

**МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ БІОРЕСУРСІВ І
ПРИРОДОКОРИСТУВАННЯ УКРАЇНИ**

Кваліфікаційна наукова праця
на правах рукопису

СТОРОЖУК ВЛАДИСЛАВА ІВАНІВНА

УДК 636.09:599.323:616-008.87

**ДИСЕРТАЦІЯ
ПОШИРЕННЯ, ВИДОВЕ РІЗНОМАНІТТЯ І ГЕНЕТИЧНА
ХАРАКТЕРИСТИКА ПАРАЗИТІВ ТА БАКТЕРІЙ МИШОПОДІБНИХ
ГРИЗУНІВ В УМОВАХ РАДІОАКТИВНОГО ЗАБРУДНЕННЯ УКРАЇНИ**

211 «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

_____ В.І. Сторожук

Науковий керівник: Галат Марина Владиславівна, доктор ветеринарних наук, професор

Київ – 2026

АНОТАЦІЯ

Сторожук В. І. Поширення, видове різноманіття і генетична характеристика паразитів та бактерій мишоподібних гризунів в умовах радіоактивного забруднення України.

Кваліфікаційна наукова праця на правах рукопису.

Дисертація на здобуття ступеня доктора філософії за спеціальністю 211 «Ветеринарна медицина». Національний університет біоресурсів і природокористування України. Київ, 2026.

Мишоподібні гризуни є хазяями збудників багатьох хвороб, у тому числі і зооозного походження та саме тому відіграють важливу роль у їхньому поширенні і підтримці циркуляції. Гризуни поширені в Україні повсюдно, а також слугують моделлю для вивчення впливу радіоактивного забруднення на живі організми в умовах Чорнобильської зони відчуження (ЧЗВ), яка була створена у 1986 році після масштабної аварії на четвертому енергоблоці Чорнобильської атомної електростанції (ЧАЕС).

У дисертації за результатами паразитологічних, мікроскопічних, гематологічних, молекулярних, філогенетичних, радіобіологічних і статистичних досліджень встановлено видове різноманіття організмів паразитарного та бактеріального походження мишоподібних гризунів в умовах різних місць відлову ЧЗВ і контрольного місця за її межами, а також ідентифіковано, проаналізовано і задепоновано їхні генотипи.

Дослідження проводилися на базі кафедри фармакології, паразитології і тропічної ветеринарії (нині – кафедра ветеринарної епідеміології та охорони здоров'я тварин) факультету ветеринарної медицини Національного університету біоресурсів і природокористування України. Також, дослідження здійснено на базі Чорнобильського радіаційно-екологічного біосферного заповідника, Інституту паразитології Відділу біологічних наук і патобіології Університету ветеринарної медицини Відня (м. Відень, Австрія), Інституту

ядерних досліджень Національної академії наук України і міжкафедральної лабораторії факультету ветеринарної медицини.

У липні, вересні і жовтні 2019 та 2020 рр. відловлено 116 мишоподібних гризунів в Київській області, включаючи території полігонів I–III ЧАЕС в ЧЗВ. В 2019, 30 гризунів виловлені: на полігоні I (n=11), полігоні II (n=12), полігоні III (n=7). Решта 86 тварин відловлена у 2020 році: на полігоні II (n=12), III (n=12), пункті тимчасової локації радіоактивних відходів (ПТЛРВ) «Рудий ліс» (n=20), а також за межами ЧЗВ, на території Чернечого лісу (Київська область) (контрольна група за межами ЧЗВ, n=42). У цьому дослідженні ідентифіковано за морфологічними ознаками 6 видів гризунів, а саме *Myodes glareolus* (n=31) (Cricetidae: Arvicolinae), *Apodemus agrarius* (n=19), *Apodemus flavicollis* (n=49), *Apodemus sylvaticus* (n=5), *Apodemus uralensis* (n=1), *Mus musculus* (n=1) (Muridae: Murinae), не ідентифікованих до виду 10 гризунів, серед яких представники роду *Apodemus* (n=9) і роду *Microtus* (n=1).

У 2024 році виловлено ще 293 мишоподібні гризуни різних видів родин Muridae і Cricetidae на території ЧЗВ і здійснено мікроскопічне дослідження пофарбованих мазків крові цих тварин.

Здійснені нами дослідження розподілено на 6 етапів.

Так, на першому етапі проводили ідентифікацію гризунів, реєстрацію і готували для дослідження кров, включаючи тонкі мазки крові, селезінку і печінку тварин. Ці зразки отримано за співпраці з колегами Інституту ядерних досліджень Національної академії наук України і Чорнобильського радіаційно-екологічного біосферного заповідника як такі, які було використано у ході виконання затвердженої програми радіобіологічних досліджень і відповідних вимірювань вмісту радіонуклідів.

Другий етап досліджень включав дослідження крові гризунів за допомогою гематологічного аналізатора. У ході виконання цього етапу досліджень встановлено наступні показники крові: абсолютна кількість лейкоцитів ($WBC \times 10^9/\text{л}$), лімфоцитів ($Lymph \times 10^9/\text{л}$), моноцитів ($Mon \times 10^9/\text{л}$), гранулоцитів

(Gran $\times 10^9$ /л), еритроцитів (RBC $\times 10^{12}$ /л); відносна кількість лімфоцитів (Lymph %), моноцитів (Mon %), гранулоцитів (Gran %), концентрація гемоглобіну (HGB г/л), гематокрит (HCT %); еритроцитарні і тромбоцитарні індекси, а саме середній об'єм еритроцита (MCV fL), середній вміст гемоглобіну в еритроциті (MCH pg), середню концентрацію гемоглобіну в еритроциті (MCHC г/л), ширину розподілу еритроцитів за об'ємом (RDW %); кількість тромбоцитів (PLT $\times 10^9$ /л), середній об'єм тромбоцита (MPV fL), ширину розподілу тромбоцитів (PDW fL) та тромбоцитарний гематокрит (PCT %).

Третій етап досліджень полягав у фіксації, фарбуванні і подальшому мікроскопічному дослідженні тонких мазків крові під світловим мікроскопом з подальшим кількісним і морфометричним аналізом виявлених збудників.

Четвертий етап досліджень включав екстракцію ДНК і подальше молекулярно-генетичне дослідження зразків крові, печінки і селезінки, використовуючи цільові локуси генів 18S рРНК, 16S рРНК, *gltA*, TgREP-529, 23S/5S ITS рРНК, а також, секвенування позитивних зразків за результатами полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) з подальшим аналізом сиквенсів, їх ідентифікацією. П'ятий етап включав філогенетичне дослідження, а завершальним етапом став статистичний аналіз і узагальнення отриманих результатів.

За результатами мікроскопічного дослідження тонких мазків крові мишоподібних гризунів встановили поширеність збудників наступних родів: *Trypanosoma*, *Hepatozoon*, *Babesia*. При цьому виявляли і наявність бактерій. Виявлених мікроскопічно збудників паразитарного походження (*Trypanosoma* spp. і *Hepatozoon* spp.) дослідили з використанням підходів морфометрії. Для цього було використано 126 виявлених особин трипаносом, з яких 23 у подальшому за допомогою молекулярно-генетичних методів ідентифіковано як такі що належать за генотипом до виду *Trypanosoma grosi*. Переважна більшість цих особин відповідала описаним попередньо у літературних джерелах діапазонам, наведеним для *T. grosi* за показниками: каудальний кінець–

кінетопласт (PK), каудальний кінець–ядро (PN), кінетопласт–ядро (KN), передній кінець–ядро (AN), вільний джгутик (FF) та довжина і ширина ядра.

Також, було встановлено розміри 219 гамонтів *Hepatozoon* spp., проте ізолювати і встановити генотип мікроскопічно виявлених збудників нам не вдалось.

Згідно мікроскопічному дослідженню *M. glareolus* мав найбільшу поширеність *Trypanosoma* spp. і *Hepatozoon* spp., при цьому радіоактивне навантаження на організм саме цього виду гризунів виявилось найменшим за даними радіобіологічного дослідження. У *M. glareolus* з полігону I середньогрупові значення питомої активності радіонукліду ^{137}Cs у тілі становила $8,24 \pm 3,07$ кБк/кг, а з полігону II вже $5,36 \pm 3,57$ кБк/кг.

За допомогою ПЛР і подальшого секвенування вдалось отримати послідовності генотипів паразитів та бактерій гризунів як ЧЗВ, так і контрольного місця відлову, а також проаналізувати їх за допомогою бази даних Національного Центру Біотехнологічної Інформації (GenBank, Меріленд, Сполучені Штати Америки) та функції BLASTn.

Нами ідентифіковано, задепоновано у GenBank і філогенетично проаналізовано наступні генотипи: *T. grosi* (PX973658), *Parabodo caudatus*-подібна послідовність (PX973671), 2 генотипи *Hepatozoon* spp. типу SK3 (PX973667, PX973668), 6 генотипів *Bartonella* spp. (PZ020203–PZ020208), серед яких *Bartonella grahamii*, *Bartonella taylorii* та 3 представники класу Mollicutes (PX973670, PZ025234, PZ025235).

Три різні генотипи (PX973670, PZ025234, PZ025235) класу Mollicutes знайдено у *A. agrarius* і *A. flavicollis*. Генотип *Hepatozoon* spp. типу SK3 було знайдено вперше в *A. flavicollis* в умовах України.

Найпоширенішими серед усіх патогенів виявились *Bartonella* spp. Так, у гризунів *A. flavicollis* (n=1) і *A. sylvaticus* (n=3) знайдено генотип PZ020204 із потенційною зоонозною небезпекою. Даний генотип мав 100% ідентичність із

задепонованим раніше *B. grahamii* as4aup під реєстраційним номером у GenBank CP001562.

Види мишоподібних гризунів *A. agrarius* і *A. flavicollis* мали найвищу кількість виявлених патогенів. Згідно з результатами секвенування різноманіття збудників у *A. flavicollis* виявилось найбільшим. Також, виявлено наявність сумісного інвазування збудниками паразитарного і бактеріального походження як за мікроскопічного дослідження, так і за допомогою ПЛР з подальшим секвенуванням.

Найбільшу поширеність паразитів і бактерій виявлено у тварин полігону II, який був найменш забрудненим з-поміж усіх чотирьох досліджених локацій ЧЗВ. Тут показники експозиційної дози γ -випромінювання становили $0,22 \pm 0,03$ мР/год, а щільність потоку β -частинок – $115,00 \pm 43,98$ імп см⁻² хв⁻¹. При цьому, потужність експозиційної дози γ -випромінювання для полігону I становила $0,37 \pm 0,07$ мР/год, а для полігону III – $0,93 \pm 0,44$ мР/год. Щільність потоку β -частинок для полігону I дорівнювала $688,00 \pm 232,18$ імп см⁻² хв⁻¹, а для полігону III – $254,00 \pm 141,03$ імп см⁻² хв⁻¹.

Щільність забруднення ґрунту на полігоні II становила для ¹³⁷Cs – $1,32 \div 2,20$ МБк/м², ⁹⁰Sr – $0,76 \div 1,25$ МБк/м², ²⁴¹Am – $0,15 \div 0,21$ МБк/м². Водночас щільність забруднення ґрунту полігону I для ¹³⁷Cs становила $8,16 \div 10,23$ МБк/м², ⁹⁰Sr – $5,44 \div 9,35$ МБк/м², ²⁴¹Am – $0,72 \div 0,91$ МБк/м². Що стосується полігону III, то він займає проміжне положення за щільністю забруднення радіонуклідами: ¹³⁷Cs – $3,35 \div 6,51$ МБк/м², ⁹⁰Sr – $1,33 \div 4,74$ МБк/м², ²⁴¹Am – $0,22 \div 0,54$ МБк/м².

Полеві дослідження видового складу паразитів і бактерій в умовах унікальної у світі «обсерваторії під відкритим небом», що сформувалась внаслідок техногенної катастрофи на ЧАЕС сорок років тому дає цінне уявлення про екологічні процеси, що формують взаємодії між хазяїном і паразитами (бактеріями) за хронічного радіаційного забруднення різних рівнів.

Всі ці дані дають нове уявлення про генетичне різноманіття та поширеність паразитів і бактерій серед мишоподібних гризунів ЧЗВ і за її межами, а також створюють перспективи для подальших екоепідеміологічних досліджень.

Ключові слова: мишоподібні гризуни, мікроскопічне дослідження, полімеразна ланцюгова реакція, секвенування, вплив радіоактивного забруднення, *Trypanosoma* spp., *Hepatozoon* spp., *Babesia* spp., Mollicutes, *Bartonella* spp., *Myodes glareolus*, *Apodemus agrarius*, *Apodemus flavicollis*, *Apodemus sylvaticus*.

ABSTRACT

Storozhuk V. I. Distribution, species diversity, and genetic characterization of parasites and bacteria of mouse-like rodents under radioactive contamination conditions in Ukraine. Qualifying scientific work on the rights of a manuscript.

Dissertation submitted for the degree of Doctor of Philosophy in specialty 211 “Veterinary Medicine”. National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine, Kyiv, 2026.

Mouse-like rodents are hosts of the causative agents of numerous diseases, including those of zoonotic origin, and therefore play an important role in their transmission and in maintaining pathogen circulation. Rodents are widely distributed throughout Ukraine and also serve as a model for studying the effects of radioactive contamination on living organisms under the conditions of the Chornobyl Exclusion Zone (ChEZ), which was established in 1986 following the large-scale accident at Unit 4 of the Chornobyl Nuclear Power Plant (ChNPP).

Based on parasitological, microscopic, haematological, molecular, phylogenetic, radiobiological, and statistical investigations, this dissertation establishes the species diversity of parasitic and bacterial agents in mouse-like rodents from different trapping sites within the ChEZ and from a control site outside the zone. Their genotypes were also identified, analysed, and deposited.

The research was conducted at the Department of Pharmacology, Parasitology and Tropical Veterinary Medicine, now the Department of Veterinary Epidemiology and Animal Health, Faculty of Veterinary Medicine, National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine. The study was also carried out at the Chornobyl Radiation and Ecological Biosphere Reserve; the Institute of Parasitology, Department of Biological Sciences and Pathobiology, University of Veterinary Medicine Vienna, Vienna, Austria; the Institute for Nuclear Research of the National Academy of Sciences of Ukraine; and the interdepartmental laboratory of the Faculty of Veterinary Medicine.

In July, September, and October 2019 and 2020, a total of 116 mouse-like rodents were captured in Kyiv Oblast, including within sites I–III of the ChNPP in the ChEZ. In 2019, 30 rodents were captured at site I (n=11), site II (n=12), and site III (n=7). The remaining animals were captured in 2020 at site II (n=12), site III (n=12), the temporary radioactive waste localisation site (TRWLS) “Red Forest” (n=20), and outside the ChEZ, in Chernechy Forest, Kyiv Oblast (control group outside the ChEZ, n = 42).

In this study, six rodent species were identified according to morphological characteristics: *Myodes glareolus* (n=31) (Cricetidae: Arvicolinae), *Apodemus agrarius* (n=19), *Apodemus flavicollis* (n=49), *Apodemus sylvaticus* (n= 5), *Apodemus uralensis* (n=1), and *Mus musculus* (n=1) (Muridae: Murinae). Ten individuals were not identified to species level, including representatives of the genus *Apodemus* (n=9) and the genus *Microtus* (n=1). In 2024, an additional 293 mouse-like rodents of different species families Muridae and Cricetidae were captured within the ChEZ, and microscopic examination of stained blood smears from these animals was performed.

The investigations conducted in this work were divided into six stages.

At the first stage, rodents were identified and registered, and biological material was prepared for analysis, namely blood, including blood samples, thin blood smears, spleen, and liver. These samples were obtained in cooperation with colleagues from the Institute for Nuclear Research of the National Academy of Sciences of Ukraine and the Chernobyl Radiation and Ecological Biosphere Reserve, within the framework of an approved radiobiological research programme that also included relevant measurements of radionuclide content.

The second stage included the examination of rodent blood using a haematological analyser. During this stage, the following blood parameters were determined: absolute numbers of leukocytes ($\text{WBC} \times 10^9/\text{L}$), lymphocytes ($\text{Lymph} \times 10^9/\text{L}$), monocytes ($\text{Mon} \times 10^9/\text{L}$), granulocytes ($\text{Gran} \times 10^9/\text{L}$), and erythrocytes ($\text{RBC} \times 10^{12}/\text{L}$); relative proportions of lymphocytes (Lymph %), monocytes (Mon %), and granulocytes (Gran %); haemoglobin concentration (HGB, g/L); haematocrit (HCT %); erythrocyte and platelet indices, namely mean corpuscular volume (MCV, fL), mean

corpuscular haemoglobin (MCH, pg), mean corpuscular haemoglobin concentration (MCHC, g/L), and red cell distribution width (RDW %); platelet count (PLT $\times 10^9/L$), mean platelet volume (MPV, fL), platelet distribution width (PDW, fL), and plateletcrit (PCT %).

The third stage involved fixation, staining, and subsequent microscopic examination of thin blood smears under a light microscope, followed by quantitative and morphometric analysis of the detected agents.

The fourth stage included DNA extraction and subsequent molecular genetic examination of blood, liver, and spleen samples using the target gene loci 18S rRNA, 16S rRNA, *gltA*, TgREP-529, and 23S/5S ITS rRNA. In addition, PCR-positive samples were sequenced, followed by sequence analysis and identification. The fifth stage included phylogenetic analysis, whereas the final stage involved statistical analysis and summarization of the obtained results.

Microscopic examination of thin blood smears from mouse-like rodents revealed the prevalence of agents belonging to the genera *Trypanosoma*, *Hepatozoon*, and *Babesia*, as well as the presence of bacteria. The microscopically detected parasitic agents, *Trypanosoma* spp. and *Hepatozoon* spp., were examined using morphometric approaches. For this purpose, 126 detected trypanosome individuals were analysed, of which 23 were subsequently identified by molecular genetic methods as belonging genetically to the species *Trypanosoma grosi*. The vast majority of these individuals corresponded to the ranges previously reported in the literature for *T. grosi* according to the following parameters: posterior end–kinetoplast (PK), posterior end–nucleus (PN), kinetoplast–nucleus (KN), anterior end–nucleus (AN), free flagellum (FF), and the length and width of the nucleus.

The dimensions of 219 *Hepatozoon* spp. gamonts were also established; however, it was not possible to isolate and determine the genotype of the microscopically detected agents.

According to microscopic examination, *M. glareolus* had the highest prevalence of *Trypanosoma* spp. and *Hepatozoon* spp.; at the same time, the radioactive burden in

the organism of this rodent species was the lowest according to the radiobiological study. In *M. glareolus* from site I, the group mean value of the specific activity of the radionuclide ^{137}Cs in the body was $8,24 \pm 3,07$ kBq/kg, whereas in animals from site II it was $5,36 \pm 3,57$ kBq/kg.

Using PCR followed by sequencing, it was possible to obtain genotype sequences of rodent parasites and bacteria from both the ChEZ and the control trapping site, and to analyse them using the database of the National Center for Biotechnology Information, GenBank, Maryland, United States of America, and the BLASTn function.

The following genotypes were identified, deposited in GenBank, and phylogenetically analysed: *T. grosi* (PX973658), a *Parabodo caudatus*-like genotype (PX973671), two *Hepatozoon* spp. SK3-type genotypes (PX973667, PX973668), six *Bartonella* spp. genotypes (PZ020203–PZ020208), including *Bartonella grahamii* and *Bartonella taylorii*, and three representatives of the class Mollicutes (PX973670, PZ025234, PZ025235).

Three different genotypes (PX973670, PZ025234, PZ025235) of the class Mollicutes were found in *A. agrarius* and *A. flavicollis*. The *Hepatozoon* spp. SK3-type genotype was detected for the first time in *A. flavicollis* under the conditions of Ukraine.

Among all pathogens, *Bartonella* spp. were the most prevalent. In particular, genotype PZ020204, with potential zoonotic significance, was found in *A. flavicollis* (n=1) and *A. sylvaticus* (n=3). This genotype showed 100% identity with the previously deposited *B. grahamii* as4aup, registered in GenBank under accession number CP001562.

The mouse-like rodent species *A. agrarius* and *A. flavicollis* had the highest number of detected pathogens. According to the sequencing results, the diversity of agents was greatest in *A. flavicollis*. Co-infection with parasitic and bacterial agents was also detected both by microscopic examination and by PCR followed by sequencing.

The highest prevalence of parasites and bacteria was detected in animals from site II, which was the least contaminated among all four studied ChEZ locations. At this site, the exposure dose rate of γ -radiation was $0,22 \pm 0,03$ mR/h, and the β -particle flux density was $115,00 \pm 43,98$ counts $\text{cm}^{-2} \text{min}^{-1}$. By comparison, the exposure dose rate of γ -radiation was $0,37 \pm 0,07$ mR/h at site I and $0,93 \pm 0,44$ mR/h at site III. The β -particle flux density was $688,00 \pm 232,18$ counts $\text{cm}^{-2} \text{min}^{-1}$ at site I and $254,00 \pm 141,03$ counts $\text{cm}^{-2} \text{min}^{-1}$ at site III.

The soil contamination density at site II was 1,32–2,20 MBq/m² for ¹³⁷Cs, 0,76–1,25 MBq/m² for ⁹⁰Sr, and 0,15–0,21 MBq/m² for ²⁴¹Am. At the same time, the soil contamination density at site I was 8,16–10,23 MBq/m² for ¹³⁷Cs, 5,44–9,35 MBq/m² for ⁹⁰Sr, and 0,72–0,91 MBq/m² for ²⁴¹Am. Site III occupied an intermediate position in terms of radionuclide contamination density: 3,35–6,51 MBq/m² for ¹³⁷Cs, 1,33–4,74 MBq/m² for ⁹⁰Sr, and 0,22–0,54 MBq/m² for ²⁴¹Am.

Field studies of the species composition of parasites and bacteria under the conditions of a globally unique “open-air observatory”, formed as a result of the technogenic disaster at the ChNPP forty years ago, provide valuable insight into the ecological processes shaping host–parasite and host–bacteria interactions under chronic radioactive contamination of varying levels.

All these data provide new insight into the genetic diversity and distribution of parasites and bacteria among mouse-like rodents within and outside the ChEZ, and create prospects for further eco-epidemiological research.

Keywords: mouse-like rodents, microscopic examination, polymerase chain reaction, sequencing, effects of radioactive contamination, *Trypanosoma* spp., *Hepatozoon* spp., *Babesia* spp., Mollicutes, *Bartonella* spp., *Myodes glareolus*, *Apodemus agrarius*, *Apodemus flavicollis*, *Apodemus sylvaticus*.

СПИСОК ОПУБЛІКОВАНИХ ПРАЦЬ ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ

Статті у періодичних наукових виданнях, включених до категорії «А»

Переліку наукових фахових видань України

та/або у закордонних виданнях, проіндексованих у базах даних Web of Science Core Collection та/або Scopus

1. **Storozhuk V.**, Mikharovskyi G., Zhurenko O., Valchuk O., Nyzhnyk B., Tretiakova K., Galat M. Distribution of *Toxoplasma gondii* among cattle in certain regions of Ukraine. Ukrainian Journal of Veterinary Sciences. 2022. Vol. 13. No 1. P. 71–79. *(Здобувачем взято участь у серологічному дослідженні сироватки крові тварин, проведено аналіз, редагування та інтерпретацію отриманих даних, Міхаровським Г. взято участь у серологічному дослідженні крові тварин, Журенко О. проведено аналіз та інтерпретацію отриманих даних, Вальчуком О. здійснено аналіз та інтерпретацію одержаних результатів, Нижником Б. виконано аналіз, систематизацію та інтерпретацію одержаних даних, Третьяковою К. взято участь у серологічному дослідженні крові тварин, Галат М. взято участь у дослідженні зразків сироватки крові тварин серологічними методами, проведено аналіз та інтерпретацію отриманих даних, підготовлено матеріали до друку).*

2. Galat M., Gliga D., **Storozhuk V.**, Paraska O., Semenko O., Honcharov S., Fuehrer H. P., Moré G., Basso W., Lundström-Stadelmann B., Frey C. F. First case of clinical canine hepatozoonosis in Ukraine. Parasitology international. 2025. Vol. 110. Article number 103125. 5 p. *(Здобувачем взято участь у дослідженні крові тварини, написанні першого варіанту статті, аналізі, редагуванні та інтерпретації отриманих даних, Галат М. взято участь у дослідженні, рецензуванні, редагуванні, аналізі та інтерпретації отриманих даних, підготовлено матеріали до друку, Глігою Д. взято участь у дослідженні, рецензуванні, редагуванні, аналізі та інтерпретації отриманих даних, Параскою О. проведено аналіз, редагування та інтерпретацію отриманих*

даних, Семенко О. здійснено опрацювання, аналіз та інтерпретацію одержаних результатів, Гончаровим С. проведено аналіз, отриманих даних, Фюрером Г.-П. проведено аналіз, редагування та інтерпретацію одержаних результатів, Морé Г. взято участь у дослідженні, рецензуванні та редагуванні, Бассо В. проведено аналіз, редагування та інтерпретацію отриманих результатів, Лундстрьом-Штадельманн Б. проведено аналіз, систематизацію та інтерпретацію отриманих даних, Фрей К. проведено систематизацію, аналіз та інтерпретацію одержаних результатів).

3. **Storozhuk V.**, Fuehrer H.-P., Barogh B. S., Eigner B., Lypska A., Burdo O., Vyshnevskyi D., Semenko O., Frey C. F., Galat M. Blood parasites and bacteria of Muroidea rodents of the Chernobyl Exclusion Zone. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*. 2026. Vol. 30. Article number 101250. (Здобувачем взято участь у проведенні дослідження, підготовці первинного варіанту рукопису, аналізі, систематизації та опрацюванні отриманих даних; Фюрером Г.-П. здійснено рецензування й редагування рукопису, наукове керівництво, адміністрування проєкту та методологічний супровід; Барог Б. взято участь у проведенні дослідження, рецензуванні та редагуванні тексту статті; Айгнер Б. взято участь у проведенні дослідження, перегляді та доопрацюванні рукопису; Липською А. взято участь дослідженні, аналіз, редагування та інтерпретацію отриманих результатів; Бурдо О. взято участь у проведенні дослідження, опрацюванні та редагуванні рукопису; Вишневським Д. взято участь у проведенні дослідження, рецензуванні й редагуванні одержаних даних; Семенко О. взято участь у дослідженні, рецензуванні та редагуванні рукопису; Фрей К. здійснено рецензування й редагування рукопису, наукове керівництво та адміністрування проєкту; Галат М. взято участь у проведенні дослідження, концептуалізації дослідження, методологічному супроводі, підготовці первинного варіанту рукопису, рецензуванні й редагуванні рукопису, науковому керівництві та адмініструванні проєкту).

**Статті у наукових виданнях, включених до Переліку наукових фахових
видань України, включених до категорій «Б»**

4. **Storozhuk V.I.**, Vishnevskyi D.O., Galat V.F., Semenko O.V., Galat M.V. Larval stages of trematodes in freshwater snails of the Chernobyl zone of radioactive contamination. Ukrainian Journal of Veterinary Sciences. 2021. Vol. 12. No 4. P. 105–114. *(Здобувачем взято участь у мікроскопічному дослідженні, проведено аналіз, редагування та інтерпретацію отриманих даних, Вишневським Д. проведено аналіз та інтерпретацію отриманих даних, Галат В. проведено опрацювання, аналіз та інтерпретацію одержаних результатів, Семенко О. взято участь у мікроскопічному дослідженні, проведено аналіз та інтерпретацію отриманих даних, Галат М. взято участь у мікроскопічному дослідженні, проведено аналіз, редагування, інтерпретацію та узагальнення отриманих даних, підготовлено матеріали до друку).*

Тези та матеріали конференцій

5. **Storozhuk V.I.**, Semenko O.V., Galat M.V. The first case of *Trypanosoma* spp. detection on the territory of Ukraine: materials. DTRA International BioThreats Reduction Symposium. Ukraine–USA, 24–27 october 2022. Track No 7 (One Health and Zoonotic Diseases), No.7-270. *(Здобувачем взято участь у мікроскопічному дослідженні крові тварин, проведено аналіз та інтерпретацію отриманих даних, підготовлено матеріали до друку, Семенко О. взято участь у мікроскопічному дослідженні крові тварин, проведено аналіз та інтерпретацію отриманих результатів, Галат М. взято участь у мікроскопічному дослідженні крові тварин, проведено аналіз та узагальнення отриманих результатів, підготовлено матеріали до публікації).*

6. **Сторожук В. І.**, Семенко О. В., Галат М. В. Випадок трипаносомозу мишоподібних гризунів в Україні: матер. Міжнар. наук. конференції. Київ, 22–24 вересня 2022 року. С. 300. *(Здобувачем взято участь у мікроскопічному дослідженні крові тварин, проведено аналіз та узагальнення отриманих даних, підготовлено матеріали до друку, Семенко О. взято участь у мікроскопічному*

дослідженні крові тварин, проведено аналіз та інтерпретацію отриманих даних, Галат М. взято участь у мікроскопічному дослідженні крові тварин, проведено аналіз, систематизацію та узагальнення отриманих даних, підготовлено матеріали до друку).

7. **Storozhuk V.**, Semenکو O., Galat M. *Trypanosoma* spp. on the territory of Ukraine: materials. 8th International Scientific Conference of Veterinary Medicine Students. Warsaw, Poland, 13–14 may 2023. P. 55. *(Здобувачем взято участь у мікроскопічному та молекулярному дослідженні крові тварин, проведено аналіз та інтерпретацію отриманих даних, підготовлено матеріали до друку, Семенко О. взято участь у мікроскопічному та молекулярному дослідженні крові тварин, проведено аналіз та узагальнення отриманих даних, Галат М. взято участь у мікроскопічному та молекулярному дослідженні крові тварин, проведено аналіз та інтерпретацію отриманих даних, підготовлено матеріали до друку).*

8. Galat M., **Storozhuk V.**, Barogh B., Fuehrer H., Frey C. F. Blood parasites of mouse-like rodents in the conditions of the radioactive contamination zone: materials. SSTMP Swiss Society of Tropical Medicine and Parasitology. Mendrisio, Switzerland, 6–7 june, 2024. P. 20. *(Здобувачем взято участь у виконанні мікроскопічних та молекулярних методів дослідженні крові тварин, здійснила аналіз та інтерпретацію одержаних результатів, підготовлено матеріали до друку, Галат М. взято участь у мікроскопічному та молекулярному дослідженні крові тварин, проведено аналіз, узагальнення та інтерпретацію отриманих даних, підготовлено матеріали до публікації, Барог Б. Взято участь у проведенні мікроскопічних і молекулярних досліджень зразків крові тварин, Фюрером Г.-П. проведено аналіз, узагальнення та інтерпретацію отриманих результатів, Фрей К. проведено аналіз та інтерпретацію отриманих даних).*

9. **Storozhuk V.**, Galat M., Barogh B., Fuehrer H., Frey C. F. Blood parasites of mouse-like rodents in the conditions of the Chernobyl Exclusion Zone: materials. 14th European Multicolloquium of Parasitology. Annals of Parasitology 2024. Wroclaw,

Poland, 26–30 august, 2024. Vol. 70. P. 51. (Здобувачем взято участь у мікроскопічному та молекулярному дослідженні крові тварин, проведено аналіз та інтерпретацію отриманих даних, підготовлено матеріали до друку, Галат М. взято участь у мікроскопічному та молекулярному дослідженні крові тварин, проведено аналіз, інтерпретацію та узагальнення отриманих даних, підготовлено матеріали до друку, Барог Б. взято участь у мікроскопічному та молекулярному дослідженні крові тварин, Фюрером Г.-П. проведено аналіз та інтерпретацію отриманих даних, Фрей К. проведено аналіз та інтерпретацію отриманих результатів).

10. **Сторожук В.І.**, Галат М.В. Поширеність збудників кровопаразитарних хвороб мишоподібних гризунів в умовах Чорнобильської зони відчуження: матер. Міжнар. наук. конференції. Київ, 19–20 вересня 2024 року. С. 86. (Здобувачем взято участь у мікроскопічному та молекулярному дослідженні крові тварин, проведено аналіз та інтерпретацію отриманих результатів, Галат М. взято участь у мікроскопічному та молекулярному дослідженні крові тварин, проведено аналіз та інтерпретацію отриманих даних, підготовлено матеріали до публікації).

11. Galat M., **Storozhuk V.**, Barogh B., Fuehrer H., Frey C. F. Blood parasites of a few species of mouse-like rodents in the conditions of the radioactive contamination zone: materials. Bern Parasitology Meeting II. Bern, Switherland, 11th of February, 2025. P. 33. (Здобувачем взято участь у виконанні мікроскопічних та молекулярних досліджень, здійснено опрацювання, аналіз та інтерпретацію одержаних результатів, підготовлено матеріали до публікації, Галат М. взято участь у проведенні мікроскопічного та молекулярного дослідження, проведено аналіз, узагальнення та інтерпретацію отриманих даних, підготовку матеріалу до публікації, Барог Б. взято участь у мікроскопічному та молекулярному дослідженні, Фюрером Г.-П. проведено аналіз, інтерпретацію отриманих результатів, Фрей К. проведено аналіз та інтерпретацію отриманих даних).

Методичні рекомендації

12. Галат М. В., Галат В. Ф., Сорока Н. М., Прус М. П., Литвиненко О. П., Семенко О. В., Пашкевич І. Ю., Бойко О. Б., Міхаровський Г. В., **Сторожук В. І.** Методичні рекомендації щодо особливостей поширення деяких зоонозних інвазій в умовах Чорнобильської зони радіоактивного забруднення та прилеглих областей України, аналізу ризиків їх розповсюдження і підходів профілактики. Київ: НУБіП України, 2021. 39 с. *(Здобувачем взято участь у мікроскопічному та серологічному дослідженні сироватки крові тварин сироватки крові тварин, проведено аналіз та інтерпретацію отриманих даних, підготовлено матеріали до опублікування, Галат М. взято участь у проведенні мікроскопічних і серологічних досліджень, проведено аналіз, узагальнення та інтерпретацію отриманих даних, підготовлено матеріали до друку, Галат В. проведено аналіз та інтерпретацію отриманих даних, Сорокою Н. проведено аналіз та узагальнення отриманих даних, Прус М. проведено аналіз отриманих результатів, Литвиненко О. проведено інтерпретацію одержаних результатів, Семенко О. взято участь у мікроскопічному та серологічному дослідженні сироватки крові тварин, проведено аналіз та інтерпретацію отриманих даних, Пашкевич І. проведено аналіз отриманих даних, Бойко О. проведено інтерпретацію отриманих даних, Міхаровським Г. взято участь у мікроскопічних і серологічних досліджень, аналіз отриманих даних).*

ЗМІСТ

ПЕРЕЛІК УМОВНИХ ПОЗНАЧЕНЬ.....	21
ВСТУП.....	23
РОЗДІЛ 1 ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ.....	32
1.1 Біологічна характеристика паразитів і бактерій мишоподібних гризунів.....	32
1.2 Поширення паразитів і бактерій мишоподібних гризунів у світі та Україні	52
1.4 Методи діагностики паразитів і бактерій мишоподібних гризунів.....	69
1.5 Методи контролю переносників збудників трансмісивних хвороб мишоподібних гризунів	75
Висновки до огляду літератури	77
РОЗДІЛ 2 МАТЕРІАЛИ І МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ.....	79
2.1 Матеріали дослідження	80
2.2 Методи дослідження.....	83
2.3 Методи вимірювання радіоактивного забруднення території	94
2.4 Методи вимірювання радіаційного навантаження на організм	95
РОЗДІЛ 3 РЕЗУЛЬТАТИ ВЛАСНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ.....	96
3.1 Поширеність паразитів і бактерій мишоподібних гризунів за результатами мікроскопічних і молекулярно-генетичних досліджень в умовах Київської області	96
3.2 Порівняння мікроскопічних і молекулярних методів дослідження мишоподібних гризунів	118
3.3 Поширеність паразитів і бактерій мишоподібних гризунів залежно від рівня забрудненості території.....	120
3.4 Морфологічні показники крові мишоподібних гризунів залежно від рівня ураженості збудниками паразитарного походження	130
3.5 Результати секвенування ДНК організмів паразитарного і бактеріального походження мишоподібних гризунів.....	139
3.6 Філогенетичний аналіз отриманих генотипів збудників паразитарного і бактеріального походження.....	146
3.7 Поширеність паразитів і бактерій гризунів у залежності від виду, статі, вікової групи, сезону та місця відлову гризунів	149

РОЗДІЛ 4 АНАЛІЗ І УЗАГАЛЬНЕННЯ ОТРИМАНИХ РЕЗУЛЬТАТІВ ...	152
ВИСНОВКИ.....	164
ПРОПОЗИЦІЇ ВИРОБНИЦТВУ	168
СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ.....	169

ПЕРЕЛІК УМОВНИХ ПОЗНАЧЕНЬ

18S rRNA – ген малої субодиниці рибосомної РНК

16S rRNA – ген малої субодиниці рибосомної РНК

BLAST – Basic Local Alignment Search Tool, інструмент базового локального вирівнювання

ELISA – enzyme-linked immunosorbent assay, імуноферментний аналіз

gltA – ген цитратсинтетази

ITS – внутрішній транскрибований спейсер

MAFFT – Multiple Alignment using Fast Fourier Transform, програма для множинного вирівнювання послідовностей

MDA – мінімально детектована активність радіонукліда

Pu – плутоній

TgREP-529 – повторювана послідовність *Toxoplasma gondii*

β-випромінювання – бета-випромінювання

γ-випромінювання – гамма-випромінювання

♀ – самка

♂ – самець

²⁴¹Am – америцій-241

¹³⁷Cs – цезій-137

⁹⁰Sr – стронцій-90

°C – градус Цельсія

Бк/зразок – бекерель на зразок

г – грам

ДНК – дезоксирибонуклеїнова кислота

ДСП ЧАЕС – Державне спеціалізоване підприємство «Чорнобильська атомна електростанція»

ЕДТА – етилендіамінтетраоцтова кислота

ІФА – імуноферментний аналіз

імп·см⁻²·хв⁻¹ – імпульс на квадратний сантиметр за хвилину

ін. – інші

кБк/кг – кілобеккерель на кілограм

кДНК – кінетопластна ДНК

МБк/м² – мегабеккерель на квадратний метр

мкл – мікролітр

мл – мілілітр

мР/год – мілірентген за годину

НАН – Національна академія наук України

НУБіП України – Національний університет біоресурсів і

природокористування України

об/хв – оберти за хвилину

п.н. – пари нуклеотидів

ПЛР – полімеразна ланцюгова реакція

ПТЛРВ – пункт тимчасової локалізації радіоактивних відходів

р. – рік

рис. – рисунок

рРНК – рибосомна рибонуклеїнова кислота

рр. – роки

с – секунда

табл. – таблиця

ТБк – терабеккерель

хв – хвилина

ЧАЕС – Чорнобильська атомна електростанція

ЧЗВ – Чорнобильська зона відчуження

ВСТУП

Актуальність дослідження. Мишоподібні (мишовиді, мишовидні, мишаки) гризуни (Myomorpha) – це підряд плацентарних ссавців із ряду гризунів (Rodentia). В Україні є багато представників цієї фауни різних родин (мишові (Muridae), хом'якові (Cricetidae), сліпакові (Spalacidae), тушканчикові (Dipodidae)), котрі відрізняються між собою за морфологічними особливостями, будовою тіла (анатомічні особливості черепа, зубів, стопи, хвоста), характером живлення, ареалом проживання та способом життя. Одними з найбільш чисельних родин надродина Muroidea є Cricetidae і Muridae, представниками яких переважно є види *Apodemus agrarius* Pallas, 1771, *Apodemus flavicollis* Melchior, 1834, *Apodemus sylvaticus* Linnaeus, 1758, *Apodemus uralensis* Pallas, 1811, (родина Muridae) та *Myodes* (син. *Clethrionomys glareolus* Schreber, 1780 (родина Cricetidae), які належать до групи найбільш поширених мишоподібних гризунів (Lacher et al., 2016).

Мишоподібні гризуни – проміжні, дефінітивні і механічні хазяї збудників багатьох хвороб, зокрема і інвазійних. Вони безпосередньо беруть участь у збереженні, передачі та поширенні збудників бактеріального, паразитарного, вірусного походження (Mardosaite-Busaitiene et al., 2021). У мишоподібних гризунів реєструють значну кількість збудників як інфекційного походження, так і інвазійного (паразитичні організми). Серед переліку останніх є збудники лейшманіозу, бабезіозу, трипаносомозу, аляріозу, криптоспоридіозу, капіляріозу, токсоплазмозу, гіардіозу, трихомонозу, неоспорозу, фасціольозу, ехіностомозу, трихінельозу, шистосомозу, токсокарозу, токсаскарозу, гіменолепідідозів, теніозів, ангіостронгільозу, альвеолярного ехінококозу, трихурузу та ін. (Lacher et al., 2016, Lypska et al., 2023).

Епізоотично значимим є використання мишоподібних гризунів як моделі для вивчення збудників трансмісивних хвороб у ссавців в системі «паразит–хазяїн».

Після аварії, що трапилася 26 квітня 1986 року, екосистеми в Чорнобильській зоні радіаційного забруднення почали мати ряд особливостей, що відрізняють їх від об'єктів природно-заповідного фонду. Одним з найбільш явних і довготривалих наслідків аварії на Чорнобильській атомній електростанції (ЧАЕС) є створення зони відчуження та зони безумовного (обов'язкового) відчуження. В результаті аварії значна територія виявилась забрудненою техногенними радіонуклідами, що в свою чергу призвело до їх накопичення у великих кількостях в тканинах рослин, тварин і грибів, зумовлюючи до 90% впливу іонізуючого випромінювання на організми за рахунок поглиненої внутрішньої дози (Labunska et al., 2021; Holiaka et al., 2025).

З моменту аварії вже пройшло 40 років, а вплив забруднення навколишнього середовища і досі є відчутним. Так, водойма-охолоджувач Чорнобильської атомної станції наразі є осушеною ділянкою і внаслідок аварії зазнала впливу ^{137}Cs ($11,1-10^{13}$ Бк) та ^{90}Sr ($3,7-10^{12}$ Бк), що відповідає 0,3% для ^{137}Cs та 0,5% для ^{90}Sr від сумарної кількості радіонуклідів, вивільнених у навколишнє середовище (Інститут проблем безпеки атомних електростанцій НАН України, 2013).

Вплив радіоактивного забруднення на організм тварин проявляється у вигляді ослабленого імунітету (Haque et al., 2024). Даний вплив спричиняє високу частоту метилування ДНК в геномі рослин, зменшення чисельності видів, хромосомні аберації, підвищену стерильність і смертність як серед рослин, так і серед водних організмів, птахів та дрібних ссавців (Haque et al., 2024).

Паразитарні системи є одним із інформативних індикаторів процесів, які відбуваються в екосистемах (Semenko et al., 2020). Ступінь дисбалансу системи «паразит–хазяїн» залежить від сили та характеру впливу зовнішніх факторів. В цей же час, наявність різних взаємних адаптацій, дає підстави розглядати систему «паразит–хазяїн» комплексно.

Будь-які зміни в популяції хазяїна ведуть до змін популяції паразита. Від характеру і сили впливу зовнішніх факторів залежить ступінь розбалансованості

системи «паразит–хазяїн». Поширеність збудників в популяціях є ключовою екологічною змінною для пояснення епідеміологічних особливостей і закономірностей (Chong et al., 2022).

Збудники родів *Trypanosoma*, *Hepatozoon*, *Babesia*, а також бактеріального походження є поширеними серед гризунів не лише у світі, але і на території Європи (Baltrūnaitė, et al., 2020; Ferrari, et al., 2022). Проте досить мало відомо щодо поширеності зазначених збудників серед мишоподібних в умовах України. Окрім того, недостатньою є інформація щодо їхнього впливу на організм зазначених тварин.

Дослідження впливу обох чинників, радіоактивного забруднення і наявності збудників паразитарного та бактеріального походження на організм мишоподібних гризунів, дають уявлення про ризики для здоров'я ссавців (Piderbayeva et al., 2024), що є особливо важливим зважаючи на наявні ризики ядерної безпеки (Wood et al., 2022).

Вплив радіоактивного забруднення на популяції мишоподібних гризунів потребує подальшого вивчення, оскільки може слугувати моделлю для оцінки ризиків радіоактивного забруднення в популяціях людей (Oleksyk et al., 2002).

Зважаючи на актуальність проблеми, недостатню її розробленість у наукових дослідженнях темою дисертації було обрано: **«Поширення, видове різноманіття і генетична характеристика паразитів та бактерій мишоподібних гризунів в умовах радіоактивного забруднення України».**

Зв'язок роботи з науковими програмами, планами, темами. Дисертаційну роботу виконано згідно з планами і напрямками науково-дослідних робіт кафедри фармакології, паразитології і тропічної ветеринарії (нині – кафедра ветеринарної епідеміології та охорони здоров'я тварин) Національного університету біоресурсів і природокористування України, зокрема, науково-дослідної роботи з номером державної реєстрації 0119U100757 “Моніторинг особливостей поширення зоонозних інвазій тварин та їх профілактика в умовах Чорнобильської зони радіоактивного забруднення”. Тема дисертації затверджена

рішенням наукової ради факультету ветеринарної медицини Національного університету біоресурсів і природокористування України (протокол № 4 від 18 листопада 2021 року).

Мета дослідження – встановити поширення, видове різноманіття і генетичну характеристику паразитів і бактерій, у тому числі трансмісивного походження, мишоподібних гризунів в умовах Чорнобильської зони відчуження за різних рівнів радіоактивного забруднення.

Завдання дослідження. Для досягнення мети були визначені наступні завдання:

- дослідити поширення і видове різноманіття паразитів і бактерій, у тому числі трансмісивного походження, різних видів мишоподібних гризунів з території Чорнобильської зони відчуження та контрольної групи за її межами (с. Ходосівка, Київська область);
- встановити морфологічні особливості збудників паразитарного походження, зробити відповідні вимірювання з метою подальшого їх порівняння у відповідності до генотипів;
- виявити зміни показників крові мишоподібних гризунів за різного рівня ураженості збудниками паразитарного і бактеріального походження в умовах полігонів з різним рівнем радіоактивного забруднення;
- встановити залежність поширення збудників паразитарного і бактеріального походження мишоподібних гризунів від їх виду, статі, віку, сезону та місця відлову. Порівняти отримані дані з контрольним місцем відлову і рівнем забруднення навколишнього середовища та організму гризунів;
- визначити генетичне різноманіття виявлених збудників шляхом встановлення генотипів на основі аналізу нуклеотидних послідовностей за результатами секвенування позитивних зразків, отриманих у ході полімеразної ланцюгової реакції;
- провести філогенетичний аналіз отриманих генотипів для визначення їх ідентичності чи подібності збереженим попередньо генотипам;

– виявити залежність отриманих генотипів від рівнів радіоактивного забруднення місць відлову тварин.

Об'єкт дослідження – поширення, видове різноманіття та генетичну характеристику паразитів і бактерій, у тому числі трансмісивного походження, мишоподібних гризунів на територіях України з різним рівнем радіоактивного забруднення.

Предмет дослідження – вплив радіоактивного забруднення Чорнобильської зони радіоактивного забруднення на поширення і видове різноманіття паразитів і бактерій мишоподібних гризунів Чорнобильської зони радіоактивного забруднення; залежність поширення збудників від виду гризунів, їх статі і вікової групи.

Методи дослідження. Для досягнення мети і вирішення поставлених завдань використано комплекс методів дослідження, а саме:

- *теоретичні*: аналіз, класифікація наукових даних, синтез, порівняння та узагальнення;
- *епізоотологічні*: аналіз поширення збудників;
- *гематологічні*: визначення морфологічних показників крові за допомогою автоматичного гематологічного аналізатора;
- *паразитологічні*: дослідження пофарбованих мазків крові з подальшим виявленням збудників під мікроскопом, фіксування промірів збудників роду *Trypanosoma* і *Hepatozoon*;
- *молекулярно-генетичні*: ампліфікація специфічних ділянок дезоксирибонуклеїнової кислоти за допомогою полімеразної ланцюгової реакції, секвенування за методом Сангера;
- *статистичні*: обробка цифрових даних з використанням методу порівняння середніх значень між двома групами (t-тест) і дисперсійного аналізу (ANOVA),
- *філогенетичні*: аналіз отриманих у ході дослідження генотипів.

Наукова новизна одержаних результатів полягає в тому, що отримано нові дані про поширення паразитів і бактерій мишоподібних гризунів в умовах Чорнобильської зони відчуження України, а саме:

- вперше виявлено і досліджено паразитів та бактерій мишоподібних гризунів на території України: *Trypanosoma* spp., *Trypanosoma grosi* Laveran & Pettit, 1909, *Parabodo caudatus*-подібні (Dujardin, 1841), *Hepatozoon* SK3, представників класу Mollicutes (*Mycoplasma*-подібні spp.),
- вперше виміряно морфометричні параметри збудників мишоподібних гризунів із ЧЗВ родів *Trypanosoma* (*T. grosi*) і *Hepatozoon*,
- вперше виявлено генотип *P. caudatus*-подібний із ряду Parabodonida, отриману з матеріалів організму мишоподібного гризуна,
- з'ясовано епізоотологічне значення збудників хвороб мишоподібних гризунів в умовах регіону, виявлено генотип потенційно зоонозного збудника *Bartonella grahamii* Birtles et al., 1995,
- вперше в умовах Чорнобильської зони відчуження і України загалом здійснено порівняння поширеності збудників паразитарного та бактеріального походження за різних рівнів радіоактивного забруднення серед різних видів гризунів у порівнянні з контрольним місцем відлову тварин,
- отримані у ході досліджень генотипи задепоновано у GenBank під номерами: *T. grosi* (PX973658), *P. caudatus*-подібний (PX973671), 2 генотипи *Hepatozoon* spp. типу SK3 (PX973667, PX973668), 6 генотипів *Bartonella* spp. (PZ020203–PZ020208), серед яких *B. grahamii*, *Bartonella taylorii* Birtles et al., 1995 та 3 представники класу Mollicutes (PX973670, PZ025234, PZ025235).
- вперше побудовано філогенетичні дерева, які дають розуміння таксономічної спорідненості виявлених генотипів збудників паразитарного і організмів бактеріального походження.

Практичне значення одержаних результатів полягає в тому, що отримані дані можуть бути використані фахівцями галузі ветеринарної медицини в процесі розробки профілактичних заходів щодо боротьби з зоонозними захворюваннями, наслідки яких супроводжуються значними економічними збитками для тваринництва й становлять небезпеку для здоров'я людини.

Результати роботи можуть бути використані для підготовки лекцій із загальної, екологічної та спеціальної паразитології у закладах вищої освіти на біологічних, природничих факультетах і факультетах ветеринарної медицини.

Особистий внесок здобувача. Здобувачем здійснено аналіз і узагальнення наукових джерел з напряму досліджень, використано у ході виконання роботи мікроскопічні, молекулярно-генетичні, філогенетичні і статистичні методи дослідження. Сформульовано висновки. Окремі лабораторні дослідження здобувачка провела спільно зі співавторами окремих публікацій, що включені до списку робіт, виконаних за темою дисертації. Вибір теми, мети, планування експериментальних досліджень, інтерпретація отриманих результатів виконано спільно із науковим керівником.

Апробація результатів дисертації. Матеріали дослідження обговорювалися і отримали позитивну оцінку на науково-практичних конференціях, зокрема:

– міжнародного рівня: Міжнародна наукова конференція «Єдине здоров'я – 2022» присвячена 100-річчю кафедр факультету ветеринарної медицини (м. Київ, Україна, 22–14 вересня 2022 р.); 2-ий Міжнародний Симпозіум зі зменшення біологічної загрози (IBTRS – International BioThreats Reduction Symposium) (Програма зменшення біологічної загрози BTRP Агентства зменшення загрози DTRA, США) (м. Київ, Україна, 24–27 жовтня 2022 р.); ІХ Міжнародна наукова конференція студентів ветеринарної медицини (м. Варшава, Польща, 13–14 травня, 2024 р.); Щорічні збори Швейцарського товариства тропічної медицини та паразитології (SSTMP – Swiss Society of Tropical Medicine and Parasitology) (м. Мендрізіо, Швейцарія, 6–7 квітня 2024 р.);

XIV Європейський мультиколоквіум із паразитології (EMOP – European Multicolloquium of Parasitology, м. Вроцлав, Польща, 26–30 серпня, 2024 р.).

Публікації. Основні теоретичні відомості та висновки дослідження відображено в 12 наукових працях, з них 1 – стаття у фахових наукових виданнях України, включених до міжнародних наукометричних баз даних, 3 – статті у наукових виданнях включені до міжнародних наукометричних баз даних (Scopus і Web of Science); 7 – тези та матеріали конференцій і 1 методичні рекомендації.

Структура й обсяг дисертації. Робота складається з анотації, вступу, чотирьох розділів (огляд літератури, матеріали і методи досліджень, результати власних досліджень, аналіз та узагальнення результатів), висновків, списку використаних джерел, додатків. Загальний обсяг дисертації становить 244 сторінок комп'ютерного тексту. Матеріали дисертації містять 19 рисунків, 16 таблиць і 1 формулу. Список джерел містить 480 найменувань, з них 476 – латиницею.

Подяки. Насамперед автор висловлює щиру шану і подяку науковій керівниці, доктору ветеринарних наук, професорці Галат Марині Владиславівні, за наставництво, підтримку, заохочення та допомогу на всіх етапах виконання дисертаційного дослідження. Ваші поради, досвід і підтримка, починаючи ще з часів мого навчання на бакалавраті є для мене безцінним надбанням.

Щиро дякую колегам факультету ветеринарної медицини, а також усім співавторам наукових праць за консультації, підтримку і плідну співпрацю. Окрему подяку висловлюю Денису Олександровичу Вишневському за допомогу в роботі з тваринами та подальшу співпрацю; Аллі Іванівні Липській і Олені Олегівні Бурдо – за надання біоматеріалів, використаних у дослідженні, та вагомий внесок у його виконання; Олені Валентинівні Семенко – за проведення першого мікроскопічного дослідження мазків крові та подальші консультації.

Один із етапів дослідження було виконано в межах програми Erasmus+ за фінансової підтримки Європейського Союзу на базі Інституту паразитології (нині – Паразитологія Кафедри біологічних наук і патобіології) Університету

ветеринарної медицини Відня. Щиро дякую професору Гансу-Пітеру Фюреру та науковій співробітниці Біті Шахі Барог за підтримку та цінний науковий досвід.

Окрему вдячність висловлюю захисникам і захисницям України, волонтерам та всім, завдяки кому я маю змогу захищати цю роботу на теренах Батьківщини. Юрій Іванович, Любомир Ляльчук, Вячеслав Брайловський, Руслан Сенчук – імена Героїв сьогодення, яких я мала честь особисто знати і які назавжди залишаться у світлій пам'яті.

Насамкінець щиро дякую моїм рідним і близьким за постійну моральну, фізичну та фінансову підтримку впродовж усіх років навчання в аспірантурі. Без вас цей шлях був би неможливим.

РОЗДІЛ 1 ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ

У розділі висвітлено дослідження вітчизняних і зарубіжних вчених за темою дисертаційної роботи

1.1 Біологічна характеристика паразитів і бактерій мишоподібних гризунів

У цьому підрозділі наведено біологічну характеристику паразитів і бактерій родів *Trypanosoma*, *Hepatozoon*, *Toxoplasma*, *Babesia*, *Mycoplasma*, *Bartonella*, *Rickettsia* та *Ehrlichia*, що можуть виявлятися у мишоподібних гризунів.

Біологічна характеристика паразитів роду *Trypanosoma*

Рід *Trypanosoma* (тип: Euglenozoa: клас Kinetoplastea: родина Trypanosomatidae) включає джгутикових одноклітинних найпростіших, які можуть інвазувати різні види тварин, у тому числі і людину (Hoare, 1972; Votýrka et al., 2015).

Систематика родини Trypanosomatidae наразі залишається предметом наукових дискусій, зокрема, через відсутність єдиного підходу до класифікації і використання кількох кодексів номенклатури та нестачу морфологічних відмінностей між філогенетично різними таксонами (Votýrka et al., 2015).

Клас Kinetoplastea утворюють наступні порядки Eubodonida, Neobodonida, Parabodoidea, Prokinetoplastida та Trypanosomatida (Moreira et al., 2004; Simpson et al., 2006).

Джгутикові організми класу Kinetoplastea містять характерну структуру – кінетопласт (видозмінена мітохондрія), що являє собою дископодібну органелу із щільною масою кільцевих молекул позаядерної кінетопластної ДНК (кДНК). Вона розміщена поруч з кінетосоною і основою єдиного джгутика, прикріпленого до витягнутої форми клітини (Vickerman, 1976; Roberts & Janovy, 2000; Wheeler et al., 2013).

Трипаносоматида мають унікальну органелу (видозмінена пероксисома) – глікосому, що містить гліколітичні ферменти (Gualdrón-López та ін., 2012).

Загалом морфотипи трипаносоматид розрізняють за формою клітини і відносним розташуванням ядра щодо кінетопласту (Yurchenko et al., 2008) та розташуванням джгутика і його прикріплення до тіла клітини (Wheeler et al., 2013).

Переважає більшість родів родини Trypanosomatidae є моноксенними паразитами комах (наприклад, *Crithidia*, *Leptomonas*, *Blastocrithidia* та ін.). Однак, деякі роди є гетероксенними (диксенними), оскільки потребують для завершення циклу розвитку окрім комах ще й хребетних тварин. Прикладом диксенних трипаносоматид є *Trypanosoma* spp., *Leishmania* spp., *Phytomonas* spp. (Lukeš et al., 2018; Votýpka et al., 2015).

Trypanosoma spp. вражають більшість класів хребетних тварин (Stevens, 1999). Переносниками можуть слугувати кровосисні мухи, блохи, клопи і п'явки (World Health Organization, 2012; Fermino et al., 2015).

Більшість трипаносоматид відомі як позаклітинні паразити, однак у *Trypanosoma cruzi* Chagas, 1909 і *Leishmania* spp. описано внутрішньоклітинну форму (Tyler і Engman, 2001; Handman і Bullen, 2002).

Рід *Trypanosoma* представлений понад 100 видами (Lukeš et al., 2014).

Зоонозну значущість даного роду мають такі представники як *T. cruzi* і *T. brucei*.

Автори Magri et al. (2021) зазначають, що серед мишоподібних гризунів у Європі зустрічаються наступні види трипаносом: *Trypanosoma evotomys* Hadwen,

1912, *T. grosi*, *Trypanosoma lewisi* (Kent, 1880), *Trypanosoma musculi* Kendall, 1906 та підвид *Trypanosoma grosi kosewiense* Karbowiak & Wita, 2004.

Клінічних ознак прояву хвороби за наявності даних паразитів у гризунів не спостерігається. Збудник проникає до кровоносної системи хребетного хазяїна через уражені слизові оболонки чи шкіру і розмножується до форми епімастиготи. Дану стадію зазвичай спостерігають у периферичній крові гризунів при дослідженні. У фекаліях блохи, що жила до цього на гризуні, виявляють метациклічні стадії – метатрипаному (Mansfield, 1977).

Також, нещодавні дослідження *in vitro* продемонстрували наявність наступних стадій розвитку – «розетка» і трипомастигота (Zhang et al., 2019).

T. evotomys вперше описана у нориці рудої (раніше *Evotomys saturates*, зараз – *M. glareolus* дослідниками Watson і Hadwen (1912). Переносника *T. evotomys* наразі не виявлено. Вчені припускають, що блохи, які паразитують на гризунах, можуть відігравати роль у передачі збудника.

Препатентний період триває 5–6 діб, що було досліджено експериментально шляхом інокуляції збудника хазяїну. За цей час збудник проникає у селезінку, лімфатичні вузли і проходить стадію розмноження. (Mitkovska et al., 2014).

T. grosi вперше описано у 1845 році Гросом у миші лісової (*A. sylvaticus*) як «рухливі червоподібні організми», а вже у 1909 році його описали як окремий вид Laveran і Pettit (Laveran & Pettit, 1909).

Підвид *T. grosi kosewiense* вперше дослідили і описали у польських мишоподібних гризунів (*Apodemus* spp., *Microtus* spp.) Karbowiak і Wita (2004).

Серед збудників, яких реєстрували у мишоподібних гризунів, *T. lewisi* потенційно може нести небезпеку для здоров'я людини (Magri et al., 2021).

Існує кілька описаних випадків зараження людини збудником *T. lewisi*. Переважно ці випадки пов'язані з ураженням дітей у країнах Африки і південно-східної Азії (Truc et al., 2013; Desquesnes et al., 2016). Наразі в країнах Європи не було зафіксовано випадків ураження людини *T. lewisi* (Magri et al., 2021).

T. musculi вперше виявили у миші хатньої (*Mus musculus* Linnaeus, 1758) у 1903 році Dutton і Todd, а вже у 1905 році Thiroux описав збудника як новий вид підроду *Herpetosoma*. Переносниками збудника є блохи *Stenophthalmus* spp., *Leptopsylla* spp., *Nosopsylla* spp.

До порядку *Parabodonida* належать паразити риб, які викликають криптобіоз у лососевих і коропових риб, наприклад, *Cryptobia salmositica* Katz, 1951 та *Trypanoplasma borreli* Laveran & Mesnil, 1901 (Woo і Poynton, 1995), а також паразит молюсків – *Cryptobia helicis* (Leidy, 1846).

Біологічна характеристика паразитів роду *Hepatozoon*

Рід *Hepatozoon* (тип Apicomplexa: підряд Adeleorina: родина Hepatozoidae) представлений кровопаразитами трансмісивного походження зі складним циклом розвитку (Smith, 1996). Цей рід представлений понад 340 видами, що можуть паразитувати у організмі тварин різних видів (Baneth, 2003; Díaz-Regañón, 2017). На даний час не повідомлялося про зоонозну значущість для людини збудників даного роду (Lauzi et al., 2016; Ferrari et al., 2022).

Вперше виявив у крові лабораторних щурів *Hepatozoon muris* (син. *Hepatozoon perniciosum*) і описав їхній цикл розвитку Miller (1908).

На відміну від багатьох збудників, що передаються трансмісивним шляхом, передача *Hepatozoon* spp. відбувається не під час живлення членистоногих кров'ю хребетного хазяїна, а через заковтування проміжним хазяїном дефінітивного, всередині якого, в гемоцелі грудей і черевця, містяться споруювані ооцисти збудника (Uiterwijk et al., 2023). Наразі не існує задокументованої передачі збудника зі слиною членистоногих (Baneth et al., 2003).

Hepatozoon має облігатний гетероксенний цикл розвитку. Дефінітивними хазяями і переносниками збудників є безхребетні членистоногі, що живляться

кров'ю, зокрема, блохи (Rigó, 2016), акариформні кліщі (Smith, 1996; Ferrari, 2022), паразитиформні кліщі (Hamšíková, 2016a), комарі (Paperna, 2004). Всередині даних хазяїв відбувається статеве розмноження збудника (запліднення, спорогонія) (Smith, 1996).

Проміжними хазяями є різні групи хребетних тварин (ссавці, птахи, рептилії, амфібії) (Smith, 1996; Vaneth et al., 2007). Всередині дрібних ссавців, збудник проходить безстатеве розмноження – стадію шизогонії (мерогонії) і гаметогонії. Шизогонія відбувається переважно в печінці, однак може бути і в інших органах (селезінка, м'язи, лімфатичні вузли), гаметогонія з утворенням гамонтів – в лімфоцитах, моноцитах, гранулоцитах (нейтрофіли) (Smith, 1996; Duscher, 2015).

Ссавці, в тому числі і мишоподібні гризуни, можуть заражатись у ході грумінгу, поїдаючи інвазованих членистоногих – ектопаразитів, прикріплених до власного тіла чи іншої особини (Johnson, 2010).

Крім того, передача через трофічний ланцюг «хижак–жертва» може відбуватися шляхом поїдання здобичі (гризунів), яка містить інвазійні меронти (Hornok, 2013; Duscher, 2015).

Також, у собак були зафіксовані випадки вертикальної трансплацентарної передачі збудника від суки до потомства (Murata, 1993).

Авторами Uiterwijk M. та ін. зазначається, що у всіх досліджених кліщів, не було виявлено спільних з мишоподібними гризунами видів *Hepatozoon*. Це може означати, що кліщі досліджених видів (*Hyalomma marginatum* Koch, 1844, *Dermacentor reticulatus* Fabricius, 1794, *Dermacentor marginatus* Sulzer, 1776, *Haemaphysalis concina* Koch, 1844, *Haemaphysalis punctata* Canestrini & Fanzago, 1878, *Haemaphysalis inermis* Birula, 1895, *Haemaphysalis parva* Neumann, 1897, *Ixodes hexagonus* Leach, 1815, *Ixodes ricinus* Linnaeus, 1758, *Ixodes canisuga* Johnston, 1849, *Ixodes ventalloi* Gil Collado, 1936, *Ixodes gibbosus* Nuttall, 1916, *Rhipicephalus turanicus* Pomerantsev, 1936, *Rhipicephalus bursa* Canestrini & Fanzago, 1878, *Rhipicephalus sanguineus* Latreille, 1806) не беруть участь у

життєвому циклі *Hepatozoon* spp., що зустрічаються у мишоподібних гризунів, у тому числі і мишоподібних. Автори припускають можливу участь інших видів кліщів, які живляться переважно на тілі дрібних ссавців, наприклад, *Ixodes trianguliceps* Birula, 1895 (Mysterud et al., 2015), а також про передачу збудника іншими безхребетними членистоногими та імовірні неекторні шляхи передачі (Uiterwijk et al., 2023).

У життєвому циклі *Hepatozoon ayorgbor* (Sloboda et al., 2007) змії можуть бути інвазовані при поїданні гризунів, які служать паратенічними або проміжними хазяями. В даному циклі розвитку комарі є дефінітивними безхребетними хазяями (Sloboda et al., 2008).

H. ayorgbor-подібні генотипи ізолювали методом ПЛР і подальшого секвенування у мишоподібних гризунів (піщанки) і їх подібність до збудника *H. ayorgbor*, виявленого у пітона (*Python regius* Shaw, 1802), становила 98,2%, (Uiterwijk et al., 2023).

За даними Sloboda et al. (2007) *H. ayorgbor* паразитує в проміжних хазяях (зміях) в печінці у формі меронту $18 \times 11 \mu\text{m}$, всередині якого містяться мерозоїти ($10\text{--}24 \mu\text{m} \times 6\text{--}18 \mu\text{m}$) та у формі гаметоцитів (гамонти) – продовгувата еліпсоїдна форма ($11\text{--}13 \mu\text{m} \times 2\text{--}3,5 \mu\text{m}$), з видовженим ядром ($4\text{--}6,5 \mu\text{m} \times 1,5\text{--}2 \mu\text{m}$).

У дефінітивних хазяях виявляють спорувовані ооцисти овальної форми $251,5 \times 247,7 \mu\text{m}$, всередині яких овальної чи сферичної форми спороцисти ($35,4 \times 23,6 \mu\text{m}$) зі спорозоїтами. Спорозоїти мають серповидну форму і розміри $18,8 \times 4,3 \mu\text{m}$. Всередині однієї спорувованої ооцисти може міститись від 33 до 1013 спороцист, а в середині однієї спороцисти від 14 до 38 спорозоїтів (Sloboda et al., 2007).

Біологічна характеристика паразитів роду *Toxoplasma*

Рід *Toxoplasma* (тип: Apicomplexa: клас Conoidasida: родина Sarcocystidae) є монотипним, тобто представлений лише одним офіційно визнаним видом – *Toxoplasma gondii* Nicolle & Manceaux, 1908, що є облігатним внутрішньоклітинним протозойним паразитом. Даний рід наразі представлений різними генотипами (тип I, II, III, XII та гаплотипи X, A) (Attias et al., 2020).

За приблизними підрахунками 30–50% населення у світі є носіями збудника *T. gondii*, що відомий своєю роллю у виникненні вад розвитку плода, гідроцефалії, мікроцефалії, сліпоти, ураження сітківки, порушення рухової функції, появи ознак психічних розладів (McAuley, 2014; Di Genova et al., 2019). У осіб з імунодефіцитом збудник здатний реактивуватись і переходити в гостру стадію, що зумовлена міграцією тахізоїтів в організмі (Wang et al., 2017). Гостра системна інвазія може супроводжуватись широким спектром клінічних проявів таких як лімфаденопатія, пневмонія, міалгія, міокардит, менінгіт та ін. (Layton et al., 2023).

Інвазійні форми збудника (тахізоїт, брадизоїт, спорозоїт) мають видовжену форму, ззовні вкриті мембранним комплексом (пелікула) і демонструють спільну первинну організацію, містять типовий апікальний комплекс (коноїд, мікронеми, роптрії), мікротрубочки, щільні гранули, ядро, комплекс Гольджі, рибосоми, апікопласт, одну розгалужену мітохондрію, ацидокальцисоми, ліпідні тільця, гранули амілопектину (Ferguson & Dubremetz, 2007).

Інфекційні стадії морфологічно відрізняються за наступними ознаками: розташування ядра, форма роптрій, кількість мікронем, щільних та амілопектинових гранул (Speer et al., 1998; Ferguson & Dubremetz, 2007).

Збудник проходить складний цикл розвитку, що характеризується чергуванням статевої (гаметогонія) і безстатевої (шизогонія, мерогонія) стадій розвитку та завершальною, стадією спорогонією (Di Genova et al., 2019).

T. gondii має здатність інвазувати представників різних таксономічних груп хазяїв: птахи, наземні і водні ссавці. В Україні даний збудник серед ссавців реєстрували у котів, ДРХ, ВРХ, коней (Galat, 2020; Storozhuk et al., 2022). Дані групи тварин є проміжними хазяями, в організмі яких збудник проходить безстатевий етап циклу розвитку (Attias et al., 2020).

Дефінітивними хазяями є тварини родини Felidae, в організмі яких збудник проходить статевий етап розмноження (Dubey, 2009).

Також авторами Di Genova et al. (2019) встановлено, що в ендотеліоцитах мишей можливий статевий розвиток збудника за умов додавання лінолевої кислоти до їх раціону і пригнічення дельта-6-десатурази в кишечнику.

Інвазійними формами збудника є три стадії розвитку: 1. тахізоїт – форма, характерна для гострого перебігу, підчас якого відбувається швидке розмноження збудника; 2. брадизоїт – форма, яка асоціюється з хронічним перебігом та повільним розмноженням збудника; 3. спорозоїт – форма, що утворюється підчас споруляції ооцист і виділяється з фекаліями дефінітивного хазяїна під час статевого розмноження збудника (Attias et al., 2020).

Проміжні хазяї можуть уражатись збудником декількома шляхами:

- вживання контамінованої спорульованими ооцистами води, корму, фекалій, ґрунту, шерсті і т.д.;
- потрапляння до організму тканинних цист, всередині яких містяться брадизоїти, разом із недостатньо термічно обробленим кормом тваринного походження (м'язова тканина, мозок та ін.). Певну участь відіграє канібалізм, поїдання резервуарних паратенічних (дощові черви) хазяїв ;
- збудник на стадії тахізоїта здатний долати трансплацентарний бар'єр;
- переливання крові чи трансплантація органів, що містять цисти з брадизоїтами чи тахізоїти (Attias et al., 2020).

Відомо, що миші, свині, і, можливо, люди, можуть інвазуватись за потрапляння до організму навіть однієї ооцисти (Dubey, 2009).

Дефінітивні хазяї уражаються збудником під час поїдання споруваних ооцист зі спорозоїтами чи при поїданні проміжних хазяїв, всередині яких містяться життєздатні форми брадизоїтів чи тахізоїтів (Attias et al., 2020). В шлунку дефінітивних хазяїв брадизоїти вивільняються під дією пепсину і соляної кислоти. Далі вони проникають в епітеліоцити і послідовно впродовж двох діб диференціюються у 5 морфологічно відмінних типів шизонтів (А–Е), з наступним перетворенням у мерозоїти (Di Genova et al., 2019).

Після диференціації у мікро– і макрогамети, клітини зливаються з утворенням диплоїдних неспоруваних ооцист. Вони містять 1 споробласт і виділяються у зовнішнє середовище із фекаліями тварин родини котячих (Zulpo et al., 2018). Впродовж 1–5 діб формується спорувана ооциста, що містить дві спороцисти, в кожній з яких міститься 4 спорозоїти (Attias et al., 2020).

Вперше *T. gondii* було зафіксовано у 1908 році в гризуна *Stenodactylus gundi* Rothman, 1777 з Тунісу (Dubey, 2009).

Збудник є одним із найуспішніших існуючих паразитичних організмів у світі, оскільки має здатність впливати на хазяїна специфічним чином. Відомо, що у мишей за умов наявності *T. gondii* в організмі виникає порушення моторних функцій і сенсорних реакцій (Gulinello et al., 2010). Окрім того, збудник здатен впливати на поведінкові патерни гризунів, а саме збільшувати потяг до інвазованих самців, підвищувати активність у нових і вже знайомих середовищах, зменшувати вроджений страх та збільшувати привабливість запаху котячої сечі, що призводить до збільшення поїдання інвазованих особин представниками родини Felidae (Vyas, 2013; Gotteland et al., 2014; Poulsen et al., 2017).

Гризуни, як проміжні, так і резервуарні хазяї, є важливою ланкою у підтримці життєвого циклу збудника та джерелом зараження власного потомства, а також хижаків (особливо родини Felidae) і інших тварин (Galeh et al., 2020).

Передача збудника людині від гризунів може відбуватись опосередковано, у разі випадкового поїдання гризунів свійськими тваринами, наступній

недостатній термічній обробці м'яса даних тварин при приготуванні для споживання, а також після споживання недостатньо термічно приготованих гризунів як харчового продукту (щури, капібари) (Yai et al., 2008; Jittapalapong et al., 2011).

Отже, мишоподібні гризуни, особливо види, що мешкають поруч з людськими угіддями і відповідно мають контакт зі споруюльованими ооцистами, які виділяються з фекаліями представниками родини Felidae, сприяють зараженню людини цим паразитом.

Біологічна характеристика паразитів роду *Babesia*

Рід *Babesia* (тип: Apicomplexa: клас Aconoidasida: родина Babesiidae) включає одноклітинних найпростіших паразитів, які можуть заражати різні види тварин, а також людину (Hildebrandt, Gray, & Hunfeld, 2013).

Рід *Babesia* представлений понад 120 видами (Bajer et al., 2014a).

Зоонозну значущість мають наступні представники роду *Babesia* – *Babesia divergens* MFadyean & Stockman, 1911, *B. divergens*–подібні, *Babesia duncani* Conrad et al., 2006, *Babesia venatorum* Herwaldt et al., 2003, *Babesia microti* Franca, 1912 (Mardosaitè-Busaitienè et al., 2021).

В Європі випадки зараження людини переважно пов'язані з *B. divergens*, *B. divergens*–подібні, *B. venatorum*, рідше – *B. microti* (Hildebrandt et al., 2013; Welc-Falęciak et al., 2015; Moniuszko-Malinowska et al., 2016), в той час як у Північній Америці *B. microti* є основним збудником.

Окрім того, у південно-східній частині Польщі в полівок роду *Microtus* виявлено патогенні для людини штами збудника (Welc-Falęciak et al., 2008).

В організмі хребетних тварин збудник проходить безстатеве розмноження та паразитує спершу у формі спорозоїтів, а далі – кільцеподібного трофозоїту,

який переходить у форму мерозоїта (Ganzinelli et al., 2018). Мерозоїти можуть бути різної форми: овальна, кільця, амебоїдна, грушоподібна та ін. (Albertyńska et al., 2021).

Даний еукаріотичний збудник містить наступні органели: ядро, апарат Гольджі, мітохондрію, ендоплазматичну сітку, апікопласт. Оболонку клітини формує пелікула (Lew et al., 2002; Caballero et al., 2012).

На передньому краю клітини знаходиться апікальний комплекс органел, що допомагають проникнути паразиту в еритроцит хазяїна. Однак, на відміну від багатьох інших паразитів типу Apicomplexa, у представників *Babesia* spp. коноїд відсутній (Klinger et al., 2013).

Також, представникам *Babesia* spp. характерні унікальні секреторні органи – сферичні тіла. Вони є гомологами щільних гранул, що є у інших представників типу Apicomplexa (Caballero et al., 2012).

Морфологічно збудників роду *Babesia* прийнято поділяти на великі (2,5–5,0 μm завдовжки) і малі (1,0–2,5 μm завдовжки) (Ruprah, 1985).

В організмі кліщів роду *Ixodes* відбувається статеве розмноження збудника. Паразит у процесі міграції через тканини і порожнини кліща зазнає послідовних метаморфічних змін (Florin-Christensen & Schnittger, 2009).

Основними векторами передачі збудників роду *Babesia* є іксодові кліщі роду *Ixodes* (*I. ricinus*, *I. trianguliceps*) (Hamšíková et al., 2016b). Інвазовані кліщі можуть передати збудника іншій тварині під час живлення кров'ю. Також, збудник може передаватись від однієї стадії кліща до іншої, тобто трансфазно (Silaghi et al., 2012).

Кліщі виду *I. trianguliceps* є основним вектором збудника *B. microti*, водночас не є антропофільним видом. Всі стадії розвитку (личинка, німфа, імаго) живляться на тілі мишоподібних гризунів (Duh, et al., 2003).

Кліщі виду *I. ricinus* можуть забезпечити передачу збудників *B. microti*, *B. venatorum*, *B. divergens* від резервуарного хазяїна до випадкового. Також, кліщі даного виду є основним вектором в Європі (Katargina et al., 2011; Welc-Falęciak et

al., 2012). Кліщів *I. ricinus* вважають опортуністичним видом, який використовує широкий спектр хребетних як хазяїв, в тому числі і людину (Sonenshine, 1993). Стадії личинки і німфи живляться кров'ю мишоподібних гризунів, а імаго надає перевагу ссавцям більших розмірів, а також людині (Bown, et al., 2008; Obiegala, et al., 2015; Cayol et al., 2018).

Поширенню іксодових кліщів можуть сприяти деякі види птахів, оскільки вони здатні переносити іксодових кліщів, що містять різноманітних збудників, на значні відстані (Hasle, 2013).

Мишоподібні гризуни родів *Apodemus*, *Myodes* і *Microtus* слугують резервуарними хазяями бабезій (Hamšíková et al., 2016a).

У Європі серед мишоподібних гризунів родів *Microtus* spp., *Myodes* spp., *Apodemus* spp. паразитує збудник *B. microti* (Bajer et al., 2014a). Вперше цей вид було описано в Португалії у 1910 році Франсом в польовій миші роду *Microtus* з первісною назвою *Smithia microti*, далі в 1914 Колес переніс вид у рід *Nuttallia*, а вже в 1953 році Е. Райхенов об'єднав всі дрібні піроплазми до роду *Babesia* (Karbowiak, 2004).

Основним резервуаром збудника в Європі серед мишоподібних гризунів є рід *Microtus* (Hamšíková et al., 2016a). Автори Tołkacz et al. (2017) встановили, що високий рівень інвазованості полівок даного роду можливий завдяки вертикальній передачі збудника.

Молекулярні дослідження підтвердили, що *B. microti* це комплекс видів, що складається з генетично різних ізолятів, які належать до різних клад (Vaneth et al., 2015). Виділені від гризунів ізоляти можна поділити на зоонозні і ті, що не мають зоонозного потенціалу (Usluca et al., 2019).

Сім штамів *B. microti* відомі на даний час у світі – Baltic, Munich, Jena/Germany, USA, Hobetsu (Otsu), Nagano, Kobe (Usluca et al., 2019).

Наразі у Європі розподіл штамів *B. microti* не є достатньо вивченим (Mardosaitė-Busaitienė et al., 2021). У мишоподібних гризунів і кліщів роду *Ixodes* виявлено зоонозні штами Jena/Germany, USA, і штама без зоонозного потенціалу

– Munich. Окрім того, в кліщах *Ixodes persulcatus* Schulze, 1930 виявлено штам «Baltic». Однак, його патогенність для людини наразі невідома.

Біологічна характеристика бактерій роду *Mycoplasma*

Рід *Mycoplasma* (тип: Tenericutes (раніше, зараз часто включають у Firmicutes): клас Mollicutes: родина *Mycoplasmataceae*) включає в себе гемотропні мікоплазми, також відомі як гемоплазми, облігатні епіклітинні грам-негативні, плеоморфні (переважно у формі коків) бактерії, що не мають клітинної стінки. Збудники переважно вражають широкий спектр диких і домашніх ссавців, включно з людиною (Rikihisa et al., 1997; Neimark et al., 2001).

Гемоплазми є найменшими бактеріями (0,2–0,8 мкм), здатними до самостійного відтворення шляхом клітинного поділу (Guimaraes et al., 2014).

Наразі досі мало відомостей про генетичну різноманітність збудників, їх поширеність, шляхи передачі, вплив на здоров'я тварин, взаємодію між бактерією, вектором і хазяїном (Biondo et al., 2009).

Рід *Mycoplasma* містить наразі понад 120 видів і продовжує поповнюватись новими представниками (Schnee et al., 2012).

Завдяки філогенетичному аналізу гемоплазми поділили на 2 основні кластери, які включають в себе групу *Mycoplasma suis* Splitter, 1950 і *Mycoplasma haemofelis* Kreier & Ristic 1984 (Tasker et al., 2003; Willi et al., 2009).

Порівняння нуклеотидних послідовностей демонструє циркуляцію у крові диких тварин великої кількості генотипів мікоплазм і/або кандидатів нових видів і підвидів, зокрема, деяких з потенційною зоонозною загрозою (Maggi et al., 2013; Millán et al., 2015).

Серед диких, домашніх і лабораторних гризунів зустрічаються наступні види збудників – гемотропні: *Mycoplasma coccoides* Schilling, 1928, *Mycoplasma haemomuris* (Mayer, 1921); негемотропні: *Mycoplasma pulmonis* (Sabin 1941)

Gupta et al. 2018, *Mycoplasma arthritidis* Sabin, 1941, *Mycoplasma neurolyticum* Sabin, 1941, *Mycoplasma collis* Hill, 1983, *Mycoplasma muris* McGarrity et al., 1983 (Klas, 2024).

Гемоплазми *M. coccoides*, *M. haemomuris* належать до групи *haemofelis* (Tasker et al., 2010). Підвиди *Candidatus Mycoplasma haemomuris* subsp. *musculi* і *Candidatus Mycoplasma haemomuris* subsp. *ratti* здатні викликати у гризунів спленомегалію та інфекційну анемію (Harasawa et al., 2015).

Нові види *Mycoplasma* spp., які ще не були повністю охарактеризовані, були описані у гризунів Японії (Sashida et al., 2013) і Бразилії (Gonçalves et al., 2020).

Зоонозний потенціал збудників гризунів роду *Mycoplasma*, досі не встановлений. Однак, нещодавно виявлений у людини гемотропний вид *Candidatus Mycoplasma haemohominis* є найбільш генетично спорідненим саме з мікоплазмами гризунів (Steer et al., 2011).

У декількох видів лисиць і домашніх котів виявляли *Mycoplasma* sp. clone ZD019, що тісно споріднений з гемоплазмами, виявленими у гризунів (Sacristán et al., 2019; Di Cataldo et al., 2021). Цей, імовірно новий, вид є потенційним маркером екологічного ланцюга передачі (Millán et al., 2021).

Попри загальну видоспецифічність гемоплазм, у гризунів трапляються міжвидові інфекції (Obara et al., 2011) і деякі види потенційно можуть становити зоонозну загрозу (Barker et al., 2010; Steer et al., 2011), що свідчить про важливість вивчення гемоплазм у цих хазяях.

ДНК представників роду *Mycoplasma* виявляли і у ектопаразитів, зібраних з гризунів, таких як воші *Polyplax* spp. (Rikihisa et al., 1997; Gonçalves et al., 2020), блохи *Synosternus cleopatrae* Rothschild, 1903 (Cohen et al., 2018) і кліщі роду *Amblyomma* (Gonçalves et al., 2020). Це може свідчити про їхню участь у передачі збудника між гризунами. Однак, здатність передавати збудників експериментально поки що не доведена.

Основний шлях передачі гемоплазм у гризунів, ймовірно, полягає у передачі збудника напряду, через кров і слину після прямого контакту (Cohen et

al., 2018). Також, Cohen et al., 2018 доведено, що збудник персистує в організмі впродовж всього життя, що забезпечує стійкість інфікованих гризунів в популяції.

Біологічна характеристика бактерій роду *Bartonella*

Рід *Bartonella* (тип: Pseudomonadota: клас Alphaproteobacteria: родина *Bartonellaceae*) включає факультативних внутрішньоклітинних грамнегативних, плеоморфних (переважно у вигляді коротких паличок), аеробних альфапротеобактерій. Останні переважно інфікують ссавців, включаючи гризунів, і можуть спричиняти прояви хвороби у свійських тварин та людей (Breitschwerdt et al., 2010; Tahir et al., 2023).

Рід *Bartonella* представлений понад 80 видами і підвидами, 38 з яких були виявлені у гризунів, серед яких 5 мають зоонозний потенціал (*Bartonella elizabethae* Daly et al., 1993, *B. grahamii*, *Bartonella tamiae* Kosoy et al., 2008, *Bartonella vinsonii* subsp. *arupensis* Welch et al., 1999 та *Bartonella washoensis* Kosoy et al., 2003) (Mogollon-Pasapera et al., 2009, Gutiérrez et al., 2015; Krügel et al., 2022). Домашні тварини і люди піддаються ризику зараження через прямий або непрямий контакт із кров'ю диких гризунів (Silaghi et al., 2016).

Збудники *Bartonella* spp. паразитують в еритроцитах і ендотеліальних клітинах тварин (Breitschwerdt, 2014).

Наразі зростає кількість клінічних випадків ураження людей видами роду *Bartonella*, що паразитують у гризунів (*B. elizabethae*, *B. grahamii*) (Vaussier-Taussat et al., 2009).

У Європі серед мишоподібних гризунів родів *Apodemus*, *Myodes*, *Microtus*, *Micromys*, *Mus* можуть паразитувати наступні збудники – *Bartonella birtlesii* Bermond et al., 2000, *Bartonella coopersplainsensis* Gundi et al., 2009, *Bartonella doshiae* Birtles et al., 1995, *Bartonella doshiae*–подібні, *B. elizabethae*, *B. grahamii*,

Bartonella rochalimae Eremeeva et al., 2007, *B. rochalimae*–подібні, *B. taylorii*, *Bartonella tribocorum* Heller et al., 1998 (Mardosaitė-Busaitienė et al., 2019).

B. grahamii пов'язують із нейроретинітом і тромбозом артерії сітківки (Kerkhoff et al., 1999).

Цикл розвитку збудників роду *Bartonella*, що вражають мишоподібних гризунів і потенційно несуть загрозу людині, досі повністю не з'ясований. Невідомо чи шлях передачі збудника є прямим, як наслідок контакту з мишоподібними гризунами, чи опосередкованим, через укуси чи контакт з фекаліями членистоногих (ектопаразитів) (Krügel et al., 2022).

Дослідники виявили, що *B. grahamii* може переноситись на лапах котів, що попередньо вбили свою здобич, інфікованих цим збудником гризунів (Oksi et al., 2013). Таким чином, даний патоген може проникати через подряпини до організму тварин і людини (Oksi et al., 2013).

Хоч *Bartonella* spp. вражають різних видів тварин, диких хижаків, копитних, свійських тварин, найвищу поширеність і різноманіття видів роду *Bartonella* виявлено саме серед гризунів. Їх вважають основними резервуарними хазяями (Silaghi et al., 2016).

Передача збудника здійснюється переважно кровосисними членистоногими, такими як кліщі, блохи, москіти, воші, оленяча кровососка, овеча кровососка, кровосисні мухи (Schouls et al., 1999; Birtles et al., 2001; Bajer et al., 2001; Gutiérrez et al., 2015; Duan et al., 2017).

Серед ектопаразитів, які паразитують на гризунах, основним вектором передачі збудників роду *Bartonella* вважають бліх (Tsai et al., 2011). Відомо про передачу видів *B. grahamii* і *B. taylorii* мишоподібним гризунам виду *M. glareolus* завдяки найпоширенішому виду бліх *Ctenophthalmus nobilis* Rothschild, 1898 (син. *Ctenophthalmus agyrtes*), що паразитує на гризунах у центральній Європі (Bown, Bennet, & Begon, 2004).

У бліх присутня трансovarіальна передача збудників роду *Bartonella* (Brinkerhoff et al., 2010).

Блохи, що паразитують на гризунах, переважно мають високу специфічність до хазяїв. Це обмежує зоонозну передачу збудника людині (Krügel et al., 2022). Однак, повідомляється про наявність бліх з опортуністичною (приспосувальницькою) поведінкою щодо вибору хазяїна (Shenbrot et al., 2007).

Наразі участь кліщів у природному циклі *Bartonella* spp. залишається невідомою (Silaghi et al., 2016). Їхнє епідеміологічне значення вважається вторинним (Telford & Wormser, 2010; Matsumoto et al., 2010; Harrison et al., 2012).

У деяких видів мишоподібних гризунів (*Peromyscus leucopus* Rafinesque, 1818, *Microtus arvalis* Pallas, 1778, *Microtus oeconomus* Pallas, 1776, *Microtus agrestis* Linnaeus, 1761) збудник здатен долати трансплацентарний бар'єр, тобто вертикальна передача за *Bartonella* spp. може мати місце (Kosoy et al., 1998; Tołkacz et al., 2018).

В той час дослідникам Bown et al. (2004) не вдалось експериментально довести трансплацентарну передачу *B. taylorii* і *B. grahamii* у мишоподібного гризуна *M. glareolus*.

Біологічна характеристика бактерій роду *Rickettsia*

Рід *Rickettsia* (Тип: Proteobacteria: клас Alphaproteobacteria: родина *Rickettsiaceae*) включає в себе грамнегативних облігатних внутрішньоклітинних бактерій (Walker, 2007), які можуть перебувати в організмі членистоногих, хребетних тварин, найпростіших організмів, рослин і фотосинтезуючих водоростей (Parola et al., 2013; Weinert et al., 2009).

Наразі рід нараховує понад 30 видів (Chisu et al., 2017; Radzijevskaia et al., 2018).

Життєвий цикл і поширення, зв'язок *Rickettsia* spp. з різними членистоногими наразі не є повністю з'ясованим (Radzijevskaia et al., 2018).

Люди можуть заразитись через укуси членистоногих, що містять відповідний збудник або через їхні фекалії, які, потрапляючи на шкіру, слизову оболонку очей, чи в дихальні шляхи, слугують джерелом інфікування (Walker, 1996).

Зоонозну значущість мають наступні представники роду *Rickettsia*, що паразитують у гризунів – *Rickettsia helvetica* Beati et al., 1993, *Rickettsia felis* (Higgins et al., 1996) Bouyer et al., 2001, *Rickettsia monacensis* Simser et al., 2002, *Rickettsia slovaca* Sekeyova et al., 1998, *Rickettsia typhi* Wolbach & Todd, 1920, *Rickettsia raoultii* Hördt et al., 2020 (Radzijevskaia et al., 2018; Obiegala et al., 2016; Martello et al., 2013; Peniche-Lara et al., 2015).

Хребетним тваринам збудники роду *Rickettsia* передаються горизонтальним шляхом через різноманітних членистоногих переносників, які живляться кров'ю (Radzijevskaia et al., 2018). Наразі відомо, що компетентними векторами передачі *Rickettsia* spp. є членистоногі родів *Ixodidae* (паразитиформні кліщі), *Phthiraptera* (воші), *Siphonaptera* (блохи) (Radzijevskaia et al., 2018).

Більшість видів роду *Rickettsia* виявлені у некровосисних членистоногих, без відомих наступних хазяїв (Weinert et al., 2009).

Завдяки філогенетичним дослідженням рід *Rickettsia* поділили на 4 філогенетичні групи: 1) група плямистої гарячки – включає 23 підтверджених види і асоційована переважно з паразитиформними кліщами та блохами; 2) група висипного тифу – до якого належать збудники ендемічного (мишачого) тифу і асоційовані з блохами та вошами; 3) первинна група – включає *Rickettsia canadensis* McKeil, Bell & Lackman, 1967 та *Rickettsia bellii* Philip et al., 1983; 4) перехідна група – включає *R. felis* та *Rickettsia akari* Huebner, Stamps & Armstrong, 1946 (Murray et al., 2016).

В Європі група плямистої гарячки є переважаючою рикетсіозною групою, переважно завдяки участі паразитиформних кліщів (Parola et al., 2013).

Блохи гризунів є компетентними векторами рикетсій, окрім *R. helvetica* (Sprong et al., 2009).

Паразитиформні кліщі є переносниками збудників роду *Rickettsia*, а також іноді слугують резервуарами (Radzijevskaia et al., 2018).

Головним вектором передачі *R. helvetica* і *R. monacensis* є *I. ricinus*. Окрім того, в даному виді кліщів виявляли *Rickettsia massiliae* Beati & Raoult, 1993, *R. raoultii*, *Rickettsia vini* Novakova et al., 2016 (Parola et al., 2013; Palomar et al., 2012; Rizzoli et al., 2014).

Дослідники Radzijevskaia et al. (2018) і Hauck et al. (2020) виявили за допомогою методу ПЛР позитивних личинок *I. ricinus* на неінфікованих гризунах, що ймовірно, вказує на трансоваріальну передачу *Rickettsia* spp. Також збудники роду *Rickettsia* можуть передаватись кліщами *I. ricinus* трансфазно (Parola et al., 2013).

Трансоваріальна передача *Rickettsia* spp. була підтверджена у кліщів *D. reticulatus* (Kloc et al., 2024).

Акариформні кліщі родини Laelapidae (Acari: Mesostigmata) є найпоширенішими ектопаразитами дрібних гризунів і зустрічаються по всьому світу (Mit'ková et al., 2015). Згідно досліджень Merhej et al. (2014) і Mit'ková et al. (2015) акариформні кліщі (Laelapidae і Trombiculidae), зібрані з мишоподібних гризунів, є переносниками та резервуарами *Rickettsia* spp.

Представники ряду Siphonaptera (блохи) є ектопаразитами мишоподібних гризунів і можливими переносниками збудників роду *Rickettsia*. В понад 15 видах бліх були знайдені різні види *Rickettsia* spp. (Merhej et al., 2014). В Європі блохи, зібрані з мишоподібних гризунів, виявились хазяями *R. felis* і *R. helvetica* (Hornok et al., 2015; Špitalská et al., 2015).

Наразі у Європі бракує досліджень з вивчення патогенів роду *Rickettsia* у мишоподібних гризунів і їхніх ектопаразитів. Також, у циклі розвитку досі незрозумілою лишається роль диких гризунів як резервуарів (Mit'ková et al., 2015; Obiegala et al., 2016).

Мишоподібні гризуни можуть відігравати важливу роль як резервуарні хазяї патогенів *R. helvetica*, оскільки відмічається їхня значна поширеність (Obiegala et al., 2016; Mardosaitė-Busaitienė et al., 2018).

У мишоподібних гризунів в Європі зустрічались наступні види рикетсій – *R. helvetica*, *R. felis*, *R. monacensis*, *R. raoultii* (Sprong et al., 2009; Hornok et al., 2015; Galfsky et al., 2019).

Біологічна характеристика бактерій роду *Ehrlichia*

Рід *Ehrlichia* (тип: Proteobacteria: клас Alphaproteobacteria: родина *Anaplasmataceae*) включає в себе грамнегативних облігатних поліморфних внутрішньоклітинних бактерій (Lin et al., 2021), які перебувають у вакуолях цитоплазм імунних клітин чи гемопоетичних клітин хазяїна (Ismail & McBride, 2017). Збудники *Ehrlichia* spp. переважно уражають жуйних тварин, собак, гризунів, деякі види та підвиди можуть інфікувати людину (Pritt et al., 2011; Pritt et al., 2017).

Наразі рід *Ehrlichia* нараховує 6 таксономічно класифікованих видів: *Ehrlichia canis* Donatien & Lestoquard, 1935, *Ehrlichia chaffeensis* Anderson et al., 1992, *Ehrlichia ewingii* Anderson et al., 1992, *Ehrlichia muris* Wen et al., 1995, *Ehrlichia minasensis* Cabezas-Cruz et al., 2016, *Ehrlichia ruminantium* Cowdry, 1925 (Cabezas-Cruz et al., 2016; Pritt et al., 2017). Чотири види мають зоонозний потенціал (*E. canis*, *E. chaffeensis*, *E. ewingii*, *E. muris*) (Buller et al., 1999; Paddock & Childs, 2003; Perez et al., 2006; Pritt et al., 2017).

Збудники роду *Ehrlichia* можуть передаватись трансстадійно і переважно потребують резервуарного хазяїна для інфікування нових кліщів. Трансоваріальної передачі збудника наразі не спостерігали. Оскільки збудник зберігається в крові хазяїна відносно недовго, важливим шляхом передачі збудників серед кліщів може бути передача збудника від інфікованого вектора до

неінфікованого через слину без необхідності у наявності бактеріємії в організмі ссавця–хазяїна (Karpathy et al., 2016).

В Європі *E. muris* фіксували в мишоподібних гризунів роду *Apodemus*, *Myodes* та в кліщах роду *Ixodes*, *Haemaphysalis* (Liz et al., 2000; Smetanová et al., 2007; Špitalská et al., 2008). Збудник *E. muris* виділяли також у собаки (Hegarty et al., 2012). Нещодавно дослідники Croci et al. (2024) виявили *E. muris* в кліща, знятого з мігруючого виду птаха – дрозда червоноплідого (*Turdus iliacus* Linnaeus, 1766), а до цього Grassi et al. (2023) знайшли цього ж збудника в кліщі, знятого з чорного дрозда (*Turdus merula* Linnaeus, 1758). Ймовірно, що перенесення мігруючими птахами кліщів–векторів *E. muris* зі східної Європи в західну і південну відбувається частіше, ніж прийнято вважати (Croci et al., 2024).

Окрім типового збудника *E. muris*, у мишоподібних гризунів фіксували *E. chaffeensis* у *Rattus losea* (Weng et al., 2014) та *E. ruminantium* у *A. agrarius* (Kim et al., 2024a).

Candidatus *Neohrlichia mikurensis* Kawahara et al., 2004 (син. *Ehrlichia schotti*) реєстрували серед мишоподібних гризунів роду *Apodemus*, *Microtus*, *Myodes* і кліщів роду *Ixodes* (Jahfari et al., 2012). Даний штам все частіше виявляють у людей (González-Carmona et al., 2023; Gynthersen et al., 2023).

1.2 Поширення паразитів і бактерій мишоподібних гризунів у світі та Україні

Мишоподібні гризуни є важливими резервуарами чи хазяями різноманітних збудників через їхнє глобальне поширення і контакт з людиною. У підрозділі узагальнено дані щодо поширення паразитів і бактерій родів *Trypanosoma*, *Hepatozoon*, *Toxoplasma*, *Babesia*, *Mycoplasma*, *Bartonella*, *Rickettsia* та *Ehrlichia* у мишоподібних гризунів у світі та Україні.

Поширення збудників роду *Trypanosoma*

T. cruzi – Техас (Charles et al., 2013), штат Луїзіана, штат Каліфорнія, США (Pronovost et al., 2020)., Каліфорнія, Аризона, Нью-Мехіко, Луїзіана (Goodrich et al., 2020).

Trypanosoma evansi Steel, 1884 – Таїланд, Лаос (Pumhom et al., 2014).

T. evotomys – Угорщина (Šebek, 1978), Австрія (Šebek, 1980), Німеччина (Walter & Liebisch, 1980), Польща (Bajer et al., 2001; Bajer et al., 2014b), Сполучене Королівство Великої Британії та Північної Ірландії (Noyes et al., 2002), Республіка Болгарія (Mitkovska et al., 2014).

T. grosi – Французька Республіка (Laveran & Pettit, 1909), Німеччина (Krampitz, 1959), Угорщина (Šebek, 1978), Чехія (Karbowiak et al., 2009a), Республіка Ірландія (Alharbi, 2018), Сполучене Королівство (Велика Британія) (Alharbi, 2018). Республіка Корея (Kim et al., 2024b), підвид *T. grosi kosewiense* – Польща (Karbowiak & Wita, 2004).

Trypanosoma lainsoni Naiff & Barrett, 2013 – Федеративна Республіка Бразилія (Naiff & Barrett, 2013).

T. lewisi – Королівство Норвегія (Wiger, 1979), Польща (Karbowiak et al., 2009b), Іспанія (Rodríguez et al., 2010), Королівство Таїланд, Лаоська Народно-Демократична Республіка, Королівство Камбоджа (Pumhom et al., 2014), Співдружність Австралії (Thompson et al., 2015), Малі (Schwan et al., 2016), Бразилія (Ortiz et al., 2018), Республіка Мозамбік (Ortiz et al., 2018), Республіка Індонезія (Winterhoff et al., 2020).

T. lewisi-подібні трипаносоми, такі як *Trypanosoma neotomae* Wood, 1936 та *Trypanosoma kansasensis* Upton, Fridell, & Tilley, 1989, також були виявлені в крові пацюків (woodrats) у штаті Каліфорнія (Wood, 1936) та Канзас (Upton et al., 1989).

Trypanosoma microti Laveran & Pettit, 1909 – Україна (Karbowiak et al., 2004).

T. musculi – Велика Британія (Cox, 1987).

Trypanosoma theileri Bruce, 1902 – Індонезія (Winterhoff et al., 2020).

Trypanosoma sp. – Литовська Республіка (Baltrūnaitė et al., 2020), штат Нью-Мехіко, США (Goodrich et al., 2020). Об'єднана Республіка Танзанія (Materu, 2023).

Отже, за даними літературних джерел, у мишоподібних гризунів у світі зареєстровано щонайменше 11 видів трипаносом: *T. cruzi*, *T. evansi*, *T. evotomys*, *T. grosi*, *T. lainsoni*, *T. lewisi*, *T. neotomae*, *T. kansasensis*, *T. microti*, *T. musculi*, *T. theileri*. Крім того, описано підвид *T. grosi kosewiense*. Географічно ці знахідки охоплюють щонайменше 24 країни Європи, Азії, Північної та Південної Америки, Африки й Австралії. Найбільшу кількість повідомлень наведено для *T. lewisi*, *T. grosi* та *T. evotomys*, які були зареєстровані в різних видів гризунів у кількох країнах.

В Україні, за наявними літературними даними, у мишоподібних гризунів описано *T. microti*, виявлену у *Microtus socialis* (Pallas, 1773). Це свідчить про недостатню вивченість видового різноманіття трипаносом мишоподібних гризунів в Україні порівняно з іншими країнами Європи та світу.

Поширення збудників роду *Hepatozoon*

H. ayorgbor – Республіка Хорватія (Uiterwijk et al., 2023).

Hepatozoon erhardovae Krampitz, 1964 – Польща (Bajer et al., 2014b), Угорщина (Rigó et al., 2016).

Hepatozoon lavieri Tuzet & Grjebine, 1957 – Польща (Pawelczyk et al., 2004).

Hepatozoon milleri – Бразилія (Demoner et al., 2019).

Hepatozoon ophisauri Tartakovskii, 1913 – Малайзія (Perison et al., 2022).

Hepatozoon sylvatici Coles, 1914 – Угорщина (Šebek, 1978), Республіка Австрія (Šebek et al., 1980), Республіка Польща (Bajer et al., 2001), Естонська Республіка, Республіка Фінляндія (Laakkonen et al., 2001).

Hepatozoon spp. – Королівство Іспанія (Criado-Fornelio et al., 2006), штат Оклахома, США (Breshears et al., 2009, Allen, 2010), Ісламська Республіка Мавританія, Королівство Марокко, Туніська Республіка (Maia et al., 2014), Словацька Республіка (Hamšíková et al., 2016b), Республіка Південна Африка (Harris et al., 2017), Турецька Республіка (Usluca et al., 2019), Держава Японія (Moustafa et al., 2017), Федеративна Республіка Німеччина (Galfsky et al., 2019), Литовська Республіка (Baltrūnaitė et al., 2020), Італійська Республіка (Ferrari et al., 2022), Королівство Нідерланди, Королівство Бельгія, Республіка Хорватія (Uiterwijk et al., 2023), Угорщина (Ganzinelli et al., 2024), Республіка Чилі, Федеративна Республіка Бразилія (Thomas et al., 2024), Ісламська Республіка Пакистан (Ijaz et al., 2024a).

Також, автори Ganzinelli et al., 2024 припускають, що вид з окремої клади *Hepatozoon* sp. SK3 (Hamšíková et al., 2016b, Словацька Республіка) може бути ідентичним з видом *H. sylvatici*. Дане припущення потребує подальшого дослідження і порівняння послідовностей. (Criado-Fornelio et al., 2006; Bajer et al., 2014b; Rigó et al., 2016; Hamšíková et al., 2016b; Ganzinelli et al., 2024).

Отже, за даними літературних джерел, у мишоподібних гризунів у світі зареєстровано щонайменше 6 ідентифікованих видів роду *Hepatozoon*: *H. ayorgbor*, *H. erhardovae*, *H. lavieri*, *H. milleri*, *H. ophisauri* та *H. sylvatici*. Географічно ці знахідки охоплюють щонайменше 24 країни Європи, Азії, Африки, Північної та Південної Америки. Найбільша кількість повідомлень стосується *Hepatozoon* spp. та *H. sylvatici*. Для України у наведених джерелах відомості щодо виявлення *Hepatozoon* spp. у мишоподібних гризунів відсутні, що свідчить про недостатню вивченість цієї групи паразитів на території України.

Поширення збудників роду *Toxoplasma*

T. gondii – Філіппіни (Salibay & Claveria, 2005), Швейцарія (Reperant et al., 2009), Австрія (Fuehrer et al., 2010), Сербія (Vujić et al., 2011), Таїланд (Jittapalarnong et al., 2011), Франція (Gotteland et al., 2014), Саудівська Аравія (Elamin, 2014), Республіка Корея (Hong et al., 2014), Велика Британія (Bajnok et al., 2015), Чеська республіка (Machačová et al., 2016), Німеччина (Krücken et al., 2017), ПАР (Archer et al., 2017), США (Poulsen et al., 2017), Гренада (Murata et al., 2018), Аргентина (Dellarupe et al., 2019), Бангладеш (Krijger et al., 2019), Данія (Nielsen et al., 2019), Хорватія та Словенія (Ivović et al., 2019), Сенегал (Galal et al., 2019), Нідерланди (Krijger et al., 2020), Бенін (Etougbéché et al., 2022), Нігерія (Ode et al., 2022), Італія (Dini et al., 2024), Польща (Nowicka et al., 2024), Словачія (Antolová et al., 2023), Румунія (Kalmár et al., 2023), Швейцарія (Pardo Gil et al., 2023), Пакистан (Rizwan et al., 2023), Індія (Mishra et al., 2023), Індонезія (Puspitasari et al., 2024), Танзанія (Ntungwa et al., 2024), Литва (Šidlauskas et al., 2025), Бразилія (Bazan et al., 2025), Туніс (Bouaicha et al., 2025).

Отже, за даними літературних джерел, у мишоподібних гризунів збудник виявляли у щонайменше 34 країнах Європи, Азії, Африки, Північної та Південної Америки, а також на острівних територіях. Для України у наведених літературних джерелах відомості щодо виявлення *T. gondii* у мишоподібних гризунів надродинами *Muroidea* відсутні.

Поширення збудників роду *Babesia*

B. microti (Franca, 1912) – Польща (Bajer et al., 2001; Pawelczyk et al., 2004, Welc-Falęciak et al., 2012), Республіка Словенія (Duh et al., 2003), Хорватія (Beck et al., 2011), штат Техас, США (Charles et al., 2012), штат Флорида, США (Clark et al., 2012), Фінляндія (Kallio et al., 2014), Німеччина (Obiegala et al., 2015),

Словачія (Hamšíková et al., 2016a), Франція (Jouglin et al., 2017), Туреччина (Usluca et al., 2019), Литва (Mardosaitė-Busaitienė et al., 2021), Італія (Ferrari et al., 2022), Народна Республіка Бангладеш (Das, 2022).

B. microti Hobetsu type – Японія (Tabara et al., 2007).

B. microti Kobe type – Лаос, Камбоджа, Японія (Tabara et al., 2007, Karnchanabanthoeng et al., 2018).

B. microti U.S. type – Лаос, Камбоджа, Таїланд (Karnchanabanthoeng et al., 2018).

Babesia spp. – Литовська Республіка (Baltrūnaitė et al., 2020), Україна (Torianuk, 2021), Таїланд (Karnchanabanthoeng et al., 2018).

Отже, за даними літературних джерел, у мишоподібних гризунів у світі найчастіше реєструють *B. microti*, а також окремі генотипи цього виду. Географічно представників роду *Babesia* у мишоподібних гризунів виявляли у щонайменше 17 країнах Європи, Азії та Північної Америки. В Україні серед наявних літературних джерел зазначено виявлення *Babesia* spp. у мишоподібних гризунів, однак без видової ідентифікації, що свідчить про потребу подальших молекулярно-генетичних досліджень цієї групи збудників на території України.

Поширення збудників роду *Mycoplasma*

M. arthritidis, *M. neurolyticum*, *M. collis*, *M. muris*, Candidatus *M. haemomuris* subsp. *musculi*, Candidatus *M. haemomuris* subsp. *ratti* – Німеччина (Klas, 2024).

M. haemomuris-подібні – Ізраїль (Cohen et al., 2018).

M. coccoides Neimark et al. 2005 – Сполучене Королівство (Велика Британія) (Neimark et al., 2005), Німеччина (Klas, 2024).

M. pulmonis – штат Алабама, США (Cassell, 1982), Співдружність Австралії (Smith et al., 1993), Нідерланди, Франція, Бельгія, Німеччина, Швейцарія

(Schoondermark-van de Ven et al., 2006), Польща (Piasecki et al., 2017), Індія (Chawla et al., 2017), Німеччина (Klas, 2024)

Mycoplasma spp. – Угорщина (Hornok et al., 2015), група *M. haemofelis* (нові види *Mycoplasma* sp., Candidatus *M. haemomuris* subsp. *ratti*, Candidatus *M. haemomuris* subsp. *musculi*) – Бразилія (Gonçalves et al., 2015).

Candidatus *M. haemomuris* subsp. *musculi*, Candidatus *M. haemomuris* subsp. *ratti* – Японія (Harasawa et al., 2015).

Отже, за даними літературних джерел, у мишоподібних гризунів у світі зареєстровано щонайменше 6 ідентифікованих видів роду *Mycoplasma*: *M. arthritidis*, *M. neurolyticum*, *M. collis*, *M. muris*, *M. coccoides* та *M. pulmonis*. Географічно ці види охоплюють щонайменше 14 країн Європи, Азії, Північної та Південної Америки, а також Австралію. В умовах України у доступних джерелах відомості щодо виявлення представників роду *Mycoplasma* або гемотропних мікоплазм у мишоподібних гризунів відсутні.

Поширення збудників роду *Bartonella*

B. birtlesii – Грецька Республіка (Tea et al., 2004), Словенія (Кнар et al., 2007), Велика Британія (Withenshaw et al., 2016), Словаччина (Kraljik et al., 2016).

B. birtlesii-подібні штами – Кенія (Halliday et al., 2015).

B. coopersplainsensis – Австралія (Gundi et al., 2012), Камбоджа, Лаос, Таїланд. (Jiyirong et al., 2015), Тайвань; (Kim et al., 2016), Литва (Mardosaitė-Busaitienė et al., 2019).

B. doshiae – Словенія (Кнар et al., 2007), Франція (Buffet et al., 2013), Велика Британія (Withenshaw et al., 2016), Німеччина, Чехія (Obiegala et al., 2019; Obiegala et al., 2021), Бельгія (Krügel et al., 2020).

B. doshiae-подібні – Велика Британія (Withenshaw et al., 2016).

B. elizabethae – Нігерія (Kamani et al., 2013), Ефіопія (Meheretu et al., 2013), Конго (Laudisoit et al., 2014), Камбоджа, Таїланд (Jiuyirong et al., 2015), Кенія (Halliday et al., 2015), Таїланд (Kim et al., 2016), Словаччина (Špitalská et al., 2017), ПАР (Natyoka et al., 2019), Мексика (Sánchez-Montes et al., 2019).

B. grahamii – Польща (Bajer et al., 2001, Welc-Fałęciak et al., 2010), Грецька Республіка (Tea et al., 2004), Словенія (Кнар et al., 2007), Франція (Buffet et al., 2013), Нігерія (Kamani et al., 2013), Велика Британія (Withenshaw et al., 2016), Словаччина (Kraljik et al., 2016; Špitalská et al., 2017), Японія, Корея; (Kim et al., 2016), Литва (Mardosaitė-Busaitienė et al., 2019), Туреччина (Polat et al., 2020), Бельгія (Krügel et al., 2020), Німеччина, Чехія (Obiegala et al., 2019; Obiegala et al., 2021), Україна (Szewczyk, et al., 2021).

Bartonella japonica Inoue et al., 2010 – Японія, Корея; (Kim et al., 2016).

Bartonella massiliensis Mediannikov et al., 2014 – Сенегал (Demoncheaux et al., 2022).

Bartonella phoceensis Gundi et al., 2004 – Таїланд (Jiuyirong et al., 2015), Тайвань (Kim et al., 2016).

Bartonella queenslandensis Gundi et al., 2009 – Австралія, штат Каліфорнія, США (Gundi et al., 2012), Кенія (Halliday et al., 2015), Камбоджа, Лаос, Таїланд. (Jiuyirong et al., 2015), Японія, Таїланд (Kim et al., 2016).

Bartonella rattaaustraliani Gundi et al., 2009 – Австралія.

Bartonella rattimassiliensis Gundi et al., 2004, – Камбоджа, Лаос, Таїланд (Jiuyirong et al., 2015), Тайвань (Kim et al., 2016).

B. rochalimae – штат Каліфорнія, США (Gundi et al., 2012), Словаччина (Špitalská et al., 2017).

B. rochalimae–подібні – Франція (Buffet et al., 2013), Велика Британія (Withenshaw et al., 2016), Литва (Mardosaitė-Busaitienė et al., 2019).

Bartonella silvatica Inoue et al., 2010 – Японія (Kim et al., 2016).

B. taylorii – Грецька Республіка (Tea et al., 2004), Словенія (Кнар et al., 2007), Польща (Welc-Fałęciak et al., 2010), Франція (Buffet et al., 2013), Велика

Британія (Withenshaw et al., 2016), Словаччина (Kraljik et al., 2016), Японія (Kim et al., 2016), Словаччина (Špitalská et al., 2017), Литва (Mardosaitė-Busaitienė et al., 2019), Туреччина (Polat et al., 2020), Німеччина, Чехія (Obiegala et al., 2019; Obiegala et al., 2021), Україна (Szewczyk, et al., 2021).

B. tribocorum – штат Каліфорнія, США (Gundi et al., 2012), Нігерія (Kamani et al., 2013), Камбоджа, Лаос, Таїланд (Jiyirong et al., 2015), Кенія (Halliday et al., 2015), Японія, Тайвань, Таїланд (Kim et al., 2016), Литва (Mardosaitė-Busaitienė et al., 2019), Бельгія (Krügel et al., 2020).

Bartonella vinsonii (Weiss and Dasch 1982) Brenner et al. 1993 – Мексика (Sánchez-Montes et al., 2019).

Bartonella spp. – Велика Британія (Birtles et al., 2001), Словенія (Кнар et al., 2007), Нігерія (Kamani et al., 2013), Бразилія (Gonçalves et al., 2016), Велика Британія (Withenshaw et al., 2016), Словаччина (Kraljik et al., 2016), Словаччина (Špitalská et al., 2017), Німеччина (Galfsky et al., 2019), Німеччина, Чехія (Obiegala et al., 2019; Obiegala et al., 2021), Бельгія (Krügel et al., 2020), *B. sp. N40* – Сполучене Королівство (Велика Британія) (Birtles et al., 2001), Німеччина, Чехія (Obiegala et al., 2019; Obiegala et al., 2021), Сенегал (Demoncheaux et al., 2022).

Отже, за даними літературних джерел, у мишоподібних гризунів у світі зареєстровано щонайменше 16 ідентифікованих видів роду *Bartonella*: *B. birtlesii*, *B. coopersplainsensis*, *B. doshiae*, *B. elizabethae*, *B. grahamii*, *B. japonica*, *B. massiliensis*, *B. phoceensis*, *B. queenslandensis*, *B. rattaaustraliani*, *B. rattimassiliensis*, *B. rochalimae*, *B. silvatica*, *B. taylorii*, *B. tribocorum* та *B. vinsonii*. Географічно представників роду *Bartonella* у мишоподібних гризунів виявляли щонайменше у 28 країнах Європи, Азії, Африки, Північної та Південної Америки, а також Австралії. В умовах України у наявних джерелах описано виявлення *B. grahamii* та *B. taylorii* у мишоподібних гризунів, що підтверджує циркуляцію представників роду *Bartonella* на території України.

Поширення збудників роду *Rickettsia*

Rickettsia aeschlimannii Beati et al., 1997 – Словаччина (Špitalská et al., 2020).

Rickettsia amblyommatis Karpathy et al., 2016 – Бразилія (Lopes et al., 2018).

Rickettsia conorii Brumpt, 1932 – Нідерланди (Sprong et al., 2009), Малайзія (Tay et al., 2014), Казахстан (Wagner et al., 2022).

R. felis – Польща (Gajda et al., 2017).

R. helvetica – Нідерланди (Sprong et al., 2009), Угорщина (Hornok et al., 2015), Польща (Gajda et al., 2017), Словаччина (Minichová et al., 2017), Литва (Radzijevskaia et al., 2018), Німеччина (Galfsky et al., 2019), Словаччина (Špitalská et al., 2020).

Rickettsia honei Stenos et al., 1998 – Малайзія (Tay et al., 2014).

R. monacensis – Словаччина (Minichová et al., 2017).

R. raoultii – Малайзія (Tay et al., 2014), Німеччина (Galfsky et al., 2019), Казахстан (Wagner et al., 2022), Корея (Kim et al., 2024a).

R. slovaca – Казахстан (Wagner et al., 2022).

R. typhi – Конго (Laudisoit et al., 2014), Мексика (Sánchez-Montes et al., 2019), Сінгапур (Griffiths et al., 2022).

Rickettsia spp. – Нідерланди (Sprong et al., 2009), Хорватія (Svoboda et al., 2014), Австрія (Schmidt et al., 2014).

В Україні збудники *R. helvetica*, *R. monacensis* виділені у кліщів *I. ricinus*. (Movila et al., 2009).

Отже, за даними літературних джерел, у мишоподібних гризунів, їхніх ектопаразитів або асоційованих із ними членистоногих у світі зареєстровано щонайменше 10 ідентифікованих видів роду *Rickettsia*: *R. aeschlimannii*, *R. amblyommatis*, *R. conorii*, *R. felis*, *R. helvetica*, *R. honei*, *R. monacensis*, *R. raoultii*, *R. slovaca* та *R. typhi*. Географічно ці види виявлені на території щонайменше 16 країн Європи, Азії, Африки, Північної та Південної Америки. В Україні відомості щодо їх виявлення саме у мишоподібних гризунів відсутні.

Поширення збудників роду *Ehrlichia*

E. chaffeensis – о. Кінмень, Тайвань (Weng et al., 2014).

E. muris – Японія (Kawahara et al., 1999), Словаччина (Špitalská et al., 2008), Корея (Kim et al., 2024).

E. muris subsp. *eaucloirensis* Pritt et al., 2017 – штат Массачусетс, США (Xu et al., 2023).

E. ruminantium – Корея (Kim et al., 2024).

Ehrlichia spp. – Польща (Bajer et al., 1999), Швейцарія (Liz et al., 2000).

Candidatus *N. mikurensis* – Нідерланди (Jahfari et al., 2012), Франція (Vaussier-Taussat et al., 2012), Німеччина (Obiegala et al., 2014), Швеція (Andersson et al., 2014), Швейцарія (Burri et al., 2014), Угорщина (Szekeres et al., 2015), Словаччина (Svitáľková et al., 2016).

Отже, у мишоподібних гризунів у світі зареєстровано щонайменше 3 ідентифіковані види роду *Ehrlichia*: *E. chaffeensis*, *E. muris* та *E. ruminantium*. Географічно *Ehrlichia* spp. виявляли на території щонайменше 12 країн Європи, Азії та Північної Америки. В умовах України у наявних літературних джерелах відомості щодо виявлення *Ehrlichia* spp. відсутні, що свідчить про недостатню вивченість цієї групи бактерій на території України.

1.3 Радіоактивне забруднення території та його вплив на організм тварин і паразитів

Дослідження у сфері екологічного радіаційного моніторингу та захисту дикої природи, що спрямовані на оцінку фактичних наслідків впливу радіоактивного забруднення на популяцію та розробку методів його оцінки, наразі становлять один із пріоритетних наукових напрямів. Біота Чорнобильської зони відчуження слугує унікальною моделлю для вивчення біологічних наслідків

впливу радіонуклідів на довкілля, серед яких – збільшення частоти мутацій, порушення в розвитку та генетичні пошкодження.

Рівень радіаційного забруднення території і її вплив на організм тварин

Внаслідок техногенної аварії, що відбулась 26 квітня 1986 року на четвертому енергоблоці Чорнобильської атомної електростанції, в довкілля було вивільнено величезні обсяги радіонуклідів – понад 9 млн терабеккерелів (ТБк), що поширилися площею понад 200 тис. км², уразивши територію сучасної України, Білорусі, Росії, та частини Європи (Kesäniemi et al., 2018).

Вибух та наступні пожежі призвели до гетерогенного розповсюдження радіонуклідів (⁹⁰Sr, ¹³⁷Cs, ²⁴¹Am, Pu–ізотопи) на території близько 4760 км² (наразі відповідає Чорнобильському радіаційно-екологічному біосферному заповіднику (Україна), Поліському державному радіаційно-екологічному заповіднику (Білорусь) та іншим прилеглим територіям) (Kashparov et al., 2018). Згідно з даними United Nations Scientific Committee on the Effects of Atomic Radiation (2000), тривалість негативного впливу на екологію радіоактивних речовин триватиме близько 240 років (Dillon et al., 2024).

Чорнобильська зона відчуження (ЧЗВ) – територія навколо місця аварії радіусом близько 30 км і площею приблизно 2598 км², створена для обмеження впливу на населення стійких радіонуклідів (⁹⁰Sr, ¹³⁷Cs, ²³⁹Pu) із періодом напіврозпаду приблизно 30, 29 та 24100 років відповідно (Jernfors et al., 2021).

Дикі тварини, що мешкають в даній зоні продовжують зазнавати впливу радіонуклідів з тривалим періодом напіврозпаду (Møller & Mousseau, 2006). Наприклад, згідно з дослідженнями Chesser et al. (2001) як ⁹⁰Sr, так і ¹³⁷Cs, можуть інкорпоруватись в організмі тварин внаслідок потрапляння їх частинок з повітря

та ґрунту. Також, завдяки своїй водорозчинності, ^{137}Cs може потрапляти в організм разом із питною водою та їжею (Murakami et al., 2014).

Попри широкий спектр вивільнених радіонуклідів, головними маркерами впливу на тваринний організм вважають ^{90}Sr та ^{137}Cs , оскільки вони мають тривалий період напіврозпаду і були викинуті в середовище у великій кількості (Beaugelin-Seiller et al., 2020).

У дикій природі шкідливі наслідки від хронічного впливу радіонуклідів були задокументовані на багатьох рівнях організації живої матерії (Lourenço et al., 2016). Наприклад, дані попередніх досліджень свідчать, що існує негативна кореляція із рівнями радіації у межах і поблизу ЧЗВ та різними біотичними показниками, як от різноманіття ґрунтових бактерій (Gudkov et al., 2023), чисельність безхребетних тварин у ґрунті (Møller & Mousseau, 2018), щільність популяцій ссавців (Møller & Mousseau, 2013).

На рівні організму у представників дикої фауни, що піддавались впливу радіоактивного забруднення, вчені спостерігали такі зміни як зменшення мозку (Møller et al., 2011), зниження рухливості сперматозоїдів і аспермію (Møller et al., 2014).

На молекулярному рівні вплив радіонуклідів з навколишнього середовища може асоціюватись із підвищеною частотою мутацій (Møller & Mousseau, 2015), оксидативним стресом (Einor et al., 2016), зростанням рівня пошкоджень ДНК та збільшенням частоти хромосомних аберацій (Lourenço et al., 2016).

Верхні шари ґрунту, забруднені радіонуклідами, слугують постійним джерелом зовнішнього і внутрішнього опромінення мишоподібних гризунів (Burdo et al., 2020). Причиною занепокоєння щодо забруднення середовища радіонуклідами є їхній потенційно шкідливий вплив, зумовлений іонізуючим випромінюванням (ІВ). Пошкодження ДНК під дією ІВ може відбуватись як безпосередньо внаслідок структурних змін в молекулі, так і опосередковано – через радіоліз клітинної води, з наступним вивільненням вільних радикалів і посиленням оксидативного стресу (Desouky et al., 2015; Einor et al., 2016). В свою

чергу структурні пошкодження ДНК можуть призводити до генетичної нестабільності і аномалій (напр., рак) чи до смерті клітини (Jernfors et al., 2021).

Однак є дослідження які на протигагу ознак перерахованих вище виявили збільшення тривалості життя (Ina & Sakai, 2005b), не реєстрували ознак зростання пошкодження ДНК (Rodgers & Baker, 2000), підвищення частоти мутацій за рівнем гетероплазмії (Kesäniemi, et al., 2018).

Ймовірними причинами таких суперечливих результатів вважають відмінності у радіочутливості між різними групами організмів (Beresford & Coplestone, 2011; Mousseau & Møller, 2014) і варіаціями у фактичних дозах опромінення.

Серед мишоподібних гризунів найбільш дослідженою на території ЧЗВ безперечно є нориця руда – *M. glareolus*. Вона має низку переваг для вивчення впливу радіонуклідів у дикому середовищі:

- 1) має відносно невелику територію активності (у самок – 500–1000 м², у самців – 5000–8000 м²) і коротку міграційну дистанцію (до 1 км) у період сезону розмноження (Kozakiewicz et al., 2007). Отже, зовнішнє опромінення цих гризунів корелює з рівнями амбієнтного радіаційного фону у місцях їх вилову. Дане спостереження є суттєвим з огляду на мозаїчний характер поширення радіонуклідів в межах ЧЗВ, де зони з низьким і високим рівнем забруднення території можуть бути розташовані на відстані ~1,5 км один від одного (Chesser et al., 2004);
- 2) широко поширена в межах ЧЗВ і поза нею та має високу повторну відловлюваність (Lavrinienko et al., 2018);
- 3) внаслідок споживання радіоактивно забруднених харчових ресурсів і перебування у поверхневих шарах ґрунту нориці руді можуть отримувати істотні поглинуті дози радіації (> 10 мГр/добу) (Chesser et al., 2000).
- 4) має короткий життєвий цикл і високу плодючість (Burdo et al., 2020).

Серед наслідків впливу радіонуклідів у мишоподібних гризунів виду *M. glareolus* спостерігали катаракти у самок (Lehmann et al., 2016), знижений репродуктивний успіх (Mappes et al., 2019), зростання кількості хромосомних аберацій та мутацій у мітохондріальній ДНК (Baker et al., 2017), зміну в масі органів таких як мозок, нирки, селезінка, серце (Kivisaari et al., 2020).

Kesäniemi et al., 2019 виявили у *M. glareolus* з ЧЗВ гени зі зниженою експресією в печінці, що негативно впливають на диференціацію жирових клітин та захисні реакції проти бактерій, найпростіших організмів. В селезінці відмічено підвищену експресію генів, що відповідають за гостру запальну відповідь і залучені до активації тучних клітин, які в свою чергу відповідають за захист організму від паразитів (Caughey, 2007).

Також, існують підстави вважати, що нориці руді із ЧЗВ виробили певну адаптивну відповідь на радіонуклідне забруднення (Chesser et al., 2000, Kesäniemi et al., 2018). Автори Mustonen et al. (2018) дослідили, що фібробласти нориць відібраних із ЧЗВ мали підвищену антиоксидантну активність, стійкість до апоптозу, оксидативного стресу, ДНК-стресу (або генотоксинів) в порівнянні з результатами з контрольних ділянок біля м. Київ.

Водночас існують суперечливі дані щодо пошкодження геномної ДНК (Rodgers & Baker, 2000), відсутність підвищеного рівня мутацій у мітохондріальних геномах (Kesäniemi et al., 2018), незначну індукцію процесів репарації ДНК (Jernfors et al., 2018).

Нині патерн генетичної різноманітності нориці рудої може бути обґрунтований не лиш мутацією, а і постійною дисперсією нориць між забрудненими та незабрудненими територіями, нестачею знань про динаміку популяцій. Окрім цього потрібно враховувати, що мутація може бути інтегрованою в популяції на нечутливій до визначення частоти (Kesäniemi et al., 2018). Також, варіації рівнів радіоактивного забруднення дрібних ссавців можна пояснити впливом кількох чинників – змінні екологічні фактори можуть впливати на біодоступність радіонуклідів та їх міграцію, перерозподіл (Ivanov &

Kashparov, 2003), окрім того можуть впливати сезонні і просторові зміни в кормовій базі, фізіологічні відмінності особин (Gaschak et al., 2011).

Отже, попри багаторічні радіоекологічні дослідження у межах ЧЗВ, вплив хронічного іонізуючого випромінювання на природні популяції, залишається предметом численних і суперечливих наукових дискусій.

Вплив радіоактивного забруднення на паразитичні організми

Наразі паразитофауна диких тварин, зокрема дрібних тварин і їх членистоногих ектопаразитів, у зоні відчуження ЧАЕС залишається малодослідженою (Karbowiak et al., 2014).

В умовах екологічного забруднення система «патоген–хазяїн» демонструє динамічний характер, який відображає фізіологічний стан обох її компонентів (Morley, 2012). ІВ може по-різному впливати на організм патогена і хазяїна: рівні опромінення, що не викликають змін в одного організму, можуть викликати ефект в іншого, що в свою чергу змінює характер взаємодії даних організмів (посилення чи послаблення інфекційного процесу) (Morley, 2012). Також, вплив екологічного забруднення на патоген може здійснюватись прямо – в забрудненому середовищі (вільноживуча форма збудника чи ектопаразитизм) чи опосередковано – через тканини хазяїна (Morley, 2009).

Наразі в ЧЗВ було здійснено нечисельну кількість досліджень, пов'язану із виявленням збудників паразитарного походження у тварин (Storozhuk et al., 2021) і аналізом впливу радіоактивного забруднення як на макроорганізм так і на мікроорганізми, що його населяють.

Сприйнятливість організму хазяїна до збудників різного походження може змінюватись залежно від періоду патогенного впливу, дози опромінення, індивідуальної чутливості хазяїна до збудника (Fajardo et al., 2001).

Хронічними низькими дозами опромінення (до 100 мГр) у мишей індуковані наступні зміни – активація вродженого імунітету (завдяки посиленню цитотоксичності попередньо стимульованих НК–клітин) (Yang et al., 2014), пригнічення протизапальної відповіді (Shin et al., 2010), активація і диференціювання мієлоїдних клітин (Lumniczky et al., 2021). За дії низьких доз радіації відзначено активізацію захоплення антигену та зменшення його присутності (Persa et al., 2018). Також, після стимуляції антигеном, у мишей спостерігали – стійке збільшення кількості Т– і В–лімфоцитів (Ina and Sakai, 2005a).

Натомість гостра експозиція низькою чи середньою дозами асоціюється із передчасним імунним старінням (імуносенесценція) (Lumniczky et al., 2021).

Внаслідок одноразового сублетального опромінення ІВ (2–5 Гр) дрібних ссавців з'являються імунні дисфункції, руйнується сформована патоген-специфічна імунна пам'ять (зменшується кількість CD8 Т–клітин), зростає сприйнятливість до інфекційних захворювань, може бути реактивація латентних персистуючих збудників (Hollingsworth et al., 2023).

Відомо, що за умов одноразового сублетального опромінення, географічно відмінні штами того самого виду патогена можуть демонструвати різний рівень вірулентності (Brenden & Huizinga, 1986).

Встановлено, що одноразове рентгенівське опромінення в дозах 50, 80, 100, 120, 150, 180 Гр спричиняє пригнічення певних збудників, напр., найпростіших паразитів *Plasmodium* spp. (Morley, 2012). Рентгенівське опромінення пригнічує здатність мерозоїтів *Plasmodium* sp. проникати в еритроцити хазяїна, внаслідок чого виявлено зниження рівня паразитемії чи затримку розвитку самого збудника (Morley, 2012; Nava-Lausón et al., 2022).

Дослідники Nava-Lausón et al. (2022) припускають, що високі дози рентгенівського випромінювання впливають на пошкодження клітинних мембран паразитичного організму і еритроцитів хазяїна, що призводить до зменшення цитоадгезії.

Опромінені тварини з наявністю патогенів інфекційного походження характеризуються підвищеною смертністю, що може бути обумовлено важчим перебігом інфекції чи тим, що патоген ускладнює перебіг радіаційного ураження (Morley, 2012).

За даними, наведеними Morley (2012), дрібні ссавці, у місцях із підвищеним радіонуклідним навантаженням, мають більшу кількість ектопаразитів, гельмінтів та більшу частку особин інвазованих збудниками протозоозів. Однак, за умов надмірно високих рівнів радіонуклідного забруднення, можна спостерігати зниження життєздатності гельмінтних інвазій у місцевих популяціях.

Дослідження мікробних спільнот наразі дають суперечливі результати щодо реакції мікробіоти на радіаційний вплив: на забруднених територіях ЧЗВ різноманіття може зменшуватися, залишатися стабільним чи зростати порівняно з незабрудненими ділянками (Lavrinienko et al., 2018).

Авторами Lavrinienko et al. (2018) було відмічено, що у нориць рудих, які зазнавали впливу радіонуклідів, реєстрували зміни у складі мікробіому кишечника без впливу на загальне різноманіття мікробних спільнот.

Отже, питання взаємозв'язку між радіонуклідним забрудненням і його впливом на ланку «патоген–хазяїн» залишається мало дослідженим. Збір інформації про поширеність інвазій, паразитарне навантаження, цитологічні показники крові, необхідні для кращої інтерпретації сукупних наслідків впливу забрудненого радіонуклідами середовища.

1.4 Методи діагностики паразитів і бактерій мишоподібних гризунів

Для діагностики збудників паразитарного і бактеріального походження гризунів використовують мікроскопічні, серологічні, молекулярні методи та культуральні методи діагностики, а також аналіз послідовностей ДНК. Також,

допоміжну опосередковану роль в індикації збудників мають гематологічні показники крові, оскільки можуть відображати імунну відповідь на антигени, ступінь анемії, системне ушкодження організму хазяїна.

До початку 2010–х головним підходом у дослідженні кровопаразитів становила мікроскопія (Criado-Fornelio et al., 2006). Світлова мікроскопія є чутливим методом за високої паразитемії. Однак, через морфологічну подібність збудників диференціація до виду є ускладненою або неможливою.

Наразі існує дуже мала кількість досліджень пов'язаних із впливом різноманітних збудників на гематологічні показники мишоподібних гризунів.

Після ураження гризунів збудником *T. lewisi* спостерігається різке зниження загальної кількості еритроцитів (RBC), гематокриту (HCT), та збільшення кількості лейкоцитів (WBC). Також, кількість тромбоцитів (PLT) та об'єм тромбоцитів (PCT) впродовж перших восьми днів після інвазування були значимо нижчими, в порівнянні з неінфікованими тваринами, а потім повернулися до нормального рівня. Диференціальний підрахунок лейкоцитів показав зменшення лімфоцитів (Lymph %) та базофілів (Bas%), однак кількість нейтрофілів (Neu%) різко зростає (Li et al., 2025).

У крові гризунів–носіїв *T. gondii* аналіз демонструє збільшену кількість лімфоцитів (Lymph), збільшений середній об'єм тромбоцитів (MPV) та знижений середній корпускулярний об'єм (MCV), знижену середню концентрацію гемоглобіну в еритроциті (MCHC) (Ijaz et al., 2024b). Також, після дванадцяти годин з початку інвазування можливе стійке зниження загальної кількості лейкоцитів (WBC), тромбоцитів (PLT), ретикулоцитів (Retic%) та лімфоцитів (Lymph%) у периферичній крові. Натомість відбувається значне збільшення частки гранулоцитів (Gran%) (Petakov et al., 2002).

Під час інтенсивної інвазії *B. microti* у цільній крові мишоподібних гризунів знижується кількість еритроцитів (RBC), тромбоцитів (PLT), знижується гематокрит (HCT) та концентрація гемоглобіну (HGB), а кількість лімфоцитів (Lymph), лейкоцитів (WBC) та еозинофілів (Eos) перебувають в

межах референтних значень (Cai et al., 2018; за матеріалами анотації). Згідно дослідженню Li et al., 2025 протягом перших восьми днів після інфікування кількість тромбоцитів (PLT) та об'єм тромбоцитів (PCT) були значно нижчими, ніж у контрольній групі, але пізніше повернулися до нормального рівня.

Наявність в організмі тварин *E. muris* може спричинити лімфопенію, тромбоцитопенію, збільшення кількості певних мієлоїдних клітин (нейтрофіли, базофіли, різке збільшення кількості моноцитів) та анемію. Водночас, кількість червоних кров'яних клітин (RBC) та гемоглобіну (HGB) може лишатись в межах норми (Bonin et al., 2024).

Гризуни *Rattus norvegicus* (Berkenhout, 1769) (Muridae) інфіковані *M. haemoturis* у порівнянні із неінфікованими не демонструють істотних змін гематологічного профілю. Інфекція може супроводжуватись гемолізом еритроцитів, що потенційно може призвести до гострої анемії (Conrado et al., 2015).

У гризунів вражених *M. pulmonis* спостерігали зниження кількості тромбоцитів, еритроцитів, гемоглобіну та гематокриту. Також, у порівнянні з контрольною групою, у інфікованих самців були різко зниженні показники середнього об'єму еритроцита (MCV) і середній вміст гемоглобіну в одному еритроциті (MCH), а в самок MCH був навпаки підвищений (Deák et al., 2025).

Імунологічні дослідження у мишоподібних гризунів мають свої переваги та недоліки. Вони є важливим методом в епізоотичних дослідженнях, оскільки підходять для оцінки поширеності на основі даних виявлених специфічних антитіл. З обмежень імунологічних методів можливі наступні: перехресна реактивність антитіл, конверсія може займати тривалий час (Klas, 2024), відсутність комерційних реагентів (антигенних наборів), специфіка імунної відповіді хазяїв на збудник та ін.

Найбільш вживаними методами у роботі з мишоподібними гризунами на практиці є використання ELISA (Mähler & Köhl, 2009; Asano et al., 2014; Rodríguez-Pastor, et al., 2023) та IFA/IFAT (Pritt et al., 2011; Schmidt et al., 2014;

Tsai et al., 2016; Jansen et al., 2018). Рідше застосовують й інші серологічні методи такі як імуноблотинг (Western blot) (Tsuji et al., 2001; Cai et al., 2018), імунохроматографічний аналіз (Rosypal von Dohlen et al., 2018) та ін.

Серологічні дослідження в цілому не є специфічними для диференціації багатьох видів збудників, що відкриває перспективи для подальших досліджень іншими методами.

Протягом останнього десятиліття дослідники почали надавати перевагу молекулярним методам дослідження і подальшому секвенуванню вибраних фрагментів гену (de Waal, 2012), що значно покращило точність і надійність ідентифікації збудників до виду та підвиду.

Молекулярні методи діагностики включають три основні етапи: 1. екстракція з тканин мишоподібних гризунів нуклеїнових кислот (ДНК, РНК). 2. ампліфікація цільових фрагментів ДНК чи РНК (які є специфічними для збудника) за допомогою полімеразної ланцюгової реакції. 3. секвенування ампліфікованих фрагментів.

Більшість ПЛР-досліджень збудників бактеріального походження (*Bartonella*, *Mycoplasma*, *Rickettsia*, *Ehrlichia*) ґрунтуються на виявленні та секвенуванні гена 16S рибосомальної РНК, меншою мірою – гена 23S рРНК (Volokhov et al., 2011) та інших специфічних ПЛР-мішенях: для *Bartonella* – *gltA*, *groβ*, *ITS*, *ftsZ* та ін. (Kosoy et al., 2018); для *Mycoplasma* – *ITS*, *groβ* (Sashida et al., 2013); для *Rickettsia* – *gltA*, *ompβ*, *ompA* (Moonga et al., 2019); для *Ehrlichia* – *gltA*, *groEL*, *dsb*, *omp-1* (Benevenuto et al., 2017).

Для одноклітинних еукаріотичних паразитичних організмів (*Babesia*, *Hepatozoon*, *Trypanosoma*) частіше ампліфікують фрагмент гену – 18S рРНК, рідше – β -tubulin (переважно для *B. microti*), *ITS1* (*T. lewisi*) (Desquesnes et al., 2011).

Для збудників типу Apicomplexa більшість наборів із праймерами ампліфікують фрагменти гена 18S рРНК довжиною 390–740 пар основ, водночас деякі праймери здатні ампліфікувати фрагменти до 1760 пар основ (Criado-

Fornelio et al., 2006). Філогенетичний аналіз і визначення виду покращуються при ампліфікації всього гена 18S рРНК чи, принаймні, його довгих фрагментів (Dubey et al., 2025).

Протоколи ПЛР для збудників роду *Babesia* та *Hepatozoon* переважно не є вузькоспецифічними для роду, тому можуть ампліфікувати інших збудників із ряду *Piroplasmida* чи навіть інших організмів типу *Apicomplexa* (Dubey et al., 2025; Modrý et al., 2017). Тому, вирішальним є подальше секвенування продуктів ПЛР (ампліконів) із встановленням генотипу.

За наявності в зразку ДНК кількох збудників, яка часто представлена збудниками роду *Babesia* та *Hepatozoon* чи іншими організмами типу *Apicomplexa*, необхідно проводити наступну більш специфічну ПЛР (Cimpran et al., 2020). У таких випадках початкова неспецифічна ПЛР може ампліфікувати більш поширений у зразку генотип організму і тому не буде детектуватись конкуруючий (Dubey et al., 2025).

Наразі не існує достатньо чутливого методу виявлення збудників роду *Bartonella*, оскільки вони часто персистують в крові у низькій кількості, їх важко культивувати в лабораторних умовах та навіть комбінація молекулярних методів із рідкими культурами не дозволяє уникнути хибнонегативних результатів (Drummond et al., 2023).

На сьогоднішньому етапі розвитку для секвенування нуклеїнових кислот із фрагменту ДНК чи РНК таргетованих збудників використовують наступні методи: класичний метод секвенування методом Сангера, масове паралельне секвенування другого покоління (Illumina, Inc., США), секвенування третього покоління на основі нанопор (Oxford Nanopore Technologies, Велика Британія) та PacBio (SMRT–секвенування (Single Molecule, Real–Time), HiFi–секвенування (High–Fidelity)) (Pacific Biosciences of California, Inc., США).

Далі для аналізу отриманих нуклеотидних послідовностей, отриманих в ході секвенування хроматограми (формат .ab1), використовують спеціальне

програмне забезпечення (напр., BioEdit, Geneious, MEGA) для того, щоб підготувати один FASTA-файл (формат .fasta) на кожен окремий зразок.

Наступний етап аналізу з використанням біоінформатики включає обробку готової нуклеотидної послідовності збудника за допомогою алгоритму BLASTn (Basic Local Alignment Search Tool for nucleotides) шляхом порівняння з референтними послідовностями у міжнародній базі даних GenBank (NCBI – National Center for Biotechnology Information). Інтерпретація отриманих результатів включає відбір релевантних послідовностей, оцінку показників подібності (відсоток ідентичності, відсоток покриття запиту, E-value, довжина вирівнювання), визначення ймовірної видової приналежності.

Наразі систематика збудників постійно зазнає змін та врегулювань через нові філогенетичні дослідження і з часом вдосконалюється.

Філогенетичний аналіз охоплює широкий спектр біологічних досліджень, зокрема, для епідеміологічного розслідування, вивчення нових патогенів, ідентифікації та відстеження резервуарів зоонозних захворювань та багато ін. Даний метод використовується для встановлення еволюційних зв'язків та спорідненості, для реконструкції еволюційної історії на рівні генів, білків, видів (Som, 2015).

Отже, видоспецифічні методи дослідження збудників мишоподібних гризунів потребують вдосконалення і подальшого вивчення. Враховуючи вищезазначене, використання молекулярних і філогенетичних методів, які є безперечно чутливішими за традиційну світлову мікроскопію, є ключовим для диференціації та ідентифікації більшості видів збудників. Проте, поєднання методів зі світловою мікроскопією і гематологічними показниками може підвищити точність діагностики.

1.5 Методи контролю переносників збудників трансмісивних хвороб мишоподібних гризунів

Гризуни є однією із ланок у циклі багатьох трансмісивних хвороб, в тому числі і зоонозів. Однак, існує кілька превентивних стратегій контролю векторів передачі збудників мишоподібним гризунам, для переривання епідеміологічного ланцюга передачі.

Перша зі стратегій спрямована безпосередньо на потенційного проміжного чи резервуарного хазяїна збудників хвороб – гризунів. Для цього використовують інсектициди, що діють на личинкові стадії та імаго векторних хазяїв (кліщі, блохи, воші, комарі, москіти, кровососки, кровосисні мухи та ін.). Препарати з інсектицидною, акарицидною і репелентною дією у формі порошків використовують поруч із входом до нір, в самих норах, на стежках що ведуть до нір, також, просочують ними матеріали для будівництва гнізд чи виготовляють їстівні приманки (Rozendaal, 1997).

Порошок розподіляється по тілу гризуна під час грумінгу.

Наприклад, у США в місцях гніздування мишей, через кожні десять метрів, розміщували трубки (20 см завдовжки, d=4 см) із гніздовим матеріалом бавовна), просоченим контактним інсектоакарицидом із репелентними властивостями, 7–8% розчином перметрину (Deblinger & Rimmer, 1991).

Інсектицидні засоби мають певні обмеження у використанні у зв'язку з правилами біобезпеки, безпеки харчових продуктів і екології, погодних умов. Для економії інсектициду за допомогою розпилювача обробляються лише ті нори, що попередньо були закопані людиною та у зворотньому напрямку відкопані знову гризунами (Rozendaal, 1997).

Також, за подібним принципом, використовували системні інсектоакарициди. В лабораторних умовах Roché et al., 2021 випробовували приманку на основі зерна із діючою речовиною фіпроніл (доза 50 мг/кг) на мишоподібних гризунах *P. leucopus*. У південних регіонах Канади було

реалізовано використання їстівних пасток–приманок із суміші арахісового масла та діючої речовини флураланер (Bravecto, США) (Pelletier et al., 2025). Перевага цих методів у витраті низьких кількостей діючої речовини і нижчої собівартості порівняно з обробкою препаратом шляхом розпилювання.

Ефективність перерахованих методів зростає у випадку дотримання усіма домогосподарствами заходів боротьби в межах певної місцевості.

Окрім того, превентивне нераціональне знищення гризунів може призвести до посилення передачі збудників інфекційного походження людині, оскільки ектопаразити, які є векторами, покидають тіло гризуна–хазяїна і шукають альтернативні джерела для живлення (Rozendaal, 1997).

Інший напрямок боротьби включає інтегроване управління переносниками збудників хвороб (Integrated Vector Management, IVM). Цей підхід має на меті ефективне впровадження заходів контролю векторів хвороб за виконання наступних умов: точної ідентифікації переносника, поглибленого знання морфології всіх стадій розвитку, циклу розвитку збудника, розуміння механізму його передачі і його патогенного впливу на організм тварин і людини.

З факторів, що стають на заваді ефективному контролю переносників збудників є відсутність відповідної моніторингової програми, відсутність чи слабкі зв'язки з дослідницькими установами, резистентність до інсектоакарицидів і репелентів, відсутній чи слабкий ентомологічний нагляд, розширення ареалу переносників у зв'язку із кліматичними змінами та ін.

Отже, першочерговим завданням сучасної концепції інтегрованого контролю переносників є врахування їх в ланцюгу взаємодії між вектором, резервуаром, людиною і середовищем. Трансмісивні захворювання можливо попередити шляхом контролю переносників. Необхідні подальші фундаментальні та прикладні дослідження, що сприятимуть розробці інноваційних і таргетованих підходів та втручань. Регуляцію чисельності гризунів потрібно здійснювати після використання інсектоакарицидів.

Висновки до огляду літератури

Україна є осередком біорізноманіття, що постійно зазнає масштабних антропогенних змін середовищ існування. Одним із епізодів всеосяжного впливу людини на екологію стала Чорнобильська катастрофа 1986 року. Вплив хронічного іонізуючого випромінювання на зміни в популяціях хазяїв, а тим більше на їх збудників, наразі залишається дискусійним та малодослідженим у науковій спільноті.

Окрім того, постійне перетворення природних екосистем на сільськогосподарські або міські території чи руїни внаслідок збройної агресії з боку росії можуть призводити до нових ризиків виникнення зоонозних захворювань, оскільки порушені ландшафти часто сприяють поширенню гризунів – резервуарів збудників зоонозного походження, які є більш толерантними та адаптивними до екологічних змін (Morand et al., 2015). З огляду на це моніторинг і методи контролю появи збудників мишоподібних гризунів відіграють важливу роль в середовищі існування, яке зазнає постійної динамічної зміни.

Наразі дані про поширеність збудників мишоподібних гризунів все ще залишаються доволі обмеженими. Більшість наукових робіт, походять за результатами досліджень з Європи і Північної Америки, тоді як для Африки, Азії, Південної Америки і Австралії та Океанії як регіону вони є фрагментарними чи подекуди одиничними. Також, існує велика нестача наукових праць, де відображені довготривалі репліковані спостереження щодо збудників та їх векторів, що зменшує загальне розуміння поширеності. На поширеність збудників, в циклі розвитку яких є членистоногі безхребетні, впливає також сезонність: тривалість життєвого циклу членистоногих векторів, їх виживання, період активності, стан біотопу та ін.

Виявленню збудників мишоподібних гризунів шляхом мікроскопії сприяють знання їхнього циклу розвитку, тропізму, морфологічних форм.

Водночас, суттєвою проблемою діагностування є міжвидова подібність родів за морфологічними показниками і подібність бактеріальних збудників до артефактів (напр., преципітат барвника) та інших клітинних включень (напр., тільця Жоллі, тільця Паппенгеймера, тільця Дьоле), що може призводити до хибнопозитивних чи хибнонегативних результатів. Іноді підвиди мають ідентичні морфологічні ознаки, тому їх диференціація можлива лише після молекулярних досліджень, генотипування. Також, ускладнення з діагностуванням можуть бути пов'язані із стадією розвитку збудника, її персистенції у вибраному біологічному матеріалі, низькою паразитемією, поганою якістю мазка. Визначення поширеності лише на основі мікроскопічного дослідження може призводити до занижених показників, особливо при низькій інтенсивності інвазії.

Молекулярні методи дослідження стають дедалі більш доступними і широко застосовуються в сучасних дослідженнях. Результати ПЛР можуть бути хибнонегативними у випадку низької кількості досліджуваної ДНК чи за наявності інгібіторів, окрім того позитивні результати не завжди свідчать про активну фазу хвороби у тварини, а дають розуміння про персистенцію збудника чи наявність залишкової ДНК після перенесеного інфікування/інвазування (Drummond et al., 2023).

Філогенетичні дослідження дозволяють встановити таксономічне положення збудників і провести аналіз його генетичної спорідненості з іншими дослідженими ізолятами.

За останні десятиліття можливість здійснювати секвенування, подальші філогенетичні дослідження значно сприяла уточненню видової приналежності збудників у тому числі і тих, які паразитують у мишоподібних гризунів усіх континентів Землі. Наприклад, для родини *Trypanosomatidae* у межах останнього десятиріччя описано більше родів, ніж за попереднє століття (Lukeš et al., 2014; Lukes et al., 2018).

РОЗДІЛ 2 МАТЕРІАЛИ І МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ

Дослідження здійснено упродовж 2019–2026 рр. на базі кафедри фармакології, паразитології і тропічної ветеринарії (нині – кафедра ветеринарної епідеміології та охорони здоров'я тварин) у відповідності до запланованої схеми наукових досліджень (Рис. 2.1).

I етап. Ідентифікація і реєстрація

- ідентифікація і реєстрація гризунів родин Muridae і Cricetidae
- відбір, транспортування, зберігання зразків

II етап. Дослідження морфологічних показників крові гризунів

- дослідження крові за допомогою гематологічного аналізатора
- інтерпретація результатів

III етап. Мікроскопічне дослідження

- виготовлення тонких мазків крові
- фіксація і фарбування виготовлених мазків крові
- дослідження пофарбованих мазків крові
- виготовлення фотографій виявлених збудників, підрахунок збудників, їхнє морфометричне дослідження
- інтерпретація результатів

IV етап. Молекулярне дослідження

- екстракція ДНК
- ампліфікація нуклеїнових кислот
- секвенування
- інтерпретація отриманих даних

V етап. Філогенетичне дослідження

VI етап. Статистичний аналіз отриманих результатів

Рис. 2.1 Загальна схема проведення досліджень

Також, дослідження здійснено на базі міжкафедральної лабораторії факультету ветеринарної медицини Національного університету біоресурсів і природокористування України, Інституту ядерних досліджень Національної академії наук України, Чорнобильського радіаційно-екологічного біосферного заповідника та Інституту паразитології Університету ветеринарної медицини Відня (м. Відень, Австрія).

2.1 Матеріали дослідження

У ході досліджень використано тканини 409 мишоподібних гризунів, які належали до наступних родів: *Myodes* (*M. glareolus*), *Apodemus* (*A. agrarius*, *A. flavicollis*, *A. sylvaticus*); *Mus* (*M. musculus*).

Протягом дослідження 116 гризунів відловлених упродовж 2019-2020 рр. за статтю ідентифікували 59 самок і 54 самці. Три тварини не були ідентифіковані за статтю. Серед них виявили *M. glareolus* – 31 (самки – 14, самці – 17), *A. agrarius* – 19 (самки – 8, самці – 11), *A. flavicollis* – 49 (самки – 30, самці – 18, не визначено до статі – 1), *A. sylvaticus* – 5 (самки – 3, самці – 2), *A. uralensis* – 1 (самець), *M. musculus* – 1 (самка), не ідентифіковано до виду – 10 (самки – 4, самці – 4, не визначено – 2). Неідентифіковані мишоподібні гризуни належали до роду *Apodemus* (n=9) і роду *Microtus* (n=1), і всі вони були зазначені в результатах цього дослідження як неідентифіковані до виду.

Спершу неідентифікованих до виду тварин було 15, однак з них 5 особин вдалось ідентифікувати до виду *A. sylvaticus* завдяки баркодингу з використанням гену мітохондріальної ДНК – цитохрому b (Galan et al., 2012). Матеріалом дослідження слугувала ДНК, виділена з печінки гризунів.

Відлов гризунів родин Muridae і Cricetidae здійснювали у липні, вересні і жовтні 2019–2020 років за програмою Інституту ядерних досліджень НАН України методом пастко–ліній за допомогою пасток Шермана з приманкою та

підстилкою, які розміщували в одну лінію: 50 пасток на відстані 4 м одна від одної. Загалом було відпрацьовано 1050 пастко–ночей. Відлов проводили протягом 3 послідовних діб, а як принаду використовували білий хліб, обсмажений у нерафінованій соняшниковій олії. Місця відлову включали різні біотопи: рослинні угруповання соснового, мішаного і подекуди листяного лісу, екотон болота та заплавних луків. Відлов тварин охоплював літньо-осінній період, тому отримані дані не відображають повного річного циклу циркуляції паразитарних і бактеріальних організмів. Відсутність матеріалу, відібраного у зимовий та весняний періоди, враховували під час інтерпретації результатів щодо впливу місяця відлову.

Місця відлову тварин включали: 1) ПТЛРВ «Рудий ліс» (51°22'48"N 30°02'57"E, на півдні від с. Янів, за 2,7 км на захід від місця вибуху ядерного реактора); 2) полігон I (51°21'38.6" N, 30°08'23.50" E, на береговій лінії водойми-охолоджувача ДСП ЧАЕС); 3) полігон II (51°22'20.60" N, 30°08'26.94" E, на осушеній ділянці гарячої частини водойми-охолоджувача ДСП ЧАЕС); 4) полігон III (51°21'04.81" N, 30°09'29.46" E, на дамбі першої черги водойми-охолоджувача ДСП ЧАЕС та осушеній гарячій частині ложа водойми-охолоджувача); 5) заказник «Чернечий ліс» (50°17'22.3" N, 30°31'19.9" E, між селами Ходосівка і Лісники, Феодосіївська територіальна громада Обухівського району Київської області).

Заказник «Чернечий ліс» розташований за 100 км від ЧЗВ, що значно перевищує відстані, характерні для природних переміщень гризунів родин Muridae і Cricetidae. Наприклад, полівки *M. glareolus* можуть переміщуватись на відстань приблизно 1 км впродовж одного репродуктивного сезону і на менш ніж 5 км на рік з урахуванням розширення ареалу (Kozakiewicz et al., 2007), а миші *A. agrarius* – на 400–600 м (іноді 1–3 км) на рік (Tulis et al., 2025).

У 2019 році 30 гризунів було відловлено на ділянках полігону I (n=11), полігону II (n=12) і полігону III (n=7), тоді як усіх інших тварин було відловлено

у 2020 році: ПТЛРВ «Рудий ліс» (n=20), полігон II (n=12), полігон III (n=12), заказник «Чернечий ліс» (n=42).

Отже, всього було відловлено 116 гризунів у період 2019 і 2020 років: ПТЛРВ «Рудий ліс» (n=20), полігон I (n=11), полігон II – (n=24), полігон III – (n=19), заказник «Чернечий ліс» (n=42).

У 2024 році відловлено на території ЧЗВ наступні 293 гризуна, яких попередньо ідентифіковано до мишоподібних (миші і полівки) родин Muridae і Cricetidae. Від усіх цих тварин досліджено пофарбовані мазки крові і здійснено морфологічну ідентифікацію збудників паразитарного походження.

Географічні координати місць відлову мишоподібних гризунів було візуалізовано на карті з офіційними географічними межами ЧЗВ і Київської області за допомогою програмного забезпечення QGIS версії 3.40 BRATISLAVA.

Тварин транспортували до лабораторії Інституту ядерних досліджень НАН України (м. Київ, Україна), гуманно умертвляли, відбирали зразки периферичної крові, печінки і селезінки (Lypyska et al., 2023). Здійснювали огляд і реєстрацію тварин: місце, дата відлову, індивідуальний номер, вид, стать, маса тіла і вік (Pusek, 1981; Загороднюк, 2002). Кров мишоподібних гризунів, отримана у ході попередніх досліджень, була стабілізована з додаванням етилендіамінтетраоцтової кислоти (ЕДТА), і доставлена разом із зразками селезінки та печінки для подальших досліджень на наявність збудників паразитарного і бактеріального походження, а також дослідження морфологічних показників крові на факультет ветеринарної медицини Національного університету біоресурсів і природокористування України (Київ, Україна).

Транспортування в межах Київської області відбувалось за температурного режиму -20 °С.

Дослідження, описане в дисертаційній роботі, проведене на тканинах гризунів родин Muridae і Cricetidae, які раніше використовувалися для оцінювання радіоактивного забруднення тварин із ЧЗВ в межах програми Інституту ядерних досліджень Національної академії наук України. Воно було

схвалене Комісією з біоетики Інституту ядерних досліджень НАН України та виконане відповідно до Закону України «Про захист тварин від жорстокого поводження» (№ 3447-IV, Відомості ВР, 2020).

Експериментальну частину роботи виконано згідно з дотриманням міжнародних вимог Європейської конвенції про захист хребетних тварин, які використовуються для наукових експериментів або в інших наукових цілях (Страсбург, 1986).

2.2 Методи дослідження

Вид гризунів родин Muridae і Cricetidae визначали за морфологічними характеристиками (Загороднюк, 2002). Деяких особин ідентифікували за допомогою методу молекулярної ідентифікації – штрихокодування ДНК. Тварин зважували за допомогою ваг моделі XAS 160/X (RADWAG, Польща). Стать гризунів визначали відповідно до стандартних методик (Загороднюк, 2002).

Забір зразків (кров, селезінка, печінка) виконано за участі колег з відділу радіобіології і радіоекології Інституту ядерних досліджень – доктора наук Алли Іванівни Липської та старшого наукового співробітника Олени Олегівни Бурдо. Забір крові мишоподібних гризунів здійснювали з сонної артерії в умовах Інституту ядерних досліджень НАН України.

Висушені мазки крові разом зі стабілізованими ЕДТА зразками крові надсилали на факультет ветеринарної медицини (НУБіП України), де здійснювали їх подальше дослідження: фарбування мазків крові, дослідження морфологічних показників крові мишоподібних гризунів.

Для фарбування мазків крові гризунів родин Muridae і Cricetidae використовували набір Leucodif 200 (Erba Lachema, Чеська Республіка) у відповідності до інструкції виробника. Спершу мазки крові досліджували за допомогою мікроскопу Micros Viola MC30 ($\times 10$, $\times 100$) з доцентом Семенко

Оленою Валентинівною. Дані мазки крові були досліджені повторно за допомогою світлового мікроскопа Nikon модель Eclipse Ci-S (Nikon corporation, Японія), оснащеного цифровою камерою Jenoptik Gryphax (Jenoptik AG, Німеччина).

Для мікроскопічного дослідження кількість полів зору дослідження і збільшення мікроскопу використовували як у Baltrūnaitė et al., 2020, Valkiūnas, 2004. У випадку виявлення в мазку *Trypanosoma* spp. чи *Hepatozoon* spp., здійснювали суцільний огляд мазка. При цьому ретельно оглядали краї мазків, де зазвичай вища концентрація лейкоцитів з можливими збудниками *Hepatozoon* spp. Підрахунок бабезій здійснювали у 200 полях зору мікроскопа.

Морфометричну оцінку виявлених трипомастигот *Trypanosoma* spp., гамонтів *Hepatozoon* spp. і інших збудників проводили шляхом взяття промірів та фотографування з використанням програмного забезпечення Gryphax (Jenoptik AG, Німеччина) оптичного мікроскопу (1000x збільшення).

У трипаносом вимірювали параметри базуючись на дослідженнях Borges et al. (2016), Virgilio et al. (2022), Fonseca et al. (2023) (Рис. 2.2).

Вимірювання гамонтів гепатозоонів здійснювали у відповідності до дослідження Mansour et al. (2020) (Рис. 2.3).

Морфологічні показники крові визначали за допомогою ветеринарного гематологічного аналізатора Mindray (BC-2800Vet, Shenzhen Mindray Bio-Medical Electronics Co., Ltd., Китай) з фізіологічними параметрами для кожного із показників, які запрограмовані приладом. У ході виконання досліджень було використано зразки крові 67 мишоподібних гризунів, стабілізовані за допомогою ЕДТА. Серед досліджених видів гризуни родин Muridae і Cricetidae: *A. agrarius* (n=13), *A. flavicollis* (n=22) і *M. glareolus* (n=20), *A. sylvaticus* (n=5), не встановлені до виду (n=7).

Гематологічний профіль включав наступні морфологічні показники: абсолютну кількість лейкоцитів ($WBC \times 10^9/\text{л}$), лімфоцитів ($Lymp \times 10^9/\text{л}$), моноцитів ($Mon \times 10^9/\text{л}$), гранулоцитів ($Gran \times 10^9/\text{л}$), еритроцитів ($RBC \times 10^{12}/\text{л}$);

відносну кількість лімфоцитів (Lymph %), моноцитів (Mon %), гранулоцитів (Gran %), концентрація гемоглобіну (HGB г/л), гематокрит (HCT %); еритроцитарні і тромбоцитарні індекси: середній об'єм еритроцита (MCV fL), середній вміст гемоглобіну в еритроциті (MCH pg), середня концентрація гемоглобіну в еритроциті (MCHC г/л), ширина розподілу еритроцитів за об'ємом (RDW %); кількість тромбоцитів (PLT $\times 10^9$ /л), середній об'єм тромбоцита (MPV fL), ширину розподілу тромбоцитів (PDW fL) і тромбоцитарний гематокрит (PCT %).

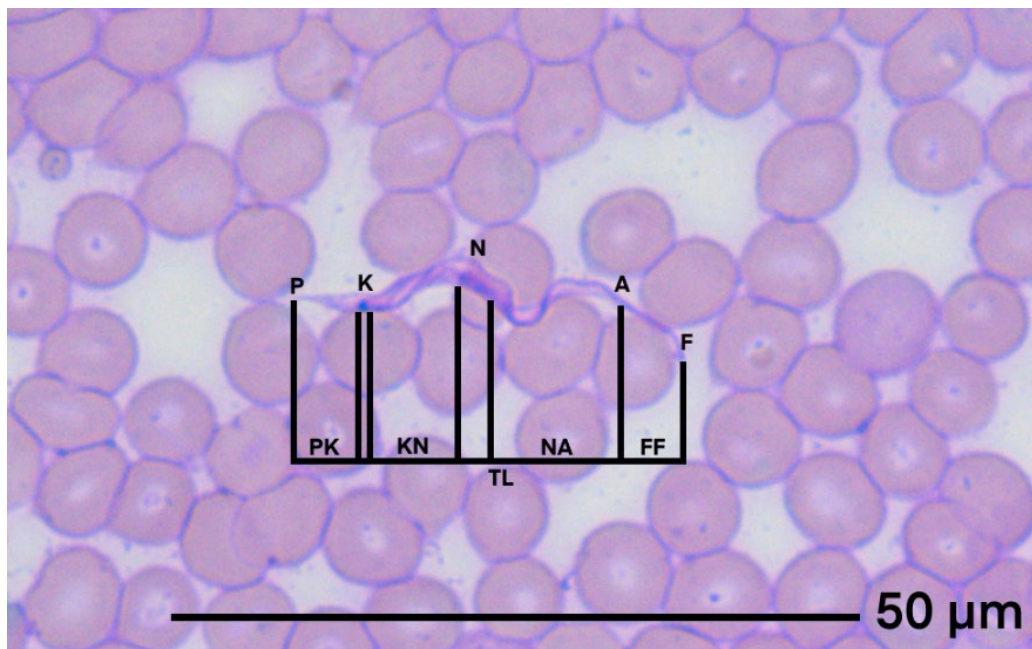


Рис. 2.2 Проміри *Trypanosoma* spp. Параметри: від хвостового кінця до кінетопласту (PK), від хвостового кінця до ядра (PN), від кінетопласту до ядра (KN), ширину тіла з хвилястою мембраною (width), ширину тіла без хвилястої мембрани (width - m), відстань від головного кінця до ядра (AN), від головного кінця до кінетопласту (AK), загальну довжину тіла збудника (TL), довжина вільного джгутика (FF), довжину ядра (NL), ширину ядра (NW).

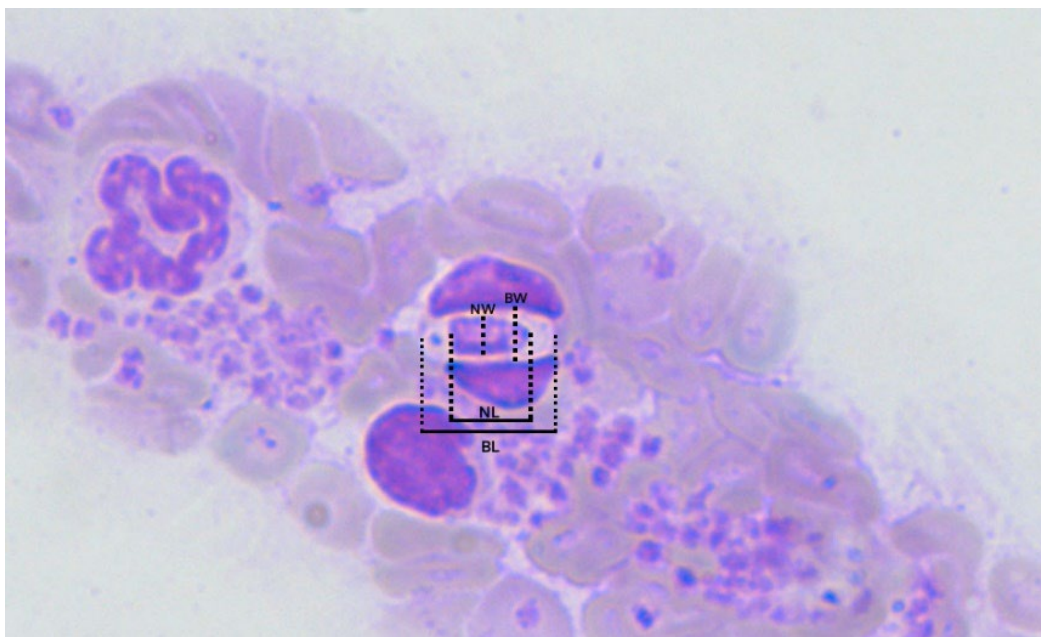


Рис. 2.3 Проміри гамонту гепатозоона. Параметри: довжина гамонту (BL), ширина гамонту (BW), довжина ядра (NL), ширина ядра (NW), довжина гранул (GL).

Молекулярні дослідження проводили у грудні 2023 р. і у січні-лютому – 2024 р. за безпосереднього керівництва професора Ганса-Пітера Фюрера разом із науковим співробітником Бітою Шахі Барог.

Загалом ДНК було екстраговано від 32 тварин, відловлених у 2020 р., для яких були доступні біологічні матеріали, придатні для екстракції ДНК. Підвибірка формувалася з урахуванням можливості проведення ПЛР і подальшого секвенування, а також порівняння результатів із даними мікроскопічного дослідження. Від зазначених тварин ДНК виділяли лише з пофарбованих мазків крові 8 тварин, лише з печінки ще 4 тварин, лише з печінки і селезінки наступних 18 тварин, тоді як ДНК з мазків крові, печінки і селезінки вдалось виділити від 2 тварин. Печінку (n=24) і селезінку (n=20) мишоподібних гризунів спершу розморожували за кімнатної температури. Далі поміщали у нові, попередньо пронумеровані пробірки типу Eppendorf.

Гомогенізацію зразків проводили наступним чином: до кожного зразка додавали у пробірку дві керамічні кульки (Precells ceramic beads, Peqlab

Biotechnologie GmbH) діаметром 2,8 мм. Підготовлені зразки переносили в TissueLyser II (Qiagen, Німеччина). Механічному лізису сприяла попередня обробка буферним розчином 180 мкл (ATL). Механічна гомогенізація відбувалась за кімнатної температури впродовж 6 хв. Нуклеїнові кислоти з клітин печінки і селезінки вивільнялись у супернатант.

Екстракцію ДНК із тканин печінки і селезінки проводили відповідно до протоколу виробника із використанням набору DNeasy Blood & Tissue kit від Qiagen (Hilden, Німеччина), тоді як для пофарбованих мазків крові використовували модифікований протокол (Shavey & Morado, 2012).

До кожної пробірки з біологічним зразком вносили 180 мкл буферу ATL, 20 мкл протеїнази К, перемішували завдяки струшувачу Vortex і далі всі пробірки інкубували у термоміксері (Eppendorf, Німеччина) при 56 °C впродовж ночі.

Наступного дня вмістиме пробірок перемішували протягом 15 с і коротко центрифугували (5 с). Згодом піпеткою додавали 200 мкл буферу ATL і перемішували завдяки струшувачу Vortex. Далі додавали 200 мкл етанолу (96–100%) і знову перемішували.

Весь вміст, окрім керамічних кульок, перемістили в попередньо промарковані 2 мл пробірки Eppendorf із попередньо закладеними центрифужними колонками DNeasy MiniSpin. Після центрифугування пробірок при 8000 об/хв впродовж 1 хв, пробірки для збору рідини Eppendorf викидали, а колонки DNeasy MiniSpin поміщали в нові попередньо промарковані 2 мл пробірки Eppendorf. Наступним етапом додавали 500 мкл буферу AW1 і центрифугували при 8000 об/хв впродовж 1 хв. Пробірки для збору відфільтрованої рідини Eppendorf утилізували, а колонки DNeasy Minispin вкладали в нові пробірки для збору Eppendorf. Потім вносили 500 мкл буферу AW2 і центрифугували при 14000 об/хв впродовж 3 хв. Пробірки для збору рідини знову утилізували. Колонки DNeasy MiniSpin поміщали в нові 1,5 мл пробірки. Нові пробірки, окрім номера, маркували додатковою літерою «А» і продублювали такі ж пробірки із літерою «В». 100 мкл буферу AE нанесли на

мембрану колонки DNeasy MiniSpin, інкубували за кімнатної температури впродовж 1 хв. Надалі центрифугували при 8000 об/хв впродовж 1 хв. Після цього колонки видаляли і переміщали в заготовлені пробірки Eppendorf із літерою «В». Далі повторювали кроки від додавання 100 мкл буферу АЕ. Наприкінці фільтраційні колонки утилізували, а пробірки Eppendorf закривали. Отриману екстраговану ДНК зберігали у холодильнику при -20°C.

Для виявлення збудників паразитарного і організмів бактеріального походження застосовували праймери, що є високоспецифічними до геномних ділянок патогенів.

Екстраговані нуклеїнові кислоти додатково досліджували на наявність геномного матеріалу кількох паразитарних і бактеріальних організмів / патогенів: *Trypanosoma* spp., представники типу Apicomplexa (*Hepatozoon* spp., *Babesia* spp., *Theileria* spp., *Cytauxzoon* spp.), *Toxoplasma* spp., *Mycoplasma*-подібних організмів класу Mollicutes, *Bartonella* spp., *Rickettsia* spp., *Ehrlichia* spp. Для відповідних збудників існують різні протоколи ПЛР. В табл. 2.1 наведені застосовані праймери, температурний профіль, очікувана довжина амплікону (п.н.).

Для виявлення збудників типу Apicomplexa (*Hepatozoon* spp., *Babesia* spp., *Theileria* spp., *Cytauxzoon* spp.) використано праймери широкого спектру дії, спрямовані на локус 18S рРНК. Далі дані зразки ще додатково досліджено специфічними праймерами для виявлення збудників роду *Hepatozoon*.

Реакційну суміш для ПЛР (мастермікс) виготовляли за допомогою набору GoTaq® G2 DNA Polymerase (Promega, США), який включає в себе наступні компоненти: дезоксирибонуклеозидтрифосфати (dNTP), ДНК-полімерази Taq з активністю 5'→3' екзонуклеази, реакційний буфер із MgCl₂ (5× Green GoTaq Reaction Buffer). Додатково реакційна суміш включає вільну від ДНК/РНК дистильовану воду (Promega, США), прямий та зворотний праймер (Microsynth AG, Швейцарія). Кількість речовини набирали дозатором в різних пропорціях відповідно до протоколу для кожного роду збудників.

Таблиця 2.1

Праймери та умови ампліфікації, використані для молекулярно-генетичної ідентифікації паразитів і бактерій методом ПЛР

Організм	Локус	Праймери	Нуклеотидна послідовність (5'-3')	Довжина (п.н.)	Умови ампліфікації	Джерело
<i>Trypanosoma</i> spp.	18S рPHK	Tryp_18S_F1 (Nest1)	5' – GTG GAC TGC CAT GGC GTT GA – 3'	1320 п.н.	94°C/5 хв; 40 циклів: 94°C/1 хв; 56°C/1 хв; 72°C/1 хв; 72°C/5 хв	(Peña-Espinoza et al., 2023)
		Tryp_18S_R1 (Nest1)	5' – CAG CTT GGA TCT CGT CCG TTG A – 3'			
		Tryp_18S_F2 (Nest2)	5' – CGA TGA GGC AGC GAA AAG AAA TAG AG – 3'	960 п.н.		
		Tryp_18S_R2 (Nest2)	5' – GAC TGT AAC CTC AAA GCT TTC GCG – 3'			
<i>Babesia</i> spp., <i>Theileria</i> spp., <i>Hepatozoon</i> spp., <i>Cytauxzoon</i> spp.	18S рPHK	BTH-1F (Nest1)	5' – CCT GAG AAA CGG CTA CCA CAT CT – 3'	700 п.н.	94°C/2 хв; 40 циклів: 95°C/30 с; 68°C/1 хв; 72°C/1 хв; 72°C/10 хв	(Zintl et al., 2011)
		BTH-1R (Nest1)	5' – TTG CGA CCA TAC TCC CCC CA – 3'			
		GF2F (Nest2)	5' – GTC TTG TAA TTG GAA TGA TGG – 3'	561 п.н.		
		GR2R (Nest2)	5' – CCA AAG ACT TTG ATT TCT CTC – 3'			
<i>Hepatozoon</i> spp.	18S рPHK	H14Hepa18SFw	5' – GAA ATA ACA ATA CAA GGC AGT TAA AAT GCT – 3'	620 п.н.	95°C/15 хв; 35 циклів: 95°C/1 хв; 58°C/1 хв; 72°C/1 хв; 72°C/5 хв	Hodžić et al., 2015
		H14Hepa18SRv	5' – GTG CTG AAG GAG TCG TTT ATA AAG A – 3'			
<i>T. gondii</i>	TgREP-529	Toxo529_F	5' – CGC TGC AGG GAG GAA GAC GAA AGT TG – 3'	529 п.н.	94°C/7 хв; 35 циклів: 94°C/1 хв; 55°C/1 хв; 72°C/1 хв; 72°C/10 хв	(Homan et al., 2000)
		Toxo529_R	5' – CGC TGC AGA CAC AGT GCA TCT GGA TT – 3'			

Продовження таблиці 2.1

<i>Mycoplasma</i> -подібні організми класу Mollicutes	16S рPHK	HBT-F	5' – ATA CGG CCC ATA TTC CTA CG – 3'	600 п.н.	94°C/2 хв; 40 циклів; 95°C/1 хв; 60°C/1 хв; 72°C/1 хв; 72°C/7 хв	(Criado-Fornelio, 2003)
		HBT-R	5 – 'TGC TCC ACC ACT TGT TCA – 3'			
<i>Bartonella</i> spp.	gltA	BhCS.781p	5' – GGG GAC CAG CTC ATG GTG G – 3'	379 п.н.	94 °C/5 хв; 40 циклів; 94 °C/1 хв; 54 °C/1 хв; 72 °C/1 хв; 72 °C/10 хв	(Norman et al., 1995)
		BhCS.1137n	5' – AAT GCA AAA AGA ACA GTA AAC A – 3'			
<i>Rickettsia</i> spp.	23S/5S ITS рPHK	Ricketts ITS_for	5' – GAT AGG TCG GGT GTG GAA G – 3'	400 п.н.	96°C/4 хв; 35 циклів; 94°C/1 хв; 52°C/1 хв; 72°C/2 хв; 72°C/3 хв	(Tsui et al., 2007)
		Ricketts ITS_rev	5' – TCG GGA TGG GAT CGT GTG – 3'			
<i>Ehrlichia</i> spp.	16S рPHK	EHR16SD-for	5' – GGT ACC YAC AGA AGA AGT CC – 3'	345 п.н.	95°C/2 хв; 35 циклів; 94°C/1 хв; 54°C/30 с; 72°C/30 с; 72°C/5 хв	(Parola et al., 2000)
		EHR16SR-rev	5'– TAG CAC TCA TCG TTT ACA GC – 3'			

Дослідження з використанням ПЛР виконано за допомогою термоциклерів Eppendorf Flexlid (Eppendorf, Німеччина) і Biometra Trio, Biometra Tone (Analytik Jena, Німеччина).

Далі до продуктів ПЛР додавали фарбник Midori Green Advanced (Biozym Scientific, Німеччина) і проводили електрофорез у агарозному гелі.

Агарозний гель отримували шляхом змішування у скляній колбі на 500 мл 1,8 г агарози з 100 мл 1x TRIS-Borat-EDTA-буферу (ТВЕ-буфер) і 35 мл дистильованої води. Цю суміш нагрівали впродовж 2 хвилин до прозорої рідини в мікрохвильовій печі. Після охолодження приблизно до 60 °С додавали 4,2 мкл Midori Green Advanced (Biozym Scientific, Німеччина). Готову суміш заливали у пластикову камеру. Далі додавали пластикові гребінці для створення комірок у гелі і залишали для полімеризації на одну годину за кімнатної температури у хімічній витяжній шафі (Waldner, Німеччина).

Потім сформований гель переносили у горизонтальну камеру для електрофорезу EasyPhor Midi (Biozym, Німеччина), наповнену ТВЕ-буфером (Tris-borate-EDTA). Даний розчин мав повністю покрити гель.

В першу комірку додавали 10 мкл DNA ladder (Promega), а в наступні комірки – 5 мкл розчину з ПЛР-продуктом. Негативний контроль вносили у передостанню комірку, а позитивний контроль вносили до останньої комірки. Камеру для електрофорезу закривали і під'єднували негативний і позитивний полюси. Електрофорез здійснювався за напруги 120Вт, 158мА, 19В впродовж 60 хв. і використання блоків живлення EV202 (Consort, Бельгія) та PowerPro (Cleaver Scientific, Велика Британія).

Після завершення електрофорезу агарозний гель переносили до системи гель-документації, що містить УФ-трансілюмінатор, ChemiBIS gen Xpress (DNR Bio-Imaging Systems Ltd., Ізраїль). Далі за допомогою програмного забезпечення для гель-документації GelCapture (DNR Bio-Imaging Systems Ltd., Ізраїль) налаштовували параметри (світлокорекція, колір, витримка) зображення і зберігали його на комп'ютері.

Всі зразки, що показали смугу під час гель-електрофорезу, були відправлені на секвенування методом Сангера. Секвенування позитивних зразків методом Сангера виконували в обох напрямках із використанням внутрішніх наборів праймерів у комерційного постачальника послуг (Microsynth, Бальгах, Швейцарія).

Сиквенси (нуклеотидні послідовності) були зібрані за допомогою BioEdit і порівняні до інших нуклеотидних послідовностей, доступних у GenBank (National Center for Biotechnology Information, <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). Перевірку послідовностей, їх вирівнювання і подальше редагування здійснювали у програмному забезпеченні Geneious Prime® версії 2025.2.1 (Biomatters Ltd., Окленд, Нова Зеландія).

Аналіз і порівняння отриманих нуклеотидних послідовностей здійснювали за допомогою програмного забезпечення Standard Nucleotide BLAST. (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PAGE_TYPE=BlastSearch). Всі отримані у ході нашого дослідження послідовності додано до бази даних NCBI під такими номерами: PX973658, PX973671, PX973667, PX973668, PZ025234, PZ025235, PX973670, PZ020203–PZ020208 (Табл. 3.14).

Філогенетичний аналіз проводили за допомогою програмного забезпечення Geneious Prime® 2025.2.1. Для порівняння з генотипами, отриманими в нашому дослідженні, додаткові генотипи було завантажено з GenBank із використанням функції BLAST. Після вирівнювання відібраних послідовностей за алгоритмом MAFFT і видалення некоректно вирівняних термінальних ділянок, здійснено аналіз методом максимальної правдоподібності з використанням IQTREE версії 2.3.6. Автоматичний вибір моделі заміщення здійснювали за допомогою ModelFinder. Підтримку вузлів оцінювали на основі 1000 ультрашвидких бутстреп-реплікатів з оптимізацією методом обміну найближчими сусідніми гілками (nearest neighbour interchange, NNI).

Для статистичного аналізу результатів використовували програму Microsoft Excel (Microsoft 365 MSO, версія 2304), де розраховували у зразку

максимальне значення, мінімальне значення, середнє значення та стандартне відхилення, поширеність збудників разом із довірчими інтервалами.

Поширеність – кількість особин, у яких виявлено наявність збудника до загальної кількості досліджених особин цього виду, помножене на сто відсотків. Довірчі інтервали (95% ДІ) розраховували за методом Вілсона.

$$CI = \frac{p + \frac{z^2}{2n} \pm z \sqrt{\frac{p(1-p)}{n} + \frac{z^2}{4n^2}}}{1 + \frac{z^2}{n}}$$

(2.1)

Формула довірчого інтервалу Вілсона (2.1), де p – частка особин зі збудником; n – загальний обсяг вибірки; z – квантиль нормального розподілу для 95% рівня довіри ($z=1,96$).

Також, для порівняння показників між двома незалежними групами, за результатами мікроскопічного і молекулярно-генетичного дослідження застосовували t -критерій Стюдента для незалежних вибірок з нерівними дисперсіями. Результати вважали статистично значущими при $p < 0,05$. Тварину вважали позитивною за умови виявлення ДНК збудника і за подальшого успішного результату секвенування.

За допомогою мови програмування Python 3.9.6 (бібліотеки: Pandas 1.5.3 SciPy 1.11.1, фреймворк PyCharm 2024.3.6 (Professional Edition)) здійснено дисперсійний аналіз ANOVA для порівняння результатів мишоподібних гризунів в залежності від виду, ваги, місяця відлову в межах літньо-осіннього періоду, а також від наявності збудників паразитарного і бактеріального походження. Для порівняння поширеності паразитів і бактерій серед гризунів різних місць відлову і контрольної ділянки використовували точний критерій Фішера.

2.3 Методи вимірювання радіоактивного забруднення території

Дані щодо радіобіологічних показників надані колегами Інституту ядерних досліджень НАН України і Чорнобильського радіаційно-екологічного біосферного заповідника. Попередні дослідження з радіобіологічними вимірюваннями здійснювали доктор біологічних наук, завідувач відділу радіобіології та радіоекології Алла Іванівна Липська, доктор філософії, старший науковий співробітник Олена Олегівна Бурдо, завідувач наукового відділу Чорнобильського радіаційно-екологічного біосферного заповідника Денис Олександрович Вишневський.

Зразки ґрунту відібрано з верхніх шарів з використанням металевого циліндричного пробовідбірника згідно методу «конверт» (крок 1 м; 1 проба з центру і 4 з кутів квадрата). Проби ґрунту кожного з шарів (0–2; 2–4; 4–7; 7–10; 10–15; 15–20; 20–25; 25–30 см) з усіх п'яти відборів змішували для отримання усередненої проби (Riabchenko et al., 2025). Підготовка проб задля спектрометричних вимірювань включала висушування, подрібнення та просіювання ґрунту (Lypska et al., 2022).

Для вимірювання вмісту ^{137}Cs в ґрунті використовували спектрометр Canberra-Packard модель GX40185 (Canberra, США). Мінімально детектована активність (MDA) радіонукліду становила 0,01 Бк/зразок (Burdo et al., 2020; Lypska et al., 2022).

Для вимірювання активності ^{90}Sr у зразках ґрунту використовували метод «товстих» зразків без радіохімічної підготовки. Здійснювали вимірювання одноканальним стаціонарним β -спектрометром «СЕБ–50» (НБК «СПЕКТР», Україна). MDA для ^{90}Sr становила 0,1–0,2 Бк/зразок. Також, щоденно задля точності вимірювань проводили калібрування обладнання. Вміст ^{90}Sr оцінювався вибірково радіохімічним методом (Lypska et al., 2022).

Для вимірювання потужності дози γ -випромінювання над поверхнею ґрунту застосовували γ -, β -радіометр/дозиметр «Прип'ять» РКС –20.03 γ (Lypska et al., 2023).

2.4 Методи вимірювання радіаційного навантаження на організм

Досліджувані мишоподібні гризуни різних місць відлову ЧЗВ постійно зазнавали впливу різних доз опромінення. Вміст у організмі тварин ^{137}Cs визначали за допомогою спектрометра Canberra-Packard (Lypska et al., 2022). Для визначення потужності дози інкорпорованого радіонукліду ^{137}Cs у зразках використовували методологію Chesser et al., 2000, Chesser et al., 2001 (Riabchenko et al., 2025). Загальне поглинуте навантаження дози організмом гризунів розраховували відповідно до Maklyuk et al., 2007 (Burdo et al., 2020).

РОЗДІЛ 3 РЕЗУЛЬТАТИ ВЛАСНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ

3.1 Поширеність паразитів і бактерій мишоподібних гризунів за результатами мікроскопічних і молекулярно-генетичних досліджень в умовах Київської області

У ході виконання досліджень використано комбінований підхід до виявлення збудників гризунів, а саме мікроскопічне дослідження фіксованих і пофарбованих мазків крові, ПЛР та подальше секвенування позитивних зразків. Окрім того, проведено аналіз морфологічних показників крові і досліджено ймовірний вплив радіоактивного забруднення на поширеність паразитів і бактерій гризунів.

Поширеність паразитів і бактерій гризунів за результатами мікроскопічного дослідження

За результатами мікроскопічного дослідження фіксованих і пофарбованих мазків крові 116 гризунів родин Muridae і Cricetidae, відловлених у 2019-2020 рр. виявили наступні роди збудників паразитарного походження: *Trypanosoma*, *Hepatozoon* і бактерії.

Збудників роду *Trypanosoma* виявлено у 9 зі 116 (7,76%; ДІ 4,14–14,09) гризунів. У *M. glareolus* в 3 (♀n=3) з 31 (9,68%; ДІ 3,35–24,90), в *A. agrarius* у 3 (♂n=3) з 19 (15,79%; ДІ 5,52–37,57), в *A. flavicollis* у 2 (♀n=1; ♂n=1) з 49 (4,08%; ДІ 1,13–13,71), в гризунів не ідентифікованих до виду виявлено в 1 особини (♀n=1, роду *Apodemus*) з 10 (10,0%; ДІ 1,79–40,42).

Також, виконано вимірювання морфометричних показників усіх трипомастигот, виявлених під час мікроскопії (всього 126 особин, з них 23 особини подальшим секвенуванням встановлено до виду *T. grosi*) (див. Табл. 3.1).

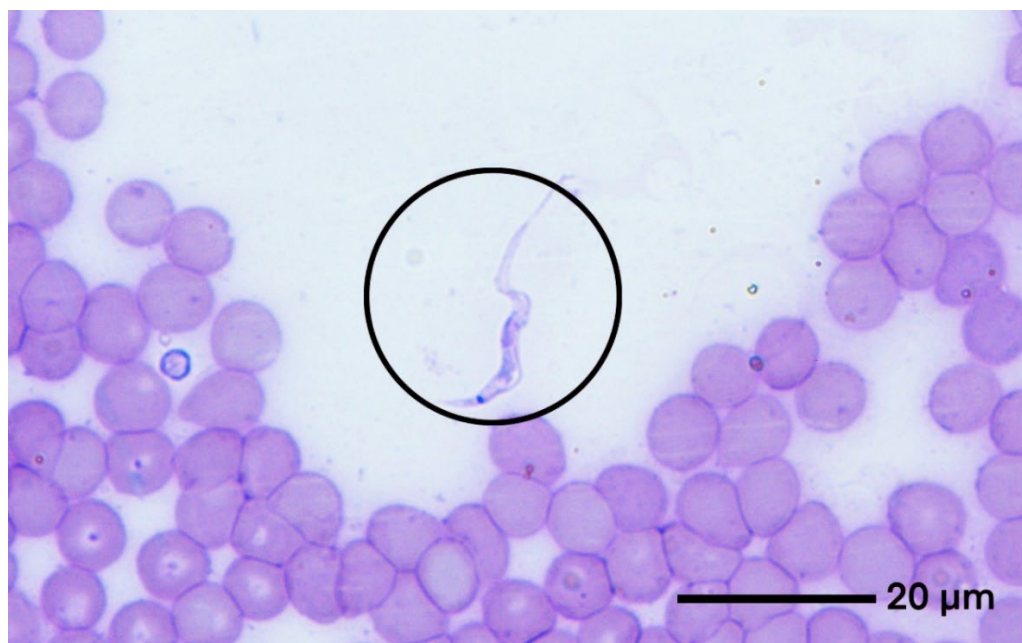


Рис. 3.1 Трипомастигота *T. grosi* у мазку крові, *A. agrarius* (зразок 1В)

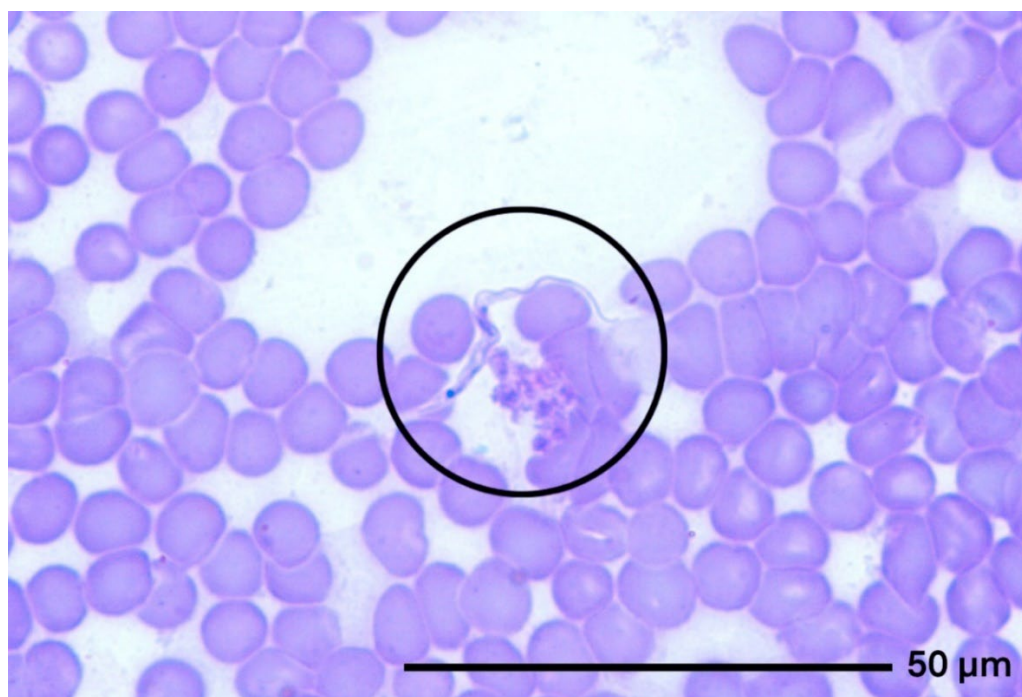


Рис. 3.2 Трипомастигота *T. grosi* із «розеткою» у мазку крові *A. agrarius* (зразок 7В)

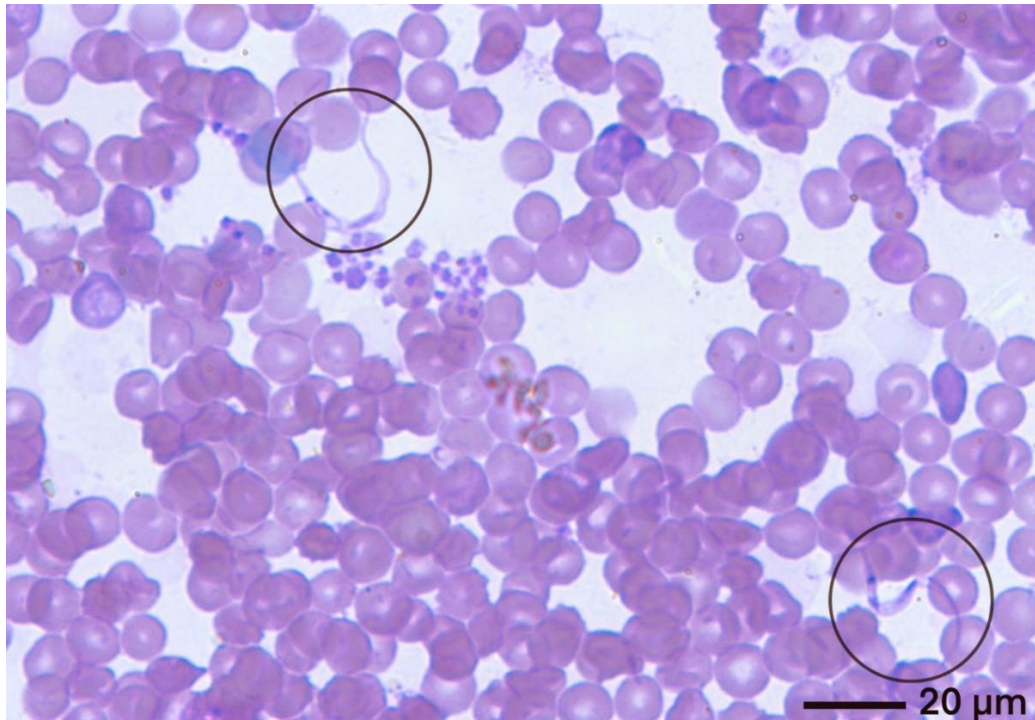


Рис. 3.3 Трипомастиготи *Trypanosoma* spp. у мазку крові *M. glareolus* (зразок 20-24к)

Збудників роду *Hepatozoon* виявлено у 14 гризунів зі 116 (12,07%; ДІ 7,33–19,24). У *M. glareolus* в 11 (♀n=4; ♂n=7) тварин з 31 (35,48%; ДІ 21,12–53,05), а у *A. flavicollis* в 3 (♀n=2; ♂n=1) з 49 (6,12% ДІ 2,10–16,52).

Також, здійснено вимірювання всіх гамонтів (n=219) гепатозоонів, виявлених під час мікроскопічного дослідження (див. Табл. 3.2). Морфологічний опис: збудник має продовгувату еліпсоподібну форму, з тонкою прозорою паразитиформною вакуолею. Всередині міститься велике ядро і дрібні цитоплазматичні гранули (див. Рис. 3.4).

Збудники переважно знаходяться в лейкоцитах (нейтрофіли, моноцити) хазяїв-носіїв, іноді зустрічаються поодинокі позаклітинні особини (див. Рис. 3.5).

В зразку 20-3к (♀ *M. glareolus* з «Чернечого лісу»), окрім гамонта *Hepatozoon* sp., розташованого всередині клітини лейкоцита, виявили також гамонт поза паразитиформною вакуолею: видовженої форми, довжина тіла – 14,95 мкм, довжина ядра – 6,02 мкм, ширина ядра – 2,42 мкм, (див. Рис. 3.6).

Таблиця 3.1

Проміри трипомастигот *Trypanosoma* spp. (n=126)

Вид гризуна	№ зразка	n <i>Trypanosoma</i> spp.	Параметр	PK	PN	KN	width	width-m	AN	AK	tL	FF	NL	NW
<i>Apodemus agrarius</i>	1B	13 <i>T. grosi</i> , PX973658	Mean, μm	4,71 \pm 0,82	11,35 \pm 1,15	5,89 \pm 1,69	2,04 \pm 0,42	1,09 \pm 0,32	10,08 \pm 1,46	19,19 \pm 2,17	32,59 \pm 1,95	8,23 \pm 1,37	2,92 \pm 0,38	0,99 \pm 0,18
			Min., μm	2,88	8,05	2,1	1,36	0,63	6,95	13,62	27,52	5,96	2,16	0,73
			Max., μm	5,8	12,77	7,75	2,81	1,77	11,8	21,76	34,76	9,74	3,59	1,4
	7B	4 <i>T. grosi</i> , PX973658	Mean, μm	3,3 \pm 0,58	11,8 \pm 0,56	8,31 \pm 0,68	2,29 \pm 0,4	1,37 \pm 0,55	8,07 \pm 1,23	18,87 \pm 1,66	31,17 \pm 1,26	8,05 \pm 1,27	3,24 \pm 0,62	1,14 \pm 0,26
			Min., μm	2,68	11,47	7,31	1,74	0,85	6,88	17,12	29,85	6,77	2,33	0,84
			Max., μm	3,9	12,64	8,84	2,69	2,08	9,49	20,33	32,64	9,79	3,64	1,46
	12B	6 <i>T. grosi</i> , PX973658	Mean, μm	3,71 \pm 0,78	11,18 \pm 1,28	7,44 \pm 1,19	2,12 \pm 0,36	1,18 \pm 0,51	8,15 \pm 2,85	18,1 \pm 3,45	28,92 \pm 3,96	6,72 \pm 1,52	2,88 \pm 0,38	1,1 \pm 0,29
			Min., μm	3,01	9,25	5,3	1,74	0,74	4,9	13,5	24,43	4,84	2,32	0,72
			Max., μm	4,79	12,54	8,79	2,72	2,12	11,25	21,96	33,41	8,3	3,31	1,56
Mean, μm				4,2 \pm 0,94	11,39 \pm 1,07	6,72 \pm 1,68	2,11 \pm 0,39	1,16 \pm 0,4	9,23 \pm 2,01	18,85 \pm 2,37	31,38 \pm 2,83	7,8 \pm 1,45	2,97 \pm 0,42	1,04 \pm 0,22
<i>Apodemus flavicollis</i>	20-15	1	μm	2,71	9,21	6,08	1,67	0,69	4,98	12,83	19,75	3,78	1,77	0,73
	20-20	11	Mean, μm	3,72 \pm 0,35	11,73 \pm 0,51	7,21 \pm 0,41	1,84 \pm 0,22	1,09 \pm 0,2	9,94 \pm 1,38	19,74 \pm 1,18	31,59 \pm 1	7,32 \pm 1,02	2,6 \pm 0,3	0,83 \pm 0,1
			Min., μm	3,33	11,04	6,69	1,58	0,76	7,28	17,26	30,04	5,97	2,05	0,72
Max., μm	4,65	12,66	7,85	2,22	1,38	11,55	21,62	33,16	9,04	3	0,98			
<i>Apodemus</i> sp.	C36	71	Mean, μm	4,11 \pm 0,9	12,48 \pm 1,31	7,71 \pm 1,05	2,22 \pm 0,35	1,18 \pm 0,28	10,47 \pm 2,02	21,1 \pm 2,09	33,31 \pm 2,33	7,42 \pm 1,5	2,95 \pm 0,57	1,01 \pm 0,22
			Min., μm	1,97	8,7	4,72	1,44	0,59	5,89	15,67	25,54	3,79	1,66	0,61
			Max., μm	6,34	15,63	10,97	3,26	1,9	14,65	25,14	37,24	10,16	4,38	1,64
<i>Myodes glareolus</i>	20-24k	20	Mean, μm	3,75 \pm 0,64	9,74 \pm 0,85	5,25 \pm 0,95	1,82 \pm 0,29	0,97 \pm 0,15	8,55 \pm 1,28	17,01 \pm 1,53	28,86 \pm 1,99	7,39 \pm 1,15	3,18 \pm 0,8	0,89 \pm 0,2
			Min., μm	2,36	8,09	4,25	1,25	0,66	5,78	14,54	25,23	5,38	1,92	0,61
			Max., μm	4,85	11,63	7,81	2,3	1,25	10,93	20,43	32,54	9,85	4,53	1,27

Примітка. PK – каудальний кінець–кінетопласт; PN – каудальний кінець–ядро; KN – кінетопласт–ядро, width – ширина тіла з ундулюючою мембраною, width-m – ширина тіла без ундулюючої мембрани, AN – передній кінець–ядро, AK – передній кінець–кінетопласт; tL – загальна довжина тіла, FF – вільний джгутик; NL – довжина ядра; NW – ширина ядра; Mean – середнє значення, Max – максимальне значення в зразку, Min – мінімальне значення в зразку.

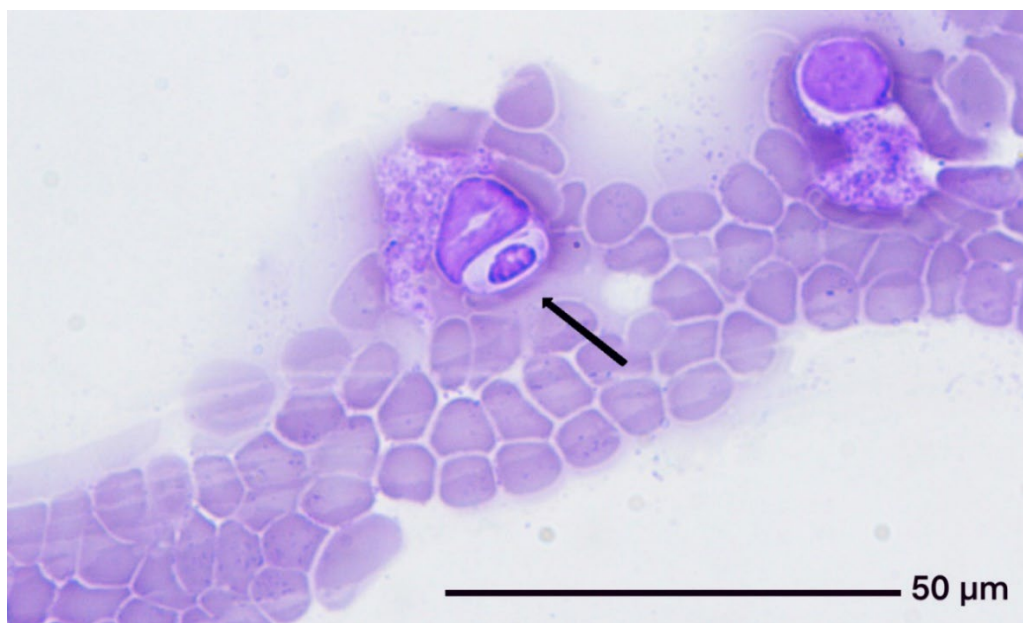


Рис. 3.4 Гамонт *Hepatozoon* sp. всередині лейкоцита у мазку крові *A. flavicollis* (зразок С30)

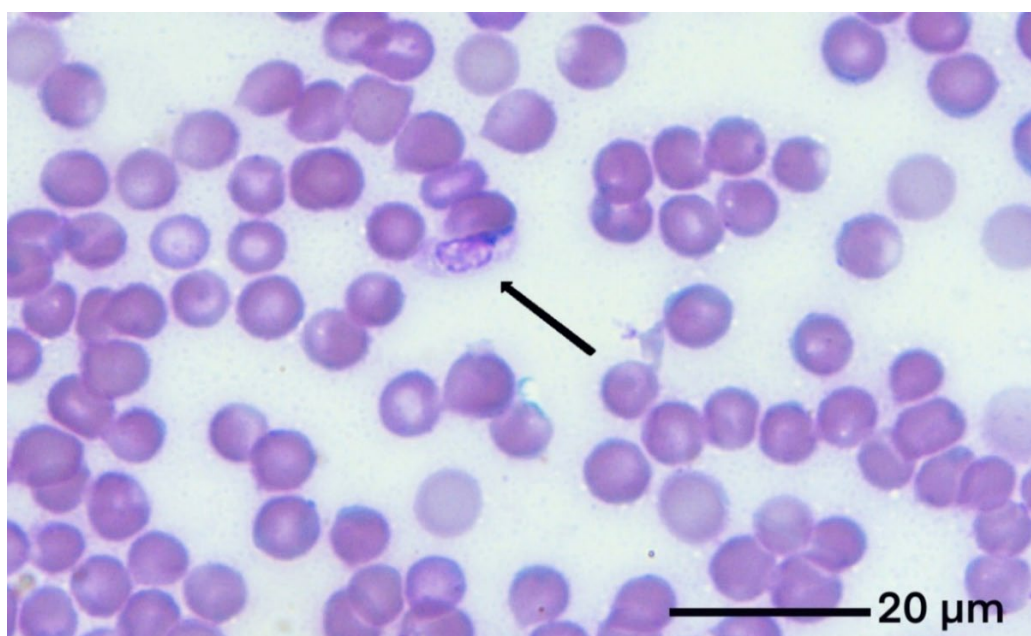


Рис. 3.5 Гамонт *Hepatozoon* sp. поза клітиною у мазку крові *M. glareolus* (зразок С2)

Таблиця 3.2

Проміри гамонтів *Hepatoozon* spp. (n=219)

Вид гризуна	№ зразка	n <i>Hepatoozon</i> spp.	Параметр	BL	BW	NL	NW
<i>Myodes glareolus</i>	20-3k	1	µm	10,16	3,99	4,55	2,26
	20-18k	5	Mean, µm	9,69±0,51	4,09±0,16	5,13±0,81	3,29±0,59
			Min., µm	9,14	3,83	4,24	2,8
			Max., µm	10,32	4,23	5,82	3,94
	20-23k	26	Mean, µm	9,22±0,72	4,07±0,5	4,65±0,85	2,47±0,41
			Min., µm	7,76	2,89	2,36	1,71
			Max., µm	10,5	4,93	6,45	3,31
	2MG2	3	Mean, µm	9,42±0,44	3,28±0,08	4,39±1,05	1,88±0,5
			Min, µm	9	3,19	3,27	1,38
			Max., µm	9,88	3,36	5,34	2,37
	3MG2	6	Mean, µm	9,83±1,73	3,67±0,39	4,75±0,57	2,71±0,35
Min, µm			6,6	3,1	4,08	2,31	
Max., µm			11,48	4,23	5,61	3,15	
C2	75	Mean, µm	10,48±0,72	3,97±0,36	4,98±0,55	2,76±0,35	
		Min, µm	9,12	3,32	3,71	1,79	
		Max., µm	11,94	4,74	7,09	3,84	
C24	62	Mean, µm	10,25±1,07	4,09±0,37	5,07±0,76	2,88±0,35	
		Min, µm	8,32	3,15	3,2	1,97	
		Max., µm	13,74	4,9	6,84	3,61	
MG8	3	Mean, µm	10,08±0,67	3,62±0,51	5,33±0,61	1,97±0,04	
		Min, µm	9,66	3,15	4,9	1,94	
		Max., µm	10,85	4,16	5,76	2	
MG9	3	Mean, µm	8,8±0,22	3,78±0,28	4,92±0,78	2,47±0,33	
		Min., µm	8,59	3,47	4,43	2,09	
		Max., µm	9,03	4,02	5,83	2,7	
MG14	4	Mean, µm	8,72±0,43	3,65±0,42	3,62±0,47	2,39±0,17	
		Min., µm	8,16	3,07	3,25	2,3	
		Max., µm	9,15	4,08	4,31	2,65	
Mean			µm	10,10 ± 1,0	3,99 ± 0,4	4,92 ± 0,72	2,73 ± 0,41
<i>Apodemus flavicollis</i>	20-17k	19	Mean, µm	10,77±0,47	4,49±0,37	5,12±0,7	2,72±0,49
			Min., µm	10,05	3,79	4,12	1,65
			Max., µm	11,64	5,27	6,9	3,74
	C27	2	Mean, µm	10,79±0,47	4,5±0,01	4,62±0,97	2,56±0,28
			Min., µm	10,46	4,5	3,93	2,37
			Max., µm	11,12	4,51	5,31	2,76
C30	10	Mean, µm	10,54±0,24	4,83±0,2	5,05±0,82	3,53±0,39	
		Min., µm	10,13	4,61	3,5	2,92	
		Max., µm	10,91	5,21	6,28	4,19	
Mean			µm	10,7 ± 0,41	4,6 ± 0,35	5,06 ± 0,74	2,97 ± 0,59

Примітка. BL (body length) – довжина гамонта; BW (body width) – ширина гамонта; NL (nucleus length) – довжина ядра; NW (nucleus width) – ширина ядра. Mean – середнє значення, Max – максимальне значення в зразку, Min – мінімальне значення в зразку.

В середньому параметри виявлених гамонтів всіх гризунів становлять: довжина – 10,18 мкм, ширина – 4,08 мкм, довжина ядра – 4,94 мкм, ширина ядра – 2,77 мкм, розмір гранул – 0,95 мкм, розмір паразитиформної вакуолі – 0,97 мкм.

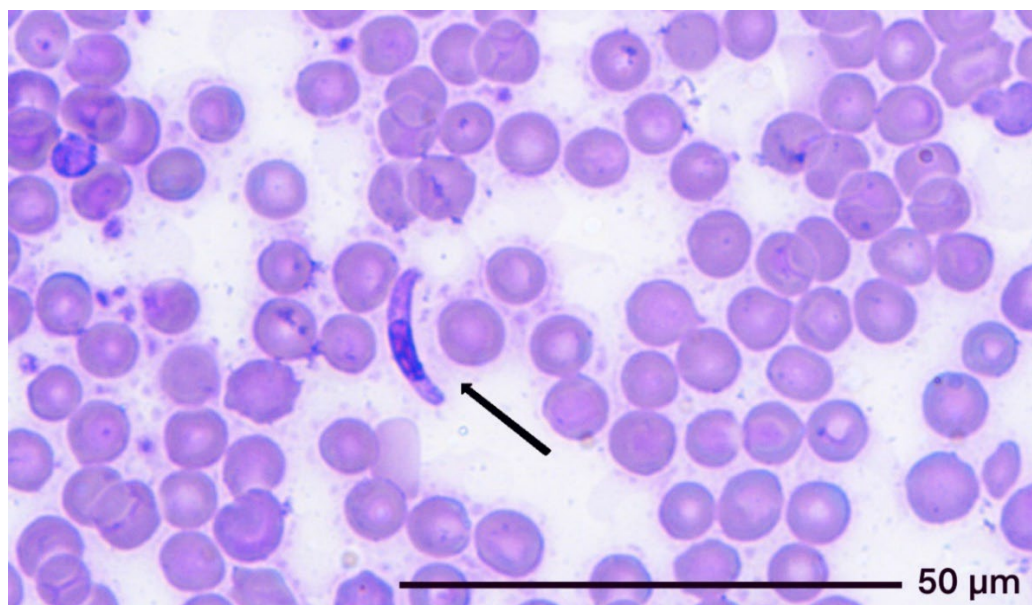


Рис. 3.6 Позаклітинний гамонт *Hepatozoon* sp. у мазку крові *M. glareolus* (зразок 20-3к)

Організми бактеріального походження (*Rickettsia* spp., *Bartonella* spp., *Mycoplasma* spp.) виявили у 75 (64,6%; ДІ 55,61–72,76) тварин зі 116 гризунів (Табл. 3.3). У *M. glareolus* в 23 (♀n=9; ♂n=14) з 31 (74,19%; ДІ 56,75–86,30), в *A. agrarius* у 13 (♀n=7; ♂n=6) з 19 (57,89%; ДІ 36,28–76,86), в *A. flavicollis* у 27 (♀n=17; ♂n=10) з 49 (55,10%; ДІ 41,31–68,15), в *A. sylvaticus* у 3 (♀n=1; ♂n=2) з 5, у *M. musculus* (♂n=1), в *A. uralensis* (♂n=1), у не ідентифікованих до виду 7 (♀n=4; ♂n=3) тварин з 10 (70,0%; ДІ 39,68–89,22) досліджених.

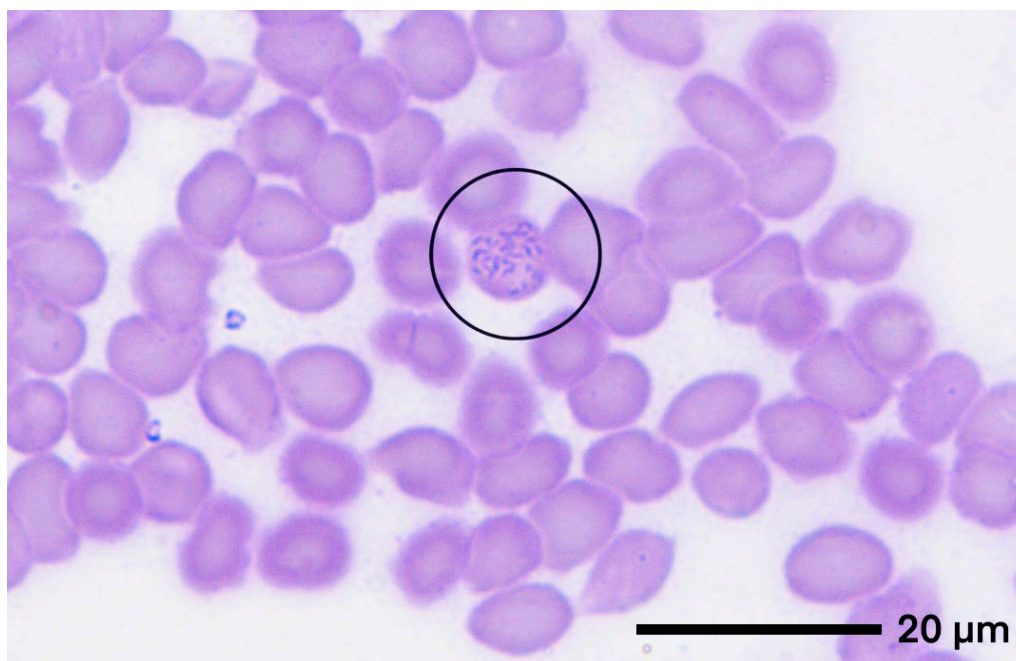


Рис. 3.7 Uncultured *Bartonella* sp. (генотип PZ020204) у мазку крові *A. sylvaticus* (зразок 6В)

Поширеність збудників за видами гризунів згідно мікроскопічного дослідження відображена у табл. 3.3, 3.6–3.8.

Отже, відповідно до результатів мікроскопічного дослідження поширеність збудників гризунів родин Muridae і Cricetidae становила: *Trypanosoma* spp. – 7,76%, *Hepatozoon* spp. – 12,07% і організмів бактеріального походження – 64,6%. Морфологічні параметри були виміряні для збудників родів *Trypanosoma* і *Hepatozoon*.

Таблиця 3.3

Поширеність паразитів і бактерій гризунів за результатами мікроскопічних досліджень

Вид гризуна	п тварин	<i>Trypanosoma</i> spp.		<i>Hepatozoon</i> spp.		<i>Rickettsia</i> spp., <i>Bartonella</i> spp., <i>Mycoplasma</i> spp.		<i>Ehrlichia</i> spp.	
		п позитивних	% (95% ДІ)	п позитивних	% (95% ДІ)	п позитивних	% (95% ДІ)	п позитивних	% (95% ДІ)
<i>Myodes glareolus</i>	31	3	9,68 (3,35-24,90)	11	35,5 (21,12-53,05)	23	74,19 (56,75-86,30)	2	6,45 (1,79-20,72)
<i>Apodemus agrarius</i>	19	3	15,8 (5,52-37,57)	0	0	13	68,42 (46,01-84,64)	1	5,26 (0,94-24,64)
<i>Apodemus flavicollis</i>	49	2	4,08 (1,13-13,71)	3	6,1 (2,10-16,52)	27	55,10 (41,31-68,15)	1	2,04% (0,36-10,69)
<i>Apodemus sylvaticus</i>	5	0	0	0	0	3	60,0 (23,07-88,24)	0	0
<i>Apodemus uralensis</i>	1	0	0	0	0	1	100 (20,65-100)	0	0
<i>Mus musculus</i>	1	0	0	0	0	1	100 (20,65-100)	0	0
Не ідентифіковані до виду	10	1	10,0 (1,79-40,42)	0	0	7	70,0 (39,68-89,22)	2	20,0 (5,67-50,98)
Всього	116	9	7,8 (4,14-14,09)	14	12,07 (7,33-19,24)	75	64,6 (55,61-72,76)	6	5,17 (2,39-10,83)

За результатами мікроскопічного дослідження фіксованих і пофарбованих мазків крові 293 мишоподібних гризунів родин Muridae і Cricetidae, відловлених у 2024 р. виявили наступні роди збудників паразитарного походження: *Trypanosoma*, *Hepatozoon*, *Babesia*, а також чисельні бактерії.

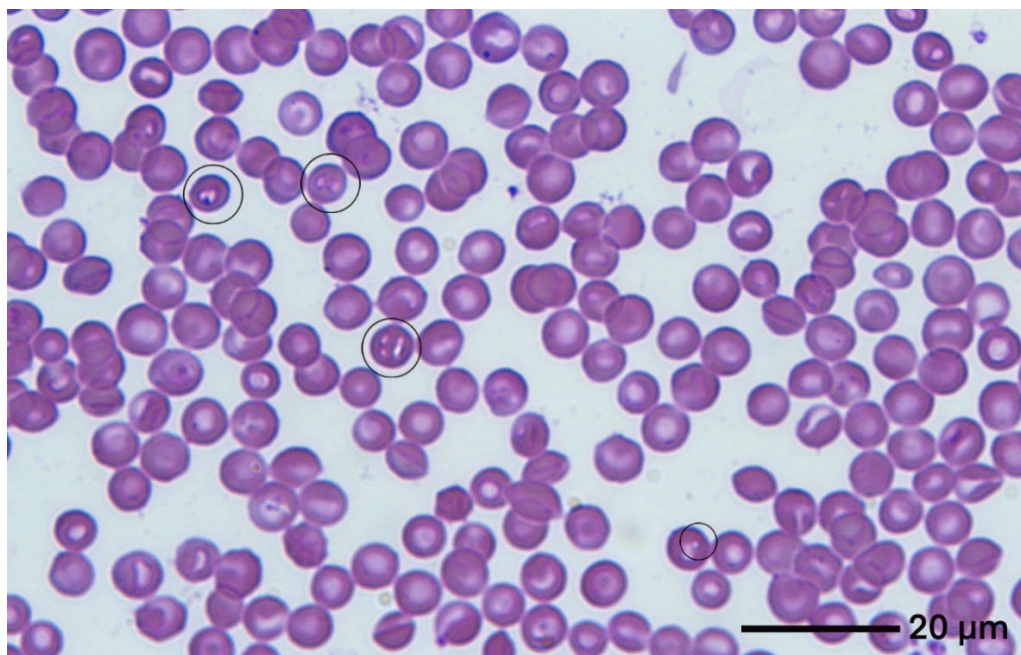


Рис. 3.8 *Babesia* spp. у мазку крові мишоподібного гризуна 2024 р. відлову на території ЧЗВ

Серед виявлених за морфологічними ознаками *Trypanosoma* spp. було 8 гризунів, що становить 2,73% (ДІ 1,28–5,12). При цьому *Hepatozoon* spp. вдалось ідентифікувати у 52 тварин (17,75%, ДІ 13,69–22,44), а *Babesia* spp. у 12 (4,10%, ДІ 2,24–6,86) (Рис. 3.8). Сумісну наявність збудників *Hepatozoon* spp. і *Babesia* spp. виявили у 1 тварини, що становило 0,34% (ДІ 0,02–1,67).

Поширеність паразитів і бактерій мишоподібних гризунів за результатами молекулярно-генетичного дослідження

З використанням полімеразної ланцюгової реакції пофарбовані мазки крові, зразки печінки і селезінки досліджено для 32 мишоподібних гризунів, серед яких *M. glareolus* (♀n=4; ♂n=1), *A. agrarius* (♀n=2; ♂n=6), *A. flavicollis* (♀n=8; ♂n=2; не ідентифікований до статі – 1), *A. sylvaticus* (♀n=3; ♂n=2), не ідентифіковані до виду (роду *Apodemus* (♀n=1, ♂n=1); роду *Microtus* (♀n=1)).

Тварин, у зразках яких виявляли позитивну реакцію до організмів паразитарного чи бактеріального походження, при дослідженні з використанням ПЛР, зазначено у табл. 3.4–3.5.

Так, у ДНК, ізольованій із мазків крові (n=10) гризунів вдалось виявити збудників наступних родів:

- *Trypanosoma* spp., в 4 з 10 тварин (40%; ДІ 16,82–68,73): *M. glareolus* (♀n=3) і *A. agrarius* (♂n=1),
- *Bartonella* spp. виявлено у 10 із 10 (100,0%; ДІ 72,25–100,0) досліджених тварин: *M. glareolus* (♀n=4), *A. agrarius* (♀n=2), *A. flavicollis* (♀n=2; ♂n=1) і у не ідентифікованого до виду гризуна роду *Microtus* (♀n=1).

Окрім того, ці зразки досліджено на наявність збудників родів *Hepatozoon*, *Babesia*, *Theileria*, *Cytauxzoon*, *Ehrlichia*, *Rickettsia*, *Mycoplasma*, однак результат ПЛР виявився негативним.

В 4 тварин (*M. glareolus* ♀n=3 і *A. agrarius* ♂n=1) виявлено одночасну наявність збудників двох родів – *Trypanosoma* spp. і *Bartonella* spp.

У ДНК, виділеній з печінки гризунів (n=24), виявили організми наступних родів:

- *Trypanosoma* spp., 5 з 24 тварин (20,83%; ДІ 9,24–40,47), серед яких *A. agrarius* (♀n=1; ♂n=3) і *A. flavicollis* (не встановлена стать n=1);
- *Mycoplasma* spp., 4 з 24 (16,67%; ДІ 6,68–35,85) тварин: *A. agrarius* (♀n=1; ♂n=2) і *A. flavicollis* (не встановлена стать n=1);

– *Bartonella* spp. у 19 з 24 тварин (79,17%; ДІ 59,53–90,76): *M. glareolus* (♂_n=1), *A. agrarius* (♂_n=2), *A. flavicollis* (♀_n=7; ♂_n=1; не ідентифікований до статі – 1), *A. sylvaticus* (♀_n=3; ♂_n=2) і у не ідентифікованих до виду гризунів роду *Apodemus* (♀_n=1; ♂_n=1);

– *Rickettsia* spp. в 1 з 24 (4,17%; ДІ 0,74–20,24) дослідженого *A. sylvaticus* (♀_n=1).

Усі зазначені зразки ДНК, виділені з печінки гризунів дослідили також на наявність збудників родів *Hepatozoon*, *Babesia*, *Theileria*, *Cytauxzoon*, *Toxoplasma*, *Ehrlichia*, однак результат ПЛР виявився негативним.

При цьому встановлено сумісну наявність паразитів та бактерій у тварин:

– *Trypanosoma* spp. і *Mycoplasma* spp. в *A. agrarius* (♀_n=1; ♂_n=1);

– *Trypanosoma* spp., *Mycoplasma* spp. і *Bartonella* spp. в *A. agrarius* (♂_n=1); *A. flavicollis* (не ідентифіковано до статі – n=1);

– *Bartonella* spp., *Rickettsia* spp. в *A. sylvaticus* (♀_n=1).

За результатами дослідження ДНК, отриманої з селезінки гризунів (n=20), виявлено паразитів і бактерій наступних родів:

– *Trypanosoma* spp. у 5 з 20 тварин (25,0%; ДІ 11,19–46,87) *A. agrarius* (♀_n=1; ♂_n=3) і *A. flavicollis* (не встановлена стать n=1);

– *Parabodo*-подібний spp. у 1 (5,0% ДІ 0,89–23,61) з 20 тварин;

– *Hepatozoon* spp., *Babesia* spp., *Theileria* spp., *Cytauxzoon* spp. у 10 (50,0% ДІ 29,93–70,07) з 20 тварин: *A. agrarius* (♀_n=2; ♂_n=3), *A. flavicollis* (♀_n=2; ♂_n=1; не встановлена стать n=1) і не встановленого до виду гризуна (♀_n=1);

– *Mycoplasma* spp. в 3 з 20 (15,0%; ДІ 5,24–36,04) тварин: *A. agrarius* (♂_n=1) і *A. flavicollis* (♂_n=1; не встановлено до статі n=1);

– *Bartonella* spp. у 11 з 20 тварин (55,0%; ДІ 34,21–74,18): *M. glareolus* (♂_n=1), *A. agrarius* (♂_n=1), *A. flavicollis* (♀_n=3; ♂_n=1), *A. sylvaticus* (♀_n=2; ♂_n=1) і у не встановленого до виду гризуна (♀_n=1; ♂_n=1).

За результатами ПЛР збудників родів *Ehrlichia* і *Rickettsia* не виявлено, аналогічно до *T. gondii*.

Результати дослідження за видами мишоподібних гризунів наведено в табл. 3.4–3.8.

У 12 тварин із 32 (37,5%; ДІ 22,93–54,75) за допомогою ПЛР та подальшого секвенування виявлено ДНК понад одного паразитарного або бактеріального організму (Табл. 3.6–3.8). Так, у *M. glareolus* (n=3) – *Trypanosoma* spp. і *Bartonella* spp. У *A. agrarius* (n=1) теж – *Trypanosoma* spp. і *Bartonella* spp.; У *A. agrarius* (n=2) – *Trypanosoma* spp., тип Apicomplexa (*Hepatozoon* spp., *Babesia* spp., *Theileria* spp., *Cytauxzoon* spp.), і *Mycoplasma*-подібні організми класу Mollicutes, а також в однієї тварини *A. agrarius* (n=1), окрім раніше перелічених організмів, додатково виявлено *Bartonella* spp. У *A. flavicollis* (n=4) встановлено наявність кількох організмів: у однієї тварини – *Bartonella* spp. і збудники типу Apicomplexa; в другій – *Bartonella* spp., збудники типу Apicomplexa і *Mycoplasma*-подібні організми класу Mollicutes; у третій – *Trypanosoma* spp., представників типу Apicomplexa, *Bartonella* sp.; у четвертій тварини – *Trypanosoma* sp., *Bartonella* sp., ДНК представників типу Apicomplexa і *Mycoplasma*-подібні організми класу Mollicutes. У гризуна роду *Apodemus* (n=1), вид якого ідентифікувати не вдалося, виявлено ДНК представників типу Apicomplexa (*Hepatozoon* spp.) і *Mycoplasma*-подібних організмів класу Mollicutes.

Отже, у всіх досліджених 32 мишоподібних гризунів шляхом ПЛР виявлено із перерахованих родів, принаймні, один організм. У гризунів найбільше організмів паразитарного та бактеріального походження вдалось виявити з ДНК селезінки. Фіксовані і пофарбовані тонкі мазки крові слугували також для виявлення збудників, серед яких вдалось виявити багато представників роду *Bartonella*.

Таблиця 3.4

Поширеність паразитів і бактерій у відповідності до видів гризунів за результатами ПЛР (без секвенування)

Вид тварини	п гризунів	п досліджених особин	п особин із <i>Trypanosoma</i> spp.	п особин із представниками типу Apicomplexa	п особин із організмами класу Mollicutes	п особин із <i>Bartonella</i> spp.	п особин із <i>Rickettsia</i> spp.
<i>Myodes glareolus</i>	31	5 (♀n=4; ♂n=1)	3 (♀n=3)	0	0	5 (♀n=4; ♂n=1)	0
<i>Apodemus agrarius</i>	19	8 (♀n=2, ♂n=6)	5 (♀n=1; ♂n=4)	5 (♀n=2; ♂n=3)	3 (♀n=1; ♂n=2)	3 (♂n=3)	0
<i>Apodemus flavicollis</i>	49	11 (♀n=8; ♂n=2; nd=1)	2 (nd=1)	4 (♀n=2; ♂n=1; nd=1)	2 (♂n=1; nd=1)	11 (♀n=8; ♂n=2; nd=1)	0
<i>Apodemus sylvaticus</i>	5	5 (♀n=3; ♂n=2)	0	0	0	5 (♀n=3; ♂n=2)	1 (♀n=1)
<i>Apodemus uralensis</i>	1	0	0	0	0	0	0
<i>Mus musculus</i>	1	0	0	0	0	0	0
не ідентифіковані	10	3 (♀n=2; ♂n=1)	0	1 (♀n=3)	0	3 (♀n=2; ♂n=1)	0
Всього	116	32	9 28,13% (15,56-45,37)	10 31,25% (17,95-48,57)	5 15,63% (6,86-31,75)	27 84,38% (68,25-93,14)	1 3,13% (0,55-15,74)

Примітка: **Hepatozoon* spp., *Babesia* spp., *Theileria* spp., *Cytauxzoon* spp.; nd – дані відсутні.

Таблиця 3.5

Тварини, у тканинах яких виявили позитивну реакцію за ПЛР

Вид гризуна	п досліджених особин	п особин із <i>Tyranosoma</i> spp.	п особин із збудниками типу Арісомплекса*	п особин із організмами класу Mollicutes	п особин із <i>Bartonella</i> spp.	п особин із <i>Rickettsia</i> spp.
<i>Myodes glareolus</i>	5	3 (із мазків крові)	0	0	4 (із мазків крові) 1 (з печінки та селезінки)	0
<i>Apodemus agrarius</i>	8	1 (із мазка крові) 4 (з печінки та селезінки)	5 (із селезінки)	1 (з печінки та селезінки) 2 (з печінки)	1 (із мазка крові) 1 (з мазка крові та печінки) 1 (з печінки та селезінки)	0
<i>Apodemus flavicollis</i>	11	1 (з печінки та селезінки)	4 (із селезінки)	1 (з печінки та селезінки) 1 (із селезінки)	2 (із мазків крові) 1 (із мазка крові та печінки) 4 (з печінки та селезінки) 4 (з печінки)	0
<i>Apodemus sylvaticus</i>	5	0	0	0	3 (з печінки та селезінки) 2 (з печінки)	1 (з печінки)
<i>Apodemus uralensis</i>	0	0	0	0	0	0
<i>Mus musculus</i>	0	0	0	0	0	0
не ідентифіковані	3	0	1 (із селезінки)	0	1 (із мазка крові) 2 (з печінки та селезінки)	0
Всього	32	9	10	5	27	1

Примітка: **Hepatozoon* spp., *Babesia* spp., *Theileria* spp., *Cytauxzoon* spp.

Таблиця 3.6

Поширеність паразитів і бактерій у *Myodes glareolus* (n=31) за результатами мікроскопії та ПЛР із подальшим секвенуванням

Паразит/бактерія		Всього	Місяць відлову			Стать		Вага		
			Липень	Вересень	Жовтень	самки	самці	до 15 г	15-21 г	21-27 г
Мікроскопія										
<i>Trypanosoma</i> spp.	n позитивних тварин /n досліджених тварин	3/31	2/11	0/8	1/12	3/14	0/17	1/2	0/17	2/11
	% (95% ДІ)	9,7 (2,5-24,1)	18,2 (3,2-48,3)	0	8,3 (0,4-34,8)	21,4 (5,8-48,0)	0	50 (2,5-97,5)	0	18,2 (3,2-48,3)
	p-значення	0,763	0,434			0,046		0,088		
<i>Hepatozoon</i> spp.	n позитивних тварин /n досліджених тварин	11/31	3/11	2/8	6/12	4/14	7/17	1/2	4/17	6/11
	% (95% ДІ)	35,5 (20,3-53,3)	27,3 (7,5-57,8)	25,0 (4,4-61,2)	50,0 (23,4-76,6)	28,6 (9,8-55,6)	41,2 (20,1-65,0)	50 (2,5-97,5)	23,5 (8,0-47,5)	54,5 (25,9-81,0)
	p-значення	0,001	0,430			0,482		0,343		

Продовження таблиці 3.6

ПЛР і подальше секвенування										
<i>Trypanosoma</i> sp./ <i>T. grosi</i> ; <i>Hepatozoon</i> spp.; <i>Mycoplasma</i> - подібні spp.	п позитивних тварин /п досліджених тварин	0/5	0/4	0/1	0/0	0/4	0/1	0/0	0/1	0/4
	<i>Bartonella</i> spp.	5/5	4/4	1/1	0/0	4/4	1/1	0/0	1/1	4/4
	% (95% ДІ)	100,0 (54,9- 100,0)	100,0 (47,3- 100,0)	100,0 (5,0- 100,0)	0	100,0 (47,3- 100,0)	100,0 (5,0- 100,0)	0	100,0 (5,0- 100,0)	100,0 (47,3- 100,0)
<i>p</i> -значення	<0,001	nd			0,453		nd			

Примітка: nd – дані відсутні

Таблиця 3.7

Поширеність паразитів і бактерій у *Apodemus agrarius* (n=19) за результатами мікроскопії та ПЛР із подальшим секвенуванням

Паразит/бактерія		Всього	Місяць відлову			Стать		Вага		
			Липень	Вересень	Жовтень	самки	самці	до 15 г	15-21 г	21-27 г
Мікроскопія										
<i>Trypanosoma</i> spp.	n позитивних тварин /n досліджених тварин	3/19	0/4	3/14	0/1	0/8	3/11	2/10	1/3	0/6
	% (95% ДІ)	15,8 (4,2-37,2)	0	21,4 (5,8-48,0)	0	0	27,3 (7,5-57,8)	20,0 (3,5-52,0)	33,3 (1,7-86,8)	0
	p-значення	0,763	0,574			0,120		0,420		
<i>Hepatozoon</i> spp.	n позитивних тварин /n досліджених тварин	0/19	0/4	0/14	0/1	0/8	0/11	0/10	0/3	0/6
ПЛР і подальше секвенування										
<i>Trypanosoma</i> sp./ <i>T. grosi</i>	n позитивних тварин /n досліджених тварин	4/8	0/1	4/7	0/0	1/2	3/6	2/4	1/2	1/2
	% (95% ДІ)	50,0 (18,4-81,6)	0	57,1 (21,6-87,7)	0	50,0 (2,5-97,5)	50,0 (14,7-85,3)	50,0 (9,4-90,6)	50,0 (2,5-97,5)	50,0 (2,5-97,5)
	p-значення	0,009	nd			1,0		1,0		

Продовження таблиці 3.7

<i>Hepatozoon</i> spp.	п позитивних тварин /п досліджених тварин	0/8	0/1	0/7	0/0	0/2	0/6	0/4	0/2	0/2
<i>Mycoplasma</i> - подібні spp.	п позитивних тварин /п досліджених тварин	2/8	0/1	2/7	0/0	0/2	2/6	2/4	0/2	0/2
	% (95% ДІ)	25,0 (4,4-61,2)	0	28,6 (5,1-67,0)	0	0	33,3 (6,0-73,8)	50,0 (9,4-90,6)	0	0
	<i>p</i> -значення	0,620	nd			0,420		0,363		
<i>Bartonella</i> spp.	п позитивних тварин /п досліджених тварин	3/8	1/1	2/7	0/0	0/2	3/6	1/4	1/2	1/2
	% (95% ДІ)	37,5 (10,6-72,2)	100,0 (5,0-100,0)	28,6 (5,1-67,0)	0	0	50,0 (14,7-81,3)	25,0 (1,3-75,8)	50,0 (2,5-97,5)	50,0 (2,5-97,5)
	<i>p</i> -значення	<0,001	nd			0,267		0,842		

Примітка: nd – дані відсутні

Таблиця 3.8

Поширеність паразитів і бактерій у *Apodemus flavicollis* (n=49) за результатами мікроскопії та ПЛР із подальшим підтвердженням секвенуванням

Паразит/бактерія		Всього	Місяць відлову			Стать			Вага			
			Липень	Вересень	Жовтень	самки	самці	nd	до 15 г	15-21 г	21-27 г	понад 27 г
Мікроскопія												
<i>Trypanosoma</i> spp.	п позитивних тварин /п досліджених тварин	2/49	0/8	1/20	1/21	0/30	1/18	1/1	1/8	0/12	1/12	0/17
	% (95% ДІ)	4,1 (0,7-12,8)	0	5,0 (0,2-22,3)	4,8 (0,2-21,3)	0	5,6 (0,3-24,5)	100,0 (5,0-100,0)	12,5 (0,6-48,0)	0	8,3 (0,4-34,8)	0
	p-значення	0,763	0,825			<0,001			0,375			
<i>Hepatozoon</i> spp.	п позитивних тварин /п досліджених тварин	3/49	1/8	2/20	0/21	2/30	1/18	0/1	0/8	2/12	1/12	0/17
	% (95% ДІ)	6,1 (1,6-15,8)	12,5 (0,6-48,0)	10,0 (1,7-29,3)	0	6,7 (1,1-20,3)	5,6 (0,3-24,5)	0	0	16,7 (2,9-49,1)	8,3 (0,4-34,8)	0
	p-значення	0,001	0,306			0,958			0,269			

Продовження таблиці 3.8

<i>Trypanosoma</i> sp./ <i>T. grosi</i>	п позитивних тварин /п досліджених тварин	1/11	0/2	1/9	0/0	0/8	0/2	1/1	0/2	1/5	0/3	0/1
	% (95% ДІ)	9,1 (0,5- 37,3)	0	11,1 (0,6- 48,0)	0	0	0	100 (5,0- 100,0)	0	20,0 (1,1- 70,1)	0	0
	<i>p</i> -значення	0,009	0,169			nd			0,812			
<i>Hepatozoon</i> spp.	п позитивних тварин /п досліджених тварин	2/11	0/2	2/9	0/0	1/8	1/2	0/1	1/2	0/5	0/3	1/1
	% (95% ДІ)	18,2 (3,2- 48,3)	0	22,2 (3,9- 56,2)	0	12,5 (0,6- 48,0)	50,0 (2,5- 97,5)	0	50,0 (2,5- 97,5)	0	0	100,0 (5,0- 100,0)
	<i>p</i> -значення	0,371	0,169			0,498			0,032			
<i>Mycoplasma</i> - подібні spp.	п позитивних тварин /п досліджених тварин	2/11	0/2	2/9	0/0	0/8	1/2	1/1	0/2	1/5	0/3	0/1
	% (95% ДІ)	18,2 (3,2- 48,3)	0	22,2 (3,9- 56,2)	0	0	50,0 (2,5- 97,5)	100 (5,0- 100,0)	0	20,0 (1,1- 70,1)	0	0
	<i>p</i> -значення	0,620	0,347			0,009			0,149			

Продовження таблиці 3.8

<i>Bartonella</i> spp.	п Позитивних тварин /п досліджених тварин	10/11	2/2	8/9	0/0	7/8	2/2	0/1	1/2	4/5	3/3	1/1
	% (95% ДІ)	90,9 (62,7- 99,6)	100,0 (22,4- 100,0)	88,9 (56,1- 99,4)	0	87,5 (52,0- 99,4)	100,0 (22,4- 100,0)	0	50,0 (2,5- 97,5)	80,0 (29,9- 98,9)	100,0 (36,8- 100,0)	100,0 (5,0- 100,0)
	<i>p</i> -значення	<0,001	0,347			nd			0,812			

Примітка: nd – дані відсутні

Отже, у всіх досліджених 32 мишоподібних гризунів шляхом ПЛР виявлено із перерахованих родів, принаймні, генотип одного організму. У гризунів найбільшу кількість організмів паразитарного та бактеріального походження різних родів вдалось виявити з ДНК селезінки. Фіксовані і пофарбовані тонкі мазки крові слугували також для виявлення збудників, серед яких вдалось виявити багато представників роду *Bartonella*. Також, було встановлено одночасну наявність збудників паразитарного і організмів бактеріального походження як за результатами мікроскопічного дослідження, так і за даними ПЛР із подальшим секвенуванням.

3.2 Порівняння мікроскопічних і молекулярних методів дослідження мишоподібних гризунів

У процесі нашого дослідження для виявлення збудників використовували як мікроскопічні так і молекулярно-генетичні методи дослідження.

Мікроскопічне дослідження потребує візуального виявлення збудника у мазку крові, що може забезпечити швидку первинну діагностику, однак чутливість такого дослідження може залежати від інтенсивності інвазії, паразитемії, також, ускладненою може бути ідентифікація збудників до виду через дуже подібну морфологію. Організми бактеріального походження особливо складно відрізнити між собою за морфологічними особливостями, або іноді неможливо через подібність до артефактів, включень, наявності фарби чи ін.

Мікроскопічне дослідження охоплювало вибірку тварин (n=116) 2019 і 2020 рр., а потім і 2024 р. відлову і дозволило оцінити різноманіття збудників якісно та кількісно.

Молекулярні методи дослідження, зокрема, полімеразна ланцюгова реакція і секвенування, є більш універсальними, оскільки дають можливість використати

різні тканини досліджуваних тварин, мають високу чутливість і можливість генетичної ідентифікації збудника, однак, потребують вмінь, спеціального обладнання, а також часу, необхідного для дослідження, є тривалішими, а сама процедура дороговартіснішою.

ПЛР і подальше секвенування забезпечили можливість виділення і ідентифікації генотипів паразитарного та бактеріального походження, а також допомогли виявити дані організми у тварин, в яких їх не було помічено за мікроскопії.

Для порівняння методів вибрано тварин виловлених у 2019-2020 рр., для яких використовувались обидва методи дослідження (n=32). Встановлено, як випадки узгодження результатів мікроскопічного дослідження та ПЛР, коли позитивні результати отримано обома методами, так і випадки їхньої розбіжності.

Узгоджувались наступні позитивні результати мікроскопії до позитивних результатів ПЛР: *Trypanosoma* spp. 5 з 9 (20-21k – *M. glareolus*; 1В, 2В, 7В, 12В в *A. agrarius*; 11В в *A. flavicollis*), *Rickettsia* spp. 1 з 1 (зразок 3В – *A. sylvaticus*);

Отже, частина збудників виявлених під час ПЛР, не була виявлена за результатами мікроскопії, що може бути пов'язано із низьким рівнем паразитемії або відсутністю циркуляції збудника у кровоносному руслі на момент відбору зразків крові у відповідності до життєвих циклів розвитку.

Водночас мікроскопічно позитивні зразки не підтверджувалися методом ПЛР, що може бути зумовлено такими обставинами, як наявність інгібіторів реакції, тканинна специфічність (тропізм) збудників і відповідно низька концентрація ДНК збудника в досліджуваному органі чи його відсутність.

Неузгоджені випадки, де позитивні зразки за мікроскопічним дослідженням і негативні за результатами ПЛР: тип Apicomplexa (*Hepatozoon* spp., *Babesia* spp., *Theileria* spp., *Cytauxzoon* spp.) – *Hepatozoon* spp. (n=3).

Отже, наведені вище розбіжності в результатах мікроскопічного дослідження і ПЛР підтверджують доцільність використання обох методів дослідження.

3.3 Поширеність паразитів і бактерій мишоподібних гризунів залежно від рівня забрудненості території

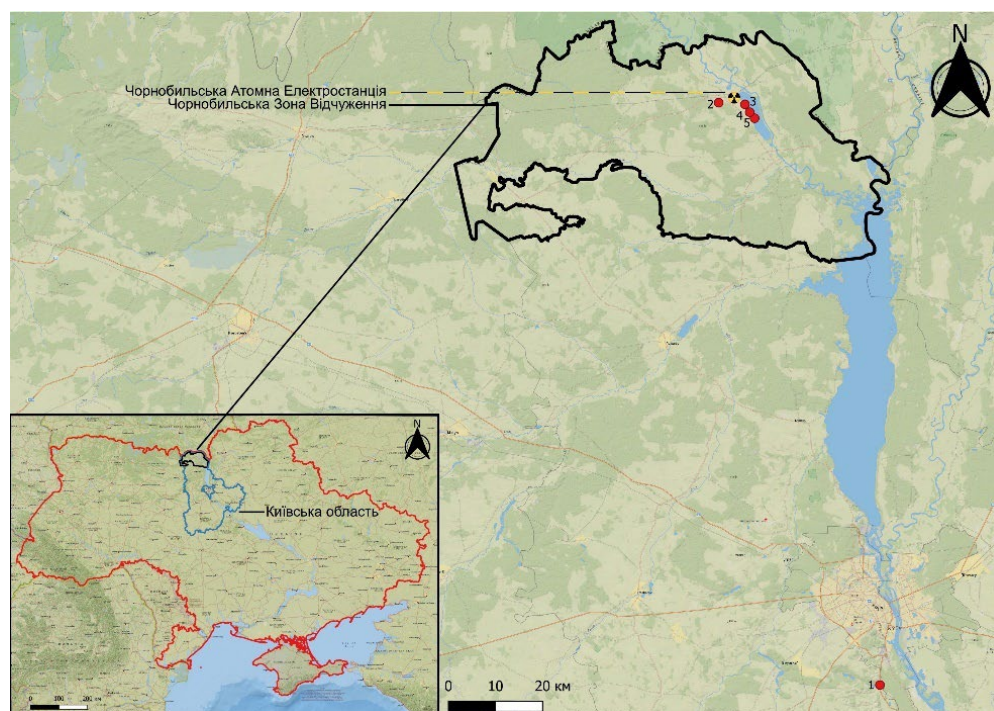


Рис. 3.9 Місця відлову гризунів родин Muridae і Cricetidae на території Київської області: 1 – заказник «Чернечий ліс» ($50^{\circ}17'22.3''$ N, $30^{\circ}31'19.91''$ E), між селами Ходосівка та Лісники, 2 – ПТЛРВ «Рудий ліс» ($51^{\circ}23'39.0''$ N, $30^{\circ}03'36.0''$ E) на півдні від с. Янів, 3 – полігон I ($51^{\circ}21'38.6''$ N, $30^{\circ}08'23.50''$ E) на береговій лінії водойми-охолоджувача ДСП ЧАЕС, 4 – полігон II ($51^{\circ}22'20.60''$ N, $30^{\circ}08'26.94''$ E) на береговій лінії водойми-охолоджувача ДСП ЧАЕС, 5 – полігон III ($51^{\circ}21'04.81''$ N, $30^{\circ}09'29.46''$ E) на дамбі першої черги водойми-охолоджувача ДСП ЧАЕС і осушеній гарячій частині ложа водойми-охолоджувача.

Чотири з п'яти місць відлову тварин розташовані на території ЧЗВ, а саме «Рудий ліс» (n=20), полігон I (n=11), полігон II (n=24) і полігон III (n=19).

Водночас тварини з контрольної групи (n=42) виловлені в «Чернечому лісі», що знаходиться за понад 100 км від ЧЗВ (Рис. 3.9).

Рисунок 3.9 відображає всі місця відлову мишоподібних гризунів, використані у дослідженні поширеності паразитів і бактерій. Водночас детальне порівняння рівнів радіонуклідного забруднення території проведено для полігонів I–III, для яких були наявні відповідні радіобіологічні дані.

Потужність експозиційної дози (ПЕД) γ -випромінювання (1 м над поверхнею землі), щільність потоку β -частинок (5 см над поверхнею ґрунту), радіонуклідний склад ґрунту і щільність радіонуклідного забруднення території є типовими показниками радіаційного стану на місцевості (Burdo et al., 2020; Lypska et al., 2022). Так, потужність експозиційної дози γ -випромінювання становила для полігону I – $0,37 \pm 0,07$ мР/год, полігону II – $0,22 \pm 0,03$ мР/год, полігону III – $0,93 \pm 0,44$ мР/год. Щільність потоку β -частинок становила для полігону I – $688,00 \pm 232,18$ імп см⁻² хв⁻¹, для полігону II – $115,00 \pm 43,98$ імп см⁻² хв⁻¹, для полігону III – $254,00 \pm 141,03$ імп см⁻² хв⁻¹.

Максимальне значення потужності експозиційної дози γ -випромінювання (ПЕД γ , мР/год) були зафіксовані на полігоні II, тоді як найбільшу густину потоку β -частинок (ПЕД β , мР/год) спостерігали на полігоні I (Рис. 3.10).

Результати вимірювань, представлені на рис. 3.10, вказують на те, що просторовий розподіл ПЕД γ і щільність потоку β -частинок характеризуються широким діапазоном варіації (Lypska et al., 2022; Lypska et al., 2023).

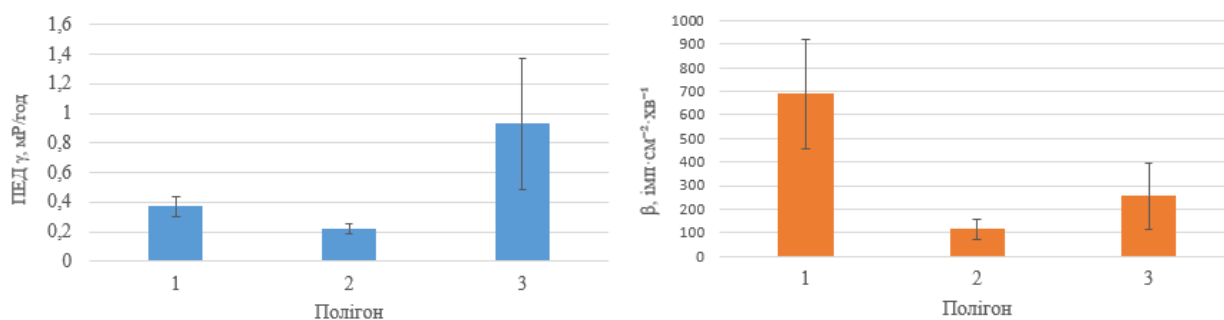


Рис. 3.10 Показники експозиційної дози γ -випромінювання і щільності потоку β -частинок в місцях відлову тварин (по 50 точок на кожній ділянці) (середнє значення \pm стандартне відхилення).

Дослідження верхніх шарів ґрунту за допомогою γ -спектрометричних (^{137}Cs , ^{241}Am) і β -спектрометричних (^{90}Sr) досліджень показали, що місця відлову тварин містять нерівномірний розподіл радіонуклідів в поверхневому шарі ґрунту.

Щільність забруднення ґрунту радіонуклідом ^{137}Cs становила $8,16 \div 10,23$ МБк/м² (полігон I), $1,32 \div 2,20$ МБк/м² (полігон II) і $3,35 \div 6,51$ МБк/м² (полігон III). Щільність забруднення ^{90}Sr знаходилась в межах $5,44 \div 9,35$ МБк/м² (полігон I), $0,76 \div 1,25$ МБк/м² (полігон II), $1,33 \div 4,74$ МБк/м² (полігон III). Щільність радіонуклідного забруднення ґрунту ^{241}Am сягала $0,72 \div 0,91$ МБк/м² (полігон I), $0,15 \div 0,21$ МБк (полігон II) і $0,22 \div 0,54$ МБк/м² (полігон III) (Lypska et al., 2023).

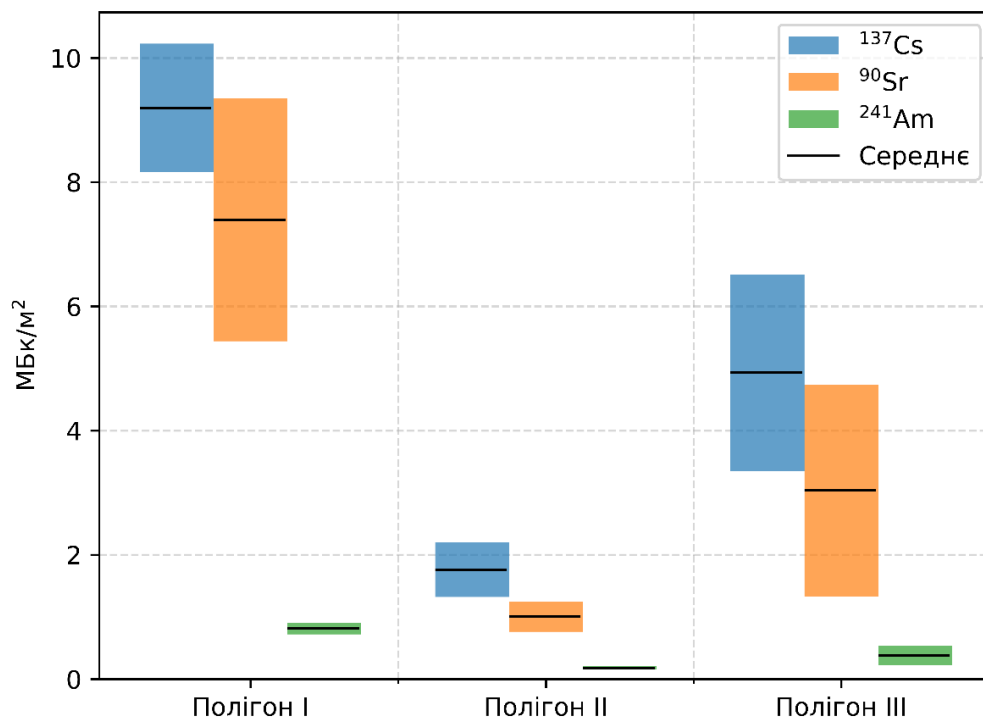


Рис. 3.11 Щільність забруднення ґрунту (МБк/м²) в місцях відлову гризунів.

Отже, щільність забруднення ґрунту за всіма дослідженими радіонуклідами виявилась найвищою в умовах полігону I. Проміжне місце займав полігон III, а найнижча щільність забруднення ґрунту встановлена на полігоні II. Щільність забруднення ґрунту ^{137}Cs полігону I виявилась вищою у 5,6 разів у порівнянні із полігоном II і у 1,9 рази із полігоном III, для радіонукліду ^{90}Sr – у 7,5 і 2,5 рази відповідно, а для ^{241}Am – у 5,2 і 2,9 рази відповідно (Липська та ін., 2022; Lypska et al., 2023).

Також, відомо, що рівень забруднення радіонуклідами полігонів I, II і III нижчий в порівнянні із «Рудим лісом», де значення станом на 2020 рік для ^{137}Cs перевищували 50 МБк/м², а для ^{90}Sr – понад 10 МБк/м² (Igarashi et al., 2024).

На основі одного із радіонуклідів (^{137}Cs) була виміряна поглинута доза серед різних видів гризунів родин Muridae і Cricetidae.

Значення інкорпорованого ^{137}Cs для *M. glareolus* становили: для полігону I – 8,24 кБк/кг, полігону II – 5,36 кБк/кг і полігону III – 16,07 кБк/кг; для *A. agrarius*:

полігон II – 19,61 кБк/кг і полігон III – 34,57 кБк/кг; для *A. flavicollis*: полігон I – 12,0 кБк/кг, полігон II – 12,72 кБк/кг і полігон III – 20,63 кБк/кг, а для *A. sylvaticus*: полігон II – 9,42 кБк/кг і полігон III – 9,01 кБк/кг.

Найбільша поглинута доза даного радіонукліду зустрічалась у *A. flavicollis*, дещо менша – в *A. agrarius*, а у *M. glareolus* цей показник виявився найменшим (Lypska et al., 2023).

З даних, представлених на рис. 3.12 видно, що різний рівень радіонуклідного забруднення на полігонах корелює із відмінностями в накопиченні радіонуклідів в організмі тварин відповідних полігонів. Встановлено високу міжвидову варіабельність вмісту інкорпорованого ^{137}Cs , зокрема, в межах одного полігону. Найвищий вміст ^{137}Cs реєстрували на полігоні I. Статистично вірогідних відмінностей у рівнях накопичення на полігоні II і III зареєстровано не було (Липська та ін. 2022; Lypska et al., 2023).

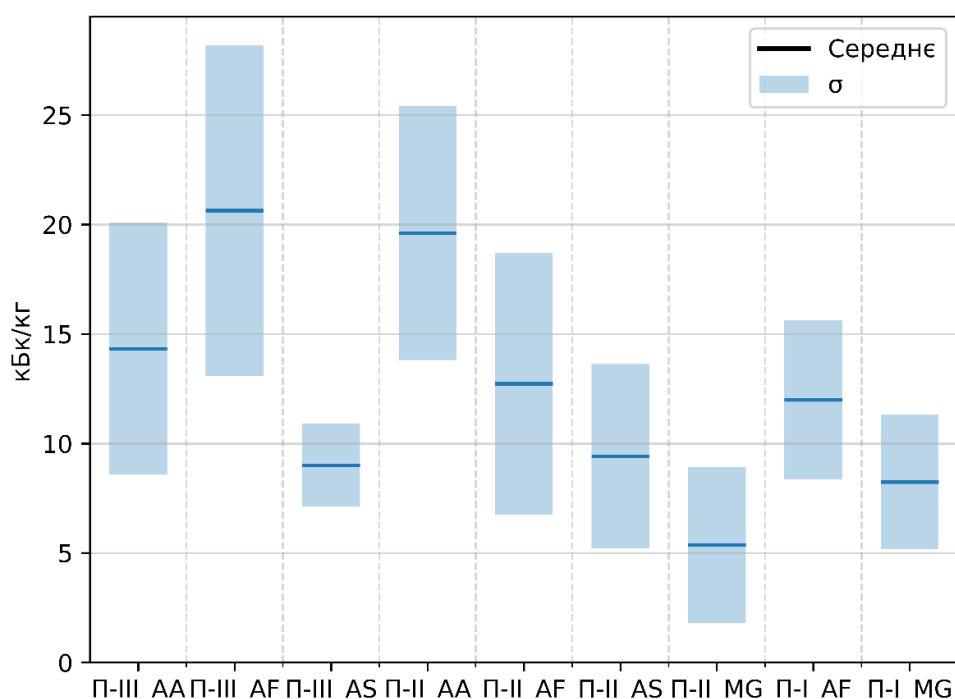


Рис. 3.12 Питома активність (кБк/кг) інкорпорованого радіонукліду ^{137}Cs в залежності від виду гризунів (MG – *M. glareolus*, AA – *A. agrarius*, AF – *A. flavicollis*, AS – *A. sylvaticus*, П-I – полігон I, П-II – полігон II, П-III – полігон III; σ – стандартне відхилення).

Також, ми дослідили поширеність організмів паразитарного і бактеріального походження гризунів залежно від рівня забрудненості території (див. Табл. 3.9–3.10).

Серед *M. glareolus* контрольної групи і полігону I майже відсутня різниця в поширеності збудників роду *Hepatozoon*. Серед гризунів виду *A. flavicollis* поширеність *Hepatozoon* spp. на полігоні I в 3,7 рази вища за контрольну групу.

В *A. flavicollis*, виловлених на території «Рудого лісу», виявили *Trypanosoma* sp. в 5,3% досліджених особин і в 14,3% виловлених на полігоні II. Водночас, у контрольній групі тварин шляхом мікроскопії збудників виявлено не було.

За допомогою ПЛР виявлено, що поширеність серед гризунів збудників роду *Bartonella* на полігоні II є вдвічі нижчою від полігону III і контрольної групи. Також, в контрольній групі тварин виділено один генотип (PZ020206) збудника роду *Bartonella*, а решту генетичних варіантів виявлено у гризунів із ЧЗВ. Генотип, що має зоонозний потенціал (PZ020204) виділено в чотирьох тварин із полігону II, серед *A. flavicollis* (n=2) і *A. sylvaticus* (n=2).

За результатами ПЛР-дослідження найвищу поширеність *T. grosi* та *Mycoplasma*-подібних бактерій було виявлено серед гризунів із полігону II – 41,7% і 33,3% відповідно. При цьому зазначена ділянка характеризувалася найнижчим рівнем радіоактивного забруднення з-поміж всіх чотирьох дослідних локацій ЧЗВ.

Таблиця 3.9

Поширеність паразитів і бактерій у гризунів за результатами мікроскопії залежно від місця відлову (*Mg* – *Myodes glareolus*, *Af* – *Apodemus flavicollis*, *Aa* – *Apodemus agrarius*, *As* – *Apodemus sylvaticus*, *Au* – *Apodemus uralensis*, *Mm* – *Mus musculus*, ND – не ідентифіковані)

Місце відлову	n тварин	<i>Trypanosoma</i> spp.			<i>Hepatozoon</i> spp.		
		n позитивних тварин	% (95 % ДІ)	p-значення	n позитивних тварин	% (95 % ДІ)	p-значення
Рудий ліс (місяць відлову - жовтень)	20 (19 <i>Af</i> , 1 ND)	1	5,0 (0,2-22,3)	1,0	0	0	0,453
	19 <i>Af</i>	1	5,3 (0,3-23,3)		0	0	
Полігон I (місяць відлову - вересень)	11 (5 <i>Mg</i> , 6 <i>Af</i>)	0	0	0,128	4	36,4 (12,8-66,4)	0,01
	6 <i>Af</i>	0	0		2	33,3 (6,0-73,8)	
	5 <i>Mg</i>	0	0		2	40 (7,3-81,8)	
Полігон II (місяць відлову – вересень)	24 (2 <i>Mg</i> , 7 <i>Af</i> , 12 <i>Aa</i> , 2 <i>As</i> , 1 ND)	5	20,8 (8,1-40,3)	0,546	0	0	0,023
	7 <i>Af</i>	1	14,3 (0,7-53,0)		0	0	
	12 <i>Aa</i>	3	25 (6,8-54,1)		0	0	
	2 <i>Mg</i>	0	0		0	0	

Продовження таблиці 3.9

Полігон III (місяць відлову – вересень)	19 (1 <i>Mg</i> , 6 <i>Af</i> , 3 <i>Aa</i> , 3 <i>As</i> , 1 <i>Au</i> , 5 ND)	0	0	1,0	0	0	0,023
	6 <i>Af</i>	0	0		0	0	
	3 <i>Aa</i>	0	0		0	0	
Чернечий ліс	42 (23 <i>Mg</i> , 11 <i>Af</i> , 4 <i>Aa</i> , 1 <i>Mm</i> , 3 ND)	3	7,1 (1,8-18,2)	nd	10	23,8 (12,8-38,4)	nd
	11 <i>Af</i>	0	0		1	9,1 (0,5-37,3)	
	4 <i>Aa</i>	0	0		0	0	
	23 <i>Mg</i>	3	13,0 (3,4-31,5)		9	39,1 (21,1-59,8)	
(місяць відлову – липень)	25 (11 <i>Mg</i> , 8 <i>Af</i> , 4 <i>Aa</i> , 1 <i>Mm</i> , 1 ND)	2	8,0 (1,4-24,0)	nd	4	16,0 (5,3-34,2)	nd
(місяць відлову – жовтень)	17 (12 <i>Mg</i> , 3 <i>Af</i> , 2 ND)	1	5,9 (0,3-25,8)	nd	6	35,3 (15,7-59,5)	nd
Всього	116	9	7,8 (3,9-13,8)	nd	14	12,1 (7,0-19,0)	nd

Примітка: nd – дані відсутні

Таблиця 3.10

Поширеність паразитів і бактерій у гризунів за результатами ПЛР із подальшим секвенуванням залежно від місця відлову (*Mg* – *Myodes glareolus*, *Af* – *Apodemus flavicollis*, *Aa* – *Apodemus agrarius*, *As* – *Apodemus sylvaticus*, *Au* – *Apodemus uralensis*, *Mm* – *Mus musculus*, ND – не ідентифіковані)

Місце відлову	n тварин	<i>T. grosi</i>			<i>Hepatozoon</i> spp.			<i>Mycoplasma</i> -подібні (Mollicutes) spp.			<i>Bartonella</i> spp.		
		n позитивних тварин	% (95 % ДІ)	<i>p</i> -значення	n позитивних тварин	% (95 % ДІ)	<i>p</i> -значення	n позитивних тварин	% (95 % ДІ)	<i>p</i> -значення	n позитивних тварин	% (95 % ДІ)	<i>p</i> -значення
Полігон П (місяць відлову – вересень)	12 (4 <i>Af</i> , 6 <i>Aa</i> , 2 <i>As</i>)	5	41,7 (17,2-69,8)	0,055	2	16,7 (2,9-45,1)	0,495	4	33,3 (11,6-62,3)	0,117	6	50,0 (23,4-76,6)	0,042
	4 <i>Af</i>	1	25,0 (1,3-75,8)		0	0		1	25,0 (1,3-75,8)		4	100,0 (47,3-100,0)	
	6 <i>Aa</i>	4	66,7 (26,2-94,0)		0	0		3	50,0 (14,7-85,3)		1	16,7 (0,8-59,1)	

Продовження таблиці 3.10

Полігон III (місяць відлову – вересень)	12 (1 <i>Mg</i> , 5 <i>Af</i> , 1 <i>Aa</i> , 3 <i>As</i> , 2 ND)	0	0	1,0	0	0	1,0	0	0	1,0	12	100,0 (77,9- 100,0)	1,0
	5 <i>Af</i>	0	0		0	0		0	0		0	5	
Чернечий ліс	8 (4 <i>Mg</i> , 2 <i>Af</i> , 1 <i>Aa</i> , 1 ND)	0	0	nd	0	0	nd	0	0	nd	8	100,0 (68,8- 100,0)	nd
	4 <i>Mg</i>	0	0		0	0		0	0		0	4	
Всього	32	5	15,6 (6,0-31,3)	2	6,3 (1,1-19,2)	4	12,5 (4,1-27,5)	26	81,3 (65,0-92,0)				

Примітка: nd – дані відсутні

Отже, на основі радіометричних досліджень встановлено, що досліджувані місця вилову тварин істотно відрізняються за радіаційними умовами. Встановлено, що радіоактивна забрудненість ґрунту на дослідних полігонах в основному зумовлена наявністю радіонуклідів ^{137}Cs , ^{90}Sr і ^{241}Am (Lypska et al., 2022; Lypska et al., 2023). Рівень радіоактивного забруднення різнився в залежності від виду мишоподібних гризунів і місць їх відлову. За допомогою спектрометричного дослідження знайдено суттєві відмінності в накопиченні радіонукліду ^{137}C між різними видами мишоподібних гризунів, які знаходились на одній території. Оцінка поширеності збудників у організмі хазяїв з місцевості, що знаходиться під постійним впливом радіації, є інструментом для розуміння потенційної небезпеки виникнення зоонозів і впливу забруднення як на організм гризунів, так і на поширеність організмів паразитарного і бактеріального походження.

3.4 Морфологічні показники крові мишоподібних гризунів залежно від рівня ураженості збудниками паразитарного походження

За допомогою гематологічного аналізатора здійснено аналіз крові 67 мишоподібних гризунів виловлених у 2019-2020 роках: полігон I (n=10), полігон II (n=23), полігон III (n=19), «Чернечий ліс» (n=15).

Встановлено, що абсолютна кількість лейкоцитів в їх крові незначно перевищувала верхню межу фізіологічних параметрів у тварин, що перебували на полігоні I і II. При цьому, в мишоподібних гризунів з контрольної групи відмічали, що кількість цих клітин відповідала діапазону референтних значень і була істотно меншою порівняно із гризунами з полігонів I–III, відповідно у 2,8 рази, 2,7 і 2,2 рази.

У всіх гризунів контрольної групи спостерігалася відповідність значень абсолютної кількості лімфоцитів, моноцитів і гранулоцитів в крові діапазону референтних значень.

При цьому у тварин контрольної групи в порівнянні з тваринами, виловленими на полігонах I–III, абсолютна кількість лімфоцитів була відповідно в 1,7, 1,8 і 1,7 разів меншою. У тварин із контролю ці дані відповідали діапазону референтних значень.

Водночас у тварин контрольної групи абсолютна кількість моноцитів вирізнялася значеннями в 13,3 рази, 10,7 і 9,3 рази нижчими за такі у гризунів із полігонів I–III відповідно. Подібну тенденцію спостерігали у тварин контрольної групи із абсолютною кількістю гранулоцитів, а саме: менші значення показника, відповідно у 10,4 рази, 7,7 і 4,9 рази порівняно з такими у тварин з полігонів I–III.

Відносна ж кількість лімфоцитів у тварин усіх груп була у межах референтних значень, проте відрізнялась у тварин із полігонів II і III від контрольної групи на 23,52% і 28,98% відповідно.

Відносна кількість моноцитів вища у 3,2, 2,7 і 3,0 рази у мишоподібних I–III полігонів відповідно у порівнянні з тваринами контрольної групи.

Відносна кількість гранулоцитів була у межах референтних значень для усіх дослідних груп тварин, окрім тварин полігону I. При цьому цей показник у тварин II і III полігону у 2,2 і 2,5 разів вищий за показник тварин контрольної групи.

Показник середнього об'єму еритроцитів (MCV) і показник середнього вмісту гемоглобіну в еритроциті (MCH) були вищими у мишоподібних гризунів із полігонів водойми-охолоджувача, і знаходились у межах референтних значень.

Середня концентрація гемоглобіну в еритроцитах знаходилась в межах референтних значень як у контрольній, так і у дослідних групах тварин, та виявилась статистично достовірною у групі тварин з полігону I, перевищивши значення контрольної групи на 4,06%.

Ширина розподілу еритроцитів була у межах референтних значень для усіх груп тварин окрім тварин з полігону II. Загалом же значення цього показника в полігонах I–III перевищувало на 6,92%, 13,38% і 7,38% показники контрольної групи тварин.

Середній об'єм тромбоцитів знаходився у всіх мишоподібних полігонів в межах референтних значень, проте був вищим на 33,41%, 37,29% і 30,51% за показник контрольної групи тварин. Таким чином, можна припустити певний вплив опромінення на тромбоцитопоез.

Таблиця 3.11

**Клінічний аналіз крові мишоподібних гризунів в залежності від
ареалу їх розміщення (n=67)**

Показник	Референтні значення	Полігон I (n=10)	Полігон II (n=23)	Полігон III (n=19)	Ходосівка (контрольна група) (n=3)	Ходосівка (1-ша доба після опромінення) (n=7)	Ходосівка (7-ма доба після опромінення) (n=5)
Абсолютна кількість лейкоцитів (WBC), $10^9/L$	0,8-6,8	7,46± 11,25	7,07± 7,63*	5,72± 2,55*	2,60± 0,62	2,71± 1,29	2,62± 0,96
Абсолютна кількість лімфоцитів (Lymph), $10^3/\mu L$	0,7-5,7	3,72± 4,06	3,90± 2,37*	3,62± 2,29*	2,20± 0,60	1,60± 0,51	1,98± 0,77
Абсолютна кількість моноцитів (Mon), $10^3/\mu L$	0,0-0,3	0,40± 0,44*	0,32± 0,36*	0,28± 0,10*	0,03± 0,06	0,10± 0,14	0,08± 0,04
Абсолютна кількість гранулоцитів (Gran), $10^3/\mu L$	0,1-1,8	3,86± 6,56	2,85± 6,13*	1,82± 0,92	0,37± 0,12	1,01± 0,71*	0,56± 0,27

Продовження таблиці 3.11

Відносна кількість лімфоцитів (Lymph), %	55,8-90,6	51,66± 11,07	64,63± 22,08*	60,01± 16,64*	84,50± 5,07	62,06± 11,33*	73,96± 8,81*
Відносна кількість моноцитів (Mon), %	1,8-6,0	5,81± 1,32	4,77± 3,45*	5,37± 2,04*	1,80± 0,53	4,66± 2,42*	3,80± 1,10*
Відносна кількість гранулоцитів (Gran), %	8,6-38,9	42,03± 11,75	30,57± 21,25*	34,62± 15,21*	13,70± 4,56	33,29± 9,30*	22,24± 7,81*
Абсолютна кількість еритроцитів (RBC), 10 ¹² /L	6,36-9,42	8,38± 1,15	8,87± 2,21	9,26± 1,73	12,28± 2,43	10,00± 1,60	12,97± 0,75
Концентрація гемоглобіну в цільній крові (HGB), g/L	110-143	130,40± 13,52	147,09± 35,37	144,00± 26,07	164,67± 22,68	134,86± 10,29	161,60± 3,51
Гематокрит (HCT), %	34,6-44,6	42,31± 5,34	47,60± 12,16	45,74± 8,47	51,07± 6,41	42,00± 3,00	49,36± 1,93
Середній об'єм еритроцитів (MCV), fL	48,2-58,3	50,97± 5,79*	53,70± 3,68*	49,54± 3,08*	42,03± 3,35	43,03± 7,42	38,58± 2,23
Середній вміст гемоглобіну в еритроциті (MCH), pg	15,8-19,0	15,69± 1,90*	16,98± 2,84*	15,55± 0,86*	13,47± 0,95	13,74± 2,52	12,58± 0,69
Середня концентрація гемоглобіну в еритроциті (MCHC), g/L	302-353	308,60± 12,29*	317,26± 48,50	315,26± 16,46	321,67± 4,16	320,57± 5,68	327,60± 9,79
Ширина розподілу еритроцитів (RDW), %	13,0-17,0	16,22± 1,28*	17,20± 2,23*	16,29± 0,72*	15,17± 0,55	14,80± 1,64	15,26± 1,07
Тромбоцити (PLT), 10 ⁹ /L	450-1590	394,40± 158,67	389,83± 146,09	417,26± 196,83	441,00± 209,64	511,29± 435,47	360,00± 46,51

Продовження таблиці 3.11

Середній об'єм тромбоцитів (MPV), fL	3,8-6,0	5,51± 0,55*	5,67± 0,61*	5,39± 0,60*	4,13± 0,42	4,21± 0,44	4,18± 0,28
Ширина розподілу тромбоцитів за обсягом (PDW), %	10,0-20,0	15,85± 0,79*	16,72± 1,02	16,67± 0,92	16,47± 0,06	16,77± 0,52	16,46± 0,27
РСТ% Тромбокрит	-	0,22± 0,09	0,22± 0,08	0,22± 0,09	0,18± 0,07	0,22± 0,21	0,15± 0,01
тварини, у яких виявлено бактеріальних збудників, %	-	60,00	69,57	78,95	100,00	71,43	80,00
тварини, у яких виявлено збудників родів <i>Trypanosoma</i> , <i>Hepatozoon</i> , %	-	100,00	100,00	100,00	100,00	85,71	100,00

Примітка: р/д – референтний діапазон, * $p < 0,05$

Відмінності у клінічному аналізі крові мишоподібних гризунів трьох видів (*A. agrarius*, *A. flavicollis*, *M. glareolus*) виявлено за таких показників як абсолютний вміст еритроцитів і їх середній об'єм, середній вміст гемоглобіну в еритроциті і ширина розподілу еритроцитів, кількість тромбоцитів і їх середній об'єм, а також за показником тромбокриту (Табл. 3.12). При цьому, абсолютний вміст еритроцитів у *A. agrarius* і *A. flavicollis* знаходились в межах референтних значень. У виду *M. glareolus* цей показник був на 13,16% вищим за верхню межу референтних значень. Показники середнього об'єму еритроцитів, середнього вмісту гемоглобіну в еритроциті і кількості тромбоцитів для цього виду тварин навпаки були нижчими за нижню межу референтних значень на 10,29%, 14,11% і 18,81% відповідно. Аналогічна тенденція встановлена і для групи тварин виду *A. agrarius* за кількості тромбоцитів, яка була нижчою на 8,63%.

Відмінності залежно від статі мишоподібних гризунів *A. agrarius* встановили за таких показників як відносна кількість лімфоцитів і гранулоцитів.

У самців ці показники були у межах референтних значень, проте у самок показник відносної кількості лімфоцитів був нижчим за граничну межу референтних значень на 9,1%, а показник відносної кількості гранулоцитів навпаки був вищим на 12,6%.

У тварин групи *A. flavicollis* відмінності між самками і самцями спостерігались за показниками середнього об'єму еритроцитів, проте лишались у межах референтних значень для обох груп.

У групі тварин *M. glareolus* відмінності між самками і самцями спостерігали за таким показником як середня концентрація гемоглобіну в еритроциті. Цей показник, лишаючись у межах референтних значень, був вищим у групі самок у порівнянні із загальною групою тварин на 3,3%. Отже, ми можемо припустити, що зазначені відмінності можуть бути видовими особливостями цих видів тварин.

Таблиця 3.12

**Клінічний аналіз крові мишоподібних гризунів в залежності від виду і статі
(n=55)**

Показник	<i>Apodemus agrarius</i>			<i>Apodemus flavicollis</i>			<i>Myodes glareolus</i>		
	♀+♂ (n=13)	♀ (n=5)	♂ (n=8)	♀+♂ (n=22)	♀ (n=16)	♂ (n=5)	♀+♂ (n=20)	♀ (n=5)	♂ (n=15)
WBC, 10 ⁹ /L Абсолютна кількість лейкоцитів (р/д 0,8-6,8)	7,94±9, 95	11,64±1 5,92	5,63±2, 99	5,32±2, 19	5,37±1, 87	4,18±2, 06	5,16±8, 28	10,14±1 6,04	3,49±2, 79
Lymph, 10 ⁹ /L Абсолютна кількість лімфоцитів (р/д 0,7- 5,7)	3,89±2, 23	3,76±2, 73	3,98±2, 07	3,34±2, 25	3,21±2, 05	2,68±1, 69	2,97±3, 05	4,72±5, 66	2,38±1, 43
Mon, 10 ⁹ /L Абсолютна кількість моноцитів (р/д 0,0-0,3)	0,38±0, 44	0,54±0, 56	0,29±0, 36	0,24±0, 13	0,24±0, 12	0,22±0, 16	0,22±0, 36	0,38±0, 68	0,17±0, 17

Продовження таблиці 3.12

Gran, 10 ⁹ /L Абсолютна кількість гранулоцитів (р/д 0,1-1,8)	3,66±8, 09	7,34±12, 92	1,36±1, 01	1,74±1, 03	1,92±1, 09	1,28±0, 81	2,23±4, 88	5,04±9, 71	1,29±1, 28
Lymph% Відносна кількість лімфоцитів (р/д 55,8-90,6)	64,65±2 0,45	50,72±2 2,22*	73,35±1 4,48*	58,45±2 0,44	56,22±2 1,62	60,24±1 5,46	66,71±1 4,39	66,88±1 8,58	66,65±1 3,51
Mon% Відносна кількість моноцитів (р/д 1,8-6,0)	4,96±3, 83	5,48±3, 35	4,64±4, 29	5,09±2, 60	4,96±2, 50	5,96±3, 09	4,18±1, 65	3,54±0, 75	4,39±1, 83
Gran% Відносна кількість гранулоцитів (р/д 8,6-38,9)	30,35±1 9,18	43,80±2 2,40*	21,95±1 1,59*	36,46±1 9,76	38,82±2 1,10	33,80±1 4,10	28,87±1 2,93	29,58±1 7,98	28,63±1 1,58
RBC, 10 ¹² /L Абсолютний вміст еритроцитів (р/д 6,36-9,42)	8,93±2, 69*	9,28±1, 04	8,71±3, 42	9,03±1, 40*	9,09±1, 59	9,00±0, 80	10,66±2 ,35*	11,71±2 ,76	10,31±2 ,18
HGB g/L Концентрація гемоглобіну в цільній крові (р/д110-143)	145,69± 39,80	151,20± 18,98	142,25± 49,75	147,86± 22,28	147,13± 25,19	151,00± 14,40	141,35± 20,79	148,60± 16,94	138,93± 21,90
HCT% Гематокрит (р/д 34,6-44,6)	48,08±1 4,58	50,60±6 ,33	46,50±1 8,28	46,38±6 ,92	45,94±7 ,75	48,56±3 ,95	44,61±5 ,88	45,42±4 ,52	44,34±6 ,38
MCV fL Середній об'єм еритроцитів (р/д 48,2-58,3)	53,80±3 ,92*	54,92±5 ,56	53,10±2 ,69	51,58±3 ,38*	50,79±3 ,45*	54,10±2 ,24*	43,24±7 ,14*	40,74±7 ,94	44,07±6 ,94
MCH pg Середній вміст гемоглобіну в еритроциті (р/д 15,8-19,0)	17,18±3 ,71*	16,34±1 ,37	17,71±4 ,66	16,30±0 ,89*	16,10±0 ,90	16,72±0 ,64	13,57±1 ,99*	13,24±2 ,73	13,68±1 ,78
MCHC g/L Середня концентрація гемоглобіну в еритроциті (р/д 302- 353)	320,15± 64,10	299,20± 20,22	333,25± 79,37	317,55± 13,98	318,50± 13,53	310,40± 12,95	316,20± 14,08	326,60± 9,71*	312,73± 13,81 *
RDW% Ширина розподілу еритроцитів (р/д 13,0-17,0)	18,09±2 ,06*	17,06±1 ,87	18,74±2 ,01	15,78±1 ,28*	15,81±1 ,40	15,34±0 ,43	15,70±1 ,60*	15,96±1 ,80	15,61±1 ,59
PLT, 10 ⁹ /L Тромбоцити (р/д 450-1590)	411,15± 157,54 *	423,80± 134,24	403,25± 179,06	498,68± 265,07*	490,31± 300,19	521,00± 172,99	365,35± 124,25*	323,80± 39,71	379,20± 140,28

Продовження таблиці 3.12

MPV fL Середній об'єм тромбоцитів (р/д 3,8-6,0)	5,95±0,68*	5,96±0,46	5,94±0,82	5,27±0,50*	5,28±0,54	5,30±0,44	4,53±0,73*	4,44±0,73	4,56±0,75
PDW Ширина розподілу тромбоцитів за об'ємом	16,72±0,93	16,52±0,67	16,85±1,09	16,56±0,91	16,59±0,93	16,30±0,90	16,22±0,58	16,40±0,10	16,16±0,66
PCT% Тромбокрит	0,24±0,08*	0,25±0,07	0,23±0,09	0,26±0,12*	0,25±0,13	0,28±0,09	0,17±0,07*	0,14±0,03	0,17±0,07
тварини, у яких виявлено бактеріальні організми, %	61,54	80,00	62,50	68,18	68,75	80,00	78,95	40,00	100,00
тварини, у яких виявлено збудників родів <i>Trypanosoma</i> , <i>Hepatozoon</i> , %	100,00	100,00	100,00	95,45	93,75	100,00	100,00	100,00	100,00

Примітка: р/д – референтний діапазон, * $p < 0,05$

Показники відносної і абсолютної кількості лейкоцитів були в межах фізіологічних параметрів за усіх збудників паразитарних хвороб мишоподібних гризунів, а саме за *Trypanosoma* spp. і *Hepatozoon* spp. (Табл. 3.13).

Відсутність значних відхилень, а також те, що переважна більшість показників крові знаходились у межах референтних значень ймовірно свідчить про те, що тварини мали премуніцію і вже тривалий час були носіями зазначених паразитичних організмів.

Таблиця 3.13

Клінічний аналіз крові мишоподібних гризунів в залежності від наявності збудників *Trypanosoma* spp. і *Hepatozoon* spp. (n=67)

Показник	<i>Trypanosoma</i> spp. (n=8)	<i>Hepatozoon</i> spp. (n=11)
Абсолютна кількість лейкоцитів (WBC, 10 ⁹ /L (р/д 0,8-6,8))	4,55±2,84	3,05±2,17
Абсолютна кількість лімфоцитів (Lymph, 10 ⁹ /L, р/д 0,7-5,7)	3,48±2,53	2,05±0,76
Абсолютна кількість моноцитів (Mon, 10 ⁹ /L, р/д 0,0-0,3)	0,15±0,14	0,16±0,16
Абсолютна кількість гранулоцитів (Gran, 10 ⁹ /L, р/д 0,1-1,8)	0,93±0,58	1,30±1,19
Відносна кількість лімфоцитів (Lymph%, р/д 55,8-90,6)	75,26±13,89	63,66±13,78
Відносна кількість моноцитів (Mon%, р/д 1,8-6,0)	3,46±2,26	4,75±1,85
Відносна кількість гранулоцитів (Gran% , р/д 8,6-38,9)	21,28±11,80	31,58±12,40
Абсолютний вміст еритроцитів (RBC, 10 ¹² /L, р/д 6,36-9,42)	9,52±3,94	10,45±2,51
Концентрація гемоглобіну в цільній крові (HGB g/L, р/д 110-143)	142,75±49,59	142,45±20,51
Гематокрит (HCT%, р/д 34,6-44,6)	44,33±17,09	45,84±6,61
Середній об'єм еритроцитів (MCV fL, р/д 48,2-58,3)	48,26±6,66	45,61±8,90
Середній вміст гемоглобіну в еритроциті (MCH pg, р/д 15,8-19,0)	16,71±5,41	14,05±2,31
Середня концентрація гемоглобіну в еритроциті (MCHC g/L, р/д 302-353)	343,75±75,23	311,00±14,55
Ширина розподілу еритроцитів (RDW %, р/д13,0-17,0)	17,11±2,34	15,37±0,70
Кількість тромбоцитів (PLT, 10 ⁹ /L, р/д 450-1590)	313,88±123,47	398,45±147,38
Середній об'єм тромбоцитів (MPV fL, р/д 3,8-6,0)	5,26±1,12	4,82±0,96
Ширина розподілу тромбоцитів за об'ємом (PDW)	17,09±0,97	16,47±0,66
Тромбокрит (PCT%)	0,16±0,06	0,19±0,08

Примітка: р/д – референтний діапазон

Отже, за результатами проведених досліджень здійснено клінічний аналіз крові гризунів родин Muridae і Cricetidae в залежності від ареалу їх розміщення, в залежності від виду і статі та від наявності *Trypanosoma* spp. і *Hepatozoon* spp.

Результати клінічного аналізу крові описано вперше за використання автоматичного гематологічного аналізатора Mindray BC–2800 у модифікації Vet з програмами для різних видів тварин. Відмінності у відповідності до виду тварин виявлено за такими показниками як вміст еритроцитів, тромбоцитів, гемоглобіну

і тромбоцитів, а у відповідності до статі тварин – за відносною кількістю лімфоцитів та гранулоцитів, параметрами еритроцитів і кількістю тромбоцитів.

3.5 Результати секвенування ДНК організмів паразитарного і бактеріального походження мишоподібних гризунів

Позитивні за результатами ПЛР зразки направляли на секвенування, після чого отримані послідовності аналізували за допомогою функції BLASTn. Встановлено, що серед 32 мишоподібних гризунів, яких ми досліджували на наявність організмів паразитарного (*Trypanosoma*, *Hepatozoon*), а також бактеріального походження (*Mycoplasma*, *Bartonella*, *Rickettsia*, *Ehrlichia*), виявлено різну кількість генотипів (див. Табл. 3.14).

За результатами дослідження гризунів на наявність збудників роду *Trypanosoma* виявлено 10 позитивних тварин з 32 (31,25%; ДІ 17,95–48,57). Однак, з цих 10 зразків після секвенування встановлено 1 зразок, ДНК якого виділено із селезінки *A. flavicollis* (реєстраційний номер у GenBank: PX973671), що має 98,52% і 96,82% нуклеотидної подібності до *P. caudatus* із реєстраційними номерами JF754435 та X53910 відповідно (Malik et al., 2011; Fernandes et al., 1993). З огляду на рівень нуклеотидної подібності, отриману послідовність не розглядали як підтвердження видової належності до *P. caudatus*. У роботі її інтерпретовано як *P. caudatus*-подібну послідовність, найближчу до *P. caudatus* за результатами молекулярно-генетичного аналізу.

В чотирьох тварин *A. agrarius* (n=1) і *M. glareolus* (n=3), які мали позитивні результати за дослідження ДНК, виділеної з мазків крові, за допомогою ПЛР на наявність *Trypanosoma* spp., подальше секвенування не дало результату.

В наступних п'яти тварин, *A. agrarius* (n=4) і *A. flavicollis* (n=1), виявлено в зразках ДНК, виділеної з печінки і селезінки, генотип на 100% ідентичний із *T. grosi* типу АКНА (реєстраційний номер: АВ175624) гризуна *Apodemus*

speciosus speciosus (Temminck, 1844) м. Такко, Японія і типу SESUJI (реєстраційний номер: AB175622) – в *A. agrarius* з владивостоку, росія (Sato et al., 2005).

Також, виявлена нами послідовність нуклеотидів (реєстраційний номер: PX973658) продемонструвала подібність в 99,89% (одна послідовність), 99,78% (одна послідовність) і 99,56% (десять послідовностей) до наступних задепонованих у GenBank послідовностей: AB175623 ізолят типу HANTO, виділений від *Apodemus peninsulae* (Thomas, 1907) з владивостоку, росія; FJ694763 – від *A. agrarius*, Китай; OR452746 – від *Hylomyscus denniae* (Thomas, 1906), Уганда; MZ703216 – від *Mus triton* Thomas, 1909, Кенія; AJ009156 ізолят типу Molteno B3; MZ703221 – від *Lemniscomys striatus* (Linnaeus, 1758) Кенія; AJ223566 – від *R. norvegicus*, США; OR668941 – від *M. triton*, Уганда; MZ703217 – від *Stenocephalemus albipes* (Rüppell, 1842), Ефіопія; OR668943 – від *Lophuromys stanleyi*, (Verheyen, et al., 2007), Уганда; OR668946 – від *Crocidura* sp. Wagler, 1832, Уганда і AB242273 – від *Bandicota indica* (Bechstein, 1800), Індонезія (Sato et al., 2005; Guan et al., 2011; Babyesiza et al., 2024; Votýpka et al., 2022; Stevens et al., 1999; Haag et al., 1998; Mafie et al., 2019).

В *A. agrarius* (n=4), у яких раніше було виявлено *Trypanosoma* spp. шляхом мікроскопічного дослідження, вдалось підтвердити методом ПЛР і подальшим секвенуванням позитивних зразків, наявність *T. grosi*. Також, для 3 з 4 тварин є проміри кожної знайденої трипомастиготи *T. grosi* (див. Табл. 3.1).

Згідно результатів дослідження методом ПЛР у 10 тварин з 32 (31,25%; ДІ 17,95–48,57) виявлено збудників типу Apicomplexa (*Hepatozoon* spp., *Babesia* spp., *Theileria* spp., *Cytauxzoon* spp.). З них шляхом секвенування 2 зразків ДНК, виділеної з селезінки *A. flavicollis* (n=2, полігон II), вдалось виявити генотипи і внести їх до бази даних NCBI (реєстраційні номери PX973667 і PX973668). Їх подібність становила 99,06% і 98,94% до ізоляту *H. ayorgbor* Sloboda et al., 2007 (EF157822) (Sloboda et al., 2007), 98,94% і 98,82% до *Hepatozoon* sp. (MZ412878) (Jameie et al., 2022) і до *H. ophisauri* (Tartakovskii, 1913) (MN723845)

(Zechmeisterová et al., 2021); 98,70% і 98,58% до ізоляту *Hepatozoon* sp. (реєстраційні номери: MT919387, MT919388, FJ719818, FJ719817) (Hrazdilová et al., 2021; Merino et al., 2009); 98,59% і 98,47% з ізолятами під реєстраційними номерами: FJ719819, PQ807554 та PQ807539 (Merino et al., 2009; Freitas et al., 2025). На основі результатів філогенетичного аналізу 2 (6,25%; ДІ 1,73–20,15) генотипи *Hepatozoon*, отримані в нашому дослідженні, утворюють окрему кладу з раніше описаними генотипами SK3.

ДНК, виділена з мазків крові і печінки, виявилась негативною щодо збудників типу Apicomplexa, натомість позитивні результати отримані лише за дослідження зразків ДНК, виділених із селезінки. Генотипи *Hepatozoon*, ідентифіковані шляхом секвенування, отримані від *A. flavicollis*, виловлених з полігону П. Крім того, в обох зразках, з яких отримано послідовності, збудники роду *Hepatozoon* мікроскопічно не виявлено.

За допомогою ПЛР нами виявлено 5 позитивних зразків ДНК гризунів з 32 (15,63%; ДІ 6,86–31,75) досліджених на наявність представників класу Mollicutes. Однак, ДНК лише чотирьох тварин успішно секвеновано: із селезінки *A. flavicollis* (♂n=1), із печінки *A. agrarius* (♂n=1) і *A. flavicollis* (не встановлено до статі n=1) та паралельно з печінки і селезінки *A. agrarius* (♂n=1). Шляхом секвенування вдалось виділити 3 різні генотипи.

Перший генотип виділено від *A. agrarius* (557 пар нуклеотидних основ), другий і третій від *A. flavicollis* (431 та 507 пар нуклеотидних основ). Перший генотип (реєстраційний номер в GenBank: PZ025234) мав найбільшу подібність (99,46%) до Uncultured *Mycoplasma* clone mink766 (MT462251), що була виділена з тканин американської норки *Neovison vison* (Schreber, 1777) (Sepúlveda-García et al., 2021). Інші 13 генотипів мали подібність у 98,92% до Uncultured *Mycoplasma* sp. clone: KT215621–KT215624, KT215627–KT215630 – дикі гризуни, Бразилія; MT345324 – оливкова трав'яна миша *Abrothrix olivaceus* Waterhouse, 1837, Ріньюе, Чилі; MT345318 – миша хатня *M. musculus*, Корраль, Чилі; PP109115, PP109116, PP109117 – чорнопала рисова миша *Oligoryzomys*

nigripes Olfers, 1818, Нова-Фрібургу, Бразилія (Gonçalves et al., 2015; Alabí et al., 2020; Machado et al., 2024).

Нуклеотидна послідовність другого досліджуваного генотипу (PX973670) виділена від *A. flavicollis* (n=1, печінка) і мала 99,41% подібності до 12 генотипів, задепонованих в GenBank під назвою “*Candidatus M. haemomuris* subsp. *ratti*”: АВ758439 – чорний пацюк *Rattus rattus* (Linnaeus, 1758), Фукусіма, Японія; АВ758434 та АВ758435 – *R. rattus*, о. Ікема, Японія; “*Candidatus M. haemomuris* subsp. *musculi*”: MN423261 – *R. rattus*, Бразилія; АВ758436 – японська лісова миша *Apodemus argenteus* Temminck, 1844, Фукусіма, Японія; АВ918692 – мала лісова миша, Японія; АВ758440 – *A. argenteus*, Японія; *Haemobartonella muris* Mayer, 1921: U82963 – дикий мишоподібний гризун, Японія; ON733033 – азійський пацюк *Rattus tanezumi* (Temminck, 1844), Гаутенг, ПАР; Uncultured *Mycoplasma* sp.: КТ215635 – дикий гризун, Бразилія; Uncultured *Mycoplasma* sp. clone: КМ258432 та MN423265 – пацюкова воша *Polyplax spinulosa* (Burmeister, 1839), Бразилія (Rikihisa et al., 1997; Retief et al., 2022; Gonçalves et al., 2020; Conrado et al., 2015; Harasawa et al., 2015; Gonçalves et al., 2015).

Третій генотип (PZ025235), виділений від двох гризунів *A. agrarius* (із печінки і селезінки (n=1), і лише з печінки (n=1)) виявився на 99,54% подібним до семи генотипів із реєстраційними номерами: АВ758434, АВ758435, АВ758439, ON733033, MN423261, КМ258432, КТ215635, які в свою чергу також були подібними і до другого генотипу, отриманого у ході наших досліджень. Також, даний генотип формує кластери з 5 нещодавно дослідженими послідовностями Uncultured *Mycoplasma* sp: ОР271911 та ОР271912, *R. rattus*, північно-східний регіон Бразилії; ОР954342 – агуті Азара *Dasyprocta azarae* Lichtenstein, 1823, південна Бразилія; МК959182 – пацюк, Малайзія; та *M. haemomuris*: АВ820289 – пацюк, Японія (Torres-Santos et al., 2024; Elshafie et al., 2024; Low et al., 2020).

Збудників роду *Bartonella* виявлено у 26 гризунів із 32 (81,25%; ДІ 64,69–91,11) досліджених. Шляхом секвенування вдалось виділити 6 генетичних

варіантів (реєстраційні номери: PZ020203–PZ020208). Генотип (PZ020206) виявлено у 16 тварин, включаючи види *A. flavicollis* (n=6), *A. agrarius* (n=2), *A. sylvaticus* (n=1) і *M. glareolus* (n=4), а також у гризунів не ідентифікованих до виду (n=3). При порівнянні із іншими задепонованими послідовностями, доступними в базі NCBI, ми виявили 99,11% подібність із 99% покриттям запиту до некультивованої *Bartonella* sp. із реєстраційним номером KX267680 *A. flavicollis*, Словаччина. Також, виявлена 98,82% подібність з 100% і 99% покриттям запиту із реєстраційними номерами: CP083444 *B. taylorii* Birtles et al., 1995 штам IBS296; DQ155393 Uncultured *Bartonella* sp. – *A. flavicollis*, Словенія; CP083693 *B. taylorii* – *A. sylvaticus*, Сполучене Королівство Великої Британії та Північної Ірландії; AY435104 та AY435108 *Bartonella* sp. – *A. flavicollis*, Греція; JQ694004 – *M. glareolus*, Франція; KX267683 – *A. flavicollis*, Словаччина (Tea et al., 2004; Кнар et al., 2007; Buffet et al., 2012; Kraljik et al., 2016; Siewert et al., 2022).

Наступним за частотою виявлення був генотип PZ020208, який було ідентифіковано в 6 тварин: *M. glareolus* (n=1), *A. agrarius* (n=1), *A. flavicollis* (n=3) і не встановлено до виду гризуна роду *Microtus* (n=1). Дана послідовність подібна до генотипів наведених раніше: KX267680 (100% ідентичності), AY35108, AY35104, JQ694004, CP083444, DQ155393, CP083693, KX267683 (подібність 99,70%).

В гризунів *A. flavicollis* (n=1) і *A. sylvaticus* (n=3) знайдено генотип (PZ020204) із потенційною зоонозною небезпекою. Даний генотип мав 100% ідентичність із задепонованим раніше *B. grahamii* as4aup під реєстраційним номером в GenBank CP001562, виділений від *A. sylvaticus* на околиці м. Уппсала, Швеція (Berglund et al., 2009). Також, спостерігали 100% рівень ідентичності із генотипом JQ694003 *M. glareolus* з Франції (Buffet et al., 2012).

Наступні три генотипи виділили від трьох тварин. Генотип PZ020203 від *A. sylvaticus* показав 99,41% подібності до *B. grahamii* від *Myodes gapperi* (Vigors, 1830) з Канади (Inoue et al., 2009); KC633099 (імунокомпрометований пацієнт з

Фінляндії, Oksi et al., 2013). Генотип PZ020205, виділений від *A. flavicollis*, мав 99,15% подібності до наступних задепонованих генотипів: GU338967 від *A. flavicollis* з Польщі; KX267680 від *A. flavicollis* з Словаччини; AF391790 від бурозубки звичайної *Sorex araneus* Linnaeus, 1758 з околиці м. Уппсала, Швеція; AY435113 і AY435111 від *A. flavicollis* з Греції; KF546311 від блохи *Ctenophthalmus agyrtes* (Heller, 1896) з Литви; JQ694022 від *M. glareolus* з Франції; GU338965 від *M. glareolus* з Польщі; OQ305232 від *Apodemus witherbyi* (Thomas, 1902) з Туреччини (Holmberg et al., 2003; Paziewska et al., 2011; Buffet et al., 2012; Çelebi et al., 2015; Kraljik et al., 2016). Генотип PZ020207 від *M. glareolus* мав 99,70% подібності з JQ694012 від *M. glareolus* з Франція і PV170757 з Чехії. Також, даний генотип мав 99,41% подібності із генетичним варіантом AF391790 з Швеції; KX267679 від *M. glareolus* з Словаччини (Holmberg et al., 2003; Buffet et al., 2012; Kraljik et al., 2016).

За допомогою ПЛР виявлено збудника роду *Rickettsia* в 1 тварини із 32 (3,13%; ДІ 0,55–15,74) досліджених, однак, подальше секвенування не дало результату у вигляді послідовності, яку можна було б інтерпретувати.

Усі отримані у нашому дослідженні генотипи за видами тварин, місцем їх відлову і тканини, з якої отримали ДНК, відображені у табл. 3.14.

Таблиця 3.14

**Генотипи організмів паразитарного і бактеріального походження,
виявлені та досліджені у ході виконання нашої роботи**

Генотип	Реєстраційний номер	Опис		
		місце відлову	вид тварини	тканина
<i>Trypanosoma grosi</i>	PX973658	Полігон II	<i>A. agrarius</i> (n=4), <i>A. flavicollis</i> (n=1)	печінка/селезінка печінка/селезінка
<i>Parabodo caudatus</i> -подібні	PX973671	Полігон II	<i>A. flavicollis</i> (n=1)	селезінка
<i>Hepatozoon</i> sp. isolate	PX973667	Полігон II	<i>A. flavicollis</i> (n=1)	селезінка
<i>Hepatozoon</i> sp. isolate	PX973668	Полігон II	<i>A. flavicollis</i> (n=1)	селезінка
Mollicutes (<i>Mycoplasma</i> -подібні sp.)	PZ025234	Полігон II	<i>A. flavicollis</i> (n=1)	печінка
Mollicutes (<i>Mycoplasma</i> -подібні sp.)	PX973670	Полігон II	<i>A. flavicollis</i> (n=1)	селезінка
Mollicutes (<i>Mycoplasma</i> -подібні sp.)	PZ025235	Полігон II	<i>A. agrarius</i> (n=2)	печінка/селезінка
Uncultured <i>Bartonella</i> sp.	PZ020203	Полігон II	<i>A. sylvaticus</i> (n=1)	селезінка
Uncultured <i>Bartonella</i> sp.	PZ020204	Полігон II	<i>A. flavicollis</i> (n=2), <i>A. sylvaticus</i> (n=2)	печінка/селезінка печінка/селезінка
Uncultured <i>Bartonella</i> sp.	PZ020205	Полігон II	<i>A. agrarius</i> (n=1), <i>A. flavicollis</i> (n=1)	мазок крові печінка
Uncultured <i>Bartonella</i> sp.	PZ020206	Чернечий ліс	<i>M. glareolus</i> (n=4), <i>A. agrarius</i> (n=1), <i>A. flavicollis</i> (n=2), роду <i>Microtus</i> (n=1)	мазок крові мазок крові мазок крові мазок крові
		Полігон II	<i>A. flavicollis</i> (n=1)	мазок крові
		Полігон III	<i>A. agrarius</i> (n=1), <i>A. flavicollis</i> (n=3), <i>A. sylvaticus</i> (n=1), роду <i>Apodemus</i> (n=2)	печінка/селезінка печінка/селезінка печінка печінка/селезінка
Uncultured <i>Bartonella</i> sp.	PZ020207	Полігон III	<i>M. glareolus</i> (n=1)	печінка/селезінка
Uncultured <i>Bartonella</i> sp.	PZ020208	Чернечий ліс	<i>M. glareolus</i> (n=1), <i>A. agrarius</i> (n=1), роду <i>Microtus</i> (n=1)	мазок крові мазок крові мазок крові
		Полігон II	<i>A. flavicollis</i> (n=1)	мазок крові
		Полігон III	<i>A. flavicollis</i> (n=2)	печінка/селезінка

На основі результатів філогенетичного аналізу обидва генотипи *Hepatozoon* PX973667 і PX973668, отримані в нашому дослідженні, утворюють окрему кладу з раніше описаними генотипами SK3 (KU597250, PP420938), що має високу бутстреп-підтримку (96%) (Рис. 3.14).

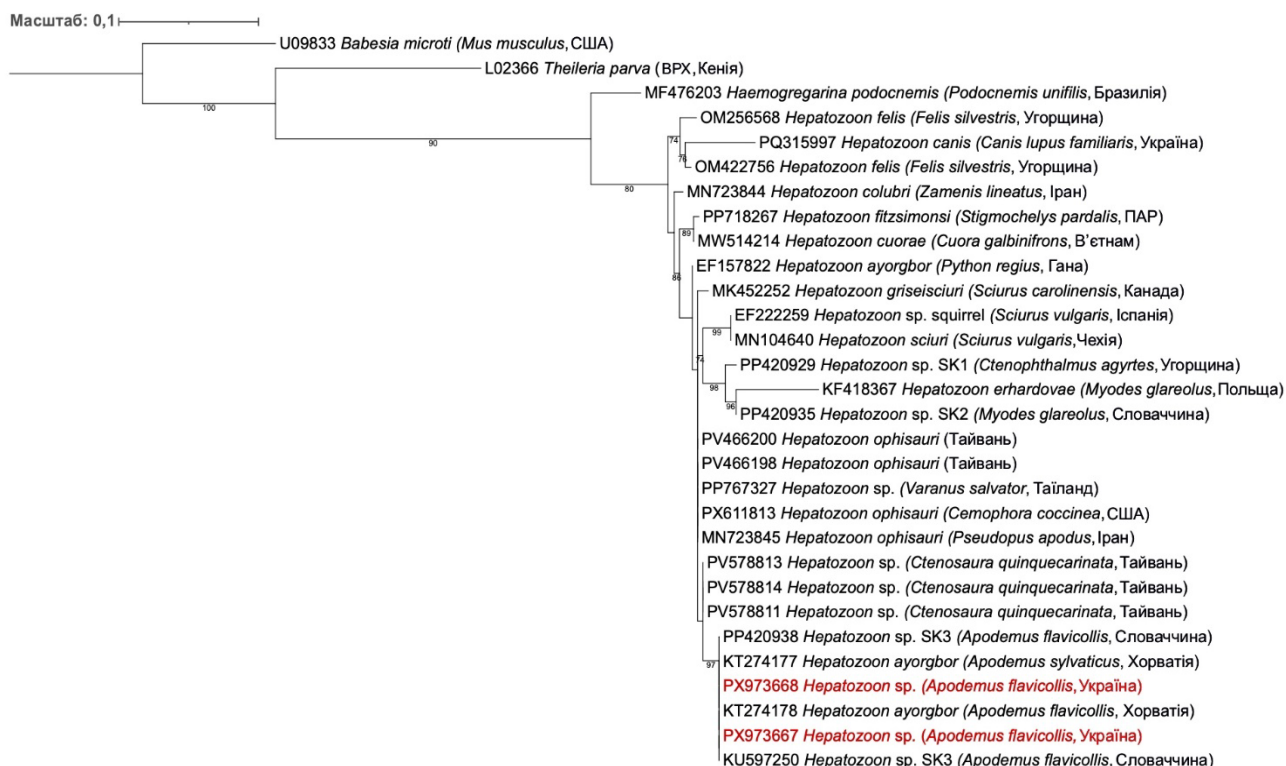


Рис. 3.14 Філогенетичне дерево, побудоване методом максимальної правдоподібності на основі локусу 18S рРНК, що демонструє положення *Hepatozoon* sp., виявленого в цьому дослідженні (позначено червоним кольором), серед вибраних представників *Hepatozoon* spp. та споріднених паразитів типу Арісоплекса. *B. microti* та *T. parva* було включено як таксони зовнішньої групи. У вузлах наведено значення бутстреп-підтримки ≥ 70 . Масштабна лінійка відповідає кількості нуклеотидних замін на сайт.

Філогенетичний аналіз показав, що 2 генотипи класу Mollicutes, отримані в нашому дослідженні (PX973670 та PZ025234), належали до сестринської клади, яка також містила 3 генотип (PZ025235). Ці результати підтверджуються високою бутстреп-підтримкою (94–99%) (Рис. 3.15).

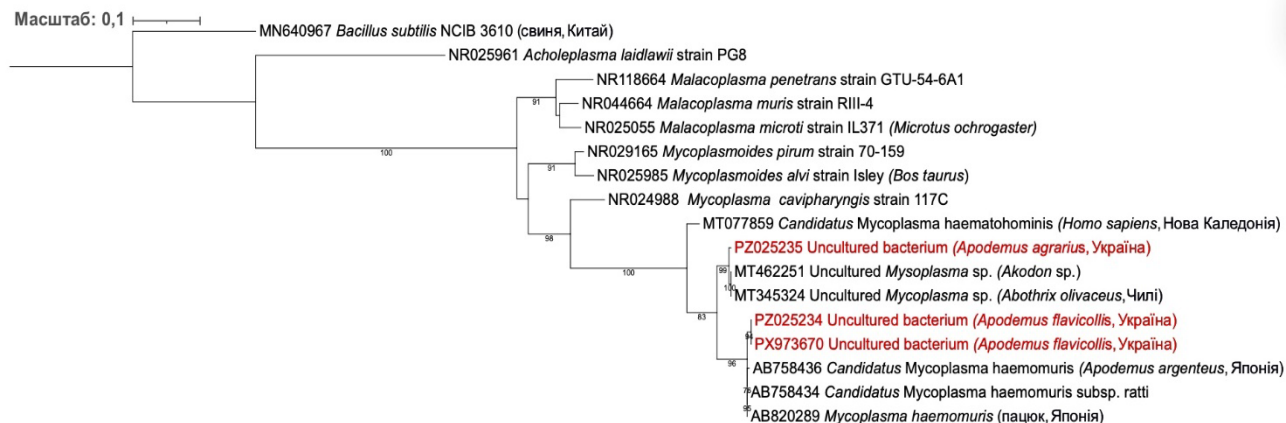


Рис. 3.15 Філогенетичне дерево, побудоване методом максимальної правдоподібності на основі локусу 16S рРНК, що демонструє положення *Mycoplasma*-подібні організми класу Mollicutes. Як зовнішню групу використовували вид *Bacillus subtilis*. Знайдені нами генотипи позначені червоним. У вузлах наведено значення бутстреп-підтримки ≥ 70 . Масштабна лінійка відповідає кількості нуклеотидних замін на сайт.

Згідно з результатами філогенетичного аналізу, 2 генотипи *Bartonella* (PZ020204, PZ020203), отримані в нашому дослідженні, належать до клади з генотипом *B. grahamii* (висока бутстреп-підтримка – 93%), тоді як інші 4 генотипи належать до іншої клади, яка є сестринською щодо цієї (Рис. 3.16).

результати для *T. grosi* ($p=0,018$) та організмів класу Mollicutes ($p=0,002$). Також, за даними мікроскопії не встановлено статистичну значущість в залежності від вікової (у відповідності до показників ваги тварин) групи мишоподібних гризунів різних видів, тоді як за даними ПЛР із послідувачим генотипуванням статистичну значущість становить поширеність *Hepatozoon* spp. ($p=0,002$) та організмів класу Mollicutes ($p=0,028$) (Табл. 3.15).

Поширеність паразитів і бактерій серед різних видів гризунів родин Muridae і Cricetidae, відловлених у липні, вересні та жовтні має статистичну значущість за результатами ПЛР із подальшим секвенуванням за *T. grosi* ($p=0,022$), організмів класу Mollicutes ($p=0,043$) і *Bartonella* spp. ($p=0,011$) (Табл. 3.15). Одержані результати свідчать про відмінності у поширенні зазначених збудників у відповідності до сезону, проте є лімітованими місяцями відлову тварин.

У табл. 3.9 і 3.10 відображено дані поширеності збудників паразитарного походження і генотипів паразитарного і бактеріального походження мишоподібних гризунів залежно від місця відлову тварин. Ці дані були статистично значущими за результатами мікроскопічного дослідження і кількістю тварин, позитивних до *Hepatozoon* spp. ($p<0,001$). Натомість, за результатами ПЛР із подальшим секвенуванням статистичну значущість виявлено для різних видів мишоподібних гризунів за поширеності *Trypanosoma* spp. ($p=0,005$), представників класу Mollicutes ($p=0,019$) і *Bartonella* spp. ($p<0,001$) (Табл. 3.15).

Таблиця 3.15

***p*-значення, розраховані на основі даних мишоподібних гризунів відповідно до досліджуваних параметрів (n=116, 2019-2020 рр. відлову, *t*-тест і однофакторний дисперсійний аналіз ANOVA).**

Мікроскопія				
Параметр	<i>Trypanosoma</i> spp.		<i>Hepatozoon</i> spp.	
Вид мишоподібних гризунів	0,763		<0,001	
Самка/самець	0,248		0,614	
Група тварин в залежності від ваги, що корелює з віком тварин	0,396		0,074	
Місяць відлову	0,800		0,362	
Місце відлову	0,075		<0,001	
ПЛР і подальше секвенування				
Параметр	<i>T. grosi</i>	<i>Hepatozoon</i> spp.	Mollicutes	<i>Bartonella</i> spp.
Вид мишоподібних гризунів	0,009	0,371	0,620	<0,001
Самка/самець	0,018	0,935	0,002	0,066
Група тварин в залежності від ваги, що корелює з віком тварин	0,943	0,002	0,028	0,802
Місяць відлову	0,022	0,083	0,043	0,011
Місце відлову	0,005	0,477	0,019	<0,001

Отже, встановлено більшу кількість статистично значущих зв'язків за результатами ПЛР із подальшим секвенуванням порівняно з мікроскопічним дослідженням, що може бути зумовлено більшою чутливістю молекулярного методу дослідження.

РОЗДІЛ 4 АНАЛІЗ І УЗАГАЛЬНЕННЯ ОТРИМАНИХ РЕЗУЛЬТАТІВ

Незважаючи на численні дослідження, в тому числі і гризунів, які були проведені з моменту аварії в квітні 1986 року (Beresford & Copplestone, 2011; Kashparov et al., 2018; Burdo et al., 2020; Lypska et al., 2022; Lypska et al., 2023; Riabchenko et al., 2025), досі відсутні переконливі докази щодо впливу тривалого радіоактивного забруднення на тварин чи їх збудників.

Дослідні полігони, на яких здійснювався відлов гризунів родин Muridae і Cricetidae різних видів, розташовані на території осушеної частини водойми-охолоджувача Чорнобильської атомної станції, де за даними Weiss et al. (2000) дно водойми-охолоджувача містило радіоізотопи ^{90}Sr (35–42,5 ТБк) і ^{137}Cs (170–288 ТБк). Оскільки мишоподібні гризуни є поширеними представниками фауни ЧЗВ, вони є біоіндикаторами для радіоекологічних досліджень. Дані гризуни хронічно зазнають як внутрішнього, так і зовнішнього впливу радіації. Зовнішній вплив включає контакт гризунів із ізотопами ^{37}Cs , ^{90}Sr , ^{241}Am , що переважають у ґрунті, в якому вони виривають нори, що можуть сягати 20 см у глибину. Внутрішній вплив обумовлює кормова база тварин, біодоступність радіонуклідів у ланцюзі «ґрунт – рослина», заковтування ґрунту та інгаляція пилу (Burdo et al., 2020). Найпоширенішими на великих територіях Європи є *A. agrarius*, *A. flavicollis* і *A. sylvaticus* з родини Muridae. Вони є всеїдними і трапляються в біотопах, що варіюють від відкритих сільськогосподарських полів (*A. agrarius*) до зрілих лісових насаджень (*A. flavicollis*), тоді як *A. sylvaticus* пристосований до широкого спектра умов (Zub et al., 2012). Серед хом'якових полівок родини Cricetidae поширеним представником є руда норича *M. glareolus*, яка зазвичай переважає в лісових і структурно складних біотопах (Zub et al., 2012).

Також, мишоподібні гризуни є природними хазяями збудників паразитарного, бактеріального і вірусного походження, частина з яких є патогенними для людини (Lacher et al., 2016; Hönig et al., 2022; Çelebi et al., 2023). У різних частинах світу гризуни, що належать до родин Muridae і Cricetidae, є

носіями кровопаразитів, таких як *Hepatozoon* spp., *Babesia* spp. і *Trypanosoma* spp., тоді як серед поширених бактеріальних угруповань трапляються *Bartonella* spp., *Mycoplasma* spp., *Borrelia* spp., *Rickettsia* spp. і представники родини *Anaplasmataceae*: Іспанія (Criado-Fornelio et al., 2006), Польща (Bajer et al., 2014b), Словаччина (Špitalská et al., 2017), США (Goodrich et al., 2020), Республіка Корея (Kim et al., 2024b), Бразилія (Ortiz et al., 2018), Нігерія (Kamani et al., 2013) та ін. Однак, характер їх поширеності, домінантні роди і видове різноманіття відрізняються між географічними регіонами. У мишей і полівок у Європі інвазії переважно спричинені *Hepatozoon* spp. та *Babesia* spp., тоді як *Trypanosoma* spp. трапляються рідше; серед бактерій переважають *Bartonella* spp. (Criado-Fornelio et al., 2006; Welc-Falęciak et al., 2008; Karbowski et al., 2009b; Bajer et al., 2014; Kallio et al., 2014; Hamšíková et al., 2016a; Ferrari et al., 2022; Tołkacz et al., 2018).

Відмінності у показниках поширеності організмів паразитарного і бактеріального походження пов'язані з сезонністю, особливо для паразитів, переносниками яких є членистоногі, а також частково з використаними методами дослідження. Це зумовлено тим, що деякі дослідження наводять дані лише на основі мікроскопії, тоді як інші спираються виключно на молекулярні методи. У результаті нашого дослідження нам вдалося не лише мікроскопічно виявити *Trypanosoma* spp. і *Hepatozoon* spp., але й підтвердити їхню присутність за допомогою молекулярних методів із подальшим секвенуванням. Крім того, у мишоподібних гризунів виявлено наявність бактерій, зокрема, *Bartonella* spp. і класу Mollicutes (*Mycoplasma*-подібні spp.).

Наше дослідження є першим відомим дослідженням гризунів родин Muridae і Cricetidae в Україні, у якому *T. grosi* було виявлено мікроскопічно, підтверджено молекулярними методами і охарактеризовано за допомогою філогенетичного аналізу. Попередні дослідження показали, що полівка соціальна *M. socialis*, відловлена поблизу Асканії-Нова в 1997 році, може бути носієм трипомастигот, які згодом були морфологічно ідентифіковані як *T. microti*

(Karbowiak et al., 2004). Інших повідомлень про виявлення *Trypanosoma* серед ссавців в Україні наразі не задокументовано.

Ідентифікація трипаносом *Herpetosoma* у межах цієї групи лише на основі морфологічних ознак і біологічних критеріїв є складною (Noyes et al., 2002; Sato et al., 2005). Ген 18S рибосомної РНК є одним із найбільш варіабельних у трипаносом *Herpetosoma* і використовується найчастіше у дослідженнях вчених для диференціації штамів та видів (Sato et al., 2005; Guan et al., 2011). Ця ділянка дала змогу диференціювати *T. evotomys* і *T. grosi*, а також відмежувати їх від *T. microti*, *T. musculi* та *T. lewisi* (Noyes et al., 2002). Водночас відмінність між генотипами різних видів *Herpetosoma* може бути не дуже значною (Mafie et al., 2019). Наприклад, між *T. lewisi* і *T. musculi* є лише одна заміна нуклеотиду в позиції 1321 їхньої SSU рДНК довжиною 2219 п.н. (Hoare, 1972; Haag et al., 1998;). З огляду на довжину отриманого нами генотипу (912 п.н.), ця обмежена роздільна здатність 18S рРНК щодо розрізнення близькоспоріднених видів або ліній може пояснювати низьку бутстреп-підтримку внутрішніх вузлів у межах комплексу видів *T. lewisi* у нашому філогенетичному аналізі. Однак, розміщення нашого генотипу в межах клади *T. grosi* підтверджується бутстреп-підтримкою у 87% і узгоджується з попередніми молекулярними характеристиками цього виду у гризунів роду *Apodemus*.

Також, на території України збудники роду *Trypanosoma* зареєстровані серед мишоподібних гризунів авторами Semenکو et al. (2020), однак без наведення результатів молекулярно-генетичного аналізу. Морфометричні параметри знайдених нами трипомастигот *T. grosi* від *A. agrarius* (Табл. 3.1) відповідали тим, що були описані авторами Sato et al. (2003) і Karbowiak et al. (2009a). Згідно нашому мікроскопічному дослідженню поширеність *Trypanosoma* spp. становила 7,8% (ДІ 4,14–14,09). Отримані результати є дещо нижчими за результати дослідження науковців Словаччини, де поширеність сягала 12,7% (Karbowiak et al., 2009a) і за дані, отримані в умовах Республіки Корея 23,9% (Kim et al., 2024b).

Водночас поширеність була суттєво вищою в нашому дослідженні за використання молекулярних методів дослідження – 15,6%. Дана різниця ймовірно зумовлена вищою чутливістю ПЛР, в порівнянні із мікроскопією, так само і присутністю збудника в крові тварини в певний проміжок часу. Зниження кількості збудників нижче детектованого рівня спостерігали в ізоляті *T. grosi* типу HANTO впродовж 14 діб після інвазування і в ізоляті типу SESUJI впродовж 21 доби (Sato et al., 2003). В попередніх дослідженнях авторами Votýrka et al. (2022) встановлено поширеність збудників роду *Trypanosoma* в 11,2% серед 1525 гризунів зі Східної і Центральної Африки. Однак, поширеність змінювалась в залежності від виду тварини і сягала 2,1% для гризунів роду *Aethomys* та 37,1% для роду *Lemniscomys*. Подібну закономірність також спостерігали в гризунів з Уганди, де загальна поширеність збудників роду *Trypanosoma* підроду *Herpetosoma* сягала 13%. Поширеність у гризунів роду *Aethomys* – 3%, а в гризунів роду *Grammomys* – 43% (Babyesiza et al., 2024). За результатами нашого мікроскопічного дослідження, кількість позитивних зразків була найнижчою для *A. flavicollis* – 6,12%, далі для *M. glareolus* – 6,45% і для *A. agrarius* – 15,8%. Позитивні результати досліджень ПЛР спостерігали серед *A. flavicollis* і *A. agrarius* та встановили подібну тенденцію поширеності з результатами 9,1% і 50,0% відповідно.

Подальше секвенування дало змогу виявити 2 генотипи класу Kinetoplastea: один ідентичний із *T. grosi*, інший виявився подібним із *P. caudatus*. Генотип *T. grosi* відноситься до клади *T. lewisi*-подібні і знайдений у тканинах, виділених з організму гризунів виду *A. agrarius* та *A. flavicollis*. Нуклеотидні послідовності були отримані на основі аналізу послідовностей гена 18S рРНК і мали подібність із ізолятами *T. grosi* типів SESUJI та АКНА (Sato et al., 2005). Обидва ізоляти були виділені від різних видів гризунів роду *Apodemus*: тип SESUJI від *A. agrarius* (м. Владивосток, Росія), а ізолят типу АКНА від *A. speciosus speciosus* (селище Такко, Японія) (Sato et al., 2005). Також, генотип WM1 був ідентифікований як *T. grosi* і виділений від *A. sylvaticus* та ектопаразита

цього виду – блохи *Amalaraeus penicilliger mustalae* (Noyes et al., 2002). В нашому і в споріднених наукових дослідженнях *T. grosi* утворює окрему підгрупу філогенетичного дерева, побудованого на основі послідовностей гена малої субодиниці рРНК, які можуть змінюватися при застосуванні моделювання, побудованого на основі іншого гена – гліцеральдегід-3-фосфатдегідрогеназа (gGAPDH). Між різними генотипами, що належать до клади *T. grosi*, виявлено 2–4 нуклеотидних заміни на фрагменті довжиною 2150 пар нуклеотидів (Mafie et al., 2019). На додаток, ділянки IGS, ITS, а також гени малої (18S) і великої (5.8S, 28S) субодиниць рРНК можуть використовуватися для молекулярної характеристики *T. grosi* (Sato et al., 2005).

Збудник *T. grosi* належить до підроду *Herpetosoma*, для якого характерним є вузьке коло хазяїв (стеноксенність) (Krampitz, 1959; Maraghi & Molyneux, 1989). Рід *Trypanosoma* включає в себе понад 472 видів, з них лиш близько 45 видів належать до підроду *Herpetosoma* (Hoare, 1972; Noyes et al., 2002; Sato et al., 2005). *T. lewisi* та *T. lewisi*-подібні є представниками підроду *Herpetosoma* і можуть виступати опортуністичними хазяями людини і спричиняти появу нових зоонозів асоційованих із гризунами (Ortiz et al., 2018; Votýpka et al., 2022). *T. grosi* потрапляє в організм хазяїна під час проковтування ектопаразитів (блохи) чи через контамінацію фекаліями ектопаразитів ран або слизових оболонок (Hoare, 1972; Noyes et al., 2002). Розвиток збудників роду *Trypanosoma* в організмі гризунів підроду Murinae відбувається за рахунок нерівномірного множинного поділу в стадії епімастиготи (Noyes et al., 2002). В ізоляті *T. grosi* Cha1 під час мікроскопічного дослідження спостерігали збудників в різних формах сферомаситот (Guan et al., 2011). Репродуктивний цикл *T. grosi* включає першу і другу хвилі паразитемії, однак під час першої хвилі Т-клітини відіграють основну роль в елімінації збудника (Sato et al., 2003). Водночас у тварин у стані вагітності чи з іншим імуносупресивним станом можливий рецидив паразитемії (Goodrich et al., 2020).

Представники ряду *Bodonida* класу *Kinetoplastea* є вільноживучими організмами і часто використовуються як еволюційна точка відліку (зовнішня група) для вивчення представників ряду *Trypanosomatida*, наприклад, завдяки філогенетичному аналізу на основі 18S рРНК і таксономічного складу клади (Stevens et al., 1999; Haag et al., 1998). Представником ряду *Parabodonida* є *P. caudatus* (Eukaryota: Discoba: Euglenozoa: Kinetoplastea: Bodonida: Parabodonidae: Parabodo). Згідно філогенетичному дослідженню з використанням гена малої субодиниці рРНК, даний вид знаходили в мишоподібних гризунів (*Bunomys penitus* (Miller & Hollister, 1921), *Rattus mollicomulus* Tate & Archbold, 1935 та *Maxomys musschenbroekii* (Jentink, 1878) з о. Сулавесі (Індонезія) (Winterhoff et al., 2020). Також, Dario et al. (2017) виявили *Bodo saltans* Ehrenberg, 1832 у кажана (штат Еспіриту-Санту, Бразилія).

Досліджений нами генотип мав найбільшу спорідненість (98,52%) із вільноживучим організмом *P. caudatus* знайденим у донному осаді поблизу узбережжя (штат Меріленд, США) (Malik et al., 2011). Крім того, даний організм має опортуністичний потенціал, оскільки його ідентифікували в осаді сечі собаки із гематурією. Також, в цього собаки відбирали сечу для досліджень впродовж 12 років (за цей період протозойних збудників не фіксували), щоб встановити цього прихованого випадкового збудника (Vandersea et al., 2015). Проте, отримана нами послідовність не підтверджена мікроскопічними методами дослідження, а тому подальший її аналіз філогенетичними методами дослідження здійснено не було.

Збудників роду *Hepatozoon* spp. в Україні раніше виділяли з організму іксодових кліщів роду *Ixodes* (Hamel et al., 2013), у собак передислокованих з України в Польщу (Bajer et al., 2023), в крові щеняти і вперше з описаними клінічними ознаками (Galat et al., 2026). В останніх двох наукових працях дослідженим збудником був *Hepatozoon canis* (James, 1905). Також, в попередніх дослідженнях мишоподібних гризунів вже виявляли невстановлених до виду представників роду *Hepatozoon* spp. за допомогою мікроскопічного дослідження (Lypska et al., 2023).

В нашому дослідженні за допомогою ПЛР встановлено, що поширеність *Hepatozoon* spp. (6,3%) була нижчою за дані з мікроскопічного дослідження (12,07%). Дані результати є нижчими порівняно із результатами, отриманими науковцями Італії (35,9%) (Ferrari et al., 2022) і Чилі (82,4%) (Alabí et al., 2021). Водночас, поширеність *Hepatozoon* spp. була вища у виду *M. glareolus*, ніж в *A. flavicollis*. Подібні результати отримали і дослідники Hamšíková et al. (2016b), де поширеність в *M. glareolus* становила 11,5%, а в *Apodemus* spp. 0,3%.

Два генотипи, виділені із селезінки *A. flavicollis* у цьому дослідженні, вперше зареєстровано не лише для ЧЗВ, а й для України загалом (Storozhuk et al., 2026). За результатами філогенетичного аналізу (Рис. 3.14) ці генотипи утворили кладу з високою підтримкою разом із двома раніше депонованими генотипами, отриманими від того самого виду гризунів у Словаччині (AN KU597250 та PP420938). Ці результати додатково підтверджують попередню гіпотезу Hamšíková et al. (2016b) та Ganzinelli et al. (2024) щодо поширення цієї лінії в Європі й розширюють відомий географічний ареал її виявлення. Крім того, генотипи KT274177 і KT274178 (Uiterwijk et al., 2023), також кластеризуються в межах цієї кледи. Однак, останні зазначені генотипи, виділені не лише від *A. flavicollis*, але й від *A. sylvaticus* у Хорватії, найімовірніше, були помилково ідентифіковані авторами первинного дослідження як *H. ayorgbor* (Ganzinelli et al., 2024; Uiterwijk et al., 2023). Ймовірну помилкову ідентифікацію генотипів, отриманих від гризунів, як генотипів рептилій можна пояснити консервативністю локусу 18S рРНК, який не забезпечує достатнього розділення близькоспоріднених ліній. Згідно з результатами проведеного нами філогенетичного аналізу, послідовності, отримані від гризунів роду *Apodemus*, формують окрему добре підтриману кладу, сестринську до кластера *H. ayorgbor* та *H. ophisauri*, проте відмінну від нього. Отже, не можна виключати можливість, що генотипи, отримані в нашому дослідженні, можуть відповідати *H. sylvatici*, особливо з огляду на те, що цей вид був описаний лише за морфологічними ознаками, а генетичні дані для нього наразі відсутні (Ganzinelli et al., 2024).

Оскільки в нашому дослідженні в мазках крові *A. flavicollis*, які містили ці генотипи, паразитів мікроскопічно не було виявлено, цю гіпотезу наразі неможливо ані підтвердити, ані спростувати; вона потребує подальших досліджень. Так само, за відсутності морфологічного опису паразита/паразитів, представлених цими генотипами, шляхи передачі і ймовірні переносники залишаються невідомими (Hamšíková et al., 2016b; Ganzinelli et al., 2024).

Серед організмів бактеріального походження нам вдалось вперше на території України виявити представників класу Mollicutes (*Mycoplasma*-подібні spp.) і виділити їхні генотипи (Storozhuk et al., 2026). Раніше повідомлялось про виявлення *Mycoplasma anserisalpingitidis* Volokhov et al., 2020 в гусей, *Mycoplasma agalactiae* (Wroblewski, 1931) в дрібної рогатої худоби, *Mycoplasma haemocanis* (раніше *Haemobartonella canis*) (Kikuth, 1928) у собак (Gróznier et al., 2021; Bohach et al., 2022; Adaszek et al., 2024). В нашому дослідженні показник загальної поширеності представників класу Mollicutes становить 12,5%, що є значно нижчим за дані поширеності з Польщі (68,3%) і показника поширеності *Bartonella* spp. (81,3%) з нашого дослідження. На території України, в ЧЗВ, збудники *B. grahamii* і *B. taylorii* у мишоподібних гризунів (*A. flavicollis*) вже було виявлено раніше дослідниками Szewczyk et al., 2021. Загальна поширеність *Bartonella* spp. становила 38,9%, що є в 2,1 рази нижчою у порівнянні з нашим дослідженням. *B. grahamii* пов'язана із інфікуваннями людини (виділена у пацієнта з нейроретинітом) (Kerkhoff et al., 1999).

Наші результати свідчать про статистично значущий вплив місяця відлову на поширеність *T. grosi*, представників класу Mollicutes і роду *Bartonella*, хоча період відбору зразків у нашому дослідженні був обмежений лише трьома місяцями, липнем, вереснем і жовтнем. Це спостереження узгоджується з результатами інших досліджень (Bajer et al., 2001; Pawelczyk et al., 2004; Karbowski et al., 2009a). Водночас, у наших даних така закономірність була очевидною лише за результатами ПЛР і не підтверджувалася мікроскопічними дослідженнями.

За результатами нашого дослідження встановлено статистично значущі відмінності, пов'язані зі статтю тварин. Так, це насамперед стосувалось поширеності *Trypanosoma* spp. за даними мікроскопічного дослідження та *Mycoplasma*-подібних бактерій – за результатами ПЛР. Подібну закономірність описали Fabbri et al. (2026), які встановили вищі показники інвазованості у самців порівняно із самками, що загалом узгоджується з нашими результатами. Це може бути пов'язано з гормональними та імунологічними відмінностями (Greenblatt & Rosenstreich, 1984), особливостями поведінки і соціальної структури (Fabbri et al., 2026), а також неоднаковим рівнем контакту з переносниками (Smith et al., 2005).

В нашому дослідженні рівень радіоактивного забруднення варіював в залежності від виду мишоподібного гризуна і рівня радіоактивного забруднення місць відлову тварин (полігон I–III). Такі місця, як рудий ліс досі зберігають високий рівень забруднення території радіонуклідами попри загальну тенденцію до зниження після техногенної аварії 1986 року (Beresford et al., 2022). Рівні радіонуклідного забруднення ґрунту ізотопами ^{137}Cs , ^{90}Sr , ^{241}Am на полігоні I–III були нижчими в порівнянні із Рудим лісом, де також здійснювали відлов тварин. Згідно з даними Beresford et al. (2020) вплив радіації на тварин залежить від зовнішніх і внутрішніх доз опромінення сумарною потужністю дози та змінюється в залежності від виду тварин, наприклад, залежить від адаптації до умов проживання і особливостей живлення. Також, була визначена питома активність (кБк/кг) інкорпорованого радіонукліду ^{137}Cs в залежності від виду тварин. Найвище значення виявили у *A. flavicollis*, дещо нижчі значення у *A. agrarius*, тоді як найнижчі у *M. glareolus*.

Збудник *T. grosi* виявили методом мікроскопічного дослідження у 5,3% досліджених *A. flavicollis* в Рудому лісі і 14,3% на полігоні II, тоді як у тварин з контрольної групи його не виявили. У мишоподібних гризунів *M. glareolus*, відловлених із полігону I і тварин контрольної групи із Чернечого лісу, не спостерігали різниці в поширеності збудників роду *Hepatozoon*.

Види мишоподібних гризунів *A. agrarius* і *A. flavicollis* мали найбільшу кількість виявлених патогенів. *Bartonella* spp. були найпоширенішими серед усіх виявлених патогенів. Серед гризунів контрольної групи виявлено лише 1 генотип *Bartonella* spp. (PZ020206), тоді як всі інші генотипи були ізольовані у тварин виловлених із ЧЗВ.

Зміни гематологічних показників крові тварин відображають як вплив внутрішніх так і зовнішніх факторів. Гематологічні параметри крові мишей можуть варіювати в залежності від віку тварин, статі, генетичної конституції, відсутності патогенів, зокрема, для тварин що використовуються у лабораторних умовах, методів відбору крові (з серця або ж з очного синусу), а також методів проведення досліджень, наприклад, з використанням ручного чи автоматичного підрахунку (Barrios et al., 2009). При цьому, у ході досліджень, зокрема, за експериментального порівняння кількості і розмірів тромбоцитів встановлено необхідність включати мишей обох статей в експеримент з гематологічного аналізу (Aurbach et al., 2019). Виявлення факту лейкоцитозу в тварин, які зазнали опромінення, може свідчити про мобілізацію захисних факторів організму, що важливо для його адаптації і виживання внаслідок перебування під впливом різних доз іонізуючого опромінення. Подібні результати абсолютної кількості лейкоцитів у тварин за впливу радіоактивного іонізуючого опромінення описані у роботах Paredes et al. (2021) і Lima et al. (2023).

Зміни показників абсолютної і відносної кількості моноцитів тварин, виловлених у Чернечому лісі, можуть свідчити про зміни (активацію) в їхньому організмі з боку клітинної ланки імунітету, при чому збільшення кількості моноцитів без впливу іонізуючого опромінення частіше спостерігаються за протозоозів. Збільшення абсолютної кількості лейкоцитів, моноцитів і гранулоцитів у тварин із полігонів I–III може бути пов'язане з комплексною дією чинників середовища, зокрема хронічним перебуванням в умовах радіоактивного забруднення та наявністю збудників паразитарного і бактеріального походження. Враховуючи високу частку позитивних результатів щодо бактеріальних агентів,

лейкоцитарні зміни не можна інтерпретувати як специфічну ознаку лише радіаційного впливу.

Зміни у гематологічних показниках крові мишоподібних тварин відмічають дослідники і за наявності збудників паразитарного та бактеріального походження. Зокрема, у пацюків за наявності *Haemogregarines* виявляли зміни у кількості лейкоцитів, еритроцитів і тромбоцитів. При цьому відсутні дані щодо впливу цих збудників за наявності радіоактивного забруднення. Тому, наші дослідження спрямовані на виявлення цього впливу на різні види гризунів родин Muridae і Cricetidae, визначення відмінностей впливу залежно від статі, ареалів поширення і наявності різних збудників.

Виявлена тромбоцитопенія у *A. agrarius* і *M. glareolus* також може свідчити про можливий вплив збудників на тромбоцитопоез. Показники кількості тромбоцитів самців мишоподібних гризунів *A. flavicollis* і *M. glareolus* були вищими за показники самок, що співпадає з даними попередніх досліджень мишоподібних гризунів диких видів (Aurbach et al., 2019). Проте для *A. agrarius* ці показники є протилежними, що може вказувати на видову особливість.

У більше ніж 60% досліджених мазків крові тварин виявляли бактеріальні організми. Найбільше були вражені мишоподібні гризуни виду *M. glareolus* – 78,95%, це може також вказувати на нижчий рівень імунного захисту у цього виду. Мишоподібні гризуни були значно уражені кровопаразитами, їх виявляли у 100% *A. agrarius* і *M. glareolus* та у 95,45% *A. flavicollis*. Це свідчить про значну роль мишоподібних гризунів як резервуарів збудників кровопаразитарних хвороб у природі.

Автоматичний гематологічний аналізатор Mindray® (BC-2800, Shenzhen mindray BioMedical Electronics Co., Ltd, Shenzhen, P.R., China) використовується для дослідження показників крові людини (Clinton et al., 2022; Njunda et al., 2015; Njunda et al., 2016). У тому числі й за паразитарних хвороб (Njunda et al., 2016; Njunda et al., 2015). Прилад цієї ж моделі проте у модифікації для використання у ветеринарній медицині, який використано нами для проведення наведених

вище досліджень, має 13 програм для різних видів тварин, а саме котів, собак, коней, мишей, пацюків, кролів, свиней, корів, буйволів, мавп, верблюдів, овець і кіз. Проте наші дослідження описано серед літературних джерел вперше, оскільки подібні публікації щодо результатів дослідження крові мишей з використанням даного приладу відсутні.

ВИСНОВКИ

У дисертаційній роботі вперше за результатами власних досліджень в умовах Чорнобильської зони відчуження і України загалом представлено поширеність, видове різноманіття і генетичну характеристику паразитів і бактерій мишоподібних гризунів родин Muridae і Cricetidae, мікроскопічно ідентифіковано наявність *Trypanosoma* spp. та *Hepatozoon* spp., що підтверджено за допомогою полімеразної ланцюгової реакції та подальшого секвенування. Отримані генотипи задепоновано у GenBank і філогенетично проаналізовано. Серед них виявлено не лише паразитів, але і бактерій, зокрема, *T. grosi*, *P. caudatus*-подібні, 2 генотипи *Hepatozoon* spp. типу SK3, 3 представники класу Mollicutes та 6 генотипів *Bartonella* spp., серед яких *B. grahamii* і *B. taylorii*. Унікальність результатів досліджень визначається поєднанням дослідження поширеності і різноманітності паразитів та бактерій за різних рівнів радіоактивного забруднення, порівняно з контролем.

1. У мишоподібних гризунів *M. glareolus*, *A. agrarius*, *A. flavicollis*, *A. sylvaticus*, *A. uralensis*, *M. musculus* 2019-2020 рр. відлову за результатами мікроскопічного дослідження пофарбованих мазків крові виявлено наявність *Trypanosoma* spp., *Hepatozoon* spp. і бактерій. Так, *Trypanosoma* spp. у 7,76 % (95 % ДІ 4,14–14,09) гризунів, при цьому у *M. glareolus* – 9,68 % (95 % ДІ 3,35–24,90), у *A. agrarius* – 15,8 % (95 % ДІ 5,52–37,57), а у *A. flavicollis* – 4,08% (95 % ДІ 1,13–13,71). *Hepatozoon* spp. виявлено у 12,07 % (95 % ДІ 7,33–19,24) мишоподібних гризунів, серед яких у *M. glareolus* – 35,48 % (95 % ДІ 21,12–53,05), а у *A. flavicollis* – 6,12 % (95 % ДІ 2,10–16,52). Результати досліджень підтверджуються поширеністю цих же збудників у гризунів 2024 р. відлову.

2. Вперше в Україні проведено вимірювання параметрів 126 трипомастигот *Trypanosoma* spp., з яких 23 особин ідентифіковано як таких, що належать до генотипу *T. grosi*. Розміри останніх узгоджуються з даними, отриманими у

попередніх дослідження за цього збудника. Також, встановлено морфометричні показники 219 гамонтів *Hepatozoon* spp.

3. Здійснено дослідження гематологічних показників крові 67 гризунів в залежності від наявності *Trypanosoma* spp. і *Hepatozoon* spp. Статистично значущі відмінності ($p < 0,05$) між групами в залежності від місця відлову тварин виявлено за загальної кількості лейкоцитів, абсолютної і відносної кількості лімфоцитів, моноцитів та гранулоцитів, а також за еритроцитарних і тромбоцитарних індексів. Встановлено статистично значущі відмінності між статтю тварин і видом за відносної кількості лімфоцитів, гранулоцитів, а також за абсолютної кількості еритроцитів та еритроцитарних і тромбоцитарних індексів.

4. Вперше в Україні здійснено комплексне молекулярне-генетичне дослідження зразків крові, печінки і селезінки мишоподібних гризунів із використанням цільових локусів генів 18S рРНК (*Hepatozoon* spp., *Babesia* spp., *Theileria* spp., *Cytauxzoon* spp.), TgREP-529 (*T. gondii*), 16S рРНК (клас Mollicutes), *gltA* (*Bartonella* spp.), 23S/5S ITS рРНК (*Rickettsia* spp.), що дозволило виявити генетичне різноманіття представників родів *Trypanosoma*, *Hepatozoon*, *Bartonella*, *Parabodo* та класу Mollicutes.

5. ДНК принаймні одного з досліджуваних родів паразитів і бактерій виявлено у всіх мишоподібних гризунів. Так, ДНК *Trypanosoma* spp. ідентифіковано шляхом полімеразної ланцюгової реакції у 31,25 % (95 % ДІ 17,25–48,57) гризунів, з них підтверджено шляхом секвенування *T. grosi* (реєстраційний номер у GenBank: PX973658) у 15,6 % (95 % ДІ 6,86–31,75) гризунів, серед яких *A. agrarius* (50,0 %, 95 % ДІ 21,52–78,48), *A. flavicollis* (9,1 %, 95 % ДІ 1,62–37,74) та гризуни роду *Apodemus* (100,0 %, 95 % ДІ 20,65–100,0). У 31,25 % (95 % ДІ 17,95–48,57) гризунів за допомогою секвенування виявлено *Hepatozoon* spp. типу SK3. Зокрема, в *A. flavicollis* – 18,2 % (95 % ДІ 5,14–47,70), а саме генотипи *Hepatozoon* sp. PX973667 і PX973668.

6. Представників класу Mollicutes (*Mycoplasma*-подібні spp.) виявлено шляхом полімеразної ланцюгової реакції у 15,63% (95 % ДІ 4,97–28,07) гризунів, а шляхом подальшого секвенування встановлено у тканинах *A. agrarius* (25%, 95 % ДІ 7,15–59,0) і *A. flavicollis* (18,3% 95 % ДІ 5,14–47,70). Шляхом секвенування виділено 3 різні генотипи (PZ025234, PX973670, PZ025235) Mollicutes (*Mycoplasma*-подібні spp.). *Bartonella* spp. ідентифіковано у 81,8 % (95% ДІ 65,0–92,0) гризунів. У *M. glareolus* – 100 % (95 % ДІ 56,55–100,0), *A. agrarius* – 37,5 % (95 % ДІ 13,68–69,43), *A. flavicollis* – 90,91 % (95 % ДІ 62,26–98,38), *A. sylvaticus* – 100 % (95 % ДІ 56,55–100,0). Шляхом секвенування виділено 6 генетичних варіантів збудників роду *Bartonella* (PZ020203–PZ020208). Виявлено потенційно зоонозні збудники, а саме генотип PZ020204, що містить 100,0% ідентичності із *B. grahamii* as4ap.

7. За результатами філогенетичного аналізу генотип PX973658 кластеризується з генотипами *T. grosi* із достатньо високим рівнем бутстрап-підтримки (87 %), що підтверджує його приналежність до цього виду. Обидва генотипи *Hepatozoon* spp. (PX973667 і PX973668) утворюють окрему кладу з раніше описаними генотипами SK3 (KU597250 і PP420938) із високою бутстрап-підтримкою (93 %). 2 генотипи *Bartonella* (PZ020204, PZ020203) кластеризуються з генотипом *B. grahamii* (94 % бутстрап-підтримки), тоді як інші 4 генотипи формують сестринську кладу.

8. Виявлено статистичну значущість ($p < 0,001$) за поширеністю *Hepatozoon* spp. у відповідності до видів мишоподібних гризунів за даними мікроскопічного дослідження, тоді як за даними полімеразної ланцюгової реакції із послідуочим генотипуванням статистичну значущість становить поширеність *T. grosi* ($p = 0,009$) і *Bartonella* spp. ($p < 0,001$).

9. За результатами полімеразної ланцюгової реакції із подальшим секвенуванням статистично значущу залежність встановлено для *T. grosi* за статтю тварин ($p = 0,018$), *Hepatozoon* spp. за віковою групою ($p = 0,002$), а також

для організмів класу Mollicutes за статтю ($p=0,002$) і віковою групою гризунів ($p=0,028$).

10. Поширеність паразитів і бактерії залежно від сезону, а саме місяця відлову у гризунів є статистично значущою за даними полімеразної ланцюгової реакції із подальшим секвенуванням для *T. grosi* ($p=0,022$), класу Mollicutes ($p=0,043$) і *Bartonella* spp. ($p=0,011$).

11. Поширеність збудників у гризунів залежно від місця відлову з різним рівнем радіоактивного забруднення, а також порівняно з контролем є статистично достовірною за результатами мікроскопії для *Hepatozoon* spp. ($p<0,001$), тоді як за результатами полімеразної ланцюгової реакції із подальшим секвенуванням для *Trypanosoma* spp. ($p=0,005$), представників класу Mollicutes ($p=0,019$) і *Bartonella* spp. ($p<0,001$).

У тварин контрольної групи виділено лише 1 генотип (PZ020206) збудників роду *Bartonella*, у той час як усі інші чисельні задепоновані генотипи ізольовані з тканин організму гризунів Чорнобильської зони відчуження. Довгостроковий вплив низьких і високих доз іонізуючого випромінювання на збудників хвороб потребує подальшого вивчення.

ПРОПОЗИЦІЇ ВИРОБНИЦТВУ

1. Результати дисертаційної роботи рекомендується використовувати під час розробки і впровадження програм епізоотологічного моніторингу природних осередків паразитів та бактерій, у тому числі і зоонозного походження в умовах Чорнобильської зони відчуження і за її межами. При цьому особливу увагу необхідно звернути на мишоподібних гризунів родів *Apodemus* і *Myodes*, які можуть поширювати збудників хвороб різної етіології.

2. Для виявлення паразитів *Trypanosoma* spp. і *Hepatozoon* spp. та бактерій *Bartonella* spp. і класу Mollicutes в умовах лабораторій України рекомендуємо застосовувати запропонований у нашій дисертаційній роботі комплексний підхід, що поєднує мікроскопічне дослідження мазків крові, ПЛР та подальшу інтерпретцію результатів секвенування.

3. Використовувати «Методичні рекомендації щодо особливостей поширення деяких зоонозних інвазій в умовах Чорнобильської зони радіоактивного забруднення та прилеглих областей України, аналізу ризиків їх розповсюдження і підходів профілактики».

СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. Adaszek, Ł., Staniec, M., Dokuzeylül, B., Pisarek, M., Skrzypczak, M., Żółkiewski, P., Rutkowska-Szulczyk, M., Deneka, Ł., Or, M. E., & Winiarczyk, S. (2024). Vector-borne diseases imported to Poland between 2021 and 2023. *Journal of Veterinary Research*, 68, 215–222. <https://doi.org/10.2478/jvetres-2024-0033>
2. Alabí, A. S., Monti, G., Otth, C., Sepulveda-García, P., Perles, L., Machado, R. Z., André, M. R., Bittencourt, P., & Müller, A. (2021). Genetic diversity of Hepatozoon spp. in rodents from Chile. *Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária*, 30, e012721. <https://doi.org/10.1590/S1984-29612021082>
3. Alabí, A. S., Monti, G., Otth, C., Sepúlveda-García, P., Sánchez-Hidalgo, M., Califre de Mello, V. V., Machado, R. Z., André, M. R., Bittencourt, P., & Müller, A. (2020). Molecular Survey and Genetic Diversity of Hemoplasmas in Rodents from Chile. *Microorganisms*, 8(10), 1493. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8101493>
4. Albertyńska, M., Okła, H., Jasik, K., Wójcik-Fatla, A., Zając, V., Sroka, J., & Dutkiewicz, J. (2021). Interactions between *Babesia microti* merozoites and rat kidney cells in a short-term in vitro culture and animal model. *Scientific Reports*, 11, 23663. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-03079-0>
5. Alharbi, B. (2018). *Arthropod-Borne Infections in the United Kingdom and Saudi Arabia* (Doctoral dissertation, University of Salford, Salford, UK).
6. Allen, K. E. (2010). *HEPATOZOON SPECIES IN NORTH AMERICA: PHYLOGENETIC DIVERSITY, TRANSMISSION PATTERNS, AND OPPORTUNITIES FOR CONTROL* (Doctoral dissertation, Oklahoma State University, USA).
7. Andersson, M., Scherman, K., & Råberg, L. (2014). Infection Dynamics of the Tick-Borne Pathogen "Candidatus Neohrlichia mikurensis" and Coinfections with *Borrelia afzelii* in Bank Voles in Southern Sweden. *Applied and Environmental Microbiology*, 80(5), 1645–1649. <https://doi.org/10.1128/AEM.03469-13>

8. Antolová, D., Stanko, M., Jarošová, J., & Miklisová, D. (2023). Rodents as Sentinels for *Toxoplasma gondii* in Rural Ecosystems in Slovakia—Seroprevalence Study. *Pathogens*, *12*(6), 826. <https://doi.org/10.3390/pathogens12060826>
9. Archer, C. E., Appleton, C. C., Mukaratirwa, S., Lamb, J., & Schoeman, C. M. (2017). Endo-parasites of public-health importance recovered from rodents in the Durban metropolitan area, South Africa. *Southern African Journal of Infectious Diseases*, *32*(2), 57–66. <https://doi.org/10.1080/23120053.2016.1262579>
10. Asano, A., Torigoe, D., Sasaki, N., & Agui, T. (2014). Development of an ELISA Using a Recombinant P46-Like Lipoprotein for Diagnosis of *Mycoplasma pulmonis* Infection in Rodents. *Journal of Veterinary Medical Science*, *76*(2), 151–157. <https://doi.org/10.1292/jvms.13-0308>
11. Attias, M., Teixeira, D. E., Benchimol, M., Vommaro, R. C., Crepaldi, P. H., & De Souza, W. (2020). The life-cycle of *Toxoplasma gondii* reviewed using animations. *Parasites & Vectors*, *13*, 588. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-04445-z>
12. Aurbach, K., Spindler, M., Haining, E. J., Bender, M., & Pleines, I. (2019). Blood collection, platelet isolation and measurement of platelet count and size in mice—a practical guide. *Platelets*, *30*(6), 698–707. <https://doi.org/10.1080/09537104.2018.1528345>
13. Babyesiza, W. S., Katakweba, A., Fornůsková, A., Ssuunaf, J., Akoth, S., Mpagi, J., Goüy de Bellocq, J., Bryja, J., & Votýpka, J. (2024). Trypanosome diversity in small mammals in Uganda and the spread of *Trypanosoma lewisi* to native species. *Parasitology Research*, *123*, 54. <https://doi.org/10.1007/s00436-023-08048-2>
14. Bajer, A., Alsarraf, M., Bednarska, M., Mohallal, E. M., Mierzejewska, E. J., Behnke-Borowczyk, J., Zalat, S., Gilbert, F., & Welc-Falęciak, R. (2014a). *Babesia behnkei* sp. nov., a novel *Babesia* species infecting isolated populations of Wagner's gerbil, *Dipodillus dasyurus*, from the Sinai Mountains, Egypt. *Parasites & Vectors*, *7*, 572. <https://doi.org/10.1186/s13071-014-0572-9>

15. Bajer, A., Alsarraf, M., Topolnytska, M., Tołkacz, K., Dwużnik- Szarek, D., & Rodo, A. (2023). Vector-borne parasites in dogs from Ukraine translocated to Poland following Russian invasion in 2022. *Parasites & Vectors*, *16*, 430. <https://doi.org/10.1186/s13071-023-06042-2>
16. Bajer, A., Behnke, J. M., Pawełczyk, A., & Siński, E. (1999). First evidence of *Ehrlichia* sp. in wild *Microtus arvalis* from Poland. *Acta Parasitologica*, *44*(3), 204–205.
17. Bajer, A., Pawełczyk, A., Behnke, J. M., Gilbert, F. S., & Sinski, E. (2001). Factors affecting the component community structure of haemoparasites in bank voles (*Clethrionomys glareolus*) from the Mazury Lake District region of Poland. *Parasitology*, *122* (1), 43–54. <https://doi.org/10.1017/s0031182000007058>
18. Bajer, A., Welc-Fałęciak, R., Bednarska, M., Alsarraf, M., Behnke-Borowczyk, J., Siński, E., & Behnke, J. M. (2014b). Long-Term Spatiotemporal Stability and Dynamic Changes in the Haemoparasite Community of Bank Voles (*Myodes glareolus*) in NE Poland. *Microbial Ecology*, *68*, 196–211. <https://doi.org/10.1007/s00248-014-0390-9>
19. Bajnok, J., Boyce, K., Rogan, M. T., Craig, P. S., Lun, Z. R., & Hide, G. (2015). Prevalence of *Toxoplasma gondii* in localized populations of *Apodemus sylvaticus* is linked to population genotype not to population location. *Parasitology*, *142*(5), 680–690. <https://doi.org/10.1017/S0031182014001760>
20. Baker, R. J., Dickins, B., Wickliffe, J. K., Khan, F. A. A., Gaschak, S., Makova, K. D., & Phillips, C. D. (2017). Elevated mitochondrial genome variation after 50 generations of radiation exposure in a wild rodent. *Evolutionary Applications*, *10*(8), 784–791. <https://doi.org/10.1111/eva.12475>
21. Baltrūnaitė, L., Kitrytė, N., & Križanauskienė, A. (2020). Blood parasites (*Babesia*, *Hepatozoon*, and *Trypanosoma*) of rodents, Lithuania: part I. Molecular and traditional microscopy approach. *Parasitology Research*, *119*, 687–694. <https://doi.org/10.1007/s00436-019-06577-3>

22. Baneth, G., Florin-Christensen, M., Cardoso, L., & Schnittger, L. (2015). Reclassification of *Theileria annae* as *Babesia vulpes* sp. nov. *Parasites & Vectors*, 8, 207. <https://doi.org/10.1186/s13071-015-0830-5>
23. Baneth, G., Mathew, J. S., Shkap, V., Macintire, D. K., Barta, J. R., & Ewing, S. A. (2003). Canine hepatozoonosis: two disease syndromes caused by separate *Hepatozoon* spp. *Trends in Parasitology*, 19(1), 27–31. [https://doi.org/10.1016/s1471-4922\(02\)00016-8](https://doi.org/10.1016/s1471-4922(02)00016-8)
24. Baneth, G., Samish, M., & Shkap, V. (2007). LIFE CYCLE OF *HEPATOZOON CANIS* (APICOMPLEXA: ADELEORINA: HEPATOZOIDAE) IN THE TICK *RHIPICEPHALUS SANGUINEUS* AND DOMESTIC DOG (*CANIS FAMILIARIS*). *The Journal of Parasitology*, 93(2), 283–299. <https://doi.org/10.1645/GE-494R.1>
25. Barker, E. N., Tasker, S., Day, M. J., Warman, S. M., Woolley, K., Birtles, R., Georges, K. C., Ezeokoli, C. D., Newaj-Fyzul, A., Campbell, M. D., Sparagano, O. A., Cleaveland, S., & Helps, C. R. (2010). Development and use of real-time PCR to detect and quantify *Mycoplasma haemocanis* and "*Candidatus* *Mycoplasma haematoparvum*" in dogs. *Veterinary Microbiology*, 140(1–2), 167–170. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2009.07.006>
26. Barrios, M., Rodríguez-Acosta, A., Gil, A., Salazar, A. M., Taylor, P., Sánchez, E. E., Arocha-Piñango, C. L., & Guerrero, B. (2009). Comparative hemostatic parameters in BALB/c, C57BL/6 and C3H/He mice. *Thrombosis Research*, 124(3), 338–343. <https://doi.org/10.1016/j.thromres.2008.11.001>
27. Bazan, L., Argibay, H. D., Borges-Silva, W., Pita Gondim, L. F., Dos Santos Mattos, T. A., Santana, J. O., da Silva, E. M., Begon, M., Khalil, H., Costa, F., & de Oliveira Carneiro, I. (2025). Seroprevalence and risk factors for *Toxoplasma gondii* infection in wild, domestic and companion animals in urban informal settlements from Salvador, Brazil. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 19(12), e0013303. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0013303>

28. Beaugelin-Seiller, K., Garnier-Laplace, J., Della-Vedova, C., Métivier, J.-M., Lepage, H., Mousseau, T. A., & Møller, A. P. (2020). Dose reconstruction supports the interpretation of decreased abundance of mammals in the Chernobyl Exclusion Zone. *Scientific Reports*, *10*, 14083. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-70699-3>
29. Beck, R., Vojta, L., Čurković, S., Mrljak, V., Margaletić, J., & Habrun, B. (2011). Molecular Survey of *Babesia microti* in Wild Rodents in Central Croatia. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, *11*(1), 81–83. <https://doi.org/10.1089/vbz.2009.0260>
30. Benevenuto, J. L., Dumler, J. S., Ogrzewalska, M., Roque, A. L. R., Mello, V. V. C., Marques de Sousa, K. C., Gonçalves, L. R., D'Andrea, P. S., de Sampaio Lemos, E. R., Machado, R. Z., & André, M. R. (2017). Assessment of a quantitative 5' nuclease real-time polymerase chain reaction using *groEL* gene for *Ehrlichia* and *Anaplasma* species in rodents in Brazil. *Ticks and Tick-Borne Diseases*, *8*(4), 646–656. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2017.04.011>
31. Beresford, N. A., & Copplestone, D. (2011). Effects of Ionizing Radiation on Wildlife: What Knowledge Have We Gained Between the Chernobyl and Fukushima Accidents? *Integrated Environmental Assessment and Management*, *7*(3), 371–373. <https://doi.org/10.1002/ieam.238>
32. Beresford, N. A., Barnett, C. L., Gashchak, S., Maksimenko, A., Guliaichenko, E., Wood, M. D., & Izquierdo, M. (2020). Radionuclide transfer to wildlife at a “Reference site” in the Chernobyl Exclusion Zone and resultant radiation exposures. *Journal of Environmental Radioactivity*, *211*, Article 105661. <https://doi.org/10.1016/j.jenvrad.2018.02.007>
33. Beresford, N. A., Wood, M. D., Gashchak, S., & Barnett, C. L. (2022). Current ionising radiation doses in the Chernobyl Exclusion Zone do not directly impact on soil biological activity. *PLOS ONE*, *17*(2), Article e0263600. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0263600>
34. Berglund, E. C., Frank, A. C., Calteau, A., Vinnere Pettersson, O., Granberg, F., Eriksson, A.-S., Näslund, K., Holmberg, M., Lindroos, H., & Andersson,

S. G. E. (2009). Run-Off Replication of Host-Adaptability Genes Is Associated with Gene Transfer Agents in the Genome of Mouse-Infecting *Bartonella grahamii*. *PLoS Genetics*, 5(7), e1000546. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1000546>

35. Biondo, A. W., Pires Dos Santos, A., Sá Guimarães, A. M., da Costa Vieira, R. F., Vidotto, O., de Barros Macieira, D., Pereira Almosny, N. R., Beltrão Molento, M., Timenetsky, J., Autran de Moraes, H., González, F. H., & Messick, J. B. (2009). A review of the occurrence of hemoplasmas (hemotrophic mycoplasmas) in Brazil. *Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária*, 18(3), 1–7. <https://doi.org/10.4322/rbpv.01803001>

36. Birtles, R. J., Hazel, S. M., Bennett, M., Bown, K., Raoult, D., & Begon, M. (2001). Longitudinal monitoring of the dynamics of infections due to *Bartonella* species in UK woodland rodents. *Epidemiology and Infection*, 126(2), 323–329. <https://doi.org/10.1017/S095026880100526X>

37. Bohach, M. V., Bolotin, V. I., Bohach, D. M., Piven, O. T., & Pyvovarova, I. V. (2022). Influence of natural and climatic conditions on the distribution and forms of contagious agalactia in sheep in Bessarabia, Ukraine. *Journal of Veterinary Research*, 66, 345–351. <https://doi.org/10.2478/jvetres-2022-0047>

38. Bonin, J. L., Torres, S. R., Marcinkiewicz, A. L., Duhamel, G. E., Yang, X., Pal, U., DiSpirito, J. M., Nowak, T. A., Lin, Y.-P., & MacNamara, K. C. (2024). Impact of *E. muris* infection on *B. burgdorferi*-induced joint pathology in mice. *Frontiers in Immunology*, 15, 1430419. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2024.1430419>

39. Borges, A. R., Lemos, M., Moraes, D. H., Souto-Pradrón, T., & D'Agosto, A. (2016). In vitro Culture and Morphology of Fish Trypanosomes from South American Wetland Areas. *Symbiosis On-line Journal Microbiology & Infectious Diseases*, 4(2), 1–5. <https://doi.org/10.15226/sojmid/4/2/00151>

40. Bouaicha, F., Amairia, S., Amdouni, Y., Elati, K., Bensmida, B., Rekik, M., & Gharbi, M. (2025). Molecular and Serological Detection of *Toxoplasma gondii* in Two Species of Rodents: *Ctenodactylus gundi* (Rodentia, Ctenodactylidae) and

Psammomys obesus (Rodentia, Muridae) From South Tunisia. *Veterinary Medicine and Science*, 11(3), e70371. <https://doi.org/10.1002/vms3.70371>

41. Bown, K. J., Bennet, M., & Begon, M. (2004). Flea-borne *Bartonella grahamii* and *Bartonella taylorii* in Bank Voles. *Emerging Infectious Diseases*, 10(4), 684–687. <https://doi.org/10.3201/eid1004.030455>

42. Bown, K. J., Lambin, X., Telford, G. R., Ogden, N., Telfer, S., Woldehiwet, Z., & Birtles, R. (2008). Relative Importance of *Ixodes ricinus* and *Ixodes trianguliceps* as Vectors for *Anaplasma phagocytophilum* and *Babesia microti* in Field Vole (*Microtus agrestis*) Populations. *Applied and Environmental Microbiology*, 74(23), 7118–7125. <https://doi.org/10.1128/AEM.00625-08>

43. Breitschwerdt, E. B. (2014). Bartonellosis: One Health Perspectives for an Emerging Infectious Disease. *Institute for Laboratory Animal Research Journal*, 55(1), 46–58. <https://doi.org/10.1093/ilar/ilu015>

44. Breitschwerdt, E. B., Maggi, R. G., Chomel, B. B., & Lappin, M. R. (2010). Bartonellosis: an emerging infectious disease of zoonotic importance to animals and human beings. *Journal of Veterinary Emergency and Critical Care*, 20(1), 8–30. <https://doi.org/10.1111/j.1476-4431.2009.00496.x>

45. Brenden, R. A., & Huizinga, H. W. (1986). Susceptibility of Normal and X-irradiated Animals to *Aeromonas hydrophila* Infections. *Current Microbiology*, 13(3), 129–132. <https://doi.org/10.1007/BF01568507>

46. Breshears, M. A., Kocan, K. M., Johnson, E. M., & Panciera, R. J. (2009). Light and transmission electron microscopic characteristics of a novel *Hepatozoon* spp. in naturally infected cotton rats (*Sigmodon hispidus*). *Parasitology Research*, 105, 1327–1332. <https://doi.org/10.1007/s00436-009-1562-2>

47. Brinkerhoff, R. J., Kabeya, H., Inoue, K., Bai, Y., & Maruyama, S. (2010). Detection of multiple *Bartonella* species in digestive and reproductive tissues of fleas collected from sympatric mammals. *The International Society for Microbial Ecology Journal*, 4(7), 955–958. <https://doi.org/10.1038/ismej.2010.22>

48. Buffet, J.-P., Marsot, M., Vaumourin, E., Gasqui, P., Masségla, S., Marcheteau, E., Huet, D., Chapuis, J.-L., Pisanu, B., Ferquel, E., Halos, L., Vourc'h, G., & Vayssier-Taussat, M. (2012). Co-infection of *Borrelia afzelii* and *Bartonella* spp. in bank voles from a suburban forest. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 35(6), 583–589. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2012.07.002>
49. Buffet, J.-P., Pisanu, B., Brisse, S., Roussel, S., Félix, B., Halos, L., Chapuis, J.-L., & Vayssier-Taussat, M. (2013). Deciphering *Bartonella* Diversity, Recombination, and Host Specificity in a Rodent Community. *PLoS ONE*, 8(7), e68956. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0068956>
50. Buller, R. S., Arens, M., Hmiel, S. P., Paddock, C. D., Sumner, J. W., Rikhisa, Y., Unver, A., Gaudreault-Keener, M., Manian, F. A., Liddell, A. M., Schmulowitz, N., & Storch, G. A. (1999). *EHRlichia EWINGII*, A NEWLY RECOGNIZED AGENT OF HUMAN EHRLICHIOSIS. *The New England Journal of Medicine*, 341(3), 148–155. <https://doi.org/10.1056/NEJM199907153410303>
51. Burdo, O. O., Lypska, A. I., Riabchenko, N. M., & Sova, O. A. (2020). Peculiarities of Hematopoiesis in small rodents from the Chornobyl Exclusion Zone on the background of extreme environment. *Journal of Environmental Radioactivity*, 211, 105758. <https://doi.org/10.1016/j.jenvrad.2018.06.023>
52. Burri, C., Schumann, O., Schumann, C., & Gern, L. (2014). Are *Apodemus* spp. mice and *Myodes glareolus* reservoirs for *Borrelia miyamotoi*, *Candidatus Neohrlichia mikurensis*, *Rickettsia helvetica*, *R. monacensis* and *Anaplasma phagocytophilum*?. *Ticks and Tick-Borne Diseases*, 5(3), 245–251. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2013.11.007>
53. Caballero, M. C., Pedroni, M. J., Palmer, G. H., Suarez, C. E., Davitt, C., & Lau, A. O. T. (2012). Characterization of acyl carrier protein and LytB in *Babesia bovis* apicoplast. *Molecular and Biochemical Parasitology*, 181(2), 125–133. <https://doi.org/10.1016/j.molbiopara.2011.10.009>
54. Cabezas-Cruz, A., Zweygarth, E., Vancová, M., Broniszewska, M., Grubhoffer, L., Passos, L. M. F., Ribeiro, M. F. B., Alberdi, P., & de la Fuente, J.

(2016). *Ehrlichia minasensis* sp. nov., isolated from the tick *Rhipicephalus microplus*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 66(3), 1426–1430. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.000895>

55. Cai, Y.-C., Chen, S.-H., Yang, C.-L., Zhao, Z.-X., Li, H., Lu, Y., Ai, L., Chu, Y.-H., Shen, H.-M., & Chen, J.-X. (2018). Dynamics of routine blood tests in BALB/c mice with *Babesia microti* infection [Article in Chinese]. *Chinese Journal of Schistosomiasis Control*, 30(3), 300–306. <https://doi.org/10.16250/j.32.1374.2018119>

56. Cassell, G. H. (1982). Derrick Edward Award Lecture. The Pathogenic Potential of Mycoplasmas: *Mycoplasma pulmonis* as a Model. *Reviews of Infectious Diseases*, 4(1), S18–S34. https://doi.org/10.1093/clinids/4.supplement_1.s18

57. Caughey, G. H. (2007). Mast cell tryptases and chymases in inflammation and host defense. *Immunological Reviews*, 217(1), 141–154. <https://doi.org/10.1111/j.1600-065X.2007.00509.x>

58. Cayol, C., Jääskeläinen, A., Koskela, E., Kyröläinen, S., Mappes, T., Siukkola, A., & Kallio, E. R. (2018). Sympatric *Ixodes*-tick species: pattern of distribution and pathogen transmission within wild rodent populations. *Scientific Reports*, 8, 16660. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-35031-0>

59. Çelebi, B., Karagöz, A., Öktem, M. A., Çarhan, A., Matur, F., Özkazanç, N. K., Babür, C., Kılıç, S., Sözen, M., Karataş, A., & Durmaz, R. (2015). *Bartonella* species in wild small mammals in Western Black Sea Region of Turkey. *Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 62(3), 183–187. https://doi.org/10.1501/Vetfak_0000002678

60. Çelebi, B., Karataş Yeni, D., Yılmaz, Y., Matur, F., Babür, C., Öktem, M. A., Sözen, M., Karataş, A., Raoult, D., Mediannikov, O., & Fournier, P. E. (2023). *Borrelia miyamotoi* in wild rodents from four different regions of Turkey. *Ticks and Tick-borne Diseases*, 14, 102143. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2023.102143>

61. Charles, R. A., Kjos, S., Ellis, A. E., Barnes, J. C., & Yabsley, M. J. (2013). Southern Plains Woodrats (*Neotoma micropus*) from Southern Texas Are Important Reservoirs of Two Genotypes of *Trypanosoma cruzi* and Host of a Putative Novel

Trypanosoma Species. *Vector Borne and Zoonotic Diseases*, 13(1), 22–30.
<https://doi.org/10.1089/vbz.2011.0817>

62. Charles, R. A., Kjos, S., Ellis, A. E., Dubey, J. P., Shock, B. C., & Yabsley, M. J. (2012). Parasites and vector-borne pathogens of southern plains woodrats (*Neotoma micropus*) from southern Texas. *Parasitology Research*, 110, 1855–1862.
<https://doi.org/10.1007/s00436-011-2710-z>

63. Chawla, S., Jena, S., Venkatsan, B., Mahara, K., & Sahu, N. (2017). Clinical, pathological, and molecular investigation of *Mycoplasma pulmonis*-induced murine respiratory mycoplasmosis in a rat (*Rattus norvegicus*) colony. *Veterinary World*, 10(11), 1378–1382. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2017.1378-1382>

64. Chesser, R. K., Bondarkov, M., Baker, R. J., Wickliffe, J. K., & Rodgers, B. E. (2004). Reconstruction of radioactive plume characteristics along Chernobyl's Western Trace. *Journal of Environmental Radioactivity*, 71(2), 147–157.
[https://doi.org/10.1016/S0265-931X\(03\)00165-6](https://doi.org/10.1016/S0265-931X(03)00165-6)

65. Chesser, R. K., Rodgers, B. E., Wickliffe, J. K., Gaschak, S., Chizhevsky, I., Phillips, C. J., & Baker, R. J. (2001). ACCUMULATION OF 137 CESIUM AND 90 STRONTIUM FROM ABIOTIC AND BIOTIC SOURCES IN RODENTS AT CHORNOBYL, UKRAINE. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 20(9), 1927–1935. <https://doi.org/10.1002/etc.5620200910>

66. Chesser, R. K., Sugg, D. W., Lomakin, M. D., van den Bussche, R. A., DeWoody, J. A., Jagoe, C. H., Dallas, C. E., Whicker, F. W., Smith, M. H., Gaschak, S. P., Chizhevsky, I. V., Lyabik, V. V., Buntova, E. G., Holloman, K., & Baker, R. J. (2000). CONCENTRATIONS AND DOSE RATE ESTIMATES OF 134, 137CESIUM AND 90 STRONTIUM IN SMALL MAMMALS AT CHORNOBYL, UKRAINE. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 19(2), 305–312.
<https://doi.org/10.1002/etc.5620190209>

67. Chisu, V., Leulmi, H., Masala, G., Piredda, M., Foxi, C., & Parola, P. (2017). Detection of *Rickettsia hoogstraalii*, *Rickettsia helvetica*, *Rickettsia massiliae*,

Rickettsia slovaca and *Rickettsia aeschlimannii* in ticks from Sardinia, Italy. *Ticks and Tick-borne Diseases*, 8(3), 347–352. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2016.12.007>

68. Chong, N. S., Hardwick, R. J., Smith, S. R., Truscott, J. E., & Anderson, R. M. (2022). A prevalence-based transmission model for the study of the epidemiology and control of soil-transmitted helminthiasis. *PLoS ONE*, 17(8), e0272600. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0272600>

69. Cimpan, A. A., Nachum-Biala, Y., Ben-Shitrit, B., Miron, L., & Baneth, G. (2020). Epidemiological Study of Canine Babesiosis and Hepatozoonosis in The South of Romania. *Acta Parasitologica*, 65(3), 669–678. <https://doi.org/10.2478/s11686-020-00199-x>

70. Clark, K., Savick, K., & Butler, J. (2012). *BABESIA MICROTI* IN RODENTS AND RACCOONS FROM NORTHEAST FLORIDA. *The Journal of Parasitology*, 98(6), 1117–1121. <https://doi.org/10.1645/GE-3083.1>

71. Clinton, O., Kanyesigye, M., Angella, K. N., Muhawenimana, M., Mugume, M., Muwanguzi, E., Okongo, B., & Wagubi, R. (2022). Anaemia, Morphological Classification and Its Associated Risk Factors Among Lactating Mothers at Mbarara City Council Health Centre IV, Southwestern Uganda. *Journal of Blood Medicine*, 13, 473–481. <https://doi.org/10.2147/JBM.S367453>

72. Cohen, C., Shemesh, M., Garrido, M., Messika, I., Einav, M., Khokhlova, I., Tasker, S., & Hawlena, H. (2018). Haemoplasmas in wild rodents: routes of transmission and infection dynamics. *Molecular Ecology*, 27(18), 3714–3726. <https://doi.org/10.1111/mec.14826>

73. Conrado, F. d. O., do Nascimento, N. C., Pires dos Santos, A., Kraemer Zimpel, C., Messick, J. B., & Welker Biondo, A. (2015). Occurrence and identification of hemotropic mycoplasmas (Hemoplasmas) in free-ranging and laboratory rats (*Rattus norvegicus*) from two Brazilian zoos. *BMC Veterinary Research*, 11, 286. <https://doi.org/10.1186/s12917-015-0601-8>

74. Council of Europe. (1986). *European Convention for the Protection of Vertebrate Animals used for Experimental and other Scientific Purposes* (European

Treaty Series No. 123). Strasbourg, France.
<http://conventions.coe.int/Treaty/en/Treaties/Html/123.htm>

75. Cox, F. E. G. (1987). Protozoan parasites of British small rodents. *Mammal Review*, 17(2–3), 59–66. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2907.1987.tb00048.x>

76. Criado-Fornelio, A., Martinez-Marcos, A., Buling-Saraña, A., & Barba-Carretero, J. C. (2003). Presence of *Mycoplasma haemofelis*, *Mycoplasma haemominutum* and piroplasmids in cats from southern Europe: a molecular study. *Veterinary Microbiology*, 93(4), 307–317. [https://doi.org/10.1016/S0378-1135\(03\)00044-](https://doi.org/10.1016/S0378-1135(03)00044-)

77. Criado-Fornelio, A., Ruas, J. L., Casado, N., Farias, N. A. R., Soares, M. P., Müller, G., Brum, J. G. W., Berne, M. E. A., Buling-Saraña, A., & Barba-Carretero, J. C. (2006). NEW MOLECULAR DATA ON MAMMALIAN *HEPATOZOON* SPECIES (APICOMPLEXA: ADELEORINA) FROM BRAZIL AND SPAIN. *The Journal of Parasitology*, 92(1), 93–99. <https://doi.org/10.1645/ge-464r.1>

78. Croci, C., Erriquez, L., Bisaglia, B., Bellinzona, G., Olivieri, E., Sassera, D., & Castelli, M. (2024). Genome sequence of *Ehrlichia muris* from *Ixodes ricinus* collected in Italy on a migratory bird provides epidemiological and evolutionary insights. *Ticks and Tick-borne Diseases*, 15(6), 102409. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2024.102409>

79. Dario, M. A., Moratelli, R., Schwabl, P., Jansen, A. M., & Llewellyn, M. S. (2017). Small subunit ribosomal metabarcoding reveals extraordinary trypanosomatid diversity in Brazilian bats. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 11(7), Article e0005790. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0005790>

80. Das, N. C. (2022). *Prevalence of blood protozoans of murine rodents in Dhaka City, Bangladesh* (Master's thesis, Sher-e-Bangla Agricultural University). Sher-e-Bangla Agricultural University.
<http://archive.saulibrary.edu.bd:8080/xmlui/handle/123456789/4990>

81. de Waal, T. (2012). Advances in diagnosis of protozoan diseases. *Veterinary Parasitology*, *189*(1), 65–74. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2012.03.033>
82. Deák, Á., Bedőcs-Baráth, B., Varga, Á., Mátrai, Á. A., Bácskai, T., Deák-Pocsai, K., & Németh, N. (2025). Significance of Hemorheological Tests During *Mycoplasma pulmonis* Infection in Laboratory Rats. *Animals*, *15*(4), 563. <https://doi.org/10.3390/ani15040563>
83. Deblinger, R. D., & Rimmer, D. W. (1991). Efficacy of a Permethrin-Based Acaricide To Reduce the Abundance of *Ixodes dammini* (Acari: Ixodidae). *Journal of Medical Entomology*, *28*(5), 708–711. <https://doi.org/10.1093/jmedent/28.5.708>
84. Dellarupe, A., Fitte, B., Pardini, L., Campero, L. M., Bernstein, M., Robles, M. del R., Moré, G., Venturini, M. C., & Unzaga, J. M. (2019). *Toxoplasma gondii* and *Neospora caninum* infections in synanthropic rodents from Argentina. *Brazilian Journal of Veterinary Parasitology*, *28*(1), 113–118. <https://doi.org/10.1590/S1984-29612019009>
85. Demoncheaux, J. P., Medkour, H., Louni, M., Laugier, L., Pasqualini, C., Fenollar, F., Davoust, B., & Mediannikov, O. (2022). Detection of Potential Zoonotic *Bartonella* Species in African Giant Rats (*Cricetomys gambianus*) and Fleas from an Urban Area in Senegal. *Microorganisms*, *10*(3), 489. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10030489>
86. Demoner, L. C., Lucas da Silva, M. R., Magro, N. M., & O'Dwyer, L. H. (2019). *Hepatozoon milleri* sp. nov. (Adeleorina: Hepatozoidae) in *Akodon montensis* (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae) from southeastern Brazil. *Parasitology*, *146*(5), 662–669. <https://doi.org/10.1017/S0031182018001956>
87. Desouky, O., Ding, N., & Zhou, G. (2015). Targeted and non-targeted effects of ionizing radiation. *Journal of Radiation Research and Applied Sciences*, *8*(2), 247–254. <https://doi.org/10.1016/j.jrras.2015.03.003>
88. Desquesnes, M., Kamyngkird, K., Yangtara, S., Milocco, C., Ravel, S., Wang, M.-H., Lun, Z.-R., Morand, S., & Jittapalapong, S. (2011). Specific primers for

PCR amplification of the ITS1 (ribosomal DNA) of *Trypanosoma lewisi*. *Infection, Genetics and Evolution*, 11(6), 1361–1367.

<https://doi.org/10.1016/j.meegid.2011.04.030>

89. Desquesnes, M., Yangtara, S., Kunphukhieo, P., Chalermwong, P., Jittapalapong, S., & Herder, S. (2016). Zoonotic trypanosomes in South East Asia: Attempts to control *Trypanosoma lewisi* using veterinary drugs. *Experimental Parasitology*, 165, 35–42. <https://doi.org/10.1016/j.exppara.2016.03.009>

90. Di Cataldo, S., Cevidanes, A., Ulloa-Contreras, C., Sacristán, I., Peñaloza-Madrid, D., Vianna, J., González-Acuña, D., Sallaberry-Pincheira, N., Cabello, J., Napolitano, C., Hidalgo-Hermoso, E., Acosta-Jamett, G., & Millán, J. (2021). Widespread Infection with Hemotropic Mycoplasmas in Free-Ranging Dogs and Wild Foxes Across Six Bioclimatic Regions of Chile. *Microorganisms*, 9(5), 919. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9050919>

91. Di Genova, B. M., Wilson, S. K., Dubey, J. P., & Knoll, L. J. (2019). Intestinal delta-6-desaturase activity determines host range for *Toxoplasma* sexual reproduction. *PLoS Biology*, 17(8), e3000364. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3000364>

92. Díaz-Regañón, D., Villaescusa, A., Ayllón, T., Rodríguez-Franco, F., Baneth, G., Calleja-Bueno, L., García-Sancho, M., Agulla, B., & Sainz, Á. (2017). Molecular detection of *Hepatozoon* spp. and *Cytauxzoon* sp. in domestic and stray cats from Madrid, Spain. *Parasites & Vectors*, 10, 112. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2056-1>

93. Dillon, M. N., Qurollo, B. A., Thomas, R., Warren, M. E., Mousseau, T. A., Betz, J. A., Kleiman, N. J., & Breen, M. (2024). Contrasting pathogen prevalence between tick and dog populations at Chernobyl. *Parasites & Vectors*, 17, 470. <https://doi.org/10.1186/s13071-024-06563-4>

94. Dini, F. M., Caffara, M., Magri, A., Cantori, A., Luci, V., Monno, A., & Galuppi, R. (2024). Sentinels in the shadows: Exploring *Toxoplasma gondii* and other Sarcocystidae parasites in synanthropic rodents and their public health implications.

International journal for parasitology. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, 24, 100939. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2024.100939>

95. Drummond, M. R., Santos, L. S. dos, Almeida, A. R. de, Lins, K. de A., Barjas-Castro, M. L., Diniz, P. P. V. de P., & Velho, P. E. N. F. (2023). Comparison of molecular methods for *Bartonella henselae* detection in blood donors. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 17(6), e0011336. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0011336>

96. Duan, D. Y., Liu, G. H., Cheng, T. Y., & Wang, Y. Q. (2017). Microbial population analysis of the midgut of *Melophagus ovinus* via high-throughput sequencing. *Parasites & Vectors*, 10, 382. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2323-1>

97. Dubey, J. P. (2009). History of the discovery of the life cycle of *Toxoplasma gondii*. *International Journal for Parasitology*, 39(8), 877–882. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2009.01.005>

98. Dubey, J. P., Alić, A., Hodžić, A., Lopez-Flores, J., & Baneth, G. (2025). Hepatozoon infections in domestic and wild Carnivora: etiology, prevalence, clinical disease, diagnosis and treatment, and redescription of *Hepatozoon silvestris*, *H. martis*, and *H. ursi*. *Parasites & vectors*, 18(1), 391. <https://doi.org/10.1186/s13071-025-06977-8>

99. Duh, D., Petrovec, M., Trilar, T., & Avsic-Zupanc, T. (2003). The molecular evidence of *Babesia microti* infection in small mammals collected in Slovenia. *Parasitology*, 126(2), 113–117. <https://doi.org/10.1017/s0031182002002743>

100. Duscher, G. G., Leschnik, M., Fuehrer, H.-P., & Joachim, A. (2015). Wildlife reservoirs for vector-borne canine, feline and zoonotic infections in Austria. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, 4(1), 88–96. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2014.12.001>

101. Einor, D., Bonisoli-Alquati, A., Costantini, D., Mousseau, T. A., & Møller, A. P. (2016). Ionizing radiation, antioxidant response and oxidative damage: A meta-analysis. *Science of the Total Environment*, 548–549, 463–471. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2016.01.027>

102. Elamin, M. H. (2014). Genotyping of *Toxoplasma gondii* from Rats (*Rattus rattus*) in Riyadh, Saudi Arabia. *The Korean Journal of Parasitology*, 52(3), 257–261. <https://doi.org/10.3347/kjp.2014.52.3.257>
103. Elshafie, N. O., Kmetiuk, L. B., Pellizzaro, M., Haisi, A., Conrado, F. de O., Weckerlin, P., Ullmann, L. S., Araújo Junior, J. P., Messick, J. B., Biondo, A. W., & dos Santos, A. P. (2024). Hemotropic Mycoplasmas (Hemoplasmas) in Free-Ranging Azara's Agoutis (*Dasyprocta azarae*) from an Urban Area of Southern Brazil. *Journal of Wildlife Diseases*, 60(2), 513–518. <https://doi.org/10.7589/JWD-D-23-00079>
104. Etougbétché, J. R., Hamidović, A., Dossou, H. J., Coan-Grosso, M., Roques, R., Plault, N., Houéménou, G., Badou, S., Missihoun, A. A., Abdou Karim, I. Y., Galal, L., Diagne, C., Dardé, M. L., Dobigny, G., & Mercier, A. (2022). Molecular prevalence, genetic characterization and patterns of *Toxoplasma gondii* infection in domestic small mammals from Cotonou, Benin. *Parasite*, 29, 58. <https://doi.org/10.1051/parasite/2022058>
105. Ewald, P. W. (1995). THE EVOLUTION OF VIRULENCE: A UNIFYING LINK BETWEEN PARASITOLOGY AND ECOLOGY. *The Journal of Parasitology*, 81(5), 659–669. <https://doi.org/10.2307/3283951>
106. Fabbri, D., Dorigo, L., Grassi, L., Leopardi, S., Tagliapietra, V., & Beraldo, P. (2026). From reservoirs to ecological integrators: The role of European *Apodemus* spp. in vector-borne zoonotic pathogens. *Frontiers in Veterinary Science*, 13, Article 1822333. <https://doi.org/10.3389/fvets.2026.1822333>
107. Fajardo, L. F., Berthrong, M., & Anderson, R. E. (2001). *Radiation pathology*. Oxford University Press.
108. Ferguson, D. J. P., & Dubremetz, J. F. (2007). The Ultrastructure of *Toxoplasma gondii*. In L. M. Weiss & K. Kim (Eds.), *Toxoplasma gondii* (pp. 19–48). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-012369542-0/50004-0>
109. Fermino, B. R., Paiva, F., Soares, P., Tavares, L. E., Viola, L. B., Ferreira, R. C., Botero-Arias, R., de-Paula, C. D., Campaner, M., Takata, C. S., Teixeira, M. M.,

& Camargo, E. P. (2015). Field and experimental evidence of a new caiman trypanosome species closely phylogenetically related to fish trypanosomes and transmitted by leeches. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, 4(3), 368–378. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2015.10.005>

110. Fernandes, A. P., Nelson, K., & Beverley, S. M. (1993). Evolution of nuclear ribosomal RNAs in kinetoplastid protozoa: Perspectives on the age and origins of parasitism. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 90(24), 11608–11612. <https://doi.org/10.1073/pnas.90.24.11608>

111. Ferrari, G., Girardi, M., Cagnacci, F., Devineau, O., & Tagliapietra, V. (2022). First Record of *Hepatozoon* spp. in Alpine Wild Rodents: Implications and Perspectives for Transmission Dynamics across the Food Web. *Microorganisms*, 10(4), 712. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10040712>

112. Florin-Christensen, M., & Schnittger, L. (2009). Piroplasmids and ticks: a long-lasting intimate relationship. *Frontiers in Bioscience*, 14, 3064–3073. <https://doi.org/10.2741/3435>

113. Fonseca, M. S., Santos, A. J., Mendonça, M. A., Rodamilans, G. M., Marques, F. S., Biondi, I., Lira-da-Silva, R. M., Aburjaile, F. F., Sokolonski, A. R., Soares, R. P., Meyer, R., & Portela, R. W. (2023). *Trypanosoma* sp. infection in *Boa constrictor* snakes: morphological, hematological, clinical biochemistry, molecular, and phylogenetic characteristics. *Parasitology Research*, 123, 21. <https://doi.org/10.1007/s00436-023-08023-x>

114. Freitas, T. P. T. de, Teixeira, B. R., Machado, E. de O. S. L., Pinto, I. L. L., Oliveira, L. da S. de, Varella, K., Santos, H. A., Santos, F. de O., Tiepolo, L. M., Massard, C. L., & Peckle, M. (2025). Morphometric and Molecular Insights into *Hepatozoon* spp. in Wild and Synanthropic Rodents from Southern and Southeastern Brazil. *Pathogens*, 14(8), 756. <https://doi.org/10.3390/pathogens14080756>

115. Fuehrer, H.-P., Blöschl, I., Siehs, C., & Hassl, A. (2010). Detection of *Toxoplasma gondii*, *Neospora caninum*, and *Encephalitozoon cuniculi* in the brains of common voles (*Microtus arvalis*) and water voles (*Arvicola terrestris*) by gene

amplification techniques in western Austria (Vorarlberg). *Parasitology Research*, 107(2), 469–473. <https://doi.org/10.1007/s00436-010-1905-z>

116. Gajda, E., Hildebrand, J., Sprong, H., Buńkowska-Gawlik, K., Pereg-Matysiak, A., & Coipan, E. C. (2017). Spotted fever rickettsiae in wild-living rodents from south-western Poland. *Parasites & Vectors*, 10, 413. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2356-5>

117. Galal, L., Schares, G., Stragier, C., Vignoles, P., Brouat, C., Cuny, T., Dubois, C., Rohart, T., Glodas, C., Dardé, M. L., Kane, M., Niang, Y., Diallo, M., Sow, A., Aubert, D., Hamidović, A., Ajzenberg, D., & Mercier, A. (2019). Diversity of *Toxoplasma gondii* strains shaped by commensal communities of small mammals. *International Journal for Parasitology*, 49(3-4), 267–275. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2018.11.004>

118. Galan, M., Pagès, M., & Cosson, J.-F. (2012). Next-generation sequencing for rodent barcoding: Species identification from fresh, degraded and environmental samples. *PLOS ONE*, 7(11), Article e48374. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0048374>

119. Galat, M., Gliga, D., Storozhuk, V., Paraska, O., Semenko, O., Honcharov, S., Fuehrer, H.-P., Moré, G., Basso, W., Lundström-Stadelmann, B., & Frey, C. F. (2026). First case of clinical canine hepatozoonosis in Ukraine. *Parasitology International*, 110, 103125. <https://doi.org/10.1016/j.parint.2025.103125>

120. Galat, M.V. (2020). *Toxoplasmosis of animals (spreading, diagnostics and control measures)* (Doctoral thesis, National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine).

121. Galeh, T. M., Sarvi, S., Montazeri, M., Moosazadeh, M., Nakhaei, M., Shariatzadeh, S. A., & Daryani, A. (2020). Global Status of *Toxoplasma gondii* Seroprevalence in Rodents: A Systematic Review and Meta-Analysis. *Frontiers in Veterinary Science*, 7, 461. <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.00461>

122. Galfsky, D., Król, N., Pfeffer, M., & Obiegala, A. (2019). Long-term trends of tick-borne pathogens in regard to small mammal and tick populations from

Saxony, Germany. *Parasites & Vectors*, 12, 131. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3382-2>

123. Ganzinelli, S., Hamšíková, Z., Földvári, G., Szekeres, S., Pfeffer, M., Schnittger, L., & Kazimírová, M. (2024). Phylogenetic analysis of a novel *Hepatozoon* species (*Hepatozoon* sp. SK3) and an additional yet unknown *Hepatozoon* species (*Hepatozoon* sp. BV2) besides *H. erhardovae* in small rodents from Central Europe. *Parasitology Research*, 123, 250. <https://doi.org/10.1007/s00436-024-08269-z>

124. Ganzinelli, S., Rodriguez, A., Schnittger, L., & Florin-Christensen, M. (2018). *Babesia* in Domestic Ruminants. In M. Florin-Christensen & L. Schnittger (Eds.), *Parasitic Protozoa of Farm Animals and Pets*. Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-319-70132-5_9

125. Gaschak, S. P., Maklyuk, Y. A., Maksimenko, A. M., Bondarkov, M. D., Jannik, G. T., & Farfán, E. B. (2011). RADIATION ECOLOGY ISSUES ASSOCIATED WITH MURINE RODENTS AND SHREWS IN THE CHERNOBYL EXCLUSION ZONE. *Health Physics*, 101(4), 416–430. <https://doi.org/10.1097/HP.0b013e31821e123f>

126. Gonçalves, L. R., Favacho, A. R. de M., Roque, A. L. R., Mendes, N. S., Fidelis Junior, O. L., Benevenuto, J. L., Herrera, H. M., D'Andrea, P. S., de Lemos, E. R. S., Machado, R. Z., & André, M. R. (2016). Association of *Bartonella* Species with Wild and Synanthropic Rodents in Different Brazilian Biomes. *Applied and Environmental Microbiology*, 82(24), 7154–7164. <https://doi.org/10.1128/AEM.02447-16>

127. Gonçalves, L. R., Herrera, H. M., Nantes, W. A. G., Santos, F. M., Porfirio, G. E. O., Barreto, W. T. G., de Macedo, G. C., Assis, W. O., Campos, J. B. V., da Silva, T. M. V., Mariano, L. C., Barros-Battesti, D. M., Machado, R. Z., & André, M. R. (2020). Genetic diversity and lack of molecular evidence for hemoplasma cross-species transmission between wild and synanthropic mammals from Central-Western Brazil. *Acta Tropica*, 203, 105303. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2019.105303>

128. Gonçalves, L. R., Roque, A. L.R., Matos, C. A., Fernandes, S.de J., Olmos, I. D. F., Machado, R. Z., & André, M. R. (2015). Diversity and molecular characterization of novel hemoplasmas infecting wild rodents from different Brazilian biomes. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 43, 50–56. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2015.10.006>
129. González-Carmona, P., Portillo, A., Cervera-Acedo, C., González-Fernández, D., & Oteo, J. A. (2023). *Candidatus* Neoehrlichia mikurensis Infection in Patient with Antecedent Hematologic Neoplasm, Spain. *Emerging Infectious Diseases*, 29(8), 1659–1662. <https://doi.org/10.3201/eid2908.230428>
130. Goodrich, I., McKee, C., & Kosoy, M. (2020). *Trypanosoma* (*Herpetosoma*) diversity in rodents and lagomorphs of New Mexico with a focus on epizootological aspects of infection in Southern Plains woodrats (*Neotoma micropus*). *PloS ONE*, 15(12), e0244803. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0244803>
131. Gotteland, C., Chaval, Y., Villena, I., Galan, M., Geers, R., Aubert, D., Poulle, M. L., Charbonnel, N., & Gilot-Fromont, E. (2014). Species or local environment, what determines the infection of rodents by *Toxoplasma gondii*?. *Parasitology*, 141(2), 259–268. <https://doi.org/10.1017/S0031182013001522>
132. Grassi, L., Franzo, G., Grillo, S., Mondin, A., Drigo, M., Barbarino, F., Comuzzo, C., Legnardi, M., Bertola, M., Montarsi, F., & Menandro, M. L. (2023). Survey of Tick-Borne Zoonotic Agents in *Ixodes* Ticks Carried by Wild Passerines during Postbreeding Migration through Italy. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2023, 1399089. <https://doi.org/10.1155/2023/1399089>
133. Greenblatt, H. C., & Rosenstreich, D. L. (1984). *Trypanosoma rhodesiense* Infection in Mice: Sex Dependence of Resistance. *Infection and Immunity*, 43(1), 337–340. <https://doi.org/10.1128/iai.43.1.337-340.1984>
134. Griffiths, J., Yeo, H. L., Yap, G., Mailepessov, D., Johansson, P., Low, H. T., Siew, C. C., Lam, P., & Ng, L. C. (2022). Survey of rodent-borne pathogens in Singapore reveals the circulation of *Leptospira* spp., Seoul hantavirus, and *Rickettsia typhi*. *Scientific Reports*, 12, 2692. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-03954-w>

135. Grózner, D., Kovács, Á. B., Wehmann, E., Kreizinger, Z., Bekő, K., Mitter, A., Sawicka, A., Jánosi, S., Tomczyk, G., Morrow, C. J., Bányai, K., & Gyuranecz, M. (2021). Multilocus sequence typing of the goose pathogen *Mycoplasma anserisalpingitidis*. *Veterinary Microbiology*, 254, 108972. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2020.108972>
136. Gualdrón-López, M., Brennand, A., Hannaert, V., Quiñones, W., Cáceres, A. J., Bringaud, F., Concepción, J. L., & Michels, P. A. (2012). When, how and why glycolysis became compartmentalised in the Kinetoplastea. A new look at an ancient organelle. *International Journal for Parasitology*, 42(1), 1–20. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2011.10.007>
137. Guan, G., Niu, Q., Yang, J., Li, Y., Gao, J., Luo, J., & Yin, H. (2011). *Trypanosoma (Herpetosoma) grosi*: First isolation from Chinese striped field mouse (*Apodemus agrarius*). *Parasitology International*, 60(1), 101–104. <https://doi.org/10.1016/j.parint.2010.10.008>
138. Gudkov, I., Volkohon, I., Illienko, V., Lazarev, M., & Klepko, A. (2023). IMPACT OF RADIOACTIVE CONTAMINATION OF SOILS ON THE DIVERSITY OF MICROPOPULATION AND THE TRANSFORMATION OF ORGANIC SUBSTANCES. *Agricultural Science and Practice*, 9(3), 3-17. <https://doi.org/10.15407/agrisp9.03.003>
139. Guimaraes, A. M. S., Santos, A. P., do Nascimento, N. C., Timenetsky, J., & Messick, J. B. (2014). Comparative Genomics and Phylogenomics of Hemotrophic Mycoplasmas. *PLoS ONE*, 9(3), e91445. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0091445>
140. Gulinello, M., Acquarone, M., Kim, J. H., Spray, D. C., Barbosa, H. S., Sellers, R., Tanowitz, H. B., & Weiss, L. M. (2010). Acquired infection with *Toxoplasma gondii* in adult mice results in sensorimotor deficits but normal cognitive behavior despite widespread brain pathology. *Microbes and Infection*, 12(7), 528–537. <https://doi.org/10.1016/j.micinf.2010.03.009>

141. Gundi, V. A., Billeter, S. A., Rood, M. P., & Kosoy, M. Y. (2012). *Bartonella* spp. in Rats and Zoonoses, Los Angeles, California, USA. *Emerging Infectious Diseases*, 18(4), 631–633. <https://doi.org/10.3201/eid1804.110816>
142. Gutiérrez, R., Krasnov, B., Morick, D., Gottlieb, Y., Khokhlova, I. S., & Harrus, S. (2015). *Bartonella* Infection in Rodents and Their Flea Ectoparasites: An Overview. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 15(1), 27–39. <https://doi.org/10.1089/vbz.2014.1606>
143. Gynthersen, R. M. M., Stensvold, C. R., Nielsen, S. L., Møller, H. J., Nielsen, H. V., Lebech, A. M., Christensen, J. R., Mens, H., & El Fassi, D. (2023). *Neoehrlichia mikurensis*—An emerging opportunistic tick-borne infection in immunosuppressed patients. *Journal of Internal Medicine*, 293(6), 782–790. <https://doi.org/10.1111/joim.13638>
144. Haag, J., O’huigin, C., & Overath, P. (1998). The molecular phylogeny of trypanosomes: evidence for an early divergence of the Salivaria. *Molecular and Biochemical Parasitology*, 91(1), 37–49. [https://doi.org/10.1016/S0166-6851\(97\)00185-0](https://doi.org/10.1016/S0166-6851(97)00185-0)
145. Halliday, J. E.B., Knobel, D. L., Agwanda, B., Bai, Y., Breiman, R. F., Cleaveland, S., Njenga, M. K., & Kosoy, M. (2015). Prevalence and Diversity of Small Mammal-Associated *Bartonella* Species in Rural and Urban Kenya. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 9(3), e0003608. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003608>
146. Hamel, D., Silaghi, C., Zapadynska, S., Kudrin, A., & Pfister, K. (2013). Vector-borne pathogens in ticks and EDTA-blood samples collected from client-owned dogs, Kiev, Ukraine. *Ticks and Tick-borne Diseases*, 4(1–2), 152–155. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2012.08.005>
147. Hamšíková, Z., Kazimírová, M., Haruštiaková, D., Mahríková, L., Slovák, M., Berthová, L., Kocianová, E., & Schnittger, L. (2016a). *Babesia* spp. in ticks and wildlife in different habitat types of Slovakia. *Parasites & Vectors*, 9, 292. <https://doi.org/10.1186/s13071-016-1560-z>

148. Hamšíková, Z., Silaghi, C., Rudolf, I., Venclíková, K., Mahríková, L., Slovák, M., Mendel, J., Blažejová, H., Berthová, L., Kocianová, E., Hubálek, Z., Schnittger, L., & Kazimírová, M. (2016b). Molecular detection and phylogenetic analysis of *Hepatozoon* spp. in questing *Ixodes ricinus* ticks and rodents from Slovakia and Czech Republic. *Parasitology Research*, *115*, 3897–3904. <https://doi.org/10.1007/s00436-016-5156-5>

149. Handman, E., & Bullen, D. V. R. (2002). Interaction of *Leishmania* with the host macrophage. *Trends in Parasitology*, *18*(8), 332–334. [https://doi.org/10.1016/s1471-4922\(02\)02352-8](https://doi.org/10.1016/s1471-4922(02)02352-8)

150. Haque, M., Dayem, S. B., Tasnim, N. T., Islam, M. R., & Shakil, M. S. (2024). Biological impact of Chernobyl radiation: a review of recent progress. *International Journal of Radiation Biology*, *100*(10), 1405–1415. <https://doi.org/10.1080/09553002.2024.2391813>

151. Harasawa, R., Fujita, H., Kadosaka, T., Ando, S., & Rikihisa, Y. (2015). Proposal for ‘*Candidatus Mycoplasma haemomuris* subsp. musculi’ in mice, and ‘*Candidatus Mycoplasma haemomuris* subsp. ratti’ in rats. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, *65*(2), 734–737. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.069856-0>

152. Harris, D. J., Pereira, A., Halajian, A., Luus-Powell, W. J., & Kunutu, K. D. (2017). Screening for *Hepatozoon* parasites in gerbils and potential predators in South Africa. *Journal of the South African Veterinary Association*, *88*, a1339. <https://doi.org/10.4102/jsava.v88i0.1339>

153. Harrison, A., Bown, K. J., Montgomery, W. I., & Birtles, R. J. (2012). *Ixodes ricinus* Is Not an Epidemiologically Relevant Vector of *Bartonella* Species in the Wood Mouse (*Apodemus sylvaticus*). *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, *12*(5), 366–371. <https://doi.org/10.1089/vbz.2011.0807>

154. Hasle, G. (2013). Transport of ixodid ticks and tick-borne pathogens by migratory birds. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, *3*, 48. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2013.00048>

155. Hatyoka, L. M., Brettschneider, H., Bennett, N. C., Kleynhans, D. J., Muteka, S. P., & Bastos, A. D. S. (2019). *Bartonella* diversity and zoonotic potential in indigenous Tete Veld rats (*Aethomys ineptus*) from South Africa. *Infection, Genetics and Evolution*, 73, 44–48. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2019.04.012>

156. Hauck, D., Jordan, D., Springer, A., Schunack, B., Pachnicke, S., Fingerle, V., & Strube, C. (2020). Transovarial transmission of *Borrelia* spp., *Rickettsia* spp. and *Anaplasma phagocytophilum* in *Ixodes ricinus* under field conditions extrapolated from DNA detection in questing larvae. *Parasites & Vectors*, 13, 176. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-04049-7>

157. Hegarty, B. C., Maggi, R. G., Koskinen, P., Beall, M. J., Eberts, M., Chandrashekar, R., & Breitschwerdt, E. B. (2012). *Ehrlichia muris* Infection in a Dog from Minnesota. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, 26(5), 1217–1220. <https://doi.org/10.1111/j.1939-1676.2012.00968.x>

158. Hildebrandt, A., Gray, J. S., & Hunfeld, K. P. (2013). Human Babesiosis in Europe: what clinicians need to know. *Infection*, 41(6), 1057–1072. <https://doi.org/10.1007/s15010-013-0526-8>

159. Hoare, C. A. (1972). *The trypanosomes of mammals: A zoological monograph*. Blackwell Scientific Publications.

160. Hodžić, A., Alić, A., Hans-Peter Fuehrer, Harl, J., Wille-Piazzai, W., & Duscher, G. G. (2015). A molecular survey of vector-borne pathogens in red foxes (*Vulpes vulpes*) from Bosnia and Herzegovina. *Parasites & Vectors*, 8, 88. <https://doi.org/10.1186/s13071-015-0692-x>

161. Hogan, Y., & Lee, C. M. (1987). INTERACTION OF TRACE METAL CONTAMINANTS ON HEMATOLOGICAL RESPONSES: INFLUENCE OF INFECTION WITH *TRYPANOSOMA LEWISI*. *Journal of the National Medical Association*, 79(5), 521–531.

162. Holiaka, D., Levchuk, S., Kashparov, V., Yoschenko, V., Hurtevent, P., Coppin, F., & Beasley, J. C. (2025). ⁹⁰SR AND ¹³⁷CS DISTRIBUTION IN CHORNOBYL FORESTS 30 YEARS AFTER THE NUCLEAR ACCIDENT.

Journal of Environmental Radioactivity, 282, 107616.
<https://doi.org/10.1016/j.jenvrad.2025.107616>

163. Hollingsworth, B. A., Aldrich, J. T., Case, C. M., Jr., DiCarlo, A. L., Hoffman, C. M., Jakubowski, A. A., Liu, Q., Loelius, S. G., PrabhuDas, M., Winters, T. A., & Cassatt, D. R. (2023). Immune Dysfunction from Radiation Exposure. *Radiation Research*, 200(4), 396–416. <https://doi.org/10.1667/rade-22-00004.1>

164. Holmberg, M., Mills, J. N., McGill, S., Benjamin, G., & Ellis, B. A. (2003). Bartonella infection in sylvatic small mammals of central Sweden. *Epidemiology and Infection*, 130(1), 149–157. <https://doi.org/10.1017/S0950268802008075>

165. Homan, W. L., Vercammen, M., De Braekeleer, J., & Verschuren, H. (2000). Identification of a 200- to 300-fold repetitive 529 bp DNA fragment in *Toxoplasma gondii*, and its use for diagnostic and quantitative PCR. *International Journal for Parasitology*, 30, 69–75. [https://doi.org/10.1016/S0020-7519\(99\)00170-8](https://doi.org/10.1016/S0020-7519(99)00170-8)

166. Hong, S.-H., Lee, S.-E., Jeong, Y.-I., Kim, H.-C., Chong, S.-T., Klein, T. A., Song, J.-W., Gu, S. H., Cho, S.-H., & Lee, W.-J. (2014). Prevalence and molecular characterizations of *Toxoplasma gondii* and *Babesia microti* from small mammals captured in Gyeonggi and Gangwon Provinces, Republic of Korea. *Veterinary Parasitology*, 205(3-4), 512–517. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2014.07.032>

167. Hönig, V., Kamiš, J., Maršíková, A., Matějková, T., Stopka, P., Mácová, A., Růžek, D., & Kvičerová, J. (2022). Orthohantaviruses in Reservoir and Atypical Hosts in the Czech Republic: Spillover Infection and Indication of Virus-Specific Tissue Tropism. *Microbiology Spectrum*, 10(5), e01306-22. <https://doi.org/10.1128/spectrum.01306-22>

168. Hornok, S., Földvári, G., Rigó, K., Meli, M. L., Gönczi, E., Répási, A., Farkas, R., Papp, I., Kontschán, J., & Hofmann-Lehmann, R. (2015). Synanthropic rodents and their ectoparasites as carriers of a novel haemoplasma and vector-borne, zoonotic pathogens indoors. *Parasites & Vectors*, 8, 27. <https://doi.org/10.1186/s13071-014-0630-3>

169. Hornok, S., Tánczos, B., Fernández de Mera, I. G., de la Fuente, J., Hofmann-Lehmann, R., & Farkas, R. (2013). High prevalence of *Hepatozoon*-infection among shepherd dogs in a region considered to be free of *Rhipicephalus sanguineus*. *Veterinary Parasitology*, 196(1–2), 189–193. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2013.02.009>
170. Hrazdilová, K., Červená, B., Blanvillain, C., Foronda, P., & Modrý, D. (2021). Quest for the type species of the genus *Hepatozoon* – phylogenetic position of hemogregarines of rats and consequences for taxonomy. *Systematics and Biodiversity*. <https://doi.org/10.1080/14772000.2021.1903616>
171. Igarashi, Y., Protsak, V., Laptev, G., Maloshtan, I., Samoilov, D., Kirieiev, S., Onda, Y., & Konoplev, A. (2024). Effects of Large-Scale Wildfires on the Redistribution of Radionuclides in the Chernobyl River System. *Environmental Science & Technology*, 58(48), 20630–20641. <https://doi.org/10.1021/acs.est.4c07019>
172. Ijaz, M., Khan, A. U., Ali, M., Ullah, S., Naeem, M., Ibenmoussa, S., Dawoud, T. M., Khan, A., Said, M. B., & Iqbal, F. (2024a). First report of *Hepatozoon* and *Lankesterella* spp. infections in wild rodents from Pakistan, and their potential impact on blood parameters and oxidative stress markers in vital organs. *Veterinary Research Communications*, 49, 45. <https://doi.org/10.1007/s11259-024-10611-w>
173. Ijaz, M., Khan, A. U., Ullah, S., Khan, A., Ibenmoussa, S., Sitotaw, B., Dawoud, T. M., Khan, A., & Iqbal, F. (2024b). *Toxoplasma gondii* infection affects the complete blood count and disturbs the markers of oxidative stress from the vital organs of wild rodents. *Scientific Reports*, 14, 22716. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-73265-3>
174. Ilderbayeva, G., Utegenova, A., Ilderbayev, O., Sembaeva, Z., & Askarova, G. (2024). Assessment of the Combined Effects of Heavy Metal Cobalt and Sublethal Radiation on the Immune System. *Biomedical and Biotechnology Research Journal*, 8(4), 455–463. https://doi.org/10.4103/bbrj.bbrj_316_24

175. Ina, Y., & Sakai, K. (2005a). Activation of immunological network by chronic low-dose-rate irradiation in wild-type mouse strains: Analysis of immune cell populations and surface molecules. *International Journal of Radiation Biology*, *81*(10), 721–729. <https://doi.org/10.1080/09553000500519808>
176. Ina, Y., & Sakai, K. (2005b). Further Study of Prolongation of Life Span Associated with Immunological Modification by Chronic Low-Dose-Rate Irradiation in MRL-*lpr/lpr* Mice: Effects of Whole-Life Irradiation. *Radiation research*, *163*(4), 418–423. <https://doi.org/10.1667/rr3316>
177. Inoue, K., Kabeya, H., Kosoy, M. Y., Bai, Y., Smirnov, G., McColl, D., Artsob, H., & Maruyama, S. (2009). Evolutional and Geographical Relationships of *Bartonella grahamii* Isolates from Wild Rodents by Multi-locus Sequencing Analysis. *Microbial Ecology*, *57*(3), 534–541. <https://doi.org/10.1007/s00248-009-9488-x>
178. Ismail, N., & McBride, J. W. (2017). Tick-Borne Emerging Infections: Ehrlichiosis and Anaplasmosis. *Clinics in Laboratory Medicine*, *37*(2), 317–340. <https://doi.org/10.1016/j.cll.2017.01.006>
179. Ivanov, Y. A., & Kashparov, V. A. (2003). Long-Term Dynamics of the Radioecological Situation in the Terrestrial Chernobyl Exclusion Zone. *Environmental Science and Pollution Research*, *10* (1), 13–20. <https://doi.org/10.1007/BF02980879>
180. Iovic, V., Potusek, S., & Buzan, E. (2019). Prevalence and genotype identification of *Toxoplasma gondii* in suburban rodents collected at waste disposal sites. *Parasite*, *26*, 27. <https://doi.org/10.1051/parasite/2019027>
181. Jahfari, S., Fonville, M., Hengeveld, P., Reusken, C., Scholte, E.-J., Takken, W., Heyman, P., Medlock, J. M., Heylen, D., Kleve, J., & Sprong, H. (2012). Prevalence of *Neoehrlichia mikurensis* in ticks and rodents from North-west Europe. *Parasites & Vectors*, *5*, 74. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-5-74>
182. Jameie, F., Nasiri, V., & Paykari, H. (2022). Morphological detection and molecular characterization of *Hepatozoon* spp. from venomous terrestrial snakes in

Iran. *Experimental Parasitology*, 239, 108309.
<https://doi.org/10.1016/j.exppara.2022.108309>

183. Jansen, A. M., Xavier, S. C. D. C., & Roque, A. L. R. (2018). *Trypanosoma cruzi* transmission in the wild and its most important reservoir hosts in Brazil. *Parasites & Vectors*, 11, 502. <https://doi.org/10.1186/s13071-018-3067-2>

184. Jernfors, T., Danforth, J., Kesäniemi, J., Lavrinienko, A., Tukalenko, E., Fajkus, J., Dvořáčková, M., Mappes, T., & Watts, P. C. (2021). Expansion of rDNA and pericentromere satellite repeats in the genomes of bank voles *Myodes glareolus* exposed to environmental radionuclides. *Ecology and Evolution*, 11(13), 8754–8767. <https://doi.org/10.1002/ece3.7684>

185. Jernfors, T., Kesäniemi, J., Lavrinienko, A., Mappes, T., Milinevsky, G., Møller, A. P., Mousseau, T. A., Tukalenko, E., & Watts, P. C. (2018). Transcriptional Upregulation of DNA Damage Response Genes in Bank Voles (*Myodes glareolus*) Inhabiting the Chernobyl Exclusion Zone. *Frontiers in Environmental Science*, 5, 95. <https://doi.org/10.3389/fenvs.2017.00095>

186. Jittapalapong, S., Sarataphan, N., Maruyama, S., Hugot, J.-P., Morand, S., & Herbreteau, V. (2011). Toxoplasmosis in Rodents: Ecological Survey and First Evidences in Thailand. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 11(3), 231–237. <https://doi.org/10.1089/vbz.2009.0238>

187. Jiyipong, T., Morand, S., Jittapalapong, S., & Rolain, J.-M. (2015). *Bartonella* spp. Infections in Rodents of Cambodia, Lao PDR, and Thailand: Identifying Risky Habitats. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 15(1), 48–55. <https://doi.org/10.1089/vbz.2014.1621>

188. Johnson, P. T. J., Dobson, A., Lafferty, K. D., Marcogliese, D. J., Memmott, J., Orlofske, S. A., Poulin, R., & Thieltges, D. W. (2010). When parasites become prey: ecological and epidemiological significance of eating parasites. *Trends in Ecology & Evolution*, 25(6), 362–371. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2010.01.005>

189. Jouglin, M., Perez, G., Butet, A., Malandrin, L., & Bastian, S. (2017). Low prevalence of zoonotic *Babesia* in small mammals and *Ixodes ricinus* in Brittany,

France. *Veterinary Parasitology*, 238, 58–60.
<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2017.03.020>

190. Kallio, E. R., Begon, M., Birtles, R. J., Bown, K. J., Koskela, E., Mappes, T., & Watts, P. C. (2014). First Report of *Anaplasma phagocytophilum* and *Babesia microti* in Rodents in Finland. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 14(6), 389–393.
<https://doi.org/10.1089/vbz.2013.1383>

191. Kalmár, Z., Sándor, A. D., Balea, A., Borşan, S.-D., Matei, I. A., Ionică, A. M., Gherman, C. M., Mihalca, A. D., Cozma-Petruţ, A., Mircean, V., & Györke, A. (2023). *Toxoplasma gondii* in small mammals in Romania: the influence of host, season and sampling location. *BMC Veterinary Research*, 19, 177.
<https://doi.org/10.1186/s12917-023-03729-7>

192. Kamani, J., Morick, D., Mumcuoglu, K. Y., & Harrus, S. (2013). Prevalence and Diversity of *Bartonella* Species in Commensal Rodents and Ectoparasites from Nigeria, West Africa. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 7(5), e2246. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0002246>

193. Karbowiak, G. (2004). Zoonotic Reservoir of *Babesia microti* in Poland. *Polish Journal of Microbiology*, 53(1), 61–65.

194. Karbowiak, G., & Wita, I. (2004). *Trypanosoma (Herpetosoma) grosi kosewiense* subsp. n., the parasite of the yellow-necked mouse *Apodemus flavicollis* (Melchior, 1834). *Acta Protozoologica*, 43, 173–178.

195. Karbowiak, G., Stanko, M., Fričová, J., Wita, I., Hapunik, J., & Peťko, B. (2009a). Blood parasites of the striped field mouse *Apodemus agrarius* and their morphological characteristics. *Biologia*, 64, 1219–1224.
<https://doi.org/10.2478/s11756-009-0195-3>

196. Karbowiak, G., Víchová, B., Slivinska, K., Werszko, J., Didyk, J., Peťko, B., Stanko, M., & Akimov, I. (2014). The infection of questing *Dermacentor reticulatus* ticks with *Babesia canis* and *Anaplasma phagocytophilum* in the Chernobyl exclusion zone. *Veterinary Parasitology*, 204(3–4), 372–375.
<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2014.05.030>

197. Karbowski, G., Wita, I., & Czaplínska, U. (2004). Protozoan parasites in blood of social vole (*Microtus socialis*) in “Askania-Nova” Reserve, Ukraine. *Vestnik Zoologii*, *18*, 186–187
198. Karbowski, G., Wita, I., & Czaplínska, U. (2009b). The occurrence and ultrastructure of *Trypanosoma (Herpetosoma) lewisi* (Kent, 1880) Laveran and Mesnil, 1901, the parasite of rats (*Rattus norvegicus*) in Poland. *Wiadomości Parazytologiczne*, *55*(3), 249–258.
199. Karnchanabanthoeng, A., Morand, S., Jittapalapong, S., & Carcy, B. (2018). *Babesia* Occurrence in Rodents in Relation to Landscapes of Mainland Southeast Asia. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, *18*(3), 121–130. <https://doi.org/10.1089/vbz.2017.2196>
200. Karpathy, S. E., Allerdice, M. E. J., Sheth, M., Dasch, G. A., & Levin, M. L. (2016). Co-Feeding Transmission of the *Ehrlichia muris*-Like Agent to Mice (*Mus musculus*). *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, *16*(3), 145–150. <https://doi.org/10.1089/vbz.2015.1878>
201. Kashparov, V., Levchuk, S., Zhurba, M., Protsak, V., Khomutinin, Y., Beresford, N. A., & Chaplow, J. S. (2018). Spatial datasets of radionuclide contamination in the Ukrainian Chernobyl Exclusion Zone. *Earth System Science Data*, *10*, 339–353. <https://doi.org/10.5194/essd-10-339-2018>
202. Katargina, O., Geller, J., Vasilenko, V., Kuznetsova, T., Järvekülg, L., Vene, S., Lundkvist, A., & Golovljova, I. (2011). Detection and Characterization of *Babesia* Species in *Ixodes* Ticks in Estonia. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, *11*(7), 923–928. <https://doi.org/10.1089/vbz.2010.0199>
203. Kawahara, M., Ito, T., Suto, C., Shibata, S., Rikihisa, Y., Hata, K., & Hirai, K. (1999). Comparison of *Ehrlichia muris* Strains Isolated from Wild Mice and Ticks and Serologic Survey of Humans and Animals with *E. muris* as Antigen. *Journal of Clinical Microbiology*, *37*(4), 1123–1129. <https://doi.org/10.1128/JCM.37.4.1123-1129.1999>

204. Kerkhoff, F. T., Bergmans, A. M. C., van der Zee, A., & Rothova, A. (1999). Demonstration of *Bartonella grahamii* DNA in Ocular Fluids of a Patient with Neuroretinitis. *Journal of Clinical Microbiology*, 37(12), 4034–4038. <https://doi.org/10.1128/JCM.37.12.4034-4038.1999>

205. Kesäniemi, J., Boratyński, Z., Danforth, J., Itam, P., Jernfors, T., Lavrinienko, A., Mappes, T., Møller, A. P., Mousseau, T. A., & Watts, P. C. (2018). Analysis of heteroplasmy in bank voles inhabiting the Chernobyl exclusion zone: A commentary on Baker et al. (2017) “Elevated mitochondrial genome variation after 50 generations of radiation exposure in a wild rodent.” *Evolutionary Applications*, 11(5), 820–826. <https://doi.org/10.1111/eva.12578>

206. Kesäniemi, J., Jernfors, T., Lavrinienko, A., Kivisaari, K., Kiljunen, M., Mappes, T., & Watts, P. C. (2019). Exposure to environmental radionuclides is associated with altered metabolic and immunity pathways in a wild rodent. *Molecular Ecology*, 28(20), 4620–4635. <https://doi.org/10.1111/mec.15241>

207. Kim, B., Lee, Y.-J., Kwak, D., & Seo, M.-G. (2024a). Nationwide Survey of Vector-Borne Diseases in Rodents and Mites in Korea: *Anaplasma*, *Ehrlichia*, and *Rickettsia*. *Animals*, 14(20), 2950. <https://doi.org/10.3390/ani14202950>

208. Kim, H. J., Han, B., Lee, H.-I., Ju, J.-W., & Shin, H.-I. (2024b). Current Status of *Trypanosoma grossi* and *Babesia microti* in Small Mammals in the Republic of Korea. *Animals*, 14(7), 989. <https://doi.org/10.3390/ani14070989>

209. Kim, K. S., Inoue, K., Kabeya, H., Sato, S., Takada, T., Chiu, D., Chiu, S.-H., Fujita, H., Kawabata, H., Takada, N., Kariwa, H., & Maruyama, S. (2016). PREVALENCE AND DIVERSITY OF *BARTONELLA* SPECIES IN WILD SMALL MAMMALS IN ASIA. *Journal of Wildlife Diseases*, 52(1), 10–21. <https://doi.org/10.7589/2015-01-015>

210. Kivisaari, K., Boratyński, Z., Lavrinienko, A., Kesäniemi, J., Lehmann, P., & Mappes, T. (2020). The effect of chronic low-dose environmental radiation on organ mass of bank voles in the Chernobyl exclusion zone. *International Journal of*

Radiation Biology, 96(10), 1254–1262.
<https://doi.org/10.1080/09553002.2020.1793016>

211. Klas, E.-M. (2024). *Mycoplasma Infections in Small Mammals* (Small Mammals Issue 08/2024). LABOKLIN Laboratory for Clinical Diagnostics GmbH & Co. KG.

212. Klinger, C. M., Nisbet, R. E. R., Ouologuem, D. T., Roos, D. S., & Dacks, J. B. (2013). Cryptic organelle homology in apicomplexan parasites: insights from evolutionary cell biology. *Current Opinion in Microbiology*, 16(4), 424–431.
<https://doi.org/10.1016/j.mib.2013.07.015>

213. Kloc, A., Wójcik-Fatla, A., Paprzycki, P., & Panasiuk, L. (2024). Transovarial transmission of *Rickettsia* spp., *Francisella*-like endosymbionts, and *Spiroplasma* spp. in *Dermacentor reticulatus* ticks. *Ticks and Tick-borne Diseases*, 15(6), 102421. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2024.102421>

214. Knap, N., Duh, D., Birtles, R., Trilar, T., Petrovec, M., & Avšič-Županc, T. (2007). Molecular detection of *Bartonella* species infecting rodents in Slovenia. *FEMS Immunology and Medical Microbiology*, 50(1), 45–50.
<https://doi.org/10.1111/j.1574-695X.2007.00226.x>

215. Kosoy, M. Y., Regnery, R. L., Kosaya, O. I., Jones, D. C., Marston, E. L., & Childs, J. E. (1998). ISOLATION OF *BARTONELLA* SPP. FROM EMBRYOS AND NEONATES OF NATURALLY INFECTED RODENTS. *Journal of Wildlife Diseases*, 34(2), 305–309. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-34.2.305>

216. Kosoy, M., McKee, C., Albayrak, L., & Fofanov, Y. (2018). Genotyping of *Bartonella* bacteria and their animal hosts: current status and perspectives. *Parasitology*, 145(5), 543–562. <https://doi.org/10.1017/S0031182017001263>

217. Kozakiewicz, M., Chołuj, A., & Kozakiewicz, A. (2007). Long-distance movements of individuals in a free-living bank vole population: an important element of male breeding strategy. *Acta Theriologica*, 52, 339–348.
<https://doi.org/10.1007/BF03194231>

218. Kraljik, J., Paziewska-Harris, A., Miklisová, D., Blaňarová, L., Mošanský, L., Bona, M., & Stanko, M. (2016). Genetic diversity of *Bartonella* genotypes found in the striped field mouse (*Apodemus agrarius*) in Central Europe. *Parasitology*, *143*(11), 1437–1442. <https://doi.org/10.1017/S0031182016000962>
219. Krampitz, H. E. (1959). ÜBER DAS EUROPÄISCHE WALDMAUSTRYPANOSOM, *TRYPANOSOMA GROSII* LAVERAN ET PETTIT 1909 (PROMONADINA, TRYPANOSOMIDAE). *Zeitschrift für Parasitenkunde*, *19*, 232–258. <https://doi.org/10.1007/BF00260161>
220. Krijger, I. M., Ahmed, A. A. A., Goris, M. G. A., Cornelissen, J. B. W. J., Groot Koerkamp, P. W. G., & Meerburg, B. G. (2020). Wild rodents and insectivores as carriers of pathogenic *Leptospira* and *Toxoplasma gondii* in The Netherlands. *Veterinary Medicine and Science*, *6*(3), 623–630. <https://doi.org/10.1002/vms3.255>
221. Krijger, I. M., Cornelissen, J. B. W. J., Belmain, S. R., Shafali, R. B., & Meerburg, B. G. (2019). Evidence of *Toxoplasma gondii* in Rodents from Bangladesh. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, *19*(12), 884–888. <https://doi.org/10.1089/vbz.2019.2440>
222. Krücken, J., Blümke, J., Maaz, D., Demeler, J., Ramünke, S., Antolová, D., Schaper, R., & von Samson-Himmelstjerna, G. (2017). Small rodents as paratenic or intermediate hosts of carnivore parasites in Berlin, Germany. *PloS one*, *12*(3), e0172829. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0172829>
223. Krügel, M., Król, N., Kempf, V. A. J., Pfeffer, M., & Obiegala, A. (2022). Emerging rodent-associated *Bartonella*: a threat for human health? *Parasites & Vectors*, *15*, 113. <https://doi.org/10.1186/s13071-022-05162-5>
224. Krügel, M., Pfeffer, M., Król, N., Imholt, C., Baert, K., Ulrich, R. G., & Obiegala, A. (2020). Rats as potential reservoirs for neglected zoonotic *Bartonella* species in Flanders, Belgium. *Parasites & Vectors*, *13*, 235. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-04098-y>
225. Laakkonen, J., Sukura, A., Oksanen, A., Henttonen, H., & Soveri, T. (2001). Haemogregarines of the genus *Hepatozoon* (Apicomplexa: Adeleina) in

rodents from northern Europe. *Folia Parasitologica*, 48(4), 263–267. <https://doi.org/10.14411/fp.2001.043>

226. Labunska, I., Levchuk, S., Kashparov, V., Holiaka, D., Yoschenko, L., Santillo, D., & Johnston, P. (2021). Current radiological situation in areas of Ukraine contaminated by the Chernobyl accident: Part 2. Strontium-90 transfer to culinary grains and forest woods from soils of Ivankiv district. *Environment International*, 146, 106282. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2020.106282>

227. Lacher, T. E., Jr., Murphy, W. J., Rogan, J., Smith, A. T., & Upham, N. S. (2016). Evolution, Phylogeny, Ecology, and Conservation of the clade Glires: Lagomorpha and Rodentia. In D. E. Wilson, T. E. Lacher, Jr., & R. A. Mittermeier (Eds.), *Handbook of the mammals of the world: Vol. 6. Lagomorphs and rodents I* (pp. 15–26). Lynx Edicions.

228. Laudisoit, A., Falay, D., Amundala, N., Akaibe, D., de Bellocq, J. G., Van Houtte, N., Breno, M., Verheyen, E., Wilschut, L., Parola, P., Raoult, D., & Socolovschi, C. (2014). High Prevalence of *Rickettsia typhi* and *Bartonella* Species in Rats and Fleas, Kisangani, Democratic Republic of the Congo. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 90(3), 463–468. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.13-0216>

229. Lauzi, S., Maia, J. P., Epis, S., Marcos, R., Pereira, C., Luzzago, C., Santos, M., Puente-Payo, P., Giordano, A., Pajoro, M., Sironi, G., & Faustino, A. (2016). Molecular detection of *Anaplasma platys*, *Ehrlichia canis*, *Hepatozoon canis*, and *Rickettsia monacensis* in dogs from Maio Island of Cape Verde archipelago. *Ticks and Tick-borne Diseases*, 7(5), 964–969. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2016.05.001>

230. Laveran, A., & Pettit, A. (1909). *Sur le trypanosome du mulot, Mus sylvaticus*. *Comptes Rendus des Séances de la Société de Biologie*, 67, 564.

231. Lavrinienko, A., Tukalenko, E., Mappes, T., & Watts, P. C. (2018). Skin and gut microbiomes of a wild mammal respond to different environmental cues. *Microbiome*, 6, 209. <https://doi.org/10.1186/s40168-018-0595-0>

232. Layton, J., Theiopoulou, D. C., Rutenberg, D., Elshereye, A., Zhang, Y., Sinnott, J., Kim, K., Montoya, J. G., & Contopoulos-Ioannidis, D. G. (2023). Clinical Spectrum, Radiological Findings, and Outcomes of Severe Toxoplasmosis in Immunocompetent Hosts: A Systematic Review. *Pathogens*, *12*(4), 543. <https://doi.org/10.3390/pathogens12040543>
233. Lehmann, P., Boratyński, Z., Mappes, T., Mousseau, T. A., & Møller, A. P. (2016). Fitness costs of increased cataract frequency and cumulative radiation dose in natural mammalian populations from Chernobyl. *Scientific Reports*, *6*, 19974. <https://doi.org/10.1038/srep19974>
234. Lew, A. E., Dluzewski, A. R., Johnson, A. M., & Pinder, J. C. (2002). Myosins of *Babesia bovis*: Molecular Characterisation, Erythrocyte Invasion, and Phylogeny. *Cell Motility and the Cytoskeleton*, *52*(4), 202–220. <https://doi.org/10.1002/cm.10046>
235. Li, Z., Zhou, K., Chen, Z., Mi, R., Huang, Y., Zhu, Q., Gong, H., & Liu, W. (2025). The Dynamic Analysis on the Infectivity of *Babesia microti* in Rats, Rabbits and Sheep. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, *56*(11), 5635–5648. <https://doi.org/10.11843/j.issn.0366-6964.2025.11.023>
236. Lima, M. R. de, Campbell, D. C. de P., Cunha-Madeira, M. R. da, Bomfim, B. C. M., & Ayres-Silva, J. de P. (2023). Animal Welfare in Radiation Research: The Importance of Animal Monitoring System. *Veterinary Sciences*, *10*(11), 651. <https://doi.org/10.3390/vetsci10110651>
237. Lin, M., Xiong, Q., Chung, M., Daugherty, S. C., Nagaraj, S., Sengamalay, N., Ott, S., Godinez, A., Tallon, L. J., Sadzewicz, L., Fraser, C., Dunning Hotopp, J. C., & Rikihisa, Y. (2021). Comparative Analysis of Genome of *Ehrlichia* sp. HF, a Model Bacterium to Study Fatal Human Ehrlichiosis. *BMC Genomics*, *22*, 11. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-07309-z>
238. Liz, J. S., Anderes, L., Sumner, J. W., Massung, R. F., Gern, L., Rutti, B., & Brossard, M. (2000). PCR Detection of Granulocytic Ehrlichiae in *Ixodes ricinus*

Ticks and Wild Small Mammals in Western Switzerland. *Journal of Clinical Microbiology*, 38(3), 1002–1007. <https://doi.org/10.1128/JCM.38.3.1002-1007.2000>

239. Lopes, M. G., Muñoz-Leal, S., Riberio de Lima, J. T., Rocha Fournier, G. F. da S., Acosta, I. da C. L., Martins, T. F., Ramirez, D. G., Gennari, S. M., & Labruna, M. B. (2018). Ticks, rickettsial and erlichial infection in small mammals from Atlantic forest remnants in northeastern Brazil. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, 7(3), 380–385. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2018.10.001>

240. Lourenço, J., Mendo, S., & Pereira, R. (2016). Radioactively contaminated areas: bioindicator species and biomarkers of effect in an early warning scheme for a preliminary risk assessment. *Journal of Hazardous Materials*, 317, 503–542. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2016.06.020>

241. Low, V. L., Tan, T. K., Ibrahim, J., AbuBakar, S., & Lim, Y. A. L. (2020). First evidence of *Bartonella phoceensis* and ‘*Candidatus Mycoplasma haemomuris* subsp. ratti’ in synanthropic rodents in Malaysia. *Asian Pacific Journal of Tropical Medicine*, 13(2), 94–96. <https://doi.org/10.4103/1995-7645.275418>

242. Lukeš, J., Butenko, A., Hashimi, H., Maslov, D. A., Votýpka, J., & Yurchenko, V. (2018). Trypanosomatids Are Much More than Just Trypanosomes: Clues from the Expanded Family Tree. *Trends in Parasitology*, 34(6), 466–480. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2018.03.002>

243. Lukeš, J., Skalický, T., Týč, J., Votýpka, J., & Yurchenko, V. (2014). Evolution of parasitism in kinetoplastid flagellates. *Molecular and Biochemical Parasitology*, 195(2), 115–122. <https://doi.org/10.1016/j.molbiopara.2014.05.007>

244. Lumniczky, K., Impens, N., Armengol, G., Candéias, S., Georgakilas, A. G., Hornhardt, S., Martin, O. A., Rödel, F., & Schaeue, D. (2021). Low dose ionizing radiation effects on the immune system. *Environment International*, 149, 106212. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2020.106212>

245. Lun, Z. R., Reid, S. A., Lai, D. H., & Li, F. J. (2009). Atypical human trypanosomiasis: a neglected disease or just an unlucky accident? *Trends in Parasitology*, 25(3), 107–108. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2008.12.001>

246. Lypska, A., Riabchenko, N., Rodionova, N., & Burdo, O. (2022). Radiation-induced effects on bone marrow of bank voles inhabiting the Chernobyl exclusion zone. *International Journal of Radiation Biology*, *98*(8), 1366–1375. <https://doi.org/10.1080/09553002.2022.2047823>
247. Lypska, A., Semenko, O., Boyko, O., Ishiniwa, H., & Galat, M. (2023). The role of mouse-like rodents in the Chernobyl Exclusion Zone in the spread of blood-borne diseases. *Ukrainian Journal of Veterinary Sciences*, *14*(3), 100–113. <https://doi.org/10.31548/veterinary3.2023.100>
248. Macháčová, T., Ajzenberg, D., Žáková, A., Sedlák, K., & Bártová, E. (2016). *Toxoplasma gondii* and *Neospora caninum* in wild small mammals: Seroprevalence, DNA detection and genotyping. *Veterinary Parasitology*, *223*, 88–90. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2016.04.018>
249. Machado, E. de O. S. L., Freitas, T. P. T. de, Pinto, I. L. L., Dias, T. D., Oliveira, L. da S., Tiepolo, L. M., Santos, H. A., Massard, C. L., Santos, F. de O., Teixeira, B. R., & Peckle, M. (2024). Detection, genetic diversity, and factors associated with infection by hemotropic mycoplasmas in rodent and marsupial populations in regions of the states of Rio de Janeiro and Paraná, Brazil. *Microbial Pathogenesis*, *197*, 107017. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2024.107017>
250. Mafie, E., Saito-Ito, A., Kasai, M., Hatta, M., Rivera, P. T., Ma, X.-H., Chen, E.-R., Sato, H., & Takada, N. (2019). Integrative taxonomic approach of trypanosomes in the blood of rodents and soricids in Asian countries, with the description of three new species. *Parasitology Research*, *118*, 97–109. <https://doi.org/10.1007/s00436-018-6120-3>
251. Maggi, R. G., Compton, S. M., Trull, C. L., Mascarelli, P. E., Mozayeni, B. R., & Breitschwerdt, E. B. (2013). Infection with Hemotropic *Mycoplasma* Species in Patients with or without Extensive Arthropod or Animal Contact. *Journal of Clinical Microbiology*, *51*(10), 3237–3241. <https://doi.org/10.1128/JCM.01125-13>

252. Magri, A., Galuppi, R., & Fioravanti, M. (2021). Autochthonous *Trypanosoma* spp. in European Mammals: A Brief Journey amongst the Neglected Trypanosomes. *Pathogens*, 10(3), 334. <https://doi.org/10.3390/pathogens10030334>
253. Mähler, M., & Köhl, W. (2009). A serological survey to evaluate contemporary prevalence of viral agents and *Mycoplasma pulmonis* in laboratory mice and rats in western Europe. *Lab Animal*, 38(5), 161–165. <https://doi.org/10.1038/labon0509-161>
254. Maia, J. P., Álvares, F., Boratyński, Z., Brito, J. C., Leite, J. V., & Harris, D. J. (2014). MOLECULAR ASSESSMENT OF *HEPATOZOON* (APICOMPLEXA: ADELEORINA) INFECTIONS IN WILD CANIDS AND RODENTS FROM NORTH AFRICA, WITH IMPLICATIONS FOR TRANSMISSION DYNAMICS ACROSS TAXONOMIC GROUPS. *Journal of Wildlife Diseases*, 50(4), 837–848. <https://doi.org/10.7589/2013-10-280>
255. Maklyuk, Yu. A., Gaschak, S. P., Maksimenko, A. M., Bondarkov, M. D., & Beresford, N. (2007). VALUES AND STRUCTURE OF DOSE BURDENS IN SMALL MAMMALS OF THE CHERNOBYL ZONE 19 YEARS AFTER THE ACCIDENT. *Nuclear Physics and Atomic Energy*, 8(3), 81–91. <https://doi.org/10.15407/jnpae2007.03.081>
256. Malik, S.-B., Brochu, C. D., Bilic, I., Yuan, J., Hess, M., Logsdon, J. M., Jr., & Carlton, J. M. (2011). Phylogeny of Parasitic Parabasalia and Free-Living Relatives Inferred from Conventional Markers vs. *Rpb1*, a Single-Copy Gene. *PLoS ONE*, 6(6), e20774. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0020774>
257. Mansfield, J. M. (1977). Nonpathogenic trypanosomes of mammals. In J. P. Kreier (Ed.), *Parasitic Protozoa: Taxonomy, Kinetoplastids and Flagellates of Fish* (Vol. 1, pp. 297–327). Academic Press.
258. Mansour, L., Abdel-Haleem, H. M., Al-Malki, E. S., Al-Quraishy, S., & Abdel-Baki, A. Z. S. (2020). *Hepatozoon pyramidumi* sp. n. (Apicomplexa: Adeleorina) from the blood of *Echis pyramidum*: morphology and SSU rDNA

sequence. *Brazilian Journal of Veterinary Parasitology*, 29(2), e002420. <https://doi.org/10.1590/S1984-29612020019>

259. Mappes, T., Boratyński, Z., Kivisaari, K., Lavrinienko, A., Milinevsky, G., Mousseau, T. A., Møller, A. P., Tukalenko, E., & Watts, P. C. (2019). Ecological mechanisms can modify radiation effects in a key forest mammal of Chernobyl. *Ecosphere*, 10(4), e02667. <https://doi.org/10.1002/ecs2.2667>

260. Maraghi, S., & Molyneux, D. H. (1989). Studies on cross-immunity in *Herpetosoma* trypanosomes of *Microtus*, *Clethrionomys* and *Apodemus*. *Parasitology Research*, 75, 175–177. <https://doi.org/10.1007/BF00931270>

261. Mardosaitė-Busaitienė, D., Radzijeuskaja, J., Balčiauskas, L., & Paulauskas, A. (2021). *Babesia microti* in Rodents from Different Habitats of Lithuania. *Animals*, 11(6), 1707. <https://doi.org/10.3390/ani11061707>

262. Mardosaitė-Busaitienė, D., Radzijeuskaja, J., Balčiauskas, L., & Paulauskas, A. (2018). First detection of *Rickettsia helvetica* in small mammals in Lithuania. *New Microbes and New Infections*, 22, 19–23. <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2017.12.012>

263. Mardosaitė-Busaitienė, D., Radzijeuskaja, J., Balčiauskas, L., Bratchikov, M., Jurgelevičius, V., & Paulauskas, A. (2019). Prevalence and diversity of *Bartonella* species in small rodents from coastal and continental areas. *Scientific Reports*, 9, 12349. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-48715-y>

264. Martello, E., Selmi, M., Ragagli, C., Ambrogi, C., Stella, M. C., Mannelli, A., & Tomassone, L. (2013). *Rickettsia slovaca* in immature *Dermacentor marginatus* and tissues from *Apodemus* spp. in the northern Apennines, Italy. *Ticks and Tick-borne Diseases*, 4(6), 518–521. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2013.07.002>

265. Materu, E. A. (2023). Trypanosomiasis in Rodents from Selected Plague Endemic Foci of Tanzania. *South Asian Journal of Parasitology*, 6(1), 19–28. <https://journalsajp.com/index.php/SAJP/article/view/148>

266. Matsumoto, K., Cook, J. A., Goethert, H. K., & Telford, S. R., III. (2010). *BARTONELLA* SP. INFECTION OF VOLES TRAPPED FROM AN INTERIOR

ALASKAN SITE WHERE TICKS ARE ABSENT. *Journal of Wildlife Diseases*, 46(1), 173–178. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-46.1.173>

267. McAuley, J. B. (2014). Congenital Toxoplasmosis. *Journal of the Pediatric Infectious Diseases Society*, 3(Suppl 1), S30–S35. <https://doi.org/10.1093/jpids/piu077>

268. Meheretu, Y., Leirs, H., Welegerima, K., Breno, M., Tomas, Z., Kidane, D., Girmay, K., & de Bellocq, J. G. (2013). *Bartonella* Prevalence and Genetic Diversity in Small Mammals from Ethiopia. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 13(3), 164–175. <https://doi.org/10.1089/vbz.2012.1004>

269. Merhej, V., Angelakis, E., Socolovschi, C., & Raoult, D. (2014). Genotyping, Evolution and Epidemiological findings of *Rickettsia* species. *Infection, Genetics and Evolution*, 25, 122–137. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2014.03.014>

270. Merino, S., Vásquez, R. A., Martínez, J., Celis-Diez, J. L., Gutiérrez-Jiménez, L., Ippi, S., Sánchez-Monsalvez, I., & Martínez-de la Puente, J. (2009). Molecular characterization of an ancient *Hepatozoon* species parasitizing the ‘living fossil’ marsupial ‘Monito del Monte’ *Dromiciops gliroides* from Chile. *Biological Journal of the Linnean Society*, 98, 568–576. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2009.01302.x>

271. Millán, J., Di Cataldo, S., Volokhov, D., & Becker, D. J. (2021). Worldwide occurrence of hemoplasmas in wildlife: insights into the patterns of infection, transmission, pathology, and zoonotic potential. *Transboundary and Emerging Diseases*, 68(6), 3236–3256. <https://doi.org/10.1111/tbed.13932>

272. Millán, J., López-Roig, M., Delicado, V., Serra-Cobo, J., & Esperón, F. (2015). Widespread infection with hemotropic mycoplasmas in bats in Spain, including a hemoplasma closely related to "*Candidatus* *Mycoplasma hemohominis*". *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 39, 9–12. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2015.01.002>

273. Miller, W. W. (1908). *HEPATOZOON PERNICIOSUM* (N. G., N. SP.); A HAEMOGREGARINE PATHOGENIC FOR WHITE RATS; WITH A

DESCRIPTION OF THE SEXUAL CYCLE IN THE INTERMEDIATE HOST, A MITE (*LAELAPS ECHIDNINUS*). (Hygienic Laboratory Bulletin No. 46). Government Printing Office.

274. Minichová, L., Hamšíková, Z., Mahríková, L., Slovák, M., Kocianová, E., Kazimírová, M., Škultéty, Ľ., Štefanidesová, K., & Špitalská, E. (2017). Molecular evidence of *Rickettsia* spp. in ixodid ticks and rodents in suburban, natural and rural habitats in Slovakia. *Parasites & Vectors*, *10*, 158. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2094-8>

275. Mishra, V., Mitra, P., Barbuddhe, S., Thorat, Y., Chavan, K., Shinde, S., Chaudhari, S., Khan, W., & Deshmukh, A. S. (2023). Serological and molecular detection of *Toxoplasma gondii* and *Neospora caninum* in free-ranging rats from Nagpur, India. *Parasitology Research*, *123*, 63. <https://doi.org/10.1007/s00436-023-08095-9>

276. Miťková, K., Berthová, L., Kalúz, S., Kazimírová, M., Burdová, L., & Kocianová, E. (2015). First detections of *Rickettsia helvetica* and *R. monacensis* in ectoparasitic mites (Laelapidae and Trombiculidae) infesting rodents in south-western Slovakia. *Parasitology Research*, *114*, 2465–2472. <https://doi.org/10.1007/s00436-015-4443-x>

277. Mitkovska, V., Chassovnikarova, T., & Dimitrov, H. (2014). First record of *Trypanosoma* infection in Mediterranean mouse (*Mus macedonicus*, Petrov & Ružić, 1983) in Bulgaria. *ZooNotes*, *64*, 1–6.

278. Modrý, D., Beck, R., Hrazdilová, K., & Baneth, G. (2017). A Review of Methods for Detection of Hepatozoon Infection in Carnivores and Arthropod Vectors. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, *17*(1), 66–72. <https://doi.org/10.1089/vbz.2016.1963>

279. Mogollon-Pasapera, E., Otvos, L. Jr., Giordano, A., and Cassone, M. (2009). Bartonella: emerging pathogen or emerging awareness? *Int. J. Infect. Dis.* *13*,3–8. doi: 10.1016/j.ijid.2008.04.002

280. Møller, A. P., & Mousseau, T. A. (2006). Biological consequences of Chernobyl: 20 years on. *Trends in Ecology and Evolution*, *21*(4), 200–207. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2006.01.008>
281. Møller, A. P., & Mousseau, T. A. (2013). Assessing effects of radiation on abundance of mammals and predator–prey interactions in Chernobyl using tracks in the snow. *Ecological Indicators*, *26*, 112–116. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2012.10.025>
282. Møller, A. P., & Mousseau, T. A. (2015). Strong effects of ionizing radiation from Chernobyl on mutation rates. *Scientific Reports*, *5*, 8363. <https://doi.org/10.1038/srep08363>
283. Møller, A. P., & Mousseau, T. A. (2018). Reduced colonization by soil invertebrates to irradiated decomposing wood in Chernobyl. *Science of the Total Environment*, *645*, 773–779. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.07.195>
284. Møller, A. P., Bonisoli-Alquati, A., Mousseau, T. A., & Rudolfsen, G. (2014). Aspermy, Sperm Quality and Radiation in Chernobyl Birds. *PLoS ONE*, *9*(6), e100296. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0100296>
285. Møller, A. P., Bonisoli-Alquati, A., Rudolfsen, G., & Mousseau, T. A. (2011). Chernobyl Birds Have Smaller Brains. *PLoS ONE*, *6*(2), e16862. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0016862>
286. Moniuszko-Malinowska, A., Swiecicka, I., Dunaj, J., Zajkowska, J., Czupryna, P., Zambrowski, G., Chmielewska-Badora, J., Żukiewicz-Sobczak, W., Swierzbinska, R., Rutkowski, K., Garkowski, A., & Pancewicz, S. (2016). Infection with *Babesia microti* in humans with non-specific symptoms in North East Poland. *Infectious Diseases*, *48*(7), 537–543. <https://doi.org/10.3109/23744235.2016.1164339>
287. Moonga, L. C., Hayashida, K., Nakao, R., Lisulo, M., Kaneko, C., Nakamura, I., Eshita, Y., Mweene, A. S., Namangala, B., Sugimoto, C., & Yamagishi, J. (2019). Molecular detection of *Rickettsia felis* in dogs, rodents, and cat fleas in Zambia. *Parasites & Vectors*, *12*, 168. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3435-6>

288. Morand, S., Bordes, F., Blasdel, K., Pilosof, S., Cornu, J.-F., Chaisiri, K., Chaval, Y., Cosson, J.-F., Claude, J., Feyfant, T., Herbreteau, V., Dupuy, S., & Tran, A. (2015). Assessing the distribution of disease-bearing rodents in human-modified tropical landscapes. *Journal of Applied Ecology*, *52*(3), 784–794. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.12414>

289. Moreira, D., López-García, P., & Vickerman, K. (2004). An updated view of kinetoplastid phylogeny using environmental sequences and a closer outgroup: proposal for a new classification of the class Kinetoplastea. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, *54*(5), 1861–1875. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63081-0>

290. Morley, N. J. (2009). Environmental risk and toxicology of human and veterinary waste pharmaceutical exposure to wild aquatic host-parasite relationships. *Environmental Toxicology and Pharmacology*, *27*(2), 161–175. <https://doi.org/10.1016/j.etap.2008.11.004>

291. Morley, N. J. (2012). The effects of radioactive pollution on the dynamics of infectious diseases in wildlife. *Journal of Environmental Radioactivity*, *106*, 81–97. <https://doi.org/10.1016/j.jenvrad.2011.12.019>

292. Mousseau, T. A., & Møller, A. P. (2014). Genetic and Ecological Studies of Animals in Chernobyl and Fukushima. *Journal of Heredity*, *105*(5), 704–709. <https://doi.org/10.1093/jhered/esu040>

293. Moustafa, M. A. M., Shimozuru, M., Mohamed, W., Taylor, K. R., Nakao, R., Sashika, M., & Tsubota, T. (2017). First molecular detection and characterization of *Hepatozoon* and *Sarcocystis* spp. in field mice and voles from Japan. *Parasitology Research*, *116*, 2321–2325. <https://doi.org/10.1007/s00436-017-5505-z>

294. Movila, A., Rolain, J. M., Podavalenko, A., Toderas, I., Tkachenco, L., Naglov, V., & Raoult, D. (2009). Detection of spotted fever group rickettsiae and family *Anaplasmataceae* in *Ixodes ricinus* ticks from Republic of Moldova and Eastern Ukraine. *Clinical Microbiology and Infection*, *15*(2), 32–33. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2008.02152.x>

295. Murakami, M., Ohte, N., Suzuki, T., Ishii, N., Igarashi, Y., & Tanoi, K. (2014). Biological proliferation of cesium-137 through the detrital food chain in a forest ecosystem in Japan. *Scientific reports*, 4, 3599. <https://doi.org/10.1038/srep03599>
296. Murata, F. H. A., Cerqueira-Cézar, C. K., Kwok, O. C. H., Tiwari, K., Sharma, R. N., Su, C., & Dubey, J. P. (2018). Role of Rats (*Rattus norvegicus*) in the Epidemiology of *Toxoplasma gondii* Infection in Grenada, West Indies. *The Journal of Parasitology*, 104(5), 571–573. <https://doi.org/10.1645/18-58>
297. Murata, T., Inoue, M., Tateyama, S., Taura, Y., & Nakama, S. (1993). Vertical Transmission of *Hepatozoon canis* in Dogs. *Journal of Veterinary Medical Science*, 55(5), 867–868. <https://doi.org/10.1292/jvms.55.867>
298. Murray, G. G., Weinert, L. A., Rhule, E. L., & Welch, J. J. (2016). The Phylogeny of *Rickettsia* Using Different Evolutionary Signatures: How Tree-Like is Bacterial Evolution? *Systematic Biology*, 65(2), 265–279. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syv084>
299. Mustonen, V., Kesäniemi, J., Lavrinienko, A., Tukalenko, E., Mappes, T., Watts, P. C., & Jurvansuu, J. (2018). Fibroblasts from bank voles inhabiting Chernobyl have increased resistance against oxidative and DNA stresses. *BMC Cell Biology*, 19, 17. <https://doi.org/10.1186/s12860-018-0169-9>
300. Myserud, A., Byrkjeland, R., Qviller, L., & Viljugrein, H. (2015). The generalist tick *Ixodes ricinus* and the specialist tick *Ixodes trianguliceps* on shrews and rodents in a northern forest ecosystem – a role of body size even among small hosts. *Parasites & Vectors*, 8, 639. <https://doi.org/10.1186/s13071-015-1258-7>
301. Naiff, R. D., & Barrett, T. V. (2013). *Trypanosoma (Megatrypanum) lainsoni* n. sp. from *Mesomys hispidus* (Rodentia: Echimyidae) in Brazil: trypomastigotes described from experimentally infected laboratory mice. *Parasite*, 20, 51. <https://doi.org/10.1051/parasite/2013049>
302. Nava-Lausón, C., Spencer, L. M., Sajo-Bohus, L., Dávila, J., & Tellkamp, M. P. (2022). Evaluation of X-ray ionizing radiation on *Plasmodium berghei* invasion

of erythrocytes. *Revista Bionatura*, 7(1), 19.
<https://doi.org/10.21931/RB/2022.07.01.19>

303. Neimark, H., Johansson, K. E., Rikihisa, Y., & Tully, J. G. (2001). Proposal to transfer some members of the genera *Haemobartonella* and *Eperythrozoon* to the genus *Mycoplasma* with descriptions of ‘*Candidatus Mycoplasma haemofelis*’, ‘*Candidatus Mycoplasma haemomuris*’, ‘*Candidatus Mycoplasma haemosuis*’ and ‘*Candidatus Mycoplasma wenyonii*’. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 51(3), 891–899. <https://doi.org/10.1099/00207713-51-3-891>

304. Neimark, H., Peters, W., Robinson, B. L., & Stewart, L. B. (2005). Phylogenetic analysis and description of *Eperythrozoon coccoides*, proposal to transfer to the genus *Mycoplasma* as *Mycoplasma coccoides* comb. nov. and Request for an Opinion. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 55(3), 1385–1391. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63437-0>

305. Nielsen, S. T., Westergaard, I. L., Guldbach, G. K., Nielsen, H. V., & Johansen, M. V. (2019). The prevalence of *Toxoplasma gondii* in mice living in Danish indoor sow herds. *Acta Veterinaria Scandinavica*, 61, 48. <https://doi.org/10.1186/s13028-019-0483-z>

306. Njunda, A. L., Fon, S. G., Assob, J. C. N., Kamga, H. L., Nsagha, D. S., Njimoh, D. L., & Kwenti, T. E. (2015). Coinfection with malaria and intestinal parasites, and its association with anaemia in children in Cameroon. *Infectious Diseases of Poverty*, 4, 43. <https://doi.org/10.1186/s40249-015-0078-5>

307. Njunda, A. L., Njumkeng, C., Nsagha, S. D., Assob, J. C. N., & Kwenti, T. E. (2016). The prevalence of malaria in people living with HIV in Yaounde, Cameroon. *BMC Public Health*, 16, 964. <https://doi.org/10.1186/s12889-016-3647-z>

308. Norman, A. F., Regnery, R., Jameson, P., Greene, C., & Krause, D. C. (1995). Differentiation of *Bartonella*-Like Isolates at the Species Level by PCR-Restriction Fragment Length Polymorphism in the Citrate Synthase Gene. *Journal of*

Clinical Microbiology, 33(7), 1797–1803. <https://doi.org/10.1128/jcm.33.7.1797-1803.1995>

309. Nowicka, J., Antolova, D., Lass, A., Biernat, B., Baranowicz, K., Goll, A., Krupinska, M., Ferra, B., Strachecka, A., Behnke, J. M., Bajer, A., & Grzybek, M. (2024). Identification of *Toxoplasma gondii* in wild rodents in Poland by molecular and serological techniques. *Annals of Agricultural and Environmental Medicine*, 31(4), 626–630. <https://doi.org/10.26444/aaem/184723>

310. Noyes, H. A., Ambrose, P., Barker, F., Begon, M., Bennet, M., Bown, K. J., & Kemp, S. J. (2002). Host specificity of *Trypanosoma (Herpetosoma)* species: evidence that bank voles (*Clethrionomys glareolus*) carry only one *T. (H.) evotomys* 18S rRNA genotype but wood mice (*Apodemus sylvaticus*) carry at least two polyphyletic parasites. *Parasitology*, 124(2), 185–190. <https://doi.org/10.1017/s0031182001001019>

311. Ntungwa, H. O., Mwega, E., Mkupasi, E. M., & Katakweba, A. S. (2024). Seroprevalence and molecular detection of *Toxoplasma gondii* infecting Rodents and Pigs in Iringa Municipality, Tanzania. *Journal of Ideas in Health*, 7(5), 1148-1158. <https://doi.org/10.47108/jidhealth.Vol7.Iss5.369>

312. Obara, H., Fujihara, M., Watanabe, Y., Ono, H. K., & Harasawa, R. (2011). A Feline Hemoplasma, ‘*Candidatus Mycoplasma haemominutum*’, Detected in Dog in Japan. *Journal of Veterinary Medical Science*, 73(6), 841–843. <https://doi.org/10.1292/jvms.10-0521>

313. Obiegala, A., Jeske, K., Augustin, M., Król, N., Fischer, S., Mertens-Scholz, K., Imholt, C., Suchomel, J., Heroldova, M., Tomaso, H., Ulrich, R. G., & Pfeffer, M. (2019). Highly prevalent bartonellae and other vector-borne pathogens in small mammal species from the Czech Republic and Germany. *Parasites & Vectors*, 12, 332. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3576-7>

314. Obiegala, A., Oltersdorf, C., Silaghi, C., Kiefer, D., Kiefer, M., Woll, D., & Pfeffer, M. (2016). *Rickettsia* spp. in small mammals and their parasitizing

ectoparasites from Saxony, Germany. *Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports*, 5, 19–24. <https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2016.08.008>

315. Obiegala, A., Pfeffer, M., Kiefer, D., Kiefer, M., Król, N., & Silaghi, C. (2021). *Bartonella* spp. in Small Mammals and Their Fleas in Differently Structured Habitats From Germany. *Frontiers in Veterinary Science*, 7, 625641. <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.625641>

316. Obiegala, A., Pfeffer, M., Pfister, K., Karnath, C., & Silaghi, C. (2015). Molecular examinations of *Babesia microti* in rodents and rodent-attached ticks from urban and sylvatic habitats in Germany. *Ticks and Tick-borne Diseases*, 6(4), 445–449. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2015.03.005>

317. Obiegala, A., Pfeffer, M., Pfister, K., Tiedemann, T., Thiel, C., Balling, A., Karnath, C., Woll, D., & Silaghi, C. (2014). *Candidatus* Neoehrlichia mikurensis and *Anaplasma phagocytophilum*: prevalences and investigations on a new transmission path in small mammals and ixodid ticks. *Parasites & Vectors*, 7, 563. <https://doi.org/10.1186/s13071-014-0563-x>

318. Ode, S., Jarikre, T., Jubril, A. J., Ularamu, H., Luka, P., Adamu, M., & Emikpe, B. (2022). High prevalence of *Toxoplasma gondii* in Nigerian wild rats by molecular detection. *Veterinary Parasitology, Regional Studies and Reports*, 35, 100776. <https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2022.100776>

319. Oksi, J., Rantala, S., Kilpinen, S., Silvennoinen, R., Vornanen, M., Veikkolainen, V., Eerola, E., & Pulliainen, A. T. (2013). Cat Scratch Disease Caused by *Bartonella grahamii* in an Immunocompromised Patient. *Journal of Clinical Microbiology*, 51(8), 2781–2784. <https://doi.org/10.1128/JCM.00910-13>

320. Oleksyk, T. K., Gashchak, S. P., Glenn, T. C., Jagoe, C. H., Peles, J. D., Purdue, J. R., Tsyusko, O. V., Zalissky, O. O., & Smith, M. H. (2002). Frequency distributions of ¹³⁷Cs in fish and mammal populations. *Journal of Environmental Radioactivity*, 61, 55–74. [https://doi.org/10.1016/S0265-931X\(01\)00080-9](https://doi.org/10.1016/S0265-931X(01)00080-9)

321. Ortiz, P. A., Garcia, H. A., Lima, L., da Silva, F. M., Campaner, M., Pereira, C. L., Jittapalapong, S., Neves, L., Desquesnes, M., Camargo, E. P., & Teixeira,

M. M. G. (2018). Diagnosis and genetic analysis of the worldwide distributed *Rattus*-borne *Trypanosoma (Herpetosoma) lewisi* and its allied species in blood and fleas of rodents. *Infection, Genetics and Evolution : journal of molecular epidemiology and evolutionary genetics in infectious diseases*, 63, 380–390.

<https://doi.org/10.1016/j.meegid.2017.09.001>

322. Paddock, C. D., & Childs, J. E. (2003). *Ehrlichia chaffeensis*: a Prototypical Emerging Pathogen. *Clinical Microbiology Reviews*, 16(1), 37–64.

<https://doi.org/10.1128/CMR.16.1.37-64.2003>

323. Palomar, A. M., Portillo, A., Santibáñez, P., Santibáñez, S., García-Álvarez, L., & Oteo, J. A. (2012). Genetic characterization of *Candidatus Rickettsia vini*, a new rickettsia amplified in ticks from La Rioja, Spain. *Ticks and Tick-borne Diseases*, 3(5–6), 319–321. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2012.10.025>

324. Paperna, I., & Lainson, R. (2004). *Hepatozoon cf. terzii* (Sambon & Seligman, 1907) infection in the snake *Boa constrictor constrictor* from north Brazil: transmission to the mosquito *Culex quinquefasciatus* and the lizard *Tropidurus torquatus*. *Parasite*, 11(2), 175–181. <https://doi.org/10.1051/parasite/2004112175>

325. Pardo Gil, M., Hegglin, D., Briner, T., Ruetten, M., Müller, N., Moré, G., Frey, C. F., Deplazes, P., & Basso, W. (2023). High prevalence rates of *Toxoplasma gondii* in cat-hunted small mammals - Evidence for parasite induced behavioural manipulation in the natural environment?. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, 20, 108–116. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2023.01.007>

326. Paredes, A., Lindeblad, M., Patil, R., Neal, M. D., Hong, Y., Smith, B., Nanda, J., Mousafeiris, V., Moulder, J., Bosland, M., Lyubimov, A., & Bartholomew, A. (2021). The New Zealand White Rabbit Animal Model of Acute Radiation Syndrome: Hematopoietic and Coagulation-Based Parameters by Radiation Dose Following Supportive Care. *International Journal of Radiation Biology*, 97(1), S45–S62. <https://doi.org/10.1080/09553002.2020.1820606>

327. Parola, P., Paddock, C. D., Socolovschi, C., Labruna, M. B., Mediannikov, O., Kernif, T., Abdad, M. Y., Stenos, J., Bitam, I., Fournier, P. E., & Raoult, D. (2013).

Update on Tick-Borne Rickettsioses around the World: a Geographic Approach. *Clinical Microbiology Reviews*, 26(4), 657–702. <https://doi.org/10.1128/CMR.00032-13>

328. Parola, P., Roux, V., Camicas, J.-L., Baradji, I., Brouqui, P., & Didier Raoult (2000). Detection of ehrlichiae in African ticks by polymerase chain reaction. *Transactions of The Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 94(6), 707–708. [https://doi.org/10.1016/S0035-9203\(00\)90243-8](https://doi.org/10.1016/S0035-9203(00)90243-8)

329. Pawelczyk, A., Bajer, A., Behnke, J. M., Gilbert, F. S., & Sinski, E. (2004). Factors affecting the component community structure of haemoparasites in common voles (*Microtus arvalis*) from the Mazury Lake District region of Poland. *Parasitology Research*, 92(4), 270–284. <https://doi.org/10.1007/s00436-003-1040-1>

330. Paziewska, A., Harris, P. D., Zwolińska, L., Bajer, A., & Siński, E. (2011). Recombination Within and Between Species of the Alpha Proteobacterium *Bartonella* Infecting Rodents. *Microbial Ecology*, 61, 134–145. <https://doi.org/10.1007/s00248-010-9735-1>

331. Pelletier, J., Rocheleau, J. P., Bouchard, C., Baron, G., Coatsworth, H., Dibernardo, A., Fernandez-Prada, C., Ogden, N. H., Potes, L., Leighton, P. A., & Aenishaenslin, C. (2025). Rodent-targeted fluralaner baiting reduces the density of *Borrelia burgdorferi*-infected questing *Ixodes scapularis* ticks in a peri-urban setting in southern Canada. *Ticks and Tick-borne Diseases*, 16(2), 102467. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2025.102467>

332. Peña-Espinoza, M., Em, D., Shahi-Barogh, B., Berer, D., Duscher, G. G., van der Vloedt, L., Glawischnig, W., Rehbein, S., Harl, J., Unterköfler, M. S., & Hans-Peter Fuehrer (2023). Molecular pathogen screening of louse flies (Diptera: Hippoboscidae) from domestic and wild ruminants in Austria. *Parasites & Vectors*, 16, 179. <https://doi.org/10.1186/s13071-023-05810-4>

333. Peniche-Lara, G., Dzul-Rosado, K., Pérez-Osorio, C., & Zavala-Castro, J. (2015). *Rickettsia typhi* IN RODENTS AND *R. felis* IN FLEAS IN YUCATÁN AS A POSSIBLE CAUSAL AGENT OF UNDEFINED FEBRILE CASES. *Revista do*

Instituto de Medicina Tropical de São Paulo, 57(2), 129–132.
<https://doi.org/10.1590/S0036-46652015000200005>

334. Perez, M., Bodor, M., Zhang, C., Xiong, Q., & Rikihisa, Y. (2006). Human Infection with *Ehrlichia canis* Accompanied by Clinical Signs in Venezuela. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1078(1), 110–117.
<https://doi.org/10.1196/annals.1374.016>

335. Perison, P. W. D., Amran, N.-S., Adrus, M., & Khan, F. A. A. (2022). Detection and molecular identification of blood parasites in rodents captured from urban areas of southern Sarawak, Malaysian Borneo. *Veterinary Medicine and Science*, 8(5), 2059–2066. <https://doi.org/10.1002/vms3.849>

336. Persa, E., Szatmári, T., Sáfrány, G., & Lumnitzky, K. (2018). In Vivo Irradiation of Mice Induces Activation of Dendritic Cells. *International Journal of Molecular Sciences*, 19(8), 2391. <https://doi.org/10.3390/ijms19082391>

337. Petakov, M., Stojanović, N., Jovčić, G., Bugarski, D., Todorović, V., & Đurković-Djaković, O. (2002). Hematopoiesis during acute *Toxoplasma gondii* infection in mice. *Haematologia*, 32(4), 439–455.

338. Piasecki, T., Chrzastek, K., & Kasprzykowska, U. (2017). *Mycoplasma pulmonis* of Rodents as a Possible Human Pathogen. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 17(7), 475–477. <https://doi.org/10.1089/vbz.2016.2104>

339. Poché, D. M., Dawson, K., Tseveenjav, B., & Poché, R. M. (2021). Efficacy of low-dose fipronil bait against blacklegged tick (*Ixodes scapularis*) larvae feeding on white-footed mice (*Peromyscus leucopus*) under simulated field conditions. *Parasites & Vectors*, 14, 459. <https://doi.org/10.1186/s13071-021-04930-z>

340. Polat, C., Çelebi, B., Irmak, S., Karataş, A., Çolak, F., Matur, F., Sözen, M., & Öktem, I. M. A. (2020). Characterization of *Bartonella taylorii* Strains in Small Mammals of the Turkish Thrace. *EcoHealth*, 17, 477–486.
<https://doi.org/10.1007/s10393-021-01518-y>

341. Poulsen, A., Fritz, H., Clifford, D. L., Conrad, P., Roy, A., Glueckert, E., & Foley, J. (2017). PREVALENCE AND POTENTIAL IMPACT OF *TOXOPLASMA*

GONDII ON THE ENDANGERED AMARGOSA VOLE (*MICROTUS CALIFORNICUS SCIRPENSIS*), CALIFORNIA, USA. *Journal of Wildlife Diseases*, 53(1), 62–72. <https://doi.org/10.7589/2015-12-349>

342. Pritt, B. S., Allerdice, M. E. J., Sloan, L. M., Paddock, C. D., Munderloh, U. G., Rikihisa, Y., Tajima, T., Paskewitz, S. M., Neitzel, D. F., Hoang Johnson, D. K., Schiffman, E., Davis, J. P., Goldsmith, C. S., Nelson, C. M., & Karpathy, S. E. (2017). Proposal to reclassify *Ehrlichia muris* as *Ehrlichia muris* subsp. *muris* subsp. nov. and description of *Ehrlichia muris* subsp. *eaucalarensis* subsp. nov., a newly recognized tick-borne pathogen of humans. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 67(7), 2121–2126. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.001896>

343. Pritt, B. S., Sloan, L. M., Johnson, D. K., Munderloh, U. G., Paskewitz, S. M., McElroy, K. M., McFadden, J. D., Binnicker, M. J., Neitzel, D. F., Liu, G., Nicholson, W. L., Nelson, C. M., Franson, J. J., Martin, S. A., Cunningham, S. A., Steward, C. R., Bogumill, K., Bjorgaard, M. E., Davis, J. P., McQuiston, J. H., Warshauer, D. M., Wilhelm, M. P., Patel, R., Trivedi, V. A., & Eremeeva, M. E. (2011). Emergence of a New Pathogenic Ehrlichia Species, Wisconsin and Minnesota, 2009. *The New England Journal of Medicine*, 365(5), 422–429. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa1010493>

344. Pronovost, H., Peterson, A. C., Chavez, B. G., Blum, M. J., Dumonteil, E., & Herrera, C. P. (2020). Deep sequencing reveals multiclonality and new discrete typing units of *Trypanosoma cruzi* in rodents from the southern United States. *Journal of Microbiology, Immunology, and Infection*, 53(4), 622–633. <https://doi.org/10.1016/j.jmii.2018.12.004>

345. Pucek, Z. (Ed.). (1981). *KEYS TO VERTEBRATES OF POLAND: Mammals* (M. Bibrich & J. Stachurska, Trans.). PWN-Polish Scientific Publishers. (Original work published 1964). ISBN 83-01-02553-0.

346. Pumhom, P., Pognon, D., Yangtara, S., Thapathorn, N., Milocco, C., Douangboupha, B., Herder, S., Chaval, Y., Morand, S., Jittapalapong, S., &

Desquesnes, M. (2014). Molecular prevalence of *Trypanosoma* spp. in wild rodents of Southeast Asia: influence of human settlement habitat. *Epidemiology and Infection*, *142*(6), 1221–1230. <https://doi.org/10.1017/S0950268813002161>

347. Puspitasari, H., Suwanti, L. T., Mufasirin, M., Kusnoto, K., Yudaniayanti, I. S., Setiawan, B., Suprihati, E., Aksono, E. B., Widodo, D. P., Wardhana, A. H., Matsubayashi, M., & Indasari, E. N. (2024). Molecular detection of toxoplasmosis in wild rats using loop-mediated isothermal amplification assay. *Veterinary World*, *17*(7), 1575–1580. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2024.1575-1580>

348. Radzijeuskaja, J., Kaminskienė, E., Lipatova, I., Mardosaitė-Busaitienė, D., Balčiauskas, L., Stanko, M., & Paulauskas, A. (2018). Prevalence and diversity of *Rickettsia* species in ectoparasites collected from small rodents in Lithuania. *Parasites & Vectors*, *11*, 375. <https://doi.org/10.1186/s13071-018-2947-9>

349. Reperant, L. A., Hegglin, D., Tanner, I., Fischer, C., & Deplazes, P. (2009). Rodents as shared indicators for zoonotic parasites of carnivores in urban environments. *Parasitology*, *136*(3), 329–337. <https://doi.org/10.1017/S0031182008005428>

350. Retief, L., Chimimba, C. T., Oosthuizen, M. C., Matshotshi, A., & Bastos, A. D. S. (2022). Haemoplasma Prevalence and Diversity in Three Invasive *Rattus* species from Gauteng Province, South Africa. *Microorganisms*, *10*(8), 1632. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10081632>

351. Riabchenko, N., Lypska, A., Rodionova, N., Ishiniwa, H., Nanba, K., & Burdo, O. (2025). Transformation of the Chernobyl NPP cooling pond: radioecological situation and its impact on the blood system of small rodents. *International Journal of Radiation Biology*, 1–9. <https://doi.org/10.1080/09553002.2025.2505529>

352. Rigó, K., Majoros, G., Szekeres, S., Molnár, I., Jablonszky, M., Majláthová, V., Majláth, I., & Földvári, G. (2016). Identification of *Hepatozoon erhardovae* Krampitz, 1964 from bank voles (*Myodes glareolus*) and fleas in Southern Hungary. *Parasitology Research*, *115*, 2409–2413. <https://doi.org/10.1007/s00436-016-4992-7>

353. Rikihisa, Y., Kawahara, M., Wen, B., Kociba, G., Fuerst, P., Kawamori, F., Suto, C., Shibata, S., & Futohashi, M. (1997). Western Immunoblot Analysis of *Haemobartonella muris* and Comparison of 16S rRNA Gene Sequences of *H. muris*, *H. felis*, and *Eperythrozoon suis*. *Journal of Clinical Microbiology*, 35(4), 823–829. <https://doi.org/10.1128/jcm.35.4.823-829.1997>
354. Rizwan, M., Ali, S., Javid, A., & Rashid, M. I. (2023). Molecular detection of *Toxoplasma gondii* among commensal rodents from the Sahiwal division, Punjab, Pakistan. *Parasitology Research*, 122, 299–306. <https://doi.org/10.1007/s00436-022-07729-8>
355. Rizzoli, A., Silaghi, C., Obiegala, A., Rudolf, I., Hubálek, Z., Földvári, G., Plantard, O., Vayssier-Taussat, M., Bonnet, S., Špitalská, 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. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2014.00251>
356. Roberts, L. S., & Janovy, J., Jr. (2000). *Foundations of Parasitology* (6th ed.). McGraw-Hill.
357. Rodgers, B. E., & Baker, R. J. (2000). FREQUENCIES OF MICRONUCLEI IN BANK VOLES FROM ZONES OF HIGH RADIATION AT CHORNOBYL, UKRAINE. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 19 (6), 1644–1648. <https://doi.org/10.1002/etc.5620190623>
358. Rodríguez, N. F., Tejedor-Junco, M. T., Hernández-Trujillo, Y., González, M., & Gutiérrez, C. (2010). The role of wild rodents in the transmission of *Trypanosoma evansi* infection in an endemic area of the Canary Islands (Spain). *Veterinary Parasitology*, 174(3-4), 323–327. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2010.09.001>
359. Rodríguez-Pastor, R., Hasik, A. Z., Knossow, N., Bar-Shira, E., Shahar, N., Gutiérrez, R., Zaman, L., Harrus, S., Lenski, R. E., Barrick, J. E., & Hawlena, H. (2023). *Bartonella* infections are prevalent in rodents despite efficient immune responses. *Parasites & Vectors*, 16, 315. <https://doi.org/10.1186/s13071-023-05918-7>

360. Rosypal von Dohlen, A., Tiwari, K., Harrison, S., & Sharma, R. (2018). Seroprevalence of Antibodies against *Trypanosoma cruzi* in Brown Rats (*Rattus norvegicus*) from Grenada, West Indies. *Journal of Animal Research*, 8(6), 955–958. <https://doi.org/10.30954/2277-940X.12.2018.2>
361. Rozendaal, J. A. (1997). *Vector control: Methods for use by individuals and communities*. World Health Organization. <https://iris.who.int/handle/10665/41968>
362. Ruprah, N. S. (1985). *Textbook of clinical protozoology*. Oxonian Press Pvt. Ltd.
363. Sacristán, I., Acuña, F., Aguilar, E., García, S., López, M. J., Cevidanes, A., Cabello, J., Hidalgo-Hermoso, E., Johnson, W. E., Poulin, E., Millán, J., & Napolitano, C. (2019). Assessing cross-species transmission of hemoplasmas at the wild–domestic felid interface in Chile using genetic and landscape variables analysis. *Scientific Reports*, 9, 16816. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-53184-4>
364. Salibay, C. C., & Claveria, F. G. (2005). SEROLOGIC DETECTION OF *TOXOPLASMA GONDII* INFECTION IN *RATTUS* SPP COLLECTED FROM THREE DIFFERENT SITES IN DASMARIÑAS, CAVITE, PHILIPPINES. *The Southeast Asian Journal of Tropical Medicine and Public Health*, 36(4), 46–49.
365. Sánchez-Montes, S., Cabrera-Garrido, M. Y., Ríos-Muñoz, C. A., Lira-Olguin, A. Z., Acosta-Gutiérrez, R., Mata-Galindo, M., Hernández-Vilchis, K., Navarrete-Sotelo, D. M., Colunga-Salas, P., León-Paniagua, L., & Becker, I. (2019). Detection of *Bartonella* and *Rickettsia* in small mammals and their ectoparasites in México. *THERYA*, 10(2), 69–79. <https://doi.org/10.12933/therya-19-722>
366. Sashida, H., Sasaoka, F., Suzuki, J., Fujihara, M., Nagai, K., Fujita, H., Kadosaka, T., Ando, S., & Harasawa, R. (2013). Two Clusters among *Mycoplasma haemomuris* Strains, Defined by the 16S-23S rRNA Intergenic Transcribed Spacer Sequences. *Journal of Veterinary Medical Science*, 75(5), 643–648. <https://doi.org/10.1292/jvms.12-0472>
367. Sashida, H., Sasaoka, F., Suzuki, J., Watanabe, Y., Fujihara, M., Nagai, K., Kobayashi, S., Furuhashi, K., & Harasawa, R. (2013). Detection of Hemotropic

Mycoplasmas in Free-Living Brown Sewer Rats (*Rattus norvegicus*). *Journal of Veterinary Medical Science*, 75(7), 979–983. <https://doi.org/10.1292/jvms.13-0023>

368. Sato, H., Ishita, K., Matsuo, K., Inaba, T., Kamiya, H., & Ito, M. (2003). Persistent infection of Mongolian jirds with a non-pathogenic trypanosome, *Trypanosoma (Herpetosoma) grosi*. *Parasitology*, 127, 357–363. <https://doi.org/10.1017/s0031182003003809>

369. Sato, H., Osanai, A., Kamiya, H., Obara, Y., Jiang, W., Zhen, Q., Chai, J., Une, Y., & Ito, M. (2005). Characterization of SSU and LSU rRNA genes of three *Trypanosoma (Herpetosoma) grosi* isolates maintained in Mongolian jirds. *Parasitology*, 130(2), 157–167. <https://doi.org/10.1017/S0031182004006493>

370. Schmidt, S., Essbauer, S. S., Mayer-Scholl, A., Poppert, S., Schmidt-Chanasit, J., Klempa, B., Henning, K., Schares, G., Groschup, M. H., Spitzenberger, F., Richter, D., Heckel, G., & Ulrich, R. G. (2014). Multiple Infections of Rodents with Zoonotic Pathogens in Austria. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 14(7), 467–475. <https://doi.org/10.1089/vbz.2013.1504>

371. Schnee, C., Schulsse, S., Hotzel, H., Ayling, R. D., Nicholas, R. A., Schubert, E., Heller, M., Ehricht, R., & Sachse, K. (2012). A Novel Rapid DNA Microarray Assay Enables Identification of 37 Mycoplasma Species and Highlights Multiple Mycoplasma Infections. *PLoS ONE*, 7(3), e33237. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0033237>

372. Schoondermark-van de Ven, E. M., Philipse-Bergmann, I. M., & van der Logt, J. T. (2006). Prevalence of naturally occurring viral infections, *Mycoplasma pulmonis* and *Clostridium piliforme* in laboratory rodents in Western Europe screened from 2000 to 2003. *Laboratory Animals*, 40(2), 137–143. <https://doi.org/10.1258/002367706776319114>

373. Schouls, L. M., van de Pol, I., Rijpkema, S. G., & Schot, C. S. (1999). Detection and Identification of *Ehrlichia*, *Borrelia burgdorferi* Sensu Lato, and *Bartonella* Species in Dutch *Ixodes ricinus* Ticks. *Journal of Clinical Microbiology*, 37(7), 2215–2222. <https://doi.org/10.1128/JCM.37.7.2215-2222.1999>

374. Schwan, T. G., Lopez, J. E., Safronetz, D., Anderson, J. M., Fischer, R. J., Maïga, O., & Sogoba, N. (2016). Fleas and trypanosomes of peridomestic small mammals in sub-Saharan Mali. *Parasites & Vectors*, 9, 541. <https://doi.org/10.1186/s13071-016-1818-5>
375. Šebek, Z. (1978). Blood Parasites of Small Mammals in Western Hungary. *Parasitologia Hungarica*, 11, 17–22. http://publication.nhmus.hu/pdf/parhung/Parasit_Hung_1978_Vol_11_17.pdf
376. Šebek, Z., Sixl, W., Stünzner, D., Valová, M., Hubálek, Z., & Troger, H. (1980). ZUR KENNTNIS DER BLUTPARASITEN WILDLEBENDER KLEINSÄUGER IN DER STEIERMARK UND IM BURGENLAND [Blood parasites of small wild mammals in Steiermark and Burgenland]. *Folia Parasitologica*, 27(4), 295–301. <https://folia.paru.cas.cz/pdfs/fo/1980/04/02.pdf>
377. Semenko, O. V., Lypska, A. I., Vishnevsky, D. O., Burdo, O. O., Boiko, O. B., Galat, V. F., & Galat, M. V. (2020). TRYPANOSOMIASIS IN MICE OF THE CHORNOBYL ZONE OF RADIOACTIVE CONTAMINATION. *Ukrainian Journal of Veterinary Sciences*, 11(4). <https://doi.org/10.31548/ujvs2020.04.002>
378. Sepúlveda-García, P., Raffo, E., Medina-Vogel, G., Muñoz, F., Muñoz, P., Alabí, A., Navarrete-Talloni, M. J., Gonçalves, L. R., Califre de Mello, V. V., Zacarias Machado, R., André, M. R., Bittencourt, P., & Müller, A. (2021). Molecular survey of *Bartonella* spp. and haemoplasmas in American minks (*Neovison vison*). *Transboundary and Emerging Diseases*, 68(4), 2094–2110. <https://doi.org/10.1111/tbed.13857>
379. Shavey, C. A., & Morado, J. F. (2012). DNA extraction from archived Giemsa-stained blood smears using polymerase chain reaction to detect host and parasitic DNA. *Journal of Histotechnology*, 35(3), 105–109. <https://doi.org/10.1179/2046023612Y.0000000015>
380. Shenbrot, G., Krasnov, B., & Lu, L. (2007). Geographical range size and host specificity in ectoparasites: a case study with *Amphipsylla* fleas and rodent hosts.

Journal of Biogeography, 34(10), 1679–1690. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2007.01736.x>

381. Shin, S. C., Lee, K. M., Kang, Y. M., Kim, K., Kim, C. S., Yang, K. H., Jin, Y. W., Kim, C. S., & Kim, H. S. (2010). Alteration of cytokine profiles in mice exposed to chronic low-dose ionizing radiation. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 397(4), 644–649. <https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2010.05.121>

382. Šidlauskas, G., Gudiškis, N., Bagdonaitė, D. L., Rudaitytė-Lukošienė, E., Juozaitytė-Ngugu, E., Jasiulionis, M., Balčiauskas, L., Butkauskas, D., & Prakas, P. (2025). Evidence of *Toxoplasma gondii* in Neural and Cardiac Tissues of Wild Rodents in Lithuania. *Pathogens*, 14(12), 1252. <https://doi.org/10.3390/pathogens14121252>

383. Siewert, L. K., Korotaev, A., Sedzicki, J., Fromm, K., Pinschewer, D. D., & Dehio, C. (2022). Identification of the *Bartonella* autotransporter CFA as a protective antigen and hypervariable target of neutralizing antibodies in mice. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 119(25), e2202059119. <https://doi.org/10.1073/pnas.2202059119>

384. Silaghi, C., Pfeffer, M., Kiefer, D., Kiefer, M., & Obiegala, A. (2016). *Bartonella*, Rodents, Fleas and Ticks: a Molecular Field Study on Host-Vector-Pathogen Associations in Saxony, Eastern Germany. *Microbial Ecology*, 72, 965–974. <https://doi.org/10.1007/s00248-016-0787-8>

385. Silaghi, C., Woll, D., Hamel, D., Pfister, K., Mahling, M., & Pfeffer, M. (2012). *Babesia* spp. and *Anaplasma phagocytophilum* in questing ticks, ticks parasitizing rodents and the parasitized rodents—Analyzing the host-pathogen-vector interface in a metropolitan area. *Parasites & Vectors*, 5, 191. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-5-191>

386. Simpson, A. G., Stevens, J. R., & Lukeš, J. (2006). The evolution and diversity of kinetoplastid flagellates. *Trends in Parasitology*, 22(4), 168–174. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2006.02.006>

387. Sloboda, M., Kamler, M., Bulantová, J., Votýpka, J., & Modrý, D. (2008). Rodents as intermediate hosts of *Hepatozoon ayorgbor* (Apicomplexa: Adeleina:

Hepatozoidae) from the African ball python, *Python regius*? *Folia Parasitologica*, 55(1), 13–16. <https://doi.org/10.14411/fp.2008.003>

388. Sloboda, M., Kamler, M., Bulantová, J., Votýpka, J., & Modrý, D. (2007). A NEW SPECIES OF *HEPATOZOON* (APICOMPLEXA: ADELEORINA) FROM *PYTHON REGIUS* (SERPENTES: PYTHONIDAE) AND ITS EXPERIMENTAL TRANSMISSION BY A MOSQUITO VECTOR. *Journal of Parasitology*, 93(5), 1189–1198. <https://doi.org/10.1645/GE-1200R.1>

389. Smetanová, K., Boldiš, V., Kocianová, E., & Špitalská, E. (2007). DETECTION OF *EHRlichia muris* IN A YELLOW-NECKED MOUSE (*APODEMUS FLAVICOLLIS*) IN CENTRAL SLOVAKIA. *Acta Virologica*, 51(1), 69–71.

390. Smith, A. L., Singleton, G. R., Hansen, G. M., & Shellam, G. (1993). A SEROLOGIC SURVEY FOR VIRUSES AND *MYCOPLASMA PULMONIS* AMONG WILD HOUSE MICE (*MUS DOMESTICUS*) IN SOUTHEASTERN AUSTRALIA. *Journal of Wildlife Diseases*, 29(2), 219–229. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-29.2.219>

391. Smith, A., Telfer, S., Burthe, S., Bennett, M., & Begon, M. (2005). Trypanosomes, fleas and field voles: ecological dynamics of a host-vector–parasite interaction. *Parasitology*, 131(3), 355–365. <https://doi.org/10.1017/S0031182005007766>

392. Smith, T. G. (1996). THE GENUS *HEPATOZOON* (APICOMPLEXA: ADELEINA). *The Journal of Parasitology*, 82(4), 565–585. <https://doi.org/10.2307/3283781>

393. Som, A. (2015). Causes, consequences and solutions of phylogenetic incongruence. *Briefings in Bioinformatics*, 16(3), 536–548. <https://doi.org/10.1093/bib/bbu015>

394. Sonenshine, D. E. (1993). *Biology of ticks* (488 pp.). New York, NY: Oxford University Press. ISBN 0195084314.

395. Speer, C. A., Clark, S., & Dubey, J. P. (1998). ULTRASTRUCTURE OF THE OOCYSTS, SPOROOCYSTS, AND SPOROZOITES OF *TOXOPLASMA GONDII*. *Journal of Parasitology*, *84*(3), 505–512. <https://doi.org/10.2307/3284713>
396. Špitalská, E., Boldiš, V., Košťanová, Z., Kocianová, E., & Štefanidesová, K. (2008). Incidence of various tick-borne microorganisms in rodents and ticks of central Slovakia. *Acta Virologica*, *52*(3), 175–179.
397. Špitalská, E., Boldiš, V., Mošanský, L., Sparagano, O., & Stanko, M. (2015). *Rickettsia* species in fleas collected from small mammals in Slovakia. *Parasitology Research*, *114*, 4333–4339. <https://doi.org/10.1007/s00436-015-4713-7>
398. Špitalská, E., Kraljik, J., Miklisová, D., Boldišová, E., Sparagano, O. A. E., & Stanko, M. (2020). Circulation of *Rickettsia* species and rickettsial endosymbionts among small mammals and their ectoparasites in Eastern Slovakia. *Parasitology Research*, *119*, 2047–2057. <https://doi.org/10.1007/s00436-020-06701-8>
399. Špitalská, E., Minichová, L., Kocianová, E., Škultéty, Ľ., Mahříková, L., Hamšíková, Z., Slovák, M., & Kazimírová, M. (2017). Diversity and prevalence of *Bartonella* species in small mammals from Slovakia, Central Europe. *Parasitology Research*, *116*, 3087–3095. <https://doi.org/10.1007/s00436-017-5620-x>
400. Sprong, H., Wielinga, P. R., Fonville, M., Reusken, C., Brandenburg, A. H., Borgsteede, F., Gaasenbeek, C., & van der Giessen, J. (2009). *Ixodes ricinus* ticks are reservoir hosts for *Rickettsia helvetica* and potentially carry flea-borne *Rickettsia* species. *Parasites & Vectors*, *2*, 41. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-2-41>
401. Steer, J. A., Tasker, S., Barker, E. N., Jensen, J., Mitchell, J., Stocki, T., Chalker, V. J., & Hamon, M. (2011). A Novel Hemotropic Mycoplasma (Hemoplasma) in a Patient With Hemolytic Anemia and Pyrexia. *Clinical Infectious Diseases*, *53*(11), e147–e151. <https://doi.org/10.1093/cid/cir666>
402. Stevens, J. R., Noyes, H. A., Dover, G. A., & Gibson, W. C. (1999). The ancient and divergent origins of the human pathogenic trypanosomes, *Trypanosoma brucei* and *T. cruzi*. *Parasitology*, *118* (1), 107–116. <https://doi.org/10.1017/s0031182098003473>

403. Storozhuk, V. I., Vyshnevskiy, D. O., Galat, V. F., Semenko, O. V., & Galat, M. V. (2021). Larval stages of trematodes in freshwater snails of the Chernobyl zone of radioactive contamination. *Ukrainian Journal of Veterinary Sciences*, *12*(4), 105–114. <https://doi.org/10.31548/ujvs2021.04.008>
404. Storozhuk, V., Fuehrer, H.-P., Barogh, B. S., Eigner, B., Lypska, A., Burdo, O., Vyshnevskiy, D., Semenko, O., Frey, C. F., & Galat, M. (2026). Blood parasites and bacteria of Muroidea rodents of the Chernobyl Exclusion Zone. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, *30*, 101250. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2026.101250>
405. Storozhuk, V., Mikharovskiy, G., Zhurenko, O., Valchuk, O., Nyzhnyk, B., Tretiakova, K., & Galat, M. (2022). Distribution of *Toxoplasma gondii* among cattle in certain regions of Ukraine. *Ukrainian Journal of Veterinary Sciences*, *13*(1), 71–79. [https://doi.org/10.31548/ujvs.13\(1\).2022.71-79](https://doi.org/10.31548/ujvs.13(1).2022.71-79)
406. Svitáľková, Z. H., Haruštiaková, D., Mahríková, L., Mojšová M., Berthová, L., Slovák, M., Kocianová, E., Vayssier-Taussat, M., & Kazimírová, M. (2016). *Candidatus* Neoehrlichia mikurensis in ticks and rodents from urban and natural habitats of South-Western Slovakia. *Parasites & Vectors*, *9*, 2. <https://doi.org/10.1186/s13071-015-1287-2>
407. Svoboda, P., Dobler, G., Markotić, A., Kurolt, I.-C., Speck, S., Habuš, J., Vucelja, M., Krajinović, L. C., Tadin, A., Margaletić, J., & Essbauer, S. (2014). Survey for Hantaviruses, Tick-Borne Encephalitis Virus, and *Rickettsia* spp. in Small Rodents in Croatia. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, *14*(7), 523–530. <https://doi.org/10.1089/vbz.2013.1457>
408. Szekeres, S., Coipan, E. C., Rigó, K., Majoros, G., Jahfari, S., Sprong, H., & Földvári, G. (2015). *Candidatus* Neoehrlichia mikurensis and *Anaplasma phagocytophilum* in natural rodent and tick communities in Southern Hungary. *Ticks and Tick-Borne Diseases*, *6*(2), 111–116. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2014.10.004>
409. Szewczyk, T., Werszko, J., Slivinska, K., Laskowski, Z., & Karbowski, G. (2021). Molecular Detection of *Bartonella* spp. in Rodents in Chernobyl Exclusion

Zone, Ukraine. *Acta Parasitologica*, 66, 222–227. <https://doi.org/10.1007/s11686-020-00276-1>

410. Tabara, K., Arai, S., Kawabuchi, T., Itagaki, A., Ishihara, C., Satoh, H., Okabe, N., & Tsuji, M. (2007). Molecular Survey of *Babesia microti*, *Ehrlichia* Species and *Candidatus* Neoehrlichia mikurensis in Wild Rodents from Shimane Prefecture, Japan. *Microbiology and Immunology*, 51(4), 359–367. <https://doi.org/10.1111/j.1348-0421.2007.tb03923.x>

411. Tahir, A. H., Mustafa, Z., Javed, Z., Rahim, M. F., Naeem, R. F., Khan, M. A., & Zafar, M. A. (2023). Zoonotic Importance of Bartonellosis. In S. Altaf, A. Khan, & R. Z. Abbas (Eds.), *Zoonosis* (Vol. 4, pp. 490–501). Unique Scientific Publishers. <https://doi.org/10.47278/book.zoon/2023.172>

412. Tasker, S., Helps, C. R., Day, M. J., Harbour, D. A., Shaw, S. E., Harrus, S., Baneth, G., Lobetti, R. G., Malik, R., Beaufils, J. P., Belford, C. R., & Gruffydd-Jones, T. J. (2003). Phylogenetic Analysis of Hemoplasma Species: an International Study. *Journal of Clinical Microbiology*, 41(8), 3877–3880. <https://doi.org/10.1128/JCM.41.8.3877-3880.2003>

413. Tasker, S., Peters, I. R., Mumford, A. D., Day, M. J., Gruffydd-Jones, T. J., Day, S., Pretorius, A.-M., Birtles, R. J., Helps, C. R., & Neimark, H. (2010). Investigation of human haemotropic *Mycoplasma* infections using a novel generic haemoplasma qPCR assay on blood samples and blood smears. *Journal of Medical Microbiology*, 59(11), 1285–1292. <https://doi.org/10.1099/jmm.0.021691-0>

414. Tay, S. T., Mokhtar, A. S., Low, K. C., Mohd Zain, S. N., Jeffery, J., Abdul Aziz, N., & Kho, K. L. (2014). Identification of rickettsiae from wild rats and cat fleas in Malaysia. *Medical and Veterinary Entomology*, 28(1), 104–108. <https://doi.org/10.1111/mve.12075>

415. Tea, A., Alexiou-Daniel, S., Papoutsis, A., Papa, A., & Antoniadis, A. (2004). *Bartonella* Species Isolated from Rodents, Greece. *Emerging Infectious Diseases*, 10(5), 963–964. <https://doi.org/10.3201/eid1005.030430>

416. Telford, S. R., III, & Wormser, G. P. (2010). *Bartonella* spp. Transmission by Ticks Not Established. *Emerging Infectious Diseases*, 16(3), 379–384. <https://doi.org/10.3201/eid1603.090443>
417. Thiroux, A. (1905). Recherches morphologiques et expérimentales sur *Trypanosoma duttoni* (Thiroux). *Annales de l'Institut Pasteur*, 19, 564.
418. Thomas, R., Santodomingo, A., Saboya-Acosta, L., Quintero-Galvis, J. F., Moreno, L., Uribe, J. E., & Muñoz-Leal, S. (2024). *Hepatozoon* (Eucoccidiorida: Hepatozoidae) in wild mammals of the Americas: a systematic review. *Parasites & Vectors*, 17(1), 108. <https://doi.org/10.1186/s13071-024-06154-3>
419. Thompson, C. K., & Thompson, R. C. A. (2015). Trypanosomes of Australian Mammals: Knowledge Gaps Regarding Transmission and Biosecurity. *Trends in Parasitology*, 31(11), 553–562. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2015.06.011>
420. Tołkacz, K., Alsarraf, M., Kowalec, M., Dwużnik, D., Grzybek, M., Behnke, J. M., & Bajer, A. (2018). *Bartonella* infections in three species of *Microtus*: prevalence and genetic diversity, vertical transmission and the effect of concurrent *Babesia microti* infection on its success. *Parasites & Vectors*, 11(1), 491. <https://doi.org/10.1186/s13071-018-3047-6>
421. Tołkacz, K., Bednarska, M., Alsarraf, M., Dwużnik, D., Grzybek, M., Welc-Falęciak, R., Behnke, J. M., & Bajer, A. (2017). Prevalence, genetic identity and vertical transmission of *Babesia microti* in three naturally infected species of vole, *Microtus* spp. (Cricetidae). *Parasites & Vectors*, 10, 66. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2007-x>
422. Toriany, I. (2021). ORGANIZATION OF BIOLOGICAL MATERIALS COLLECTION ON STUDY OF THE NATURAL PROTOTYPE OF BABESIOUS INFECTION. *ScienceRise: Medical Science*, 3(42), 32–37. <https://doi.org/10.15587/2519-4798.2021.232973>
423. Torres-Santos, P. T., Evaristo, A. M. da C. F., Santos, J. R., Collere, F. C. M., Vieira, T. S. W. J., Pereira, L. C. M., Nicola, P. A., Vieira, R. F. da C., & Horta,

M. C. (2024). Hemoplasmas in wild rodents and marsupials from the Caatinga Biome, Brazil. *Acta Tropica*, 258, 107334. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2024.107334>

424. Truc, P., Büscher, P., Cuny, G., Gonzatti, M. I., Jannin, J., Joshi, P., Juyal, P., Lun, Z.-R., Mattioli, R., Pays, E., Simarro, P. P., Teixeira, M. M. G., Touratier, L., Vincendeau, P., & Desquesnes, M. (2013). Atypical Human Infections by Animal Trypanosomes. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 7(9), e2256. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0002256>

425. Tsai, K. H., Chang, S.-F., Yen, T.-Y., Shih, W.-L., Chen, W.-J., Wang, H.-C., Yu, X.-J., Wen, T.-H., Wu, W.-J., & Shu, P.-Y. (2016). Prevalence of antibodies against *Ehrlichia* spp. and *Orientia tsutsugamushi* in small mammals around harbors in Taiwan. *Parasites & Vectors*, 9, 45. <https://doi.org/10.1186/s13071-016-1318-7>

426. Tsai, Y. L., Chang, C. C., Chuang, S. T., & Chomel, B. B. (2011). *Bartonella* species and their ectoparasites: Selective host adaptation or strain selection between the vector and the mammalian host? *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 34(4), 299–314. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2011.04.005>

427. Tsui, P.-Y., Tsai, K.-H., Weng, M.-H., Hung, Y.-W., Liu, Y.-T., Hu, K.-Y., Lien, J.-C., Lin, P.-R., Shaio, M.-F., Wang, H.-C., & Ji, D.-D. (2007). Molecular Detection And Characterization Of Spotted Fever Group Rickettsiae In Taiwan. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 77(5), 883–890. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.2007.77.883>

428. Tsuji, M., Wei, Q., Zamoto, A., Morita, C., Arai, S., Shiota, T., Fujimagari, M., Itagaki, A., Fujita, H., & Ishihara, C. (2001). Human Babesiosis in Japan: Epizootiologic Survey of Rodent Reservoir and Isolation of New Type of *Babesia microti*-like Parasite. *Journal of Clinical Microbiology*, 39(12), 4316–4322. <https://doi.org/10.1128/JCM.39.12.4316-4322.2001>

429. Tulis, F., Jánošíková, R., Ambros, M., Baláž, I., Baláž, M., Košša, J., Poláčiková, Z., Jureček, R., Dudich, A., Stollman, A., & Ševčík, M. (2025). Five-decade expansion of striped field mouse (*Apodemus agrarius*) and the process of its

establishment in colonized territories. *Mammal Research*, 70, 465–475.
<https://doi.org/10.1007/s13364-025-00810-4>

430. Tyler, K. M., & Engman, D. M. (2001). The life cycle of *Trypanosoma cruzi* revisited. *International Journal for Parasitology*, 31(5-6), 472–481.
[https://doi.org/10.1016/s0020-7519\(01\)00153-9](https://doi.org/10.1016/s0020-7519(01)00153-9)

431. Uiterwijk, M., Vojta, L., Šprem, N., Beck, A., Jurković, D., Kik, M., Duscher, G. G., Hodžić, A., Reljić, S., Sprong, H., & Beck, R. (2023). Diversity of *Hepatozoon* species in wild mammals and ticks in Europe. *Parasites & Vectors*, 16, 27. <https://doi.org/10.1186/s13071-022-05626-8>

432. United Nations Scientific Committee on the Effects of Atomic Radiation. (2000). SOURCES AND EFFECTS OF IONIZING RADIATION: *UNSCEAR 2000 report to the General Assembly, with scientific annexes* (Vol. 1). United Nations.

433. Upton, S. J., Fridell, R. A., & Tilley, M. (1989). *Trypanosoma kansasensis* sp. n. from *Neotoma floridana* in Kansas. *Journal of Wildlife Diseases*, 25(3), 410–412. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-25.3.410>

434. Usluca, S., Celebi, B., Karasartova, D., Gureser, A. S., Matur, F., Oktem, M. A., Sozen, M., Karatas, A., Babur, C., Mumcuoglu, K. Y., & Ozkan, A. T. (2019). Molecular Survey of *Babesia microti* (Aconoidasida: Piroplasmida) in Wild Rodents in Turkey. *Journal of Medical Entomology*, 56(6), 1605–1609.
<https://doi.org/10.1093/jme/tjz084>

435. Valkiūnas, G. (2004). Avian Malaria Parasites and other Haemosporidia (1st ed.). CRC Press. <https://doi.org/10.1201/9780203643792>

436. Vandersea, M. W., Birkenheuer, A. J., Litaker, R. W., Vaden, S. L., Renschler, J. S., & Gookin, J. L. (2015). Identification of *Parabodo caudatus* (class *Kinetoplastea*) in urine voided from a dog with hematuria. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, 27(1), 117–120. <https://doi.org/10.1177/1040638714562827>

437. Vayssier-Taussat, M., Le Rhun, D., Bonnet, S., & Cotté, V. (2009). Insights in *Bartonella* Host Specificity. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1166(1), 127–132. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2009.04531.x>

438. Vayssier-Taussat, M., Le Rhun, D., Buffet, J.-P., Maaoui, N., Galan, M., Guivier, E., Charbonnel, N., & Cosson, J.-F. (2012). *Candidatus* Neoehrlichia mikurensis in Bank Voles, France. *Emerging Infectious Diseases*, 18(12), 2063–2065. <https://doi.org/10.3201/eid1812.120846>
439. Vickerman, K. (1976). The diversity of the kinetoplastid flagellates. In W. H. R. Lumsden & D. A. Evans (Eds.), *Biology of the Kinetoplastida* (Vol. 1, pp. 1–34). Academic Press.
440. Virgilio, L. R., Teixeira, G. O., Almeida, L. S., Melo, H. P. S., Júnior, S. L. P., Meneguetti, D. U. O., Camargo, L. M. A., & Takemoto, R. M. (2022). Infection with *Trypanosoma* spp. in *Platydoras armatulus* (Siluriformes, Doradidae), in southwestern Amazon, Brazil. *Journal of Parasitic Diseases*, 46(3), 607–612. <https://doi.org/10.1007/s12639-022-01485-3>
441. Volokhov, D. V., Graham, L. J., Brorson, K. A., & Chizhikov, V. E. (2011). Mycoplasma testing of cell substrates and biologics: Review of alternative non-microbiological techniques. *Molecular and Cellular Probes*, 25(2-3), 69–77. <https://doi.org/10.1016/j.mcp.2011.01.002>
442. Votýpka, J., d'Avila-Levy, C. M., Grellier, P., Maslov, D. A., Lukeš, J., & Yurchenko, V. (2015). New Approaches to Systematics of Trypanosomatidae: Criteria for Taxonomic (Re)description. *Trends in Parasitology*, 31(10), 460–469. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2015.06.015>
443. Votýpka, J., Stříbrná, E., Modrý, D., Bryja, J., Bryjová, A., & Lukeš, J. (2022). Unexpectedly high diversity of trypanosomes in small sub-Saharan mammals. *International Journal for Parasitology*, 52(10), 647–658. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2022.06.002>
444. Vujanić, M., Ivović, V., Kataranovski, M., Nikolić, A., Bobić, B., Klun, I., Villena, I., Kataranovski, D., & Djurković-Djaković, O. (2011). Toxoplasmosis in Naturally Infected Rodents in Belgrade, Serbia. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 11(8), 1209–1211. <https://doi.org/10.1089/vbz.2010.0119>

445. Vyas, A. (2013). Parasite-augmented mate choice and reduction in innate fear in rats infected by *Toxoplasma gondii*. *The Journal of Experimental Biology*, 216(1), 120–126. <https://doi.org/10.1242/jeb.072983>
446. Wagner, E., Tukhanova, N., Shin, A., Turebekov, N., Shapiyeva, Z., Shevtsov, A., Nurmakhanov, T., Sutyagin, V., Berdibekov, A., Maikanov, N., Lezdinsh, I., Freimüller, K., Ehmann, R., Ehrhardt, C., Essbauer, S., & Peintner, L. (2022). Incidence of tick-borne spotted fever group *Rickettsia* species in rodents in two regions in Kazakhstan. *Scientific Reports*, 12(1), 14872. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-19145-0>
447. Walker, D. H. (1996). Rickettsiae. In S. Baron (Ed.), *Medical microbiology* (4th ed., Chapter 38). University of Texas Medical Branch at Galveston. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK7624/>
448. Walker, D. H. (2007). Rickettsiae and Rickettsial Infections: The Current State of Knowledge. *Clinical Infectious Diseases*, 45(1), S39–S44. <https://doi.org/10.1086/518145>
449. Walter, G., & Liebisch, A. (1980). Studies of the ecology of some blood protozoa of wild small mammals in North Germany. *Acta Tropica*, 37, 31–40.
450. Wang, Z.-D., Liu, H.-H., Ma, Z.-X., Ma, H.-Y., Li, Z.-Y., Yang, Z.-B., Zhu, X.-Q., Xu, B., Wei, F., & Liu, Q. (2017). *Toxoplasma gondii* Infection in Immunocompromised Patients: A Systematic Review and Meta-Analysis. *Frontiers in Microbiology*, 8, 389. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00389>
451. Watson, E. A., & Hadwen, S. (1912). TRYPANOSOMES FOUND IN CANADIAN MAMMALS. *Parasitology*, 5(1), 21–26. <https://doi.org/10.1017/S0031182000000044>
452. Weinert, L. A., Werren, J. H., Aebi, A., Stone, G. N., & Jiggins, F. M. (2009). Evolution and diversity of *Rickettsia* bacteria. *BMC Biology*, 7, 6. <https://doi.org/10.1186/1741-7007-7-6>
453. Weiss, D., Larue, P.-J., Bogorinski, P., Watermeyer, V., Voitsekhovich, O., Sobotovich, E., Bugai, D. A., & Oskolkov, B. Y. (2000). *Collection and Analysis*

of Information and Data related to the Contamination of the Chernobyl Cooling Pond (Final report, CEC Contract No. B7-5350/99/6241/MAR/C2). Gesellschaft für Anlagen- und Reaktorsicherheit (GRS) mbH.
<https://doi.org/10.13140/RG.2.2.19550.33604>

454. Welc-Falęciak, R., Bajer, A., Behnke, J. M., & Siński, E. (2008). Effects of host diversity and the community composition of hard ticks (Ixodidae) on *Babesia microti* infection. *International Journal of Medical Microbiology*, 298(1), 235–242.
<https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2007.12.002>

455. Welc-Falęciak, R., Bajer, A., Behnke, J. M., & Siński, E. (2010). The ecology of *Bartonella* spp. infections in two rodent communities in the Mazury Lake District region of Poland. *Parasitology*, 137(7), 1069–1077.
<https://doi.org/10.1017/S0031182009992058>

456. Welc-Falęciak, R., Bajer, A., Paziewska-Harris, A., Baumann-Popczyk, A., & Siński, E. (2012). Diversity of *Babesia* in *Ixodes ricinus* ticks in Poland. *Advances in Medical Sciences*, 57(2), 364–369. <https://doi.org/10.2478/v10039-012-0023-9>

457. Welc-Falęciak, R., Pawełczyk, A., Radkowski, M., Pancewicz, S. A., Zajkowska, J., & Siński, E. (2015). First report of two asymptomatic cases of human infection with *Babesia microti* (Franca, 1910) in Poland. *Annals of Agricultural and Environmental Medicine*, 22(1), 51–54. <https://doi.org/10.5604/12321966.1141394>

458. Weng, M. H., Tsai, H. P., Lin, P. R., Cheng, K. C., Guo, M. D., & Liu, W. T. (2014). Investigation of *Ehrlichia chaffeensis* Infections in Rodents in Kinmen Area, 2012. *Taiwan Epidemiology Bulletin*, 30(7), 68–76.
[https://doi.org/10.6525/TEB.201404_30\(7\).0001](https://doi.org/10.6525/TEB.201404_30(7).0001)

459. Wheeler, R. J., Gluenz, E., & Gull, K. (2013). The Limits on Trypanosomatid Morphological Diversity. *PLoS ONE*, 8(11), e79581.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0079581>

460. Wiger, R. (1979). Seasonal and annual variations in the prevalence of blood parasites in cyclic species of small rodents in Norway with special reference to

Clethrionomys glareolus. *Holarctic Ecology*, 2(3), 169–175.
<https://doi.org/10.1111/j.1600-0587.1979.tb00697.x>

461. Willi, B., Meli, M. L., Lüthy, R., Honegger, H., Wengi, N., Hoelzle, L. E., Reusch, C. E., Lutz, H., & Hofmann-Lehmann, R. (2009). Development and Application of a Universal Hemoplasma Screening Assay Based on the SYBR Green PCR Principle. *Journal of Clinical Microbiology*, 47(12), 4049–4054.
<https://doi.org/10.1128/JCM.01478-09>

462. Winterhoff, M. L., Achmadi, A. S., Roycroft, E. J., Handika, H., Putra, R. T. J., Rowe, K. M. C., Perkins, S. L., & Rowe, K. C. (2020). NATIVE AND INTRODUCED TRYPANOSOME PARASITES IN ENDEMIC AND INTRODUCED MURINE RODENTS OF SULAWESI. *Journal of Parasitology*, 106(5), 523–536. <https://doi.org/10.1645/19-136>

463. Withenshaw, S. M., Devevey, G., Pedersen, A. B., & Fenton, A. (2016). Multihost *Bartonella* parasites display covert host specificity even when transmitted by generalist vectors. *Journal of Animal Ecology*, 85(6), 1442–1452.
<https://doi.org/10.1111/1365-2656.12568>

464. Woo, P. T. K., & Poynton, S. L. (1995). Diplomonadida, Kinetoplastida and Amoebida (Phylum Sarcomastigophora). In P. T. K. Woo (Ed.), *Fish diseases and disorders*. (Vol. 1, pp. 27–96). CAB International.

465. Wood, F. D. (1936). *Trypanosoma neotomae*, sp. nov., in the dusky-footed wood rat and the wood rat flea. *University of California Publications in Zoology*, 41(11), 133–142.

466. Wood, M. D., Beresford, N. A., Barnett, C. L., Burgess, P. H., & Mobbs, S. (2022, April). Chernobyl radiation spikes are not due to military vehicles disturbing soil. *Journal of Environmental Radioactivity*, 265, 107220.
<https://doi.org/10.48550/arXiv.2204.03157>

467. World Health Organization, & TDR Disease Reference Group on Chagas Disease, Human African Trypanosomiasis and Leishmaniasis. (2012). *Research Priorities for Chagas Disease, Human African Trypanosomiasis and Leishmaniasis*

(WHO Technical Report Series No. 975). World Health Organization.
<https://iris.who.int/handle/10665/77472>

468. Xu, G., Foster, E., Ribbe, F., Hojgaard, A., Eisen, R. J., Paull, S., & Rich, S. M. (2023). Detection of *Ehrlichia muris euclairensis* in Blacklegged Ticks (*Ixodes scapularis*) and White-Footed Mice (*Peromyscus leucopus*) in Massachusetts. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 23(6), 311–315. <https://doi.org/10.1089/vbz.2022.0098>

469. Yai, L. E., Ragozo, A. M. A., Aguiar, D. M., Damaceno, J. T., Oliveira, L. N., Dubey, J. P., Gennari, S. M. (2008). ISOLATION OF *TOXOPLASMA GONDII* FROM CAPYBARAS (*HYDROCHAERIS HYDROCHAERIS*) FROM SÃO PAULO STATE, BRAZIL. *Journal of Parasitology*, 94(5), 1060–1063.
<https://doi.org/10.1645/GE-1548.1>

470. Yang, G., Kong, Q., Wang, G., Jin, H., Zhou, L., Yu, D., Niu, C., Han, W., Li, W., & Cui, J. (2014). Low-Dose Ionizing Radiation Induces Direct Activation of Natural Killer Cells and Provides a Novel Approach for Adoptive Cellular Immunotherapy. *Cancer Biotherapy & Radiopharmaceuticals*, 29(10), 428–434.
<https://doi.org/10.1089/cbr.2014.1702>

471. Yurchenko, V. Y., Lukeš, J., Tesařová, M., Jirků, M., & Maslov, D. A. (2008). Morphological Discordance of the New Trypanosomatid Species Phylogenetically Associated with the Genus *Crithidia*. *Protist*, 159, 99–114.
<https://doi.org/10.1016/j.protis.2007.07.003>

472. Zechmeisterová, K., Javanbakht, H., Kvičerová, J., & Široký, P. (2021). Against growing synonymy: Identification pitfalls of *Hepatozoon* and *Schellackia* demonstrated on North Iranian reptiles. *European Journal of Protistology*, 79, 125780.
<https://doi.org/10.1016/j.ejop.2021.125780>

473. Zhang, X., Li, S.-J., Li, Z., He, C. Y., Hide, G., Lai, D.-H., & Lun, Z.-R. (2019). Cell cycle and cleavage events during *in vitro* cultivation of bloodstream forms of *Trypanosoma lewisi*, a zoonotic pathogen. *Cell Cycle*, 18(5), 552–567.
<https://doi.org/10.1080/15384101.2019.1577651>

474. Zintl, A., Finnerty, E. J., Murphy, T. M., de Waal, T., & Jeremy S. Gray, (2011). Babesias of red deer (*Cervus elaphus*) in Ireland. *Veterinary Research*, 42, 7. <https://doi.org/10.1186/1297-9716-42-7>

475. Zub, K., Jędrzejewska, B., Jędrzejewski, W., & Bartoń, K. A. (2012). Cyclic voles and shrews and non-cyclic mice in a marginal grassland within European temperate forest. *Acta Theriologica*, 57, 205–216. <https://doi.org/10.1007/s13364-012-0072-2>

476. Zulpo, D. L., Sammi, A. S., dos Santos, J. R., Sasse, J. P., Martins, T. A., Minutti, A. F., Cardim, S. T., de Barros, L. D., Navarro, I. T., & Garcia, J. L. (2018). *Toxoplasma gondii*: A study of oocyst re-shedding in domestic cats. *Veterinary Parasitology*, 249, 17–20. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2017.10.021>

477. Загороднюк, І. В. (2002). *Польовий визначник дрібних ссавців України*. (Праці Теріологічної школи; вип. 5). Українське теріологічне товариство.

478. Інститут проблем безпеки атомних електростанцій НАН України. (2013). *Техніко-економічне обґрунтування (ТЕО) виведення з експлуатації водойми-охолоджувача Чорнобильської АЕС* (Державний реєстраційний № 0112U005382).

479. Липська, А. І., Ніколаєв, В. І., Шитюк, В. А., Бурдо, О. О., & Вишневський, Д. О. (2022). Радіоекологічні дослідження на осушених ділянках ложа водойми-охолоджувача ЧАЕС. *Ядерна фізика та енергетика*, 23(4), 263–270. <https://doi.org/10.15407/jnpae2022.04.263>

480. Про захист тварин від жорстокого поводження. (2006). Закон України від 21 лютого 2006 року № 3447-IV (в редакції станом на 01 січня 2025 року). <https://zakon.rada.gov.ua/laws/show/3447-15#Text>

ДОДАТКИ



2022 | World Federation of Parasitologists

CERTIFICATE OF POSTER PRESENTATION

This is to certify that:

Vladyslava Storozhuk

presented the Abstract entitled:

TOXOPLASMA GONDII SEROPREVALENCE AMONG CATTLE IN UKRAINE

co-authored by:

Maryna Galat (Ukraine), Oleksandr Valchuk (Ukraine), Bohdan Nuzhnyk (Ukraine), Mariia Galaburda (Ukraine), Valeriia Yustyniuk (Ukraine), Vladyslava Storozhuk (Ukraine), Gleb Mikharovskyi (Ukraine), Pikka Jokelainen (Denmark)

at the:

15th International Congress of Parasitology

Copenhagen, Denmark | August 21-26, 2022

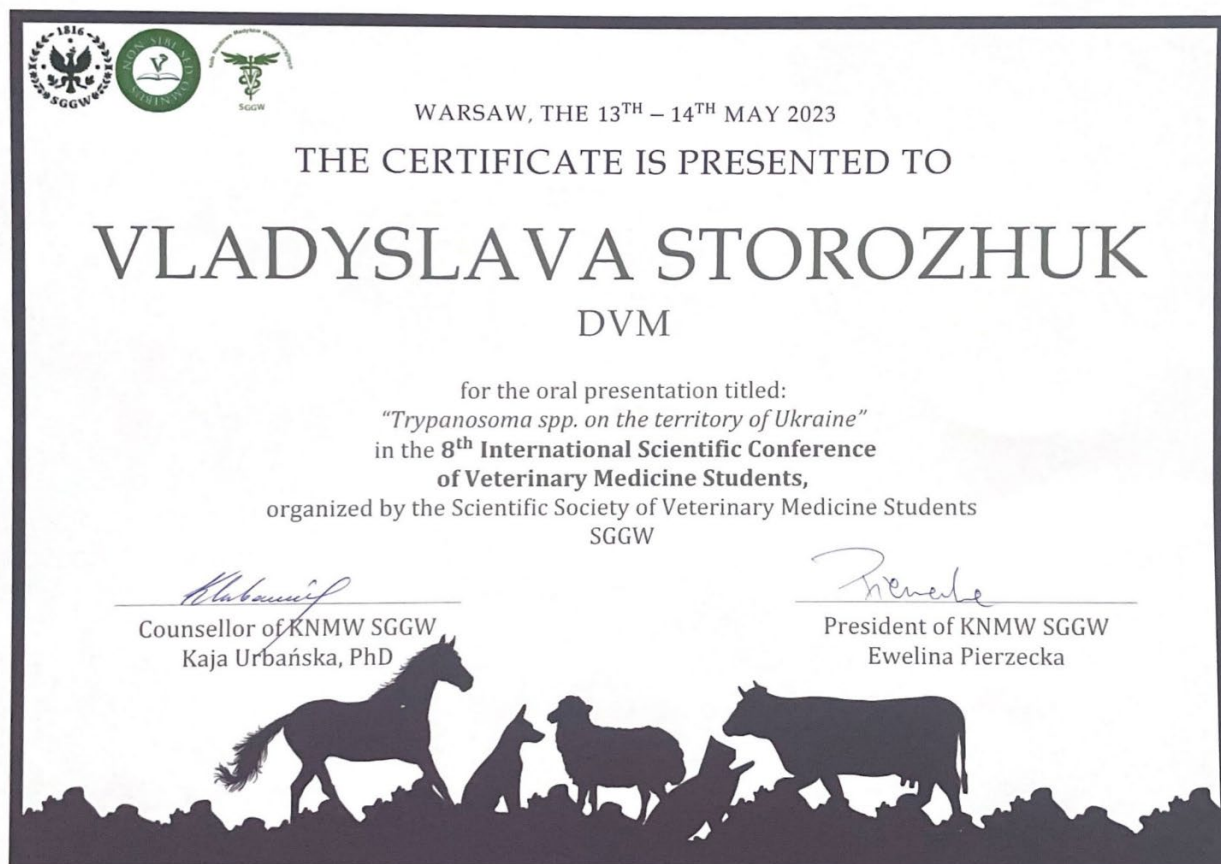
A blue ink signature of Pikka Jokelainen, consisting of a stylized 'P' followed by a horizontal line.

Pikka Jokelainen
Chair of ICOPA 2022
President of SBSP

A blue ink signature of Lars Hviid, featuring a stylized 'L' and 'H' with a large loop.

Lars Hviid
Chair of ICOPA 2022
Scientific Committee
President of DSP





CURRENT PARASITOLOGY



MULTI-DISCIPLINARITY

EMOP XIV 26-30.08.2024
WROCLAW | POLAND

CERTIFICATE

OF ATTENDANCE

Vladyslava Storozhuk

has attended the 14th European Multicolloquium of
Parasitology in Wrocław, Poland

Joanna Hildebrand
PRESIDENT OF THE EMOP 2024
ORGANIZING COMMITTEE

Olga Djurkovic-Djakovic
PRESIDENT OF THE EUROPEAN
FEDERATION OF PARASITOLOGISTS

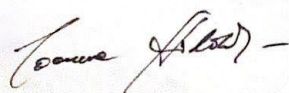


THIS CERTIFICATE CONFIRMS THAT THE

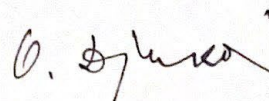
STUDENT SCHOLARSHIP
of the EUROPEAN FEDERATION OF PARASITOLOGISTS

HAS BEEN GRANTED TO

VLADYSLAVA STOROZHUK



Joanna Hildebrand
President of the EMOP2024
Organizing Committee



Olgica Djurkovic-Djakovic
President of the European
Federation of Parasitologists