>

**ID: OR532279**

> **SeqID10[organism=Borrelia sp.][clone=10Ch-Dr]**

GACGTTACCCCTCTCAGGCCGGTACTTATCATCGCCTTGGTAGGCATTTA  
 CCCTACCAACTAGCTAATAAGACGCAGACTCATCTACAAGCGAAGCTTTA  
 AAGGCTTCCTTTCATCAATTAACAAATTAATTGACTTTATTCGGTATTAGC  
 TACTATTTCTAATAGTTATCCCCATCTCGTAGGTAGATCATCCACGCGTTA  
 CTCACCCGTTGCGCACTAAATGTATTGCTACATCCCGTTTGACTTGCATGC  
 TTAAGACCACTGCCAGCC

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Borrelia sp. clone 10Ch-Dr 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured Borrelia sp.</a>	503	503	100%	1e-137	100.00%	272	<a href="#">OR532279.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Borrelia sp. clone 2K-lr 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured Borrelia sp.</a>	496	496	99%	2e-135	99.63%	279	<a href="#">OR532271.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Borreliella sp. clone Tekeli-16.8 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured Borreliella sp.</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	724	<a href="#">MT186169.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii isolate HLJ156 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	514	<a href="#">MK121661.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain 20047 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	906449	<a href="#">CP028861.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii isolate HLJ-159 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	514	<a href="#">MG557640.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain 17-63N1 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	903547	<a href="#">CP117839.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain CIP 103362 isolate 20047 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	905638	<a href="#">CP018744.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain FNG-2214 chromosome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	901779	<a href="#">CP117887.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain 17-54Z3 chromosome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	901917	<a href="#">CP117894.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Borrelia sp. clone 9Ch-lr 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">uncultured Borrelia sp.</a>	486	486	99%	1e-132	98.90%	276	<a href="#">OR532278.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii isolate Alkhanay-160-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	604	<a href="#">OQ061235.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii isolate Alkhanay-158-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	604	<a href="#">OQ061234.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii isolate Alkhanay-145-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	604	<a href="#">OQ061230.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii isolate Alkhanay-42-2013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	604	<a href="#">OQ061221.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain HT59 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	905915	<a href="#">CP075402.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain PKie chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	901425	<a href="#">CP075403.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain NT31 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	902872	<a href="#">CP075406.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain J21 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	905112	<a href="#">CP075407.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain Tms1190 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	905071	<a href="#">CP075408.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain Ekb701 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	901747	<a href="#">CP075409.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain Ekb706 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	901747	<a href="#">CP075410.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain Tms1192 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	905351	<a href="#">CP075411.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain Tms1218 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	905215	<a href="#">CP075412.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain 20047 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	905593	<a href="#">CP075413.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain Malouvrh chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	901906	<a href="#">CP075414.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain PMa chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	902648	<a href="#">CP075415.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain FNov chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	904672	<a href="#">CP075416.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain Ekb712 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	905653	<a href="#">CP075418.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Borreliella garinii strain U04 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Borreliella garinii</a>	486	486	98%	1e-132	99.26%	901603	<a href="#">CP075421.1</a>

## Додаток В (1)

## Акт впровадження результатів дисертаційної роботи

затверджую

Директор Інституту ветеринарної  
медицини НААН

д-р вет. наук, професор, член-кор НААН

Ничий С.А.



2024 р.

про впровадження/використання результатів  
кандидатської дисертаційної роботи  
у наукові дослідження

Даним актом стверджується, що результати дисертаційної роботи на тему: «Лайм-бореліоз собак в Україні (еколого-епізоотичні особливості, молекулярно-генетична характеристика збудника та удосконалення діагностики)», що представлена на здобуття наукового ступеня доктора філософії зі спеціальності 211 – ветеринарна медицина, виконана Пантелеєнко Ольгою Володимирівною, впроваджено у науково-дослідну роботу Інституту ветеринарної медицини НААН для проведення досліджень з виявлення та ідентифікації патогенних видів боррелій (збудника Лайм-бореліозу) в іксодових кліщах.

Результати дисертаційної роботи Пантелеєнко Ольги Володимирівни щодо поширеності боррелій комплексу *Borrelia burgdorferi sensu lato* та окремих патогенних генотипів *Borrelia burgdorferi sensu stricto* і *Borrelia garinii* серед іксодових кліщів використовуються для скринінгу, моніторингу, діагностики Лайм-бореліозу молекулярно-генетичними методами, а також під час проведення наукових досліджень в Лабораторії зоонозних інфекцій та оцінки ризиків та Лабораторії “Науково-дослідний навчальний центр діагностики хвороб тварин” (діюча акредитація за стандартом ДСТУ EN ISO/IEC 17025:2019, атестат акредитації № 202302) в Інституті ветеринарної медицини Національної академії аграрних наук України (м. Київ).

Завідувач лабораторії зоонозних інфекцій та оцінки ризиків  
Інституту ветеринарної медицини НААН,  
канд. вет. наук, ст. наук. співр.

О.А. Тарасов

Завідувач лабораторії  
“Науково-дослідний навчальний центр  
діагностики хвороб тварин”  
Інституту ветеринарної медицини НААН,  
канд. вет. наук, доцент

Я.П. Криця

**Додаток В (2)****Акт впровадження результатів дисертаційної роботи****«ЗАТВЕРДЖУЮ»**

Проректор з науково-педагогічної та методичної роботи Одеського державного аграрного університету  
\_\_\_\_\_ Інна МАЛЕЦЬКА  
27 лютого 2024 р.

**АКТ****про впровадження результатів дисертаційної роботи у навчальний процес**

Даним актом стверджується, що результати дисертаційної роботи на тему: «Лайм-бореліоз собак в Україні (еколого-епізоотичні особливості, молекулярно-генетична характеристика збудника та удосконалення діагностики)», що представлена на здобуття наукового ступеня доктора філософії зі спеціальності 211 – ветеринарна медицина, виконана **Пантелесенко Ольгою Володимирівною** впроваджені у навчальний процес за викладання дисциплін «Інфекційні хвороби домашніх, декоративних та екзотичних тварин», «Спеціальна епізоотологія», «Епізоотологія та інфекційні хвороби» у підготовці фахівців зі спеціальності 211 «Ветеринарна медицина» та використовуються в наукових дослідженнях кафедри епізоотології, паразитології та мікробіології ім. професора В.Я. Атамася Одеського державного аграрного університету.

Розглянуто і схвалено на засіданні кафедри епізоотології, паразитології та мікробіології ім. проф. В. Я. Атамася (протокол № 10 від 20 лютого 2024 р.).

Завідувач кафедри епізоотології,  
паразитології та мікробіології  
ім. професора В. Я. Атамася,  
доктор ветеринарних наук, професор

Ігор ПАНІКАР

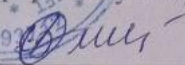
Декан факультету ветеринарної медицини,  
кандидат ветеринарних наук, доцент

Катерина РОДІОНОВА



## Додаток В (4)

## Акт впровадження результатів дисертаційної роботи

Затверджено  
Проректор з наукової та  
інноваційної діяльності  
Білоцерківського національного  
аграрного університету,  
 О.М. Варченко

“20” березня 2024 р.

## АКТ

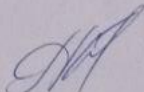
про впровадження/використання результатів  
дисертаційної роботи у навчальний процес

Даним актом стверджується, що результати дисертаційної роботи на тему: «Лайм-бореліоз собак в Україні (еколого-епізоотичні особливості, молекулярно-генетична характеристика збудника та удосконалення діагностики)», що представлена на здобуття наукового ступеня доктора філософії зі спеціальності 211 – ветеринарна медицина, виконана Пантелеєнко Ольгою Володимирівною, впроваджено у навчальну програму за викладання дисципліни «Епізоотологія, інфекційні хвороби та профілактична медицина».

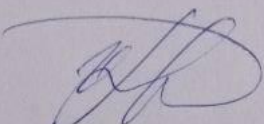
Результати дисертаційної роботи Пантелеєнко Ольги Володимирівни щодо Лайм-бореліозу собак, еколого-епізоотичних особливостей захворювання, молекулярно-генетичної характеристики збудника та методів діагностики хвороби, використовуються під час читання лекцій, проведення лабораторних занять, а також під час проведення наукових досліджень на кафедрі епізоотології та інфекційних хвороб у підготовці фахівців ОС «Магістр» за напрямом ветеринарна медицина зі спеціальності 211 «Ветеринарна медицина» у Білоцерківському Національному Аграрному Університеті.

Розглянуто і схвалено на засіданні кафедри епізоотології та інфекційних хвороб Білоцерківського національного аграрного університету (протокол №15 від 18 березня 2024 р.).

Декан факультету  
ветеринарної медицини,  
доктор ветеринарних наук

 Власенко С.А.

Завідувач кафедри епізоотології  
та інфекційних хвороб,  
кандидат ветеринарних наук, доцент

 Царенко Т.М.

**Додаток В (5)****Акт впровадження результатів дисертаційної роботи****«ЗАТВЕРДЖУЮ»****Заступник директора  
Волинської регіональної  
державної лабораторії  
Державної служби України з  
питань безпеки харчових  
продуктів та захисту  
споживачів****Богдан ГОЛОВКО****21 березня 2024 р.****АКТ****про впровадження/використання результатів  
кандидатської дисертаційної роботи  
у наукові дослідження**

Результати дисертаційної роботи Пантелеєнко Ольги Володимирівни на тему: «Лайм-бореліоз собак в Україні (еколого-епізоотичні особливості, молекулярно-генетична характеристика збудника та удосконалення діагностики)», що представлена на здобуття наукового ступеня доктора філософії зі спеціальності 211 – ветеринарна медицина, , впроваджено у роботу Волинської регіональної державної лабораторії Державної служби України з питань безпеки харчових продуктів та захисту споживачів, використовуються під час досліджень (моніторингу, скринінгу, діагностики) Лайм-бореліозу собак.

Заступник директора

Богдан ГОЛОВКО



## Додаток В (6)

### Акт впровадження результатів дисертаційної роботи



ЗАТВЕРДЖУЮ»

Ректор Поліського національного університету, доктор економічних наук, професор

О. В. Скидан

«26» листопада 2024 р.

#### АКТ

#### про впровадження результатів дисертаційної роботи у навчальний процес

Даним актом стверджується, що результати дисертаційної роботи на тему: «Лайм-бореліоз собак в Україні (еколого-епізootичні особливості, молекулярно-генетична характеристика збудника та удосконалення діагностики)», що представлена на здобуття наукового ступеня доктора філософії зі спеціальності 211 – ветеринарна медицина, виконана Пантелесенко Ольгою Володимирівною впроваджені у навчальний процес за викладання дисциплін «Епізootологія та інфекційні хвороби», «Крайова епізootологія та профілактика хвороб» у підготовці фахівців ОС «Магістр» зі спеціальності 211 «Ветеринарна медицина» та використовуються в наукових дослідженнях кафедри мікробіології, фармакології та ветеринарної епідеміології Поліського національного університету.

Розглянуто та схвалено на засіданні кафедри мікробіології, фармакології та ветеринарної епідеміології протокол № 13 від 19.03. 2024 року.

Завідувач кафедри мікробіології, фармакології

та ветеринарної епідеміології,

доктор, вет. наук, професор

Олександр ГАЛАТЮК

Секретар, кандидат ветеринарних наук,

доцент

Діана ФЕЩЕНКО

## Додаток В (7)

### Довідка про використання результатів дисертаційної роботи

ФОП «Цикало І.І.»  
Клініка ветеринарної медицини «Доктор-Вет»  
м. Біла Церква, проспект Незалежності, 55

---

**ДОВІДКА**  
**про використання результатів дисертаційної роботи**  
**Пантелеснко Ольги Володимирівни**

видана здобувачці наукового ступеня доктора філософії, в тому що розроблені нею методичні рекомендації щодо алгоритмів діагностики Лайм-бореліозу в собак використовуються в роботі ветеринарної клініки.

Цикало І.І.

підпис

печатка



**Додаток В (8)****Довідка про використання результатів дисертаційної роботи****ФОП МОРГУН СВІТЛАНА АНДРІЇВНА**

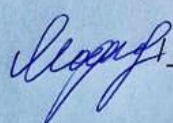
61010, Харківська область, м. Харків, Основ'янський р-н, пр-т Гагаріна, буд. 2, кв. 106а Податковий номер 3524306164

---

**ДОВІДКА****про використання результатів дисертаційної роботи****Пантелесенко Ольги Володимирівни**

видана здобувачці наукового ступеня доктора філософії, в тому що розроблені нею методичні рекомендації щодо алгоритмів діагностики Лайм-бореліозу у собак використовуються в роботі ветеринарної клініки.



 Світлана МОРГУН /

## Додаток Г (1)

**Лист-запит Білоцерківського НАУ до Центру громадського здоров'я  
МОЗ України щодо надання публічної інформації про  
захворюваність населення лайм-бореліозом**



**УКРАЇНА**  
**МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ**  
**БІЛОЦЕРКІВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ АГРАРНИЙ УНІВЕРСИТЕТ**  
09117, пл. Соборна 8/1, м. Біла Церква, Київська обл., Україна,  
тел./факс (04563) 5-12-88, e-mail: bnau-rectorat@btsau.edu.ua

13.07.2023 № 01-12/482

Генеральному директору  
ДУ «Центр громадського  
здоров'я МОЗ України»  
Черненко Л.М.

**Шановна Людмило Миколаївно!**

В межах наукової співпраці просимо Вас надати статистичні дані захворюваності населення України хворобою Лайма та дані досліджень інфікованості іксодових кліщів збудником хвороби Лайма за період з 2000 року по теперішній час в розрізі адміністративних регіонів України, зокрема: Київська, Вінницька, Волинська, Дніпропетровська, Донецька, Житомирська, Закарпатська, Запорізька, Івано-Франківська, Кіровоградська, Крим, Луганська, Львівська, Миколаївська, Одеська, Полтавська, Рівненська, Сумська, Тернопільська, Харківська, Херсонська, Хмельницька, Черкаська, Чернівецька та Чернігівська області.


Також просимо виокремити дані захворюваності населення хворобою Лайма та дані досліджень інфікованості іксодових кліщів бореліями в м. Біла Церква та Білоцерківського району, за той же період спостереження.

Ректор, д-р екон. наук, професор

Олена ШУСТ

## Додаток Г (2)

**Відповідь Центру громадського здоров'я МОЗ України на лист-запит  
Білоцерківського НАУ щодо надання публічної інформації про  
захворюваність населення лайм-бореліозом**



**ДЕРЖАВНА УСТАНОВА  
«ЦЕНТР ГРОМАДСЬКОГО ЗДОРОВ'Я  
МІНІСТЕРСТВА ОХОРОНИ ЗДОРОВ'Я УКРАЇНИ»**  
вул. Ярославська, 41, м. Київ, 04071, тел. (044) 334-56-89  
E-mail: info@phc.org.ua, код ЄДРПОУ 40524109

*Повторити  
тому хто наробив  
запит.*

*Л. Черненко*

31.07.2023 № 04-09/16.1 на № 01-12/482 від 13.07.2023 р.

**Ректору Білоцерківського  
національного аграрного  
університету  
Олені ШУСТ**

Щодо захворюваності населення  
України на хворобу Лайма в  
розрізі регіонів.

**Шановна Олено Анатоліївно!**

Державна установа «Центр громадського здоров'я Міністерства охорони здоров'я України» за результатом розгляду запиту Білоцерківського національного аграрного університету про надання публічної інформації від 13.07.2023 № 1-12/482 надає дані про захворюваність населення на хворобу Лайма в розрізі регіонів.

Принадгдно повідомляємо, що звітними формами медичної статистики не передбачено звітування щодо дослідження рівнів інфікування іксових кліщів на бореліоз.

Додаток: Захворюваність на хворобу Лайма\_2002-2023 у форматі Excell.


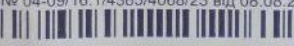
**З повагою**  
Генеральний директор

**Людмила ЧЕРНЕНКО**

Полянська Людмила  
066-96-17-103

БІЛОЦЕРКІВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ  
АГРАРНИЙ УНІВЕРСИТЕТ  
**ОДЕРЖАНО**  
ДУ "Центр громадського здоров'я МОЗ України"  
№ 04-09/16.1/4365/4068/23 від 08.08.2023  
"08" серпня 2023  
Вхідний № 1653

№ 04-09/16.1/4365/4068/23 від  
08.08.2023  
КЕП ЧЕРНЕНКО ЛЮДМИЛА  
МИКОПАЙРНА

## Додаток Д

### Висновок Етичного комітету у Білоцерківському НАУ з питань поведження з тваринами у наукових дослідженнях та освітньому процесі

Висновок № 2/14

Етичного комітету у БНАУ з питань поведження з тваринами  
у наукових дослідженнях та освітньому процесі

Заявка № 2 від «26» березня 2024 р. щодо експертизи завершеної науково-дослідної роботи (дисертації) на тему: «Лайм-бореліоз собак в Україні (еколого-епізоотичні особливості, молекулярно-генетична характеристика збудника та удосконалення діагностики)».

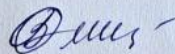
Заявка, подана на розгляд аспіранткою кафедри епізоотології та інфекційних хвороб О.В. Пантелеєнко (науковий керівник кандидат ветеринарних наук, доцент Т.М. Царенко), розглянута Етичним комітетом на засіданні «28» березня 2024 р., Протокол № 14.

Проведені дослідження відповідають національним та міжнародним стандартам виконання наукових досліджень та етичним нормам поведження з тваринами.

Рішення Етичного комітету:

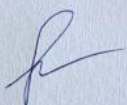
Схвалити проведені дослідження.

Голова:  
доктор економічних наук,  
професор



Варченко О.М.

Секретар



Пахомова А.О.

«28» березня 2024 р.

## Додаток Е

### Статті у наукових фахових виданнях України:

1. **Пантелесенко О. В.,** Ярчук Б. М., Царенко Т. М. Сучасний стан проблеми Лайм-бореліозу тварин (систематичний огляд). *Науковий вісник ветеринарної медицини*. 2021. № 1. С. 64–78. DOI: 10.33245/2310-4902-2021-165-1-64-78 (здобувачка виконала систематичний аналіз і узагальнення даних з наукових джерел, щодо лайм-бореліозу тварин, а саме: етіології, еколого-епізоотологічного аспекту поширення, діагностики, клінічних ознак, лікування та профілактики захворювання, підготувала матеріали до друку, 0,63 д.а.).

2. **Пантелесенко О. В.,** Царенко Т. М. Вивчення та порівняння індексів щільності заселення іксодовими кліщами різних біотопів Київської та Черкаської областей. *Науковий вісник ветеринарної медицини*. 2022. № 1. С. 63–71. DOI: 10.33245/2310-4902-2022-1-1-63-71 (здобувачка провела польові дослідження зі збору кліщів, ідентифікувала їхню родову та видову приналежність, визначила та порівняла індекси заселення кліщами різних біотопів, проаналізувала та підготувала матеріали до друку, 0,38 д.а.).

3. **Пантелесенко О. В.,** Царенко Т. М. Оптимізація полімеразної ланцюгової реакції для моніторингу інфікованості іксодових кліщів *Borrelia burgdorferi*. *Науковий вісник ветеринарної медицини*. 2022. № 2. С. 20–32. DOI: 10.33245/2310-4902-2022-176-2-20-32 (дисертантка виконала підбір праймерів для досліджень з наукових джерел, провела пробопідготовку та виділення ДНК з кліщів, виконала всі етапи апробації та оптимізації протоколів класичної ПЛР, опрацювала і підготувала матеріали до друку, 0,54 д.а.).

4. **Panteleienko O.,** Tsarenko T. Diagnostic value of PCR analysis of synovial fluid for the diagnosis of Lyme borreliosis in dogs. *Naukovij Visnik Veterinarної Medicini*. 2023. № 1. P. 59–69. DOI: 10.33245/2310-4902-2023-180-1-59-69 (здобувачка збрала дані щодо клінічних випадків лайм-бореліозу в собак, проаналізувала особливості прояву захворювання у собак, приймала участь у встановленні діагнозу – лайм-артрит, науково обґрунтувала використання ПЛР-аналізу для діагностики лайм-артриту у собак, 0,46 д.а.).

5. **Panteleienko O. V.**, Melnyk A. Y., Tsarenko T. M. Serological screening of antibodies to *Borrelia burgdorferi* in stray and pet dogs populations in Ukraine. *Naukovij Visnik Veterinarної Medicini*. 2023. № 2. P. 93–100. DOI: 10.33245/2310-4902-2023-184-2-93-100 (дисертантка провела серологічний моніторинг, апробувала різні серологічні методи виявлення антитіл до *B. burgdorferi* s.l. серед популяцій свійських та безпритульних собак, підготувала матеріали до друку, 0,33 д.а.).

**Статті в наукових фахових виданнях України, включених до міжнародних наукометричних баз даних Scopus та/або Web of science Core Collection:**

6. **Panteleienko O. V.**, Makovska I. F., Tsarenko T. M. Influence of ecological and climatic conditions on the spread of *Borrelia burgdorferi* in domestic dogs in Ukraine. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*. 2022. 13 (4), P. 431-442. DOI: 10.15421/022257 (здобувачка провела збір даних щодо лайм-бореліозу собак шляхом інтерв'ювання фахівців ветеринарної медицини, систематизувала і статистично опрацювала дані, підготувала матеріали до друку, 0,5 д.а.).

7. **Panteleienko O. V.**, Garcia D., Bilyk S. A., Dovhal O. V., Tsarenko T. M. Prevalence and distribution of *Borrelia burgdorferi sensu lato* genotypes among ixodid ticks in three regions of Ukraine. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*. 2023. 14 (3), P. 511-515. DOI: 10.15421/022373 (здобувачка провела збір іксодових кліщів, виконала аналіз їх поширеності та видову ідентифікацію, виділила ДНК з кліщів і дослідила методом ПЛР на наявність *B. burgdorferi* s.l., провела філогенетичний аналіз і підготувала матеріали до друку, 0,21 д.а.).

8. **Panteleienko O. V.**, Chernenko L. M., Vydayko N. B., Ukhovskiy V. V., Melnyk A.Y., Tsarenko T. M. Lyme borreliosis in humans and dogs: One Health perspective. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*. 2023. 14 (4), P. 570-575. DOI: 10.15421/022383 (здобувачка виконала систематизацію епізоотичних та епідеміологічних даних, математичну, статистичну обробку даних, узагальнення результатів, підготувала матеріали до друку, 0,25 д.а.).



***Матеріали і тези наукових конференцій та інші наукові видання, які додатково відображають наукові результати дисертації:***

9. **Пантелесенко О. В., Царенко Т. М.** Еколого-епізоотичні аспекти Лайм-бореліозу тварин в Україні. *«Біобезпека, захист та благополуччя тварин»* матеріали міжнародної науково-практичної конференції. Науково-методичний центр вищої та фахової передвищої освіти, 27 травня 2021 р., Київ, 2021. С. 129–131 (дисертантка виконала науково-теоретичний аналіз еколого-епізоотичних аспектів лайм-бореліозу в Україні, 0,1 д.а.).

10. **Пантелесенко О. В., Царенко Т. М.** Щільність заселення іксодовими кліщами родів *Ixodes* та *Dermacentor* лісового та лучного біотопів в Україні. *«Ветеринарна медицина: сучасні виклики і актуальні проблеми науки, освіти та продовольчої безпеки»* матеріали Всеукраїнської науково-практичної інтернет-конференції, Поліський національний університет, 9–10 червня 2022 р., Житомир, 2022. С. 227–230 (здобувачка проводила збір та ідентифікацію іксодових кліщів, аналіз та узагальнення даних, підготувала матеріали до друку, 0,16 д.а.).

11. **Пантелесенко О. В.** Застосування полімеразної ланцюгової реакції для діагностики Лайм-бореліозу у собак. *«Сучасні досягнення та перспективи клінічної лабораторної медицини у діагностиці хвороб людини та тварин»* матеріали II науково-практичної міжнародної дистанційної конференції. Національний фармацевтичний університет, 17 березня 2022 р., Харків, 2022. С. 69–70 (дисертантка провела лабораторні ПЛР-дослідження, проаналізувала і узагальнила отримані результати, підготувала матеріали до друку, 0,08 д.а.).

12. **Пантелесенко О. В., Царенко Т. М.** Перспективи впровадження принципів концепції «Єдиного здоров'я» в систему боротьби з Лайм-бореліозом. *«Єдине здоров'я – 2022»* матеріали міжнародної наукової конференції. Національний університет біоресурсів і природокористування України, 22–24 вересня 2022 р., Київ, 2022. С. 289–291 (дисертантка вивчила наявні національні нормативні документи установ, які можуть бути частиною міждисциплінарного, міжвідомчого підходу до контролю за Лайм-бореліозом

в Україні на принципах концепції «Єдине здоров'я», підготувала матеріали до друку, 0,08 д.а.).

13. **Пантелесенко О. В.**, Царенко Т. М. Використання полімеразної ланцюгової реакції для виявлення збудників Лайм-бореліозу в іксодових кліщах. *«Досягнення та перспективи ветеринарної науки»* матеріали міжнародної науково-практичної інтернет конференції молодих вчених, Полтавський державний аграрний університет, 20 жовтня 2022 р., Полтава, 2022. С. 81–84 (здобувачка провела ПЛР-ідентифікацію *B. burgdorferi s.l.* в іксодових кліщах, 0,13 д.а.).

14. **Пантелесенко О. В.**, Царенко Т. М. Вплив еколого-кліматичних та фізико-географічних факторів на поширення кліщових бореліозів. *«Сучасний розвиток ветеринарної медицини»* матеріали міжнародної науково-практичної конференції. Білоцерківський національний аграрний університет, 20 жовтня 2022 р., Біла Церква, 2022. С. 52–53 (здобувачка вставила статистичні зв'язки між поширенням лайм-бореліозу і природно-кліматичними умовами в Україні, 0,07 д.а.).

15. **Пантелесенко О. В.**, Царенко Т. М. Контроль хвороби Лайма з позиції концепції «Єдине здоров'я». *«Біобезпека, захист та благополуччя тварин»* матеріали міжнародної науково-практичної конференції. Науково-методичний центр вищої та фахової передвищої освіти, 21 листопада 2022 р., Київ, 2022. С. 134–136 (здобувачка виконала порівняльний просторовий і статистичний аналіз поширеності лайм-бореліозу у людей та собак, 0,08 д.а.).

16. **Пантелесенко О.В.**, Царенко Т.М. Алгоритм діагностики Лайм-бореліозу у собак. *«Сучасний стан розвитку ветеринарної медицини, науки і освіти»* матеріали міжнародної науково-практичної конференції, присвяченої 35-річчю заснування факультету ветеринарної медицини. Поліський національний університет, 12-13 жовтня 2022 року, Житомир, 2022. С. 404–408 (дисертантка провела науково-теоретичне обґрунтування застосування комплексного підходу до діагностики лайм-бореліозу собак, 0,17 д.а.).

17. **Panteleienko O.**, Tsarenko T. PCR-based screening of pathogenic genotypes of *Borrelia burgdorferi sensu lato* complex in Ixodes ticks in different regions of Ukraine. «*International Symposium of the World Association of Veterinary Laboratory Diagnosticians*». June 29 – July 01, Lyon, France, 2023. [https://www.iswavld2023.org/export/export\\_pdf-A109144OP.pdf](https://www.iswavld2023.org/export/export_pdf-A109144OP.pdf)

(здобувачка виконала ПЛР-скринінг поширеності *B. burgdorferi s.l.* серед іксодових кліщів, підготувала матеріали до друку, 0,04 д.а.).

18. **Пантелеєнко О. В.**, Довгаль О. В., Білик С. А. та Царенко Т.М. ПЛР-діагностика Лайм-артриту в собак. «*Сучасний розвиток ветеринарної медицини*» матеріали міжнародної науково-практичної конференції. Білоцерківський національний аграрний університет, 26 жовтня 2023 р., Біла Церква. С. 73–45 (дисертантка провела аналіз клінічних випадків лайм-бореліозу у собак і обґрунтувала розширений алгоритм діагностики, 0,07 д.а.).

19. **Пантелеєнко О. В.**, Шевченко М. В., Довгаль О. В., Білик С. А. та Царенко Т. М. Епідеміологічні аспекти хвороби Лайма в Україні, підхід «Єдине здоров'я». «*Наукові читання 2023. Еколого-регіональні проблеми сучасного тваринництва та ветеринарної медицини*» матеріали X щорічної Всеукраїнської науково-практичної конференції. Поліський національний університет, 16 листопада 2023 р., Житомир. С. 189–192 (здобувачка проаналізувала тенденції захворюваності людей і собак лайм-бореліозом з позиції концепції «Єдине здоров'я», 0,13 д.а.).

### Методичні рекомендації

20. **Пантелеєнко О. В.**, Мельник А. Ю., Сахнюк В. В., Савченко М. О., Царенко Т. М. Методичні рекомендації: «Діагностика Лайм-бореліозу в собак». – Біла Церква, 2024. – 35 с. (затверджено вченою радою факультету ветеринарної медицини Білоцерківського національного аграрного університету 22 лютого 2024 року, протокол № 7) (здобувачка є автором ідеї, покладеної в основу розробки, брала безпосередню участь у проведенні досліджень, підготовці та написанні методичних рекомендацій, 1,46 д.а.).

УДК 636.7.09:616.98-076:579.834.114(07)

Методичні рекомендації розглянуто та затверджено на засіданні  
Вченої ради факультету ветеринарної медицини Білоцерківського національного  
аграрного університету (протокол №7, від 22 лютого 2024 року).

Укладачі: Пантелесніко О. В. аспірантка;

Мельник А.Ю. канд. вет. наук, доцент;

Сахнюк В.В. доктор вет. наук, професор;

Савченко М.О. асистент;

Царенко Т. М. канд. вет. наук, доцент

## МЕТОДИЧНІ РЕКОМЕНДАЦІЇ ДІАГНОСТИКА ЛАЙМ-БОРЕЛІОЗУ В СОБАК

Рецензенти: Уховський В.В. – д-р вет. наук, професор, зав. відділу  
науково-дослідного епізоотологічного відділу ДНДЦДВСЕ;

Ангіпов А.А. – канд. вет. наук, доцент кафедри паразитології та  
фермакології, факультету ветеринарної медицини, БНАУ.

Методичні рекомендації призначені для спеціалістів ветеринарної  
медицини, які займаються діагностикою інфекційних хвороб тварин,  
практикуючих ветеринарних лікарів, студентів вищих навчальних закладів III-IV  
рівнів акредитації зі спеціальності 211 – «Ветеринарна медицина». В методичних  
рекомендаціях викладені науково-теоретичні відомості про сучасний підхід до  
діагностики Лайм-бореліозу у собак; клінічні особливості перебігу  
захворювання та можливості застосування молекулярно-генетичних і  
серологічних методів діагностики Лайм-бореліозу у ветеринарній медицині.