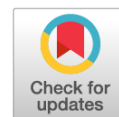


DOI: <https://doi.org/10.17816/rmmar691276>

EDN: YEPPWN



Молекулярная эпидемиология комаров-переносчиков малярийных плазмодиев в прибрежных районах Южного Вьетнама

М.Т. Лыонг¹, В.А. Романенко², А.И. Соловьев², Р.В. Гудков², К.В. Козлов², Д.В. Овчинников², А.И. Ракин², А.В. Халин³, С.В. Айбулатов³

¹ Южное отделение совместного Российско-Вьетнамского Тропического научно-исследовательского и технологического центра, Ханой — Хошимин, Вьетнам;

² Военно-медицинская академия, Санкт-Петербург, Россия;

³ Зоологический институт Российской академии наук, Санкт-Петербург, Россия

АННОТАЦИЯ

Актуальность. Вьетнам добивается значительных успехов в борьбе с малярией, тем не менее это заболевание по-прежнему представляет собой важную проблему общественного здравоохранения страны. Это связано с сохранением активных очагов малярии, регулярным трансграничным переносом инфекции, обусловленным сезонной трудовой миграцией населения, а также широким распространением высокоэффективных переносчиков — комаров *Anopheles*. В статье представлены результаты обследования популяции переносчиков малярии в прибрежных районах Южного Вьетнама (провинция Хошимин) на зараженность простейшими рода *Plasmodium* (*P. falciparum*, *P. vivax*, *P. ovale*, *P. malariae*, и *P. knowlesi*).

Цель — оценка видовой структуры и эффективности переносчиков малярийных плазмодиев на территории Южного Вьетнама в сезон дождей (период подъема заболеваемости) и во время сухого сезона (период снижения уровня заболеваемости).

Методы. Сбор членистоногих проводился в октябре 2024 г. и в мае 2025 г. на территории биосферного заповедника Кан Зьо (Can Gio) в провинции Хошимин. Отлов имаго кровососущих двукрылых осуществлялся при помощи ультрафиолетовых ловушек, эксгаустерами и энтомологическими сачками на теле животных прокормителей. Видовую идентификацию членистоногих проводили по морфологическим признакам с помощью дихотомических определителей, а также молекулярно-генетическими методами. Инфицированность комаров плазмодиями оценивалась с помощью специфических праймеров посредством полимеразной цепной реакции и таргетного секвенирования.

Результаты. Обследовано 414 комаров рода *Anopheles*, из которых 356 насекомых (86%) относились к виду *An. epiroticus*. В 32 образцах выявлены генетические маркеры возбудителей рода *Plasmodium*, из них 17 (53,1%) — *P. falciparum* и 15 (46,9%) — *P. ovale*.

Заключение. Несмотря на снижение заболеваемости малярии во Вьетнаме сохраняются очаги «лесной» малярии. В прибрежных районах Южного Вьетнама *An. epiroticus* играют значимую роль в сохранении активных очагов малярийной инфекции. Помимо распространения возбудителей тропической формы малярии (*P. falciparum*) эти переносчики могут обеспечивать передачу *P. ovale*, поддерживая очаги трехдневной формы заболевания, а также возникновение случаев микст-инфекции.

Ключевые слова: малярия; *Anopheles*; *Aedes*; *Culex*; *Culicidae*; кровососущие комары; Южный Вьетнам.

Как цитировать

Лыонг М.Т., Романенко В.А., Соловьев А.И., Гудков Р.В., Козлов К.В., Овчинников Д.В., Ракин А.И., Халин А.В., Айбулатов С.В. Молекулярная эпидемиология комаров-переносчиков малярийных плазмодиев в прибрежных районах Южного Вьетнама // Известия Российской военно-медицинской академии. 2025. Т. 44, № 4. С. 465–473. DOI: 10.17816/rmmar691276 EDN: YEPPWN

Рукопись получена: 24.09.2025

Рукопись одобрена: 23.10.2025

Опубликована: 05.11.2025

DOI: <https://doi.org/10.17816/rmmar691276>

EDN: YEPPWN

Molecular Epidemiology of Malaria Vector Mosquitoes in Coastal Areas of Southern Vietnam

Luong Mo Thi¹, Vladimir A. Romanenko², Aleksey I. Solovet², Roman V. Gudkov², Konstantin V. Kozlov², Dmitrii V. Ovchinnikov², Aleksandr I. Rakin², Alexey V. Khalin³, Sergey V. Aibulatov³

¹ Joint Russian–Vietnamese Tropical Research and Technological Center, Southern Branch, Hanoi — Ho Chi Minh City, Vietnam;

² Military Medical Academy, Saint Petersburg, Russia;

³ Zoological Institute of the Russian Academy of Sciences, Saint Petersburg, Russia

ABSTRACT

BACKGROUND: This study presents the results of morphological genus-level identification of mosquitoes and molecular-genetic species-level identification of female *Anopheles* mosquitoes — the primary malaria vectors — collected in the Can Gio Biosphere Reserve, Ho Chi Minh Province. In addition, five species of human malaria parasites of the genus *Plasmodium* (*P. falciparum*, *P. vivax*, *P. ovale*, *P. malariae*, and *P. knowlesi*) were screened in the collected material.

AIM: To assess the species composition of vectors responsible for the most relevant and socially significant vector-borne infections in southern Vietnam during the dry and rainy seasons, and to identify active malaria foci.

METHODS: Arthropod collection was carried out in October 2024 and May 2025 in the Can Gio Biosphere Reserve (Ho Chi Minh Province). Adult hematophagous dipterans were collected using aspirators from hosts, entomological nets from vegetation, as well as from external surfaces of residential and utility buildings. Immature stages were collected by filtering water samples from natural and artificial water bodies suitable for mosquito breeding. Species identification of arthropods was performed based on morphological characteristics using dichotomous keys. Mosquito species identification and *Plasmodium* detection were conducted using polymerase chain reaction (PCR). Confirmation of *Plasmodium ovale* was performed by Sanger sequencing.

RESULTS: A total of 414 *Anopheles* mosquitoes were identified, of which 356 specimens (86%) belonged to *An. epiroticus*. DNA of *Plasmodium* parasites was detected in 32 mosquito samples: 17 (53.1%) positive for *P. falciparum* and 15 (46.9%) for *P. ovale*.

CONCLUSION: Despite a general decline in malaria incidence in Vietnam, foci of “forest malaria” remain active. In coastal areas of southern Vietnam, *An. epiroticus* plays an important role in maintaining active malaria transmission. In addition to spreading the causative agent of tropical malaria (*P. falciparum*), these vectors may also contribute to the transmission of *P. ovale*, thus sustaining foci of tertian malaria and potentially leading to cases of mixed infections.

Keywords: malaria; *Anopheles*; *Aedes*; *Culex*; *Culicidae*; blood-feeding mosquitoes; Southern Vietnam.

To cite this article

Luong MT, Romanenko VA, Solovet AI, Gudkov RV, Kozlov KV, Ovchinnikov DV, Rakin AI, Khalin AV, Aibulatov SV. Molecular Epidemiology of Malaria Vector Mosquitoes in Coastal Areas of Southern Vietnam. *Russian Military Medical Academy Reports*. 2025;44(4)465–473. DOI: 10.17816/rmmar691276
EDN: YEPPWN

Submitted: 24.09.2025

Accepted: 23.10.2025

Published: 05.11.2025

АКТУАЛЬНОСТЬ

Вьетнам — государство Юго-Восточного Азии, одного из гиперэндемичных регионов нозоареала малярии. В 2000–2010 гг. на территории страны существовали многочисленные активные очаги тропической, трехдневной и четырехдневной малярии, а в субрегионе Большого Меконга регистрировались случаи заболевания, вызванные *Plasmodium knowlesi*. На протяжении более десяти лет Вьетнам добивался и продолжает добиваться значительных успехов в борьбе с малярией, что привело к уменьшающимся с каждым годом числом случаев заболевания и смертей от малярии. Тем не менее заболевание по-прежнему представляет собой важную проблему общественного здравоохранения. Это связано с сохранением активных очагов малярии, регулярным трансграничным переносом инфекции, обусловленным сезонной трудовой миграцией населения, а также с лекарственной устойчивостью малярийных плазмодиев к основным противомалярийным препаратам и широким распространением высокоэффективных переносчиков — комаров *Anopheles*. Исследования также показывают, что изменение климатических факторов и воздействие человека изменили природные условия и среду, что повлияло на распределение, поведение, видовой состав, а также на роль различных видов *Anopheles* в передаче возбудителей. Основные векторные виды переносчиков малярии, такие как *An. minimus*, *An. dirus*, *An. epiroticus*, а также *An. gigas*, изменяют поведенческие характеристики, период их суточной активности смещается на более ранние часы и становится более продолжительным, что снижает эффективность мер по защите восприимчивого населения от их нападения.

Таким образом, возрастает значение эффективной оценки инфицированности кровососущих членистоногих малярийными плазмодиями. Это имеет значение как для определения риска заражения во времени и пространстве, так и для понимания экологии, географического распределения, численности и поведенческой активности векторных видов переносчиков.

Цель

Настоящее исследование преследовало цель с использованием морфологических и молекулярно-генетических методов оценить видовой состав переносчиков малярии в прибрежных районах Южного Вьетнама, а также определить инфицированность комаров малярийными плазмодиями.

МЕТОДЫ

Дизайн исследования

Дизайн исследования включал сбор и идентификацию переносчиков, а также исследование их инфицированности малярийными плазмодиями (рис. 1).

Место сбора переносчиков

Объектом исследования служили взрослые комары *Anopheles*, собранные в пунктах исследования. Сбор переносчиков проводился в биосферном заповеднике Кан Зью (Can Gio), провинция Хошимин (Ho Chi Minh) (10°27'17.588" с. ш. 106°53'30.669" в. д.), в октябре 2024 г. (начало сухого сезона), а также в мае 2025 г. (начало сезона дождей) (рис. 2).

Методы отлова

Переносчики отлавливались с помощью ловушек «Москито-MV-01» (SITITEK, аттрактант (приманка) — октенол), устанавливаемых в местах проживания людей и близ хозяйственных построек. С животных-прокормителей насекомые собирались энтомологическими сачками (диаметр обруча 30 см) и мануальными однокамерными эксгаустерами. Отлов членистоногих производился в сумерках, в период времени 18.00–20.00 и 5.00–7.00, а также в темное время суток — с 20.00 до 5.00. Насекомые замаривались парами этилацетата, фиксировались и сохранялись на ватных матрасиках.

Морфологическая идентификация

Морфологическая идентификация членистоногих выполнялась поэтапно. Сразу после сбора комаров в полевых условиях вследствие ограниченных технических возможностей проводилось их определение до рода, в стационарных условиях осуществлялась видовая идентификация с использованием стереомикроскопа (Leica MZ 6). В работе использовались стандартные дифференциальные признаки [1, 2].

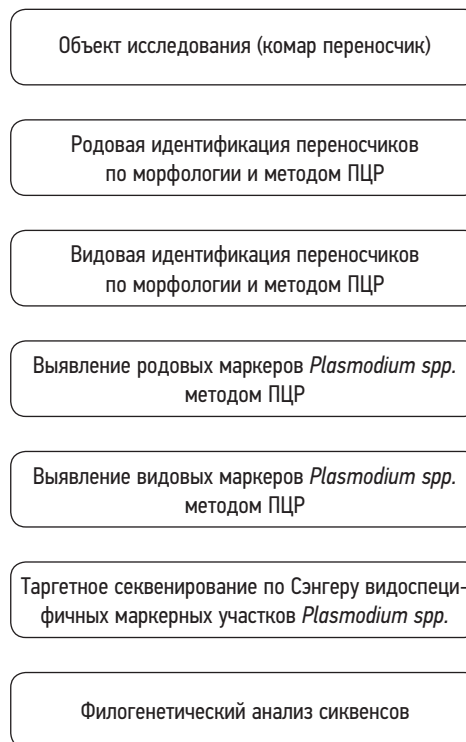


Рис. 1. Дизайн исследования.

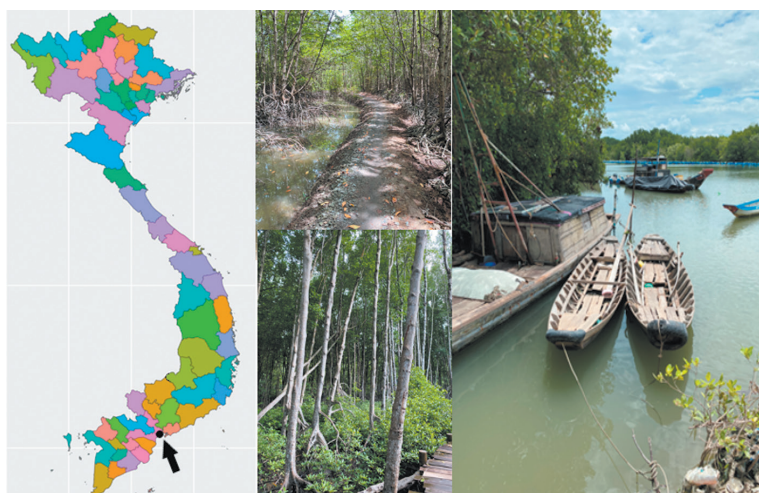


Рис. 2. Заповедник Кан Зьо (Can Gio), провинция Хошимин (Ho Chi Minh) — место сбора кровососущих переносчиков.

Молекулярная идентификация

При проведении молекулярно-генетических исследований выделение ДНК производилось фенол-хлороформным методом [3]. На этапе видовой идентификации переносчиков образцы генетического материала были получены путем обработки одной из конечностей членистоногого [4]. Для других исследований использовался биологический материал, полученный путем полной дезинтеграции насекомого. Для молекулярно-генетической идентификации переносчиков использовались специфичные праймеры, которые подбирались и выравнивались в программе MEGA 6.06 на основе известных последовательностей гена 18s rRNA *Anopheles*, полученных из базы данных NCBI (табл. 1).

Для идентификации простейших (*P. falciparum*, *P. vivax*, *P. ovale*, *P. malariae*, *P. knowlesi*) с помощью полимеразной цепной реакции в режиме реального времени

(ПЦР-РВ) использовались специфичные праймеры и зонды, подобранные в программе BLAST NCBI на основе известных последовательностей гена 18s rRNA *Plasmodium* (табл. 2).

Таргетное секвенирование по Сэнгеру ПЦР-фрагментов *P. ovale* выполнялось на генетическом анализаторе 3500×L Applied Biosystems специалистами НПО «Евроген». Филогенетические и молекулярные эволюционные анализы проводились с использованием программного обеспечения MEGA версии 6.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Анализ родового состава отловленных членистоногих показал, что в общей структуре сообщества кровососущих комаров прибрежной зоны Южного Вьетнама доля потенциальных переносчиков малярийных паразитов (комары

Таблица 1. Праймеры и зонды для идентификации членистоногих

Праймеры	Последовательность	Длина bp	Ампликон bp
<i>An. minimus</i>	F: TTATTGTACCTGTGTATCAG	14	51
	R: GCTCATCCCTAAAATATTAC	14	
<i>An. dirus</i>	F: AAAATTAAATTTATTGCTCCCTGG	18	55
	R: GCTCATCCCTAAAATATAATTTT	18	
<i>An. epiroticus</i>	F: GTTATTTATTTTATTAATTAATTGACC	25	61
	R: CTTCATTAACCTTTCAAATTAAC	20	
<i>An. gigas</i>	F: ATAGTAGAAAATGGAGCTGGG	21	55
	R: GTGTATCAACGTCTATCCCG	20	
<i>Anopheles spp.</i>	F: GAATGGTTGAATGAGATATATACT	24	57
	R: CTTTTTATCGATATGAACTCTCT	24	
<i>Culex spp.</i>	F: AATAAAAAATTTTATTGGGGTGA	23	51
	R: TTTTGTGCGATATGAACTCTAA	22	
<i>Aedes spp.</i>	F: TGGTTGAATGAGATATATACTGTC	24	59
	R: CAAATATTCATATTAATGTAATAAATAA	31	

Таблица 2. Праймеры и зонды для идентификации малярийных плазмодиев

Вид / род	Праймер/зонд	Последовательность
<i>Plasmodium spp.</i>	PlsmU	F: GTTAAGGGAGTGAAGACGATCAGATA
	PlsmU	R: AAAGACTTTGATTTCTCATAAGG
<i>P. falciparum</i>	Fal	F: CCGACTAGGTGTTGGATGAATATAAAAA
<i>P. knowlesi</i>	Kno	F: CCGACTAGGCTTTGGATGAAAGATTTTA
<i>P. vivax</i>	Viv	F: CCGACTAGGTTTTGGATGAAAGTTAAAC
<i>P. ovale</i>	Ova	F: CCAACTAGGTTTTGGATGAAAAGTTTTT
<i>P. malariae</i>	Mal	F: CCGACTAGGTGTTGGATGATAGAGTAAA
<i>P. spp.</i>	MP R	R: CAGAACCCAAAGACTTTGATTTCTC
<i>P. falciparum</i>	MP fal	ROX – GCATTTCTTAGGGAATGTTGA – BHQ2
<i>P. knowlesi</i>	MP kno	HEX – GAGTTTTCTTTCTCTCCGGAG – BHQ2
<i>P. vivax</i>	MP viv	Cy5 – GGATAGTCTCTCCGGGATAGTCC – BHQ2
<i>P. ovale</i>	MP ova	FAM – AGAAAATTCCTTTGGAAATT – BHQ1
<i>P. malariae</i>	MP mal	JOE – GAGACATTCATATATGAGTGTTC – BHQ1

Таблица 3. Результаты родовой идентификации переносчиков, имеющих медицинское значение

Сбор	Всего	<i>Anopheles</i>		<i>Culex</i>		<i>Aedes</i>		Другие	
		абс.	%	абс.	%	абс.	%	абс.	%
Ноябрь	355	257	39,2	365	55,7	3	0,5	30	4,6
Май	251	157	62,5	62	24,7	9	3,6	23	9,2
Итого	606	414	68,3	127	21,0	12	2,0	53	8,7

рода *Anopheles*) может составлять до 46%. На долю комаров рода *Culex* и *Aedes* приходится около 35,5 и 3,4% соответственно. Среди собранных экземпляров членистоногих 14,8% идентифицированы как не имеющие медицинского значения (не передающие возбудителей инфекционных заболеваний), среди них наиболее часто регистрировались комары рода *Armigeres* (табл. 3).

Полученные данные показали, что в общей структуре кровососущих комаров встречаемость переносчиков малярийных плазмодиев может иметь сезонные особенности. Так, при сборе в ноябре 2024 г. доля комаров рода *Anopheles* составила лишь 39%, при этом *Culex* и *Aedes* регистрировались в 55,7 и 0,5% случаях соответственно. В мае 2025 г. *Anopheles* доминировали (62,5%) по сравнению с другими группами переносчиков, *Culex* (24,7%) и *Aedes* (3,6%).

В ходе анализа видового состава переносчиков малярийных плазмодиев из 166 анализируемых образцов 20 (12,0%) сохранили специфические морфологические признаки и были идентифицированы как *An. epiroticus* (рис. 3).

В девяти образцах (5%) выявлены морфологические признаки *An. gigas*. Дифференциальными признаками служили жилкование крыльев, строение и форма максиллярных щупиков, тарсомеров, половых органов, проэпистернальных щетинок, а также характерные чешуйки на голени (рис. 4).

Комары, идентифицированные по морфологическим признакам как *An. epiroticus* и *An. gigas*, были дезинтегрированы и обследованы посредством ПЦР с использованием специально разработанных праймеров. Анализ полученных результатов показал полное совпадение данных морфологической и молекулярно-генетической идентификации членистоногих. Это послужило основанием для проведения молекулярно-генетической идентификации и других собранных образцов, утративших характерные специфические морфологические признаки вследствие повреждений, возникающих при отлове, транспортировке и хранении членистоногих. Сводные результаты видовой идентификации комаров представлены в табл. 4.

Таблица 4. Видовой состав *Anopheles*

Сбор	Всего	<i>An. epiroticus</i>		<i>An. gigas</i>		Не дифференцированы	
		абс.	%	абс.	%	абс.	%
Ноябрь	257	213	82,9	31	12,1	13	5,1
Май	157	143	91,1	10	6,4	4	2,5
Итого	414	356	86,0	21	5,1	17	4,1

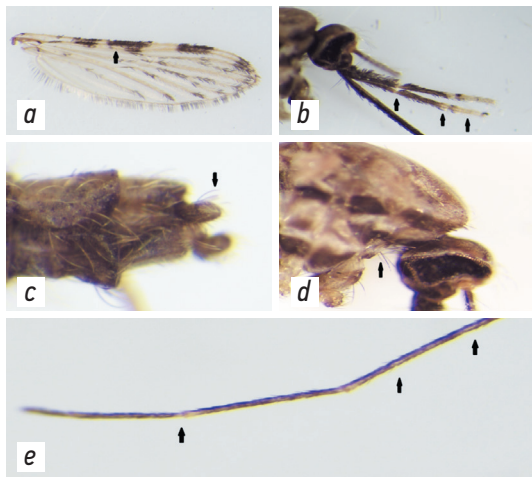


Рис. 3. Отличительные морфологические особенности *An. epiroticus* (группа *Pyretophorus*): *a* — крыло, ASP на жилке R1; *b* — максиллярный щупик; *c* — сегменты VI, VII и половые органы; *d* — проэпистернальные щетинки; *e* — тарсомеры и светлые чешуйки на голени.

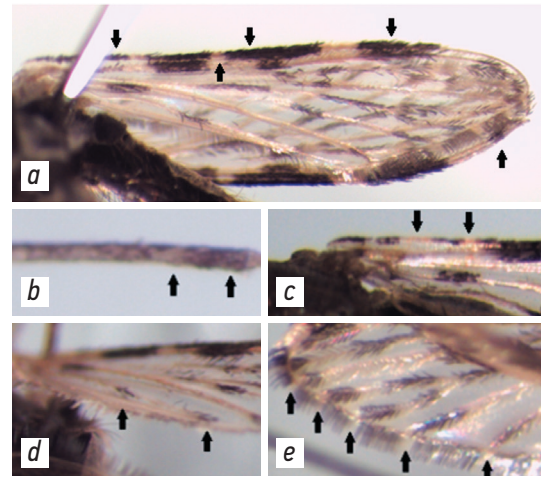


Рис. 4. Отличительные морфологические особенности комаров *An. gigas* (группа *Gigas*): *a* — крыло, жилки C и R-R1; *b* — заднее бедро; *c* — PSP и HP жилки C; *d* — край крыла; *e* — жилка A1.

Таблица 5. Результаты оценки инфицированности комаров *Anopheles epiroticus*

Сбор	Всего проб	<i>Plasmodium spp.</i>	
		абс.	%
Ноябрь	82	8	9,7
Май	143	24	34,7
Итого	151	32	21,2

Таблица 6. Видовой состав *Plasmodium spp*

Сбор	Всего проб	<i>Plasmodium spp.</i>		<i>P. falciparum</i>		<i>P. ovale</i>	
		абс.	%	абс.	%	абс.	%
Ноябрь	82	8	9,8	2	25,0	6	75,0
Май	143	24	34,7	15	62,5	9	37,5
Итого	151	32	21,2	17	53,1	15	46,9

В результате проведенных исследований идентифицирован 91,1% образцов, большинство из них относилось к *An. epiroticus* (86%) и *An. gigas* (5,1%). Не удалось установить видовую принадлежность 17 образцов (4,1%). Основной проблемой при этом могла служить низкая концентрация выделенной ДНК в пробах. В этой связи для дальнейшего обследования на маркеры малярийных паразитов отобраны пробы, в которых концентрация общей ДНК была 50 нг/мкл и выше.

На наличие генетических маркеров малярийных плазмодиев обследован биологический материал 151 насекомого, в том числе *An. epiroticus* — 142, *An. gigas* — 9 особей. Все пробы *An. gigas* оказались отрицательными, что указывало на отсутствие в организме переносчиков малярийных паразитов. Положительный результат на родовые маркеры *Plasmodium spp.* получен в 32 пробах (21,2%) от *An. epiroticus*. Среди комаров, отловленных в начале сухого сезона (ноябрь 2024 г.), инфицированными оказались

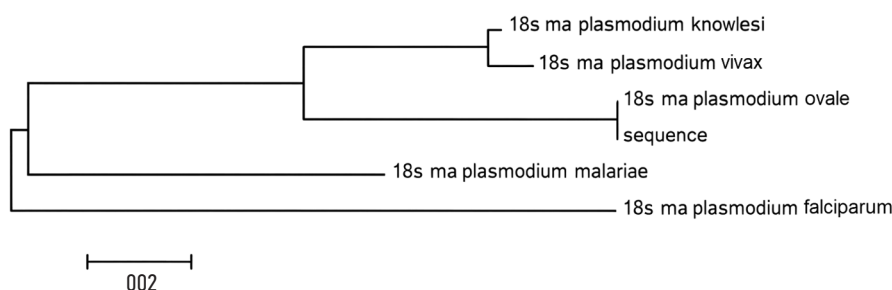
8 особей (9,7%). В сезон дождей (май 2025 г.) генетические маркеры плазмодиев выявлены в 24 образцах (34,7%) (табл. 5).

Результаты исследования видового состава малярийных плазмодиев показали, что генетические маркеры возбудителей тропической малярии выявлялись в 17 случаях (53,1%). В 15 образцах (36,9%) ПЦР дала положительные результаты с праймерами к маркерам генома *P. ovale* (табл. 6).

В литературе встречаются лишь единичные сообщения о выявлении на территории Вьетнама случаев *ovale*-малярии, поэтому для проверки полученных результатов были предприняты дополнительные исследования. Проведено таргетное секвенирование проб биологического материала от двух особей *An. epiroticus*. Для амплификации нуклеотидной последовательности, включающей маркеры видовой принадлежности к *P. ovale*, использовались родоспецифичные праймеры *Plasmodium spp.*

Таблица 7. Результаты сравнения полученного сиквенса с последовательностями, депонированными в GenBank (NCBI)

<i>Plasmodium</i>	Количество совпадений в NCBI	Средняя длина совпадающих фрагментов	Доля совпадений, %	Общий балл	Ожидаемое значение
<i>Falciparum</i>	76	50,33	83,82	50,24	0,013
<i>Vivax</i>	1	0	87,5	41,00	0,006
<i>Ovale</i>	713 (100)	59,52	84,3	72,38	0,002
<i>Malariae</i>	46	50,21	81,2	54,63	0,020
<i>Knowlesi</i>	100 (7699)	47	83,8	37,52	0,020

**Рис. 5.** Филогенетическое дерево, построенное на основе сравнения частичных последовательностей нуклеотидов гена 18s rRNA исследуемой последовательности, полученной из образца самки комара рода *Anopheles*, с частичными последовательностями 18s rRNA пяти видов плазмодиев — возбудителей малярии человека с помощью метода максимального правдоподобия.

Полученный сиквенс, длина которого составляла 313 bp, сравнивался с последовательностями геномов малярийных плазмодиев, депонированными в GenBank NCBI (табл. 7).

Наименьший показатель E-value (ожидаемое значение) указывает на то, что сходство между полученным сиквенсом и последовательностью *P. ovale* в базе данных скорее связано с реальными биологическими отношениями, а не со случайностью. С использованием программного обеспечения MEGA v. 6 проведен филогенетический и молекулярный эволюционный анализ нуклеотидной последовательности полученного сиквенса. Показаны значения бутстрепа более 50% для 1000 повторений. В анализ включены четыре последовательности типовых штаммов, депонированных в GenBank NCBI (рис. 5).

Таким образом, в результате проведенных исследований показано значение комаров *An. epiroticus* как переносчиков малярийных плазмодиев в прибрежных зонах Южного Вьетнама. Выявлены отличия уровня инфицированности кровососущих членистоногих в различные периоды малярийного сезона. Обнаружены генетические маркеры *P. ovale* в образцах общей ДНК, полученных от комаров *An. epiroticus*, обитающих в районе Кан Зью (провинция Хошимин) на территории биосферных мангровых лесов Южного Вьетнама.

ОБСУЖДЕНИЕ

В условиях Вьетнама основными переносчиками малярии считаются три вида комаров рода *Anopheles*, среди них *An. dirus* Peyton and Harrison, *An. minimus* Theobald и *An. epiroticus* Linton and Harbach (комплекс *Sundaicus*) [7, 8].

Эти кровососущие членистоногие обеспечивают поддержание очагов лесной малярии. В передаче инфекции также участвуют *An. aconitus* Dönitz, *An. campestris* Linnaeus, *An. culicifacies* Giles, *An. indefinitus* Ludlow, *An. interruptus* Puri, *An. jeyporiensis* James, *An. maculatus* Theobald, *An. lesteri* Baisas and Hu, *An. nimpe* Nguyen, Tran and Harbach, *An. sinensis* Wiedemann, *An. subpictus* Grassi и *An. vagus* Dönitz. Эти виды насекомых могут рассматриваться как способствующие передаче малярии за пределами лесных районов [9].

Установлено, что среди трех основных переносчиков малярии комплекс *An. minimus*, включающий три вида комаров *An. minimus* Theobald (ранее *An. minimus* A) и *An. harrisoni* Harbach and Manguin (ранее *An. minimus* C) [10], имеет повсеместное распространение в холмистых лесных районах. Комары *An. dirus* и *An. minimus* размножаются в небольших, медленно текущих ручьях с водной растительностью и чистой водой при полном солнечном свете [11]. *An. dirus* преимущественно распространен в лесистых районах Центрального и Южного Вьетнама и практически не встречается в северных областях страны. *An. epiroticus* (ранее *An. sundaicus* species A) — менее распространенный вид. Эти насекомые размножаются в хорошо прогреваемых водоемах со стоячей слегка солоноватой водой и встречаются только в прибрежных районах Южного Вьетнама [11].

Многочисленными исследованиями показана роль *An. dirus* и *An. minimus* — переносчиков в активном распространении *P. knowlesi*, *P. falciparum* и *P. vivax* [12]. При этом в литературе имеются лишь единичные сообщения, посвященные исследованию *An. epiroticus* с популяциями малярийных плазмодиев. При этом нам не удалось

найти в литературе сообщений, конкретизирующих вид комаров, осуществляющих трансмиссию *P. ovale*.

Из четырех видов *Plasmodium*, известных как истинные паразиты человека, во Вьетнаме доминируют *P. falciparum* (64%) и *P. vivax* (35%) [5]. При этом *P. ovale* и *P. malariae* выявляются значительно реже [5]. В 2009 г. был обнаружен пятый вид паразитов, *P. knowlesi*, паразит макака. Это возбудитель впервые стал причиной заболевания малярией у девятилетнего ребенка в Кханьфу (Khanh Phu) в провинции Кханьхоа (Khanh Hoa) во Вьетнаме [6].

В настоящее время устоялось мнение, что вид *P. ovale* в своем ареале ограничен Западной Африкой, Филиппинами, Восточной Индонезией и Папуа — Новой Гвинеей. Вместе с тем случаи заболевания *ovale*-малярией зарегистрированы в Бангладеш, Камбодже, Индии, Таиланде и Вьетнаме. Согласно сообщениям, распространенность *P. ovale* низкая (<5%), за исключением Западной Африки, где она превышает 10% от случаев малярийной инфекции. Эпидемиология этого паразита нуждается в дополнительном изучении, поскольку самая последняя глобальная карта его распространения была составлена в 1969 г. В период с января 1966 по март 1969 г. сообщалось о четырех случаях заболевания малярией, вызванной *P. ovale*, среди военнослужащих США, дислоцированных во Вьетнаме [13]. В сочетании с другими случаями, приведенными авторами, они представляют убедительные доказательства существования (иногда оспариваемого) этого плазмодия в континентальной части Юго-Восточной Азии.

Таким образом, результаты проведенных исследований согласуются с данными других исследователей, накопленными за последние десятилетия. Полученные материалы расширяют представление о структуре популяций кровососущих переносчиков, обеспечивающих функционирование паразитарных систем малярии в прибрежных районах Южного Вьетнама и Юго-Восточной Азии.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Несмотря на снижение уровня заболеваемости малярией, во Вьетнаме сохраняются отдельные очаги этой инфекции. В прибрежных районах Южного Вьетнама *An. epiroticus* играют значимую роль в сохранении активных очагов малярийной инфекции. Помимо распространения возбудителей тропической формы малярии (*P. falciparum*) эти переносчики могут обеспечивать передачу *P. ovale* и сохранение очагов трехдневной формы заболевания, а также возникновение случаев микст-инфекции. Полученные данные свидетельствуют

о необходимости проведения дальнейших исследований и целесообразности совершенствования системы противомаларийных мероприятий.

Полученные последовательности участка гена 18s rRNA выявленных штаммов *P. ovale* депонированы в GenBank (NCBI) под общим номером BioProject PRJNA1284194.

ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ИНФОРМАЦИЯ

Вклад авторов. Все авторы внесли существенный вклад в проведение исследования и подготовку статьи, прочли и одобрили финальную версию перед публикацией.

Финансирование. Поисково-аналитическая работа проведена с использованием материальных ресурсов, предоставленных в рамках научно-исследовательской работы «Изучение фазовых (сезонных) преобразований вирулентности и резистентности *Plasmodium falciparum* в организме переносчиков-комаров рода *Anopheles*», шифр «Эколан М-1.2».

Заявление об оригинальности. Оригинальная работа (использованы впервые собранные сведения).

Доступ к данным. Авторы предоставляют ограниченный доступ к данным (по запросу).

Генеративный искусственный интеллект. При создании настоящей статьи технологии генеративного искусственного интеллекта не использовались.

Конфликт интересов. Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

ADDITIONAL INFO

Author contributions: All authors made a substantial contribution to the conception of the study, acquisition, analysis, interpretation of data for the work, drafting and revising the article, final approval of the version to be published and agree to be accountable for all aspects of the study.

Funding sources: The research and analytical work was carried out using material resources provided within the framework of the scientific research project “Study of the Phase (Seasonal) Transformations of Virulence and Resistance of *Plasmodium falciparum* in the Organism of *Anopheles* Mosquito Vectors”, code — “Ekolan M-1.2”.

Statement of originality: This is an original work (based on newly collected data).

Data availability statement: The authors provide limited access to the data (upon request).

Generative AI: Generative AI technologies were not used for this article creation.

Consent for publication: Written consent was obtained from the patients for publication of relevant medical information within the manuscript.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ | REFERENCES

1. Stone A. *Preliminary keys to the mosquitoes of Vietnam*. South East Asia Mosquito Project, Department of Entomology, Smithsonian Institution, US National Museum, 1966. 92 p.
2. Panthusiri P, Harrison BA, Harbach RE, et al. Illustrated keys to the mosquitoes of Thailand IV. *Anopheles*. *Southeast Asian J Trop Med Public Health*. 2006;37 Suppl 2:1–128. PMID: 17262930

3. Guha P, Das A, Dutta S, Chaudhuri TK. Rapid and efficient protocol for DNA extraction from fresh and frozen human blood samples. *J Clin Lab Anal.* 2018;32(1):e22181. doi: 10.1002/jcla.22181
4. Gilbert MT, Moore W, Melchior L, Worobey M. DNA extraction from dry museum beetles without conferring external morphological damage. *PLoS One.* 2007;2(3):e272. doi: 10.1371/journal.pone.0000272
5. Van Long B, Allen G, Brauny M, et al. Molecular surveillance and temporal monitoring of malaria parasites in focal Vietnamese provinces. *Malar J.* 2020;19(1):458. doi: 10.1186/s12936-020-03561-6
6. Van den Eede P, Van HN, Van Overmeir C, et al. Human Plasmodium knowlesi infections in young children in central Vietnam. *Malar J.* 2009;8:249. doi: 10.1186/1475-2875-8-249
7. Obsomer V, Defourny P, Coosemans M. *Anopheles* species associations in Southeast Asia: indicator species and environmental influences. *Parasit Vectors.* 2013;6:136. doi: 10.1186/1756-3305-6-136
8. Huynh LN, Tran LB, Nguyen HS, et al. Mosquitoes and Mosquito-Borne Diseases in Vietnam. *Insects.* 2022;13(12):1076. doi: 10.3390/insects13121076
9. Ngo CT, Dubois G, Sinou V, et al. Diversity of *Anopheles* mosquitoes in Binh Phuoc and Dak Nong Provinces of Vietnam and their relation to disease. *Parasit Vectors.* 2014;7:316. doi: 10.1186/1756-3305-7-316
10. Garros C, Nguyen CV, Trung HD, et al. Distribution of *Anopheles* in Vietnam, with particular attention to malaria vectors of the *Anopheles minimus* complex. *Malar J.* 2008;7:11. doi: 10.1186/1475-2875-7-11
11. Huynh LN, Tran LB, Nguyen HS, et al. Mosquitoes and mosquito-borne diseases in Vietnam. *Insects.* 2022;13(12):1076. doi: 10.3390/insects13121076
12. Marchand RP, Culleton R, Maeno Y, et al. Co-infections of Plasmodium knowlesi, P. falciparum, and P. vivax among Humans and *Anopheles dirus* Mosquitoes, Southern Vietnam. *Emerg Infect Dis.* 2011;17(7):1232–1239. doi: 10.3201/eid1707.101551
13. Gleason NN, Fisher GU, Blumhardt R, et al. Plasmodium ovale malaria acquired in Viet-Nam. *Bull World Health Organ.* 1970;42(3):399–403. PMID: 4392940
14. Thanh PV, Van Hong N, Van Van N, et al. Epidemiology of forest malaria in Central Vietnam: the hidden parasite reservoir. *Malar J.* 2015;14:86. doi: 10.1186/s12936-015-0601-y
15. Maude RJ, Ngo TD, Tran DT, et al. Risk factors for malaria in high incidence areas of Viet Nam: a case-control study. *Malar J.* 2021;20(1):373. doi: 10.1186/s12936-021-03908-7
16. World Health Organization (WHO). *Guidelines for malaria.* Geneva: World Health Organization; 2022.
17. Sanh NH, Van Dung N, Thanh NX, et al. Forest malaria in central Vietnam. *Am J Trop Med Hyg.* 2008;79(5):652–654. PMID: 18981498
18. Hung le Q, Vries PJ, Giao PT, et al. Control of malaria: a successful experience from Viet Nam. *Bull World Health Organ.* 2002;80(8):660–666. PMID: 12219158
19. Maeno Y. Molecular epidemiology of mosquitoes for the transmission of forest malaria in south-central Vietnam. *Trop Med Health.* 2017;45:27. doi: 10.1186/s41182-017-0065-6
20. Gleason NN, Fisher GU, Blumhardt R, et al. Plasmodium ovale malaria acquired in Viet-Nam. *Bull World Health Organ.* 1970;42(3):399–403. PMID: 4392940
21. Tamura K, Stecher G, Peterson D, et al. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Mol Biol Evol.* 2013;30(12):2725–2729. doi: 10.1093/molbev/mst197

ОБ АВТОРАХ

Льонг Мо Тхи, канд. хим. наук; ORCID: 0000-0002-6035-5933; eLibrary SPIN: 3460-3083

***Романенко Владимир Александрович**, преподаватель; ORCID: 0000-0001-5900-9008; eLibrary SPIN: 9855-9483; e-mail: vmeda-nio@mil.ru

Соловьев Алексей Иванович, д-р мед. наук, доцент; ORCID: 0000-0002-3731-1756; eLibrary SPIN: 2502-8831

Гудков Роман Владимирович, канд. мед. наук, доцент; ORCID: 0000-0001-5498-0479; eLibrary SPIN: 8311-6296

Козлов Константин Вадимович, д-р мед. наук, профессор; ORCID: 0000-0002-4398-7525; eLibrary SPIN: 7927-9076

Овчинников Дмитрий Валерьевич, канд. мед. наук, доцент; ORCID: 0000-0001-8408-5301; eLibrary SPIN: 5437-3457

Ракин Александр Ильич, старший преподаватель; ORCID: 0000-0001-9085-1287; eLibrary SPIN: 2511-4127

Халин Алексей Владимирович, канд. биол. наук; ORCID: 0000-0002-0662-8857; eLibrary SPIN: 4751-1120; e-mail: hallisimo@yandex.ru

Айбулатов Сергей Вадимович, канд. биол. наук; ORCID: 0000-0002-0699-1701; eLibrary SPIN: 6765-3577; e-mail: Sergei.Aibulatov@zin.ru

* Автор, ответственный за переписку / Corresponding author

AUTHORS' INFO

Mo Thi Luong, Cand. Sci. (Chemistry); ORCID: 0000-0002-6035-5933; eLibrary SPIN: 3460-3083

***Vladimir A. Romanenko**, Lecturer; ORCID: 0000-0001-5900-9008; eLibrary SPIN: 9855-9483; e-mail: vmeda-nio@mil.ru

Aleksei I. Solovyev, MD, Dr. Sci. (Medicine), Associate Professor; ORCID: 0000-0002-3731-1756; eLibrary SPIN: 2502-8831

Roman V. Gudkov, MD, Cand. Sci. (Medicine), Associate Professor; ORCID: 0000-0001-5498-0479; eLibrary SPIN: 8311-6296

Konstantin V. Kozlov, MD, Dr. Sci. (Medicine), Professor; ORCID: 0000-0002-4398-7525; eLibrary SPIN: 7927-9076

Dmitry V. Ovchinnikov, MD, Cand. Sci. (Medicine), Associate Professor; ORCID: 0000-0001-8408-5301; eLibrary SPIN: 5437-3457

Aleksandr I. Rakin, Senior Lecturer; ORCID: 0000-0001-9085-1287; eLibrary SPIN: 2511-4127

Aleksei V. Khalin, Cand. Sci. (Biology); ORCID: 0000-0002-0662-8857; eLibrary SPIN: 4751-1120; e-mail: hallisimo@yandex.ru

Sergey V. Aybulatov, Cand. Sci. (Biology); ORCID: 0000-0002-0699-1701; eLibrary SPIN: 6765-3577; e-mail: Sergei.Aibulatov@zin.ru