

УДК 591.2.599.742.2

## ВСТРЕЧАЕМОСТЬ ПАТОГЕНОВ В БАРЕНЦЕВОМОРСКОЙ СУБПОПУЛЯЦИИ БЕЛЫХ МЕДВЕДЕЙ (*URSUS MARITIMUS*)

© 2023 г. С. В. Найденко<sup>a</sup>, \*, П. С. Ключникова<sup>a</sup>, Е. А. Иванов<sup>a</sup>, И. Н. Мордвинцев<sup>a</sup>, \*\*,  
Н. Г. Платонов<sup>a</sup>, А. И. Исаченко<sup>b</sup>, Р. Е. Лазарева<sup>b</sup>, В. В. Рожнов<sup>a</sup>

<sup>a</sup>Институт проблем экологии и эволюции имени А.Н. Северцова РАН,  
Москва, 119071 Россия

<sup>b</sup>ООО “Арктический Научный Центр”, Москва, 119333 Россия

\*e-mail: snaidenko@mail.ru

\*\*e-mail: ilia.mordvintsev@gmail.com

Поступила в редакцию 05.03.2023 г.

После доработки 17.04.2023 г.

Принята к публикации 29.04.2023 г.

Проанализирована серопозитивность белых медведей баренцевоморской субпопуляции к восьми патогенам: вирусу чумы плотоядных, вирусу простого герпеса, парвовирусу, токсоплазме, трихинелле (*Trichinella* sp.), микоплазме (*Mycoplasma* sp.), кандиде (*Candida* sp.) и хламидии (*Chlamydia* sp.). Серопозитивные животные выявлены к вирусу чумы плотоядных и трихинелле. Максимальной была доля серопозитивных животных к трихинелле. В последние 10 лет в исследуемом районе отмечено увеличение доли серопозитивных животных к трихинелле и вирусу чумы плотоядных.

**Ключевые слова:** серопозитивность, Земля Франца-Иосифа, Новая Земля, белый медведь, вирус чумы плотоядных, трихинелла

**DOI:** 10.31857/S0044513423070097, **EDN:** PDJPJ1

Быстрые изменения современного мира связаны в первую очередь с антропогенным воздействием на естественные экосистемы. Взаимодействие человека с другими видами организмов и их влияние на экосистемы в целом носят самый разнообразный характер и далеко не всегда напрямую связаны с прямым истреблением видов, как в рамках законного промысла, так и при нелегальной добыче. Развитие территорий, уничтожение естественных местообитаний или их фрагментация, связанная, например, с уничтожением лесных массивов или постройкой автомагистралей, препятствуют свободному перемещению животных (Gooseem, 2007; Naidenko et al., 2021) и, следовательно, потоку генов (McManus et al., 2014; Schlaepfer et al., 2018). Изолированные группировки животных, как правило, обладают сниженным генетическим разнообразием (Henry et al., 2009; Sorokin et al., 2016), что может вести к снижению иммунной устойчивости (Reid et al., 2007; Cartwright et al., 2011), снижению успешности размножения (Hedrick, Fredrickson, 2010; Erofeeva et al., 2022), замедлению развития детенышей (Ralls et al., 1988; Erofeeva et al., 2020) и повышенному риску заболеваний (Coltman et al., 1999; Spielman et al., 2004). Эти изменения наиболее значительны в регионах, где антропогенное воздействие

на природу наиболее сильно выражено в связи с высокой плотностью присутствия человека (Gooseem, 2007).

Иная ситуация складывается в арктическом регионе. Численность людей здесь невысока, развитие инфраструктуры несравнимо с таковым в большинстве других регионов. Прямое воздействие человека на млекопитающих в этих регионах невелико, и на первый план выдвигается опосредованное влияние человека на экосистемы. Одним из таких воздействий на арктические экосистемы могут быть изменения климата в последние годы и, как следствие, изменение среды обитания арктических видов: более раннее таяние льдов у материка, более позднее их образование, повышение среднегодовой температуры (Corell et al., 2006; Barber et al., 2008). Это существенно меняет жизненный цикл целого ряда арктических видов: например, белые медведи все чаще остаются на островах на все лето, вынуждены жить впроголодь в этот период, у них регулярно отмечаются случаи каннибализма (Stirling, Ross, 2011; Ivanov et al., 2020) и выявлена встреча нетипичных патогенов (Naidenko et al., 2013). Более интенсивное проникновение человека в арктический регион приводит к потенциальной возможности заноса новых патогенов, опасных для

нативной фауны, в первую очередь с домашними животными. Похожие ситуации неоднократно отмечались в различных экосистемах (Roelke-Parker et al., 1996; Naidenko et al., 2014).

Именно поэтому принципиально важно осуществление мониторинга и изучение закономерностей распространения патогенов среди диких млекопитающих Арктики. Наиболее интересным объектом в этом плане является белый медведь (*Ursus maritimus* Phipps 1774) – крупнейший наземный хищник нашей планеты. Он обитает в двух средах: на морском льду и на суше, перемещается очень широко, контактируя с другими животными (сородичами, жертвами, домашними собаками), следовательно, может соприкасаться с самыми разными патогенами (Auger-Méthé et al., 2016). Все это делает его важным объектом исследований, направленных на выявление распространения патогенов в Арктике.

Анализ различных патогенов белых медведей проводился неоднократно (Follmann et al., 1996; Oksannen et al., 2009; Alekseev et al., 2022) на территории Канады, США, Норвегии, Гренландии и России, т.е. практически всех стран, где обитает белый медведь. В России основные серологические исследования проведены на белых медведях чукотско-аляскинской субпопуляции (Follmann et al., 1996) и медведях Карского моря (Rah et al., 2005). В Баренцевом море исследования серопозитивности белых медведей проводили в основном на архипелагах Шпицберген и Земля Франца-Иосифа (Tryland et al., 2005; Naidenko et al., 2013). Проведенный ранее анализ выявил существенные географические различия в распространении патогенов белого медведя, в связи с чем целью настоящей работы было сравнить серопозитивность к различным патогенам белых медведей баренцевоморской субпопуляции на архипелагах Земля Франца-Иосифа и Новая Земля, а также оценить изменения в этих показателях за последнее десятилетие.

## МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Отлов животных проводили в рамках экспедиционных работ по проекту “Изучение и мониторинг ключевых видов, как индикаторов устойчивого состояния морских арктических экосистем (белый медведь, морж)”. Работы выполнены на архипелаге Земля Франца-Иосифа в марте–апреле 2021 г. (о-в Земля Александры) и на Новой Земле (о-в Северный, мыс Желания) в августе–сентябре 2020 и 2021 гг.

Зверей отлавливали с использованием двух методик: на о-ве Земля Александры – на припайном льду со снегоходов; на Новой Земле – на специально подготовленной приваде. Для обездвиживания белых медведей при отлове применялось

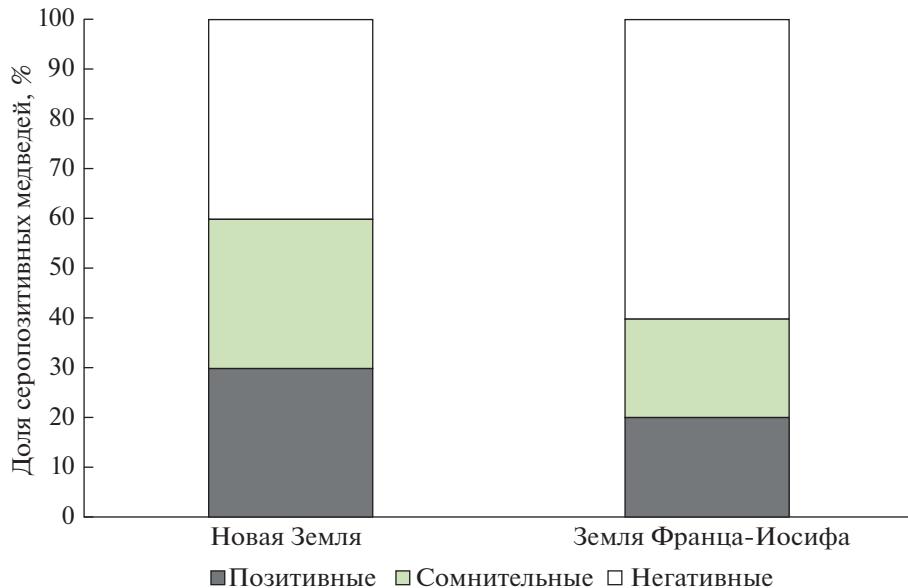
пневматическое устройство DAN-Inject JM-25. В качестве иммобилизирующего препарата использовалась комбинация медетомидина (Медитин, Aricenna, Россия доза 0.06 мг на 1 кг массы тела животного) со смесью тильтетамин/золазепам (Телазол, Zoetis, США, 2 мг на 1 кг массы тела животного). Отбор проб крови для дальнейших исследований производился у белых медведей после их иммобилизации. По окончании процедур животному вводили антидот против медетомидина (Атипамезол, “Антиседан” в количестве 10–20 мг на зверя).

Кровь у животного (до 10 мл) отбирали шприцем из бедренной вены, затем охлаждали ее в течение 1–1.5 ч, центрифугировали при скорости 6000 оборотов в минуту в течение 20 мин, после чего в чистые пробирки Эппendorфа отбирали аликвоты сыворотки крови. Пробирки этикетировали, замораживали при  $T = -20^{\circ}\text{C}$  и хранили до проведения анализа. Серологический анализ проводили в лаборатории ИПЭЭ РАН. Все пробы протестированы на наличие антител к следующим восьми патогенам: вирусу чумы плотоядных, вирусу простого герпеса, парвовирусу, токсоплазме, трихинелле (*Trichinella* sp.), микоплазме (*Mycoplasma* sp.), кандиде (*Candida* sp.) и хламидии (*Chlamydia* sp.). Анализы на антитела к вирусу чумы плотоядных и парвовируса проводили методом иммуноферментного анализа (ИФА), используя коммерческие наборы компании Хема (Москва, Россия) и проводя количественную оценку концентрации антител, согласно рекомендаемым производителем протоколам. Серопозитивность к токсоплазме, микоплазме, хламидии, кандиде и вирусу простого герпеса определяли также методом ИФА с использованием коммерческих наборов той же компании, однако без количественной оценки (методом “cut off”). Присутствие антител к *Trichinella* sp. определяли при помощи ИФА с помощью наборов IVT (Франция). Необходимо отметить, что определение присутствия антител проводили наборами тех же компаний, что и в исследовании, выполненным 10 лет назад (Naidenko et al., 2013).

Для статистического анализа использовали тест Фишера как для сравнения двух группировок между собой, так и для сравнения с данными, опубликованными ранее.

## РЕЗУЛЬТАТЫ

Всего отловлено 20 белых медведей (10 на Новой Земле и 10 на о-ве Земля Александры). Большинство животных (16) было взрослыми, один – медвежонок-сеголеток (в возрасте полугода) и три медвежонка в возрасте 1.5 лет. Все молодые животные были отловлены на Новой Земле. Нами не было выявлено серопозитивных животных к следующим патогенам: токсоплазме, хламидии,



**Рис. 1.** Доля серопозитивных животных к вирусу чумы плотоядных.

микоплазме, кандиде, вирусу простого герпеса и парвовирусу. К вирусу чумы плотоядных выявлено 5 серопозитивных животных (общая серопозитивность составила 25%), из них 2 на Земле Франца-Иосифа (20%) и 3 на архипелаге Новая Земля (30%) (рис. 1). Кроме того, было выявлено много животных с сомнительными реакциями сыворотки (когда концентрация антител была на промежуточном уровне между серопозитивными и серонегативными животными), даже при повторных измерениях. Таких на Земле Франца-Иосифа было 2 (20%), на архипелаге Новая Земля – 3 (30%). Таким образом, общая доля животных с серопозитивными и сомнительными реакциями составила 40% для медведей Земли Франца-Иосифа и 60% для медведей Новой Земли (в целом доля таких животных составила 50%). Между двумя локациями доли таких животных достоверно не различались (Fisher test:  $p = 0.328$ ).

К трихинелле серопозитивными были 18 особей (более 90%) (рис. 2), причем оба серонегативных животных были отловлены на Новой Земле и были неполовозрелыми (в возрасте 0.5 и 1.5 лет). Таким образом, на Земле Франца-Иосифа доля серопозитивных животных к трихинелле составила 100%. Между двумя локациями доли таких животных достоверно не различались (Fisher test:  $p = 0.237$ ).

## ОБСУЖДЕНИЕ

В 2020–2021 гг. исследования серопозитивности белого медведя были проведены практически на той же территории, что и десятью годами ранее (Naidenko et al., 2013). Спектр тестируемых пато-

генов был несколько шире и несколько иным, чем в предыдущих исследованиях, тем не менее две выборки было возможно сравнить по ряду параметров.

Вирус чумы плотоядных поражает представителей всех семейств отряда хищных, в т.ч. медведей, и может быть причиной высокой смертности животных в природных популяциях (Roelke-Parker et al., 1996; Gilbert et al., 2020). Доля серопозитивных белых медведей к вирусу чумы плотоядных не отличалась достоверно от описанной ранее в этом регионе (Naidenko et al., 2013; Fisher test:  $p = 0.229$ ), хотя и была вдвое выше (25 против 12%). Вместе с тем, с учетом животных, показавших сомнительные реакции, доля серопозитивных медведей была существенно выше в 2020–2021 гг., чем в исследованиях десятилетней давности (Fisher test:  $p = 0.0066$ ). Доля животных, серопозитивных к вирусу чумы плотоядных, была сходной с таковой в других частях ареала, где она варьировала от 8.3 (Шпицберген) до 36% в чукотско-алексинской субпопуляции (Follmann et al., 1996; Cattet et al., 2004; Tryland et al., 2005). Однако в настоящий момент уже нельзя утверждать, что животные из баренцевоморской субпопуляции наименее часто контактируют с носителями этого патогена (Naidenko et al., 2013). Более того, с учетом животных, показавших сомнительную реакцию, доля таких белых медведей была очень высока. Сомнительный результат часто могут показывать животные, которые контактировали с вирусом или переболели достаточно давно и уровень антител у которых существенно снизился со временем. При распространении вируса чумы плотоядных (и мобилливирусов в целом) характерны рез-

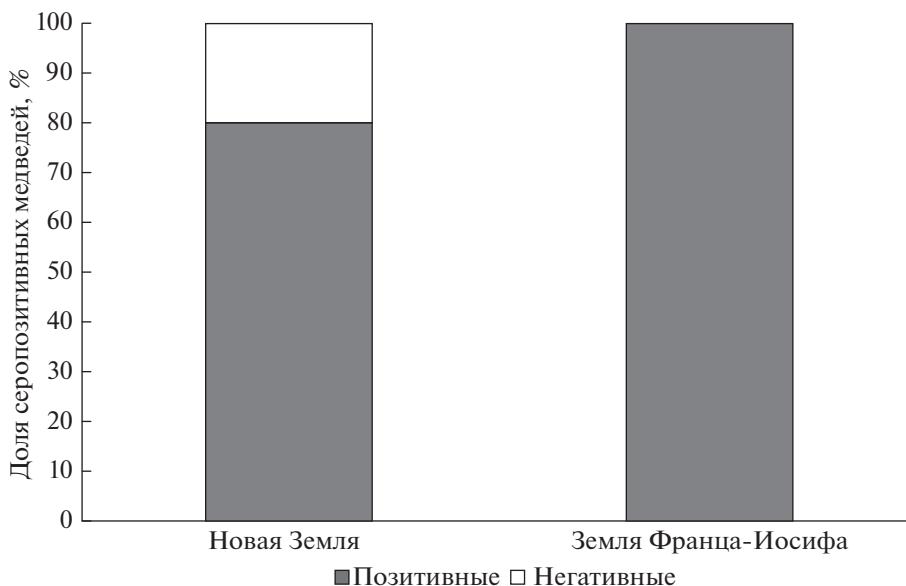


Рис. 2. Доля серопозитивных животных к трихинелле.

кие подъемы числа заболевших животных (и даже эпизоотии) (Gilbert et al., 2020), а затем их снижение, поэтому можно предположить, что высокая доля белых медведей с антителами к вирусу чумы плотоядных (и сомнительных животных) может быть связана с такой вспышкой в баренцевоморском регионе, например, в 2019–2020 гг.

*Trichinella* sp. – нематода, возбудитель трихиеллеза. Отдельные очаги заболевания распространены на всех материках (кроме Австралии), преимущественно среди плотоядных и всеядных видов млекопитающих (Bourque, 1985), широко представлены и в арктическом регионе (Oksanen et al., 2022). Доля серопозитивных белых медведей к трихиелле в нашем исследовании была существенно выше ранее описанной в этом регионе (Fisher test:  $p = 0.0124$ ). При этом разница была достоверной даже при анализе только медведей, отловленных на Земле Франца-Иосифа в разные годы (Fisher test:  $p = 0.010$ ) (Naidenko et al., 2013). Отчасти это может быть связано с тем, что в выборке 2020–2021 г. присутствовали в основном взрослые животные. Действительно, два серонегативных зверя в этой выборке были молодыми в возрасте 0.5 и 1.5 лет. В выборке, собранной ранее, доля молодых животных была существенно выше, и отмечалось, что практически все молодые животные были серонегативными к трихиелле (Naidenko et al., 2013). Отсутствие антител к трихиелле у медвежат в возрасте до 1 года было показано и для медведей архипелага Шпицберген (Asbakk et al., 2010). Вместе с тем, практически все взрослые животные (в т.ч. все медведицы с медвежатами) были серопозитивны и, вероятно, заражены трихиеллой, поэтому можно предпола-

гать, что вероятность вертикального переноса паразита (от самок к детенышам) у белого медведя минимальна. Результаты наших исследований показали также, что к возрасту полугода титр материнских антител, получаемый медвежатами при рождении, резко снижался и практически не определялся.

Нами не выявлено белых медведей, серопозитивных к *Toxoplasma gondii*. Токсоплазмоз, вызываемый простейшим *Toxoplasma gondii*, является одной из причин рождения нежизнеспособного молодняка, поражения центральной нервной, лимфатической и эндокринной систем взрослых хищных млекопитающих (Meli et al., 2009). Ранее частота встречаемости животных, серопозитивных к *Toxoplasma gondii*, на территории архипелага Земля Франца-Иосифа (Naidenko et al., 2013) и в более западной части Баренцева моря (до 11.4%) (Oksanen et al., 2009) была чуть ниже, чем на архипелаге Шпицберген (25.4 и 28.6% на Восточном и Западном Шпицбергене). Вместе с тем полученные в ходе настоящего исследования значения по серопозитивности к токсоплазме не отличались достоверно от таковой для проб, собранных десятью годами ранее. Таким образом, существенной динамики в серопозитивности к токсоплазме выявлено не было. При этом проведенный на маленькой выборке (Alekseev et al., 2022) анализ (4 медведя, отловленных в 2016 г. на Новой Земле) показал высокую долю животных с антителами к токсоплазме (3 зверя).

Для остальных патогенов (вирус простого герпеса, парвовирус, микоплазма, хламидия, каннида) оценка белых медведей баренцевоморской субпопуляции проводилась впервые. Нами не вы-

явлено ни одного серопозитивного животного ни к одному из патогенов. На территории Российской Федерации подобные исследования белого медведя не проводились. Вместе с тем, эти патогены выявлены у других видов медведей. У бурого и гималайского медведей на Дальнем Востоке России выявлено присутствие антител к вирусу простого герпеса (серопозитивность 20 и 30% соответственно), хламидии (10 и 30%) и микоплазме (по 30%), не выявлено серопозитивных животных к парвовирусу (Naidenko et al., 2019). По-видимому, суровые арктические погодные условия могут оказывать существенное влияние на распространение/жизнеспособность ряда патогенов, что может обуславливать их более низкую встречаемость у белого медведя по сравнению с двумя другими видами. Вместе с тем, у медведей Дальнего Востока России, обитающих в одинаковых климатических условиях, были выявлены значительные межвидовые различия во встречаемости патогенов (в частности токсоплазмы и трихинеллы), что, вероятно, было связано с особенностями питания животных (Naidenko et al., 2019).

Таким образом, белые медведи баренцевоморской субпопуляции в последние годы показали некоторое увеличение серопозитивности к вирусу чумы плотоядных и трихинелле. Отчасти это может быть связано с изменением присутствия патогенов в природных экосистемах: трихинелла часто регистрируется у морских млекопитающих и изменения ее встречаемости у них может накладывать отпечаток и на серопозитивность к этому патогену у хищника. “Всплеск” уровня серопозитивности к вирусу чумы плотоядных может быть обусловлен также эпизоотией среди потенциальных жертв, тем более что наборы для определения присутствия антител дают значительную перекрестную реакцию с мобилизованными (“вирусами чумы”) ластоногих и китообразных. Однако более правдоподобным объяснением может оказаться увеличение числа контактов медведей друг с другом, особенно, в безледный период. Агрегации медведей у крупной добычи (например, туши кита, лежбища моржей или мусорных свалок) могут стимулировать передачу патогенов между животными, а в немалой степени этому может способствовать и каннибализм (Ivanov et al., 2020). Вместе с тем, пока до конца не ясно, какой урон состоянию животных наносит наличие этих патогенов и тем более неочевидна степень их влияния на популяцию в целом, поэтому для разработки эффективных стратегий сохранения вида необходимо получение дополнительной информации.

#### СОБЛЮДЕНИЕ ЭТИЧЕСКИХ СТАНДАРТОВ

Данные исследования одобрены Комиссией по биоэтике ИПЭЭ РАН (протокол № 37 от 25 мая 2020 г.).

#### ФИНАНСИРОВАНИЕ РАБОТЫ

Материалы публикации подготовлены в рамках работ по изучению и мониторингу белого медведя и моржа как индикаторов устойчивого состояния морских арктических экосистем по заказу Публичного акционерного общества “НК “Роснефть”, а также в рамках грантового проекта Русского географического общества “Изучение редких видов животных (белый медведь)”.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Alekseev A.Y., Boltunov A.N., Derko A.A., Sharshov K.A., Adamenko L.S., Shestopalov A.M., 2022. Serosurvey of selected zoonotic pathogens in polar bears (*Ursus maritimus* Phipps, 1774) in the Russian Arctic // Diversity. V. 14. № 365.  
<https://doi.org/10.3390/d14050365>
- Asbakk K., Aars J., Derocher A.E., Wiig O., Oksanen A., Born E.W., Dietz R., Sonne C., Godfroid J., Kapel C.M.O., 2010. Serosurvey for *Trichinella* in polar bears (*Ursus maritimus*) from Svalbard and the Barents Sea // Vet. Parasitol. V. 172. № 3–4. P. 256–263.
- Auger-Méthé M., Lewis M.A., Derocher A.E., 2016. Home ranges in moving habitats: polar bears and sea ice // Ecography. V. 39. P. 26–35.  
<https://doi.org/10.1111/ecog.01260>
- Barber D.G., Lukovich J.V., Keogak J., Baryluk S., Fortier L., Henry G.H.R., 2008. The changing climate of the Arctic // Arctic. V. 61. № S. 1. P. 7–26.
- Bourque M., 1985. A Survey of *Trichinella spiralis* in wild carnivores in Southwestern Quebec // Can. Vet. J. V. 26. № 7. P. 203–204.
- Cartwright S.L., Begley N., Schaeffer L.R., Burnside E.B., Mallard B.A., 2011. Antibody and cell-mediated immune responses and survival between Holstein and Norwegian Red × Holstein Canadian calves // J. Dairy Sci. V. 94. P. 1576–1585.  
<https://doi.org/10.3168/jds.2010-3502>
- Cattet M.R.C., Duignan P.J., House C.A., Aubin D.J.St., 2004. Antibodies to canine distemper and phocine distemper viruses in polar bears from the Canadian Arctic // J. Wildl. Dis. V. 40. № 2. P. 338–342.
- Coltman D.W., Pilkington J.G., Smith J.A., Pemberton J.M., 1999. Parasite-mediated selection against inbred soay sheep in a freeliving island population // Evolution. V. 53. P. 1259–1267.
- Corell R.W., 2006. Challenges of climate change: an Arctic perspective // Ambio. V. 35. № 4. P. 148–152.
- Erofeeva M.N., Vasilieva N.A., Naidenko S.V., 2020. Effect of inbreeding on kittens' body mass in Eurasian lynx (*Lynx lynx*) // Mamm. Res. V. 65. P. 545–554.
- Erofeeva M.N., Alekseeva G.S., Kim M.D., Sorokin P.A., Naidenko S.V., 2022. Inbreeding coefficient and distance in MHC genes of parents as predictors of reproductive success in domestic cat // Animals. V. 12. № 165.  
<https://doi.org/10.3390/ani12020165>

- Follmann E.H., Garner G.W., Evermann J.F., McKeirnan A.J., 1996. Serological evidence of morbillivirus infection in polar bears (*Ursus maritimus*) from Alaska and Russia // Vet. Rec. V. 138. № 25. P. 615–618.
- Gilbert M., Sulikhan N., Uphyrkina O., Goncharuk M., Kerley L., Castro E.H., Reeve R., Seimon T., McAloose D., Seryodkin I., Naidenko S.V., Davis C.A., Wilkie G., Vatnipay S.B., Adamson W.E., Hinds C., Thomson E.C., Willett B.J., Hosie M.J., Logan N., McDonald M., Ossiboff R.J., Shevtsova E.I., Belyakin S., Yurlova A.A., Osofsky S.A., Miquelle D.G., Matthews L., Cleaveland S., 2020. Distemper, extinction, and vaccination of the Amur tiger // Proceedings of the national academy of sciences of the United States of America. V. 117. № 50. P. 31954–31962.
- Gooseem M., 2007. Fragmentation impacts caused by roads through rainforests // Current Science. V. 93. № 11. P. 1587–1595.
- Hedrick P.W., Fredrickson R., 2010. Genetic rescue guidelines with examples from Mexican wolves and Florida panthers // Conserv. Genet. V. 11. P. 615–626.
- Henry P., Miquelle D., Sugimoto T., McCullough D.R., Caccione A., Russello M.A., 2009. In situ population structure and ex situ representation of the endangered Amur tiger // Molecular Ecology. V. 18. P. 3173–3184.
- Ivanov E.A., Mizin I.A., Kirillov A.G., Platonov N.G., Mordvintsev I.N., Naidenko S.V., Rozhnov V.V., 2020. Observations of intraspecific killing, cannibalism, and aggressive behavior among polar bears (*Ursus maritimus*) in the eastern Barents Sea and the Kara Sea // Polar biology. V. 43. № 12. P. 2121–2127.
- McManus J.S., Dalton D.L., Kotze A., Smuts B., Dickman A., Marshal J.P., Keith M., 2014. Gene flow and population structure of a solitary top carnivore in a human-dominated landscape // Ecology and Evolution. V. 5. № 2. P. 335–344.  
<https://doi.org/10.1002/ece3.1322>
- Meli M.L., Cattori V., Martinez F., Lypez G., Vargas A., Simón M.A., Zorrill I., Muñoz A., Palomares F., López-Bao J.V., Pastor J., Tandon R., Willi B., Hofmann-Lehmann R., Lutz H., 2009. Threats to the Iberian lynx (*Lynx pardinus*) by feline pathogens, in Iberian Lynx Ex\_situ Conservation: An Interdisciplinary Approach. Madrid, Spain: Fundacion Biodiversidad. P. 220–233.
- Naidenko S.V., Ivanov E.A., Mordvintsev I.N., Platonov N.G., Ershov R.V., Rozhnov V.V., 2013. Seropositivity for different pathogens in polar bears (*Ursus maritimus*) from Barents Sea islands // Biology Bulletin. V. 40. № 9. P. 779–782.
- Naidenko S.V., Pavlova E.V., Kirilyuk V.E., 2014. Detection of seasonal weight loss and a serologic survey of potential pathogens in wild Pallas' (*Felis [Otocolobus] manul*) of the Daurian steppe, Russia // Journal of Wildlife Diseases. V. 50. № 2. P. 188–194.
- Naidenko S.V., Hernandez-Blanco J.A., Seryodkin I.V., Miquelle D.G., Blidchenko E.Yu., Litvinov M.N., Kotlyar A.K., Rozhnov V.V., 2019. Serum prevalence of bears in the Russian Far East to different pathogens // Biology Bulletin. V. 46. № 8. P. 960–965.
- Naidenko S., Chistopolova M., Hernandez-Blanco J.-A., Erfeeva M., Rozhnov V., 2021. The effect of highway on spatial distribution and daily activity of mammals // Transportation research part D-Transport and environment. V. 94. 102808.
- Oksanen A., Asbakk K., Prestrud K.W., Aars J., Derocher A.E., Tryland M., Wiig O., Dubey J.P., Sonne C., Dietz R., Andersen M., Born E.W., 2009. Prevalence of antibodies against Toxoplasma gondii in polar bears (*Ursus maritimus*) from Svalbard and east Greenland // J. Parasitol. V. 95. № 1. P. 89–94.
- Oksanen A., Karssen A., Berg R.P.K.D., Koch A., Jokelainen P., Sharma R., Jenkins E., Loginova O., 2022. Epidemiology of *Trichinella* in the Arctic and subarctic: A review // Food and Waterborne Parasitology. V. 28. e00167.
- Rah H., Chomel B.B., Follmann E.H., Kasten R.W., Hew C.H., Farver T.B., Garner G.W., Amstrup S.C., 2005. Serosurvey of selected zoonotic agents in polar bears (*Ursus maritimus*) // Vet. Rec. V. 156. № 1. P. 7–13.
- Ralls K., Ballou J.D., Templeton A., 1988. Estimates of lethal equivalents and the cost of inbreeding in mammals // Conserv. Biol. V. 2. P. 185–193.
- Reid J.M., Arcese P., Keller L.F., Elliott K.H., Sampson L., Hasselquist D., 2007. Inbreeding effects on immune response in free-living song sparrows (*Melospiza melodia*) // Proc. Biol. Sci. V. 274. № 1610. P. 697–706.
- Roelke-Parker M.E., Munson L., Packer C., Kock R., Cleaveland, S., Carpenter M., O'Brien S.J., Pospischil A., Hofmann-Lehmann R., Lutz H., Mwamengele G.L., Mgasa M.N., Machange G.A., Summers B.A., Appel M.J., 1996. A canine distemper virus epidemic in Serengeti lions // Nature. V. 379. P. 441–445.
- Schlaepfer D.R., Braschler B., Rusterholz H.-P., Baur B., 2018. Genetic effects of anthropogenic habitat fragmentation on remnant animal and plant populations: a meta-analysis // Ecosphere. V. 9. № 10. e02488.  
<https://doi.org/10.1002/ecs2.2488>
- Sorokin P.A., Rozhnov V.V., Krasnenko A.U., Lukarevskiy V.S., Naidenko S.V., Hernandez-Blanco J.A., 2016. Genetic structure of the Amur tiger (*Panthera tigris altaica*) population: Are tigers in Sikhote-Alin and southwest Primorye truly isolated? // Integrative Zoology. V. 11. P. 25–32.
- Spielman D., Brook B.W., Briscoe D.A., Frankham R., 2004. Does inbreeding and loss of genetic diversity decrease disease resistance? // Conservation Genetics. V. 5. P. 439–448.
- Stirling I., Ross J.E., 2011. Observations of Cannibalism by Polar Bears (*Ursus maritimus*) on Summer and Autumn Sea Ice at Svalbard, Norway // Arctic. V. 64. № 4. P. 478–482.
- Tryland M., Neuvonen E., Huovilainen A., Tapiovaara H., Osterhaus A., Wiig O., Derocher A.E., 2005. Serological survey for selected virus infections in polar bears at Svalbard // J. Wildl. Dis. V. 41. № 2. P. 310–316.

## OCCURRENCE OF PATHOGENS IN THE BARENTS SEA POLAR BEAR (*URSUS MARITIMUS*) SUBPOPULATION

S. V. Naidenko<sup>1</sup>, \*, P. S. Klyuchnikova<sup>1</sup>, E. A. Ivanov<sup>1</sup>, I. N. Mordvintsev<sup>1</sup>, \*\*, N. G. Platonov<sup>1</sup>,  
A. I. Isachenko<sup>2</sup>, R. E. Lazareva<sup>2</sup>, V. V. Rozhnov<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Severtsov Institute of Ecology and Evolution, Russian Academy of Sciences, Moscow, 119071 Russia

<sup>2</sup>“Arctic Research Center”, Moscow, 119333 Russia

\*e-mail: snaidenko@mail.ru

\*\*e-mail: ilia.mordvintsev@gmail.com

The Polar bear's seropositivity from the Barents Sea subpopulation to a number of pathogens was analyzed: Canine distemper virus, Herpes simplex virus, Parvovirus, Toxoplasma, *Trichinella* (*Trichinella* sp.), *Mycoplasma* (*Mycoplasma* sp.), *Candida* (*Candida* sp.) and Chlamydia (*Chlamydia* sp.). Seropositive animals have been identified for Canine distemper virus and *Trichinella* (*Trichinella* sp.). The proportion of seropositive animals to *Trichinella* was the maximal. Over the last 10 years, an increased share of animals seropositive to *Trichinella* and Canine distemper virus has been noted in the study area.

*Keywords:* seropositivity, Franz Josef Land, Novaya Zemlya, Polar bear, Canine distemper virus, *Trichinella*