

Оригинальная статья / Original article

УДК 578.427

DOI: 10.18470/1992-1098-2025-3-2



Вирусные трансмиссивные патогены в клещах из природных биотопов Европейской части России

Владимир А. Терновой, Евгения П. Пономарева, Наталья Л. Тупота, Марина А. Степанюк, Михаил Ю. Карташов, Роман Б. Баяндин, Татьяна В. Трегубчак, Александр П. Агафонов

Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора, Центр геномных исследований мирового уровня по обеспечению биологической безопасности и технологической независимости в рамках Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий, Кольцово, Новосибирская область, Россия

Контактное лицо

Владимир А. Терновой, к.б.н., и.о. заведующего отделом молекулярной вирусологии и вирусных гепатитов, ведущий научный сотрудник, ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора; 630559 Россия, Новосибирская область, г. Новосибирск, р/п Кольцово.

Тел. +79137355577

Email tern@vector.nsc.ru

ORCID <https://orcid.org/0000-0003-1275-171X>

Формат цитирования

Терновой В.А., Пономарева Е.П., Тупота Н.Л., Степанюк М.А., Карташов М.Ю., Баяндин Р.Б., Трегубчак Т.В., Агафонов А.П. Вирусные трансмиссивные патогены в клещах из природных биотопов Европейской части России // Юг России: экология, развитие. 2025. Т.20, N 3. С. 24-34. DOI: 10.18470/1992-1098-2025-3-2

Получена 18 апреля 2025 г.

Прошла рецензирование 14 июля 2025 г.

Принята 25 июля 2025 г.

Резюме

Целью работы являлось выявление в твердых клещах, собранных в нескольких регионах Европейской части России, вирусов, передающихся трансмиссивно.

Вирусную РНК клещей рода *Ixodes*, собранных из природных очагов клещевого энцефалита Астраханской области, Карелии и Ставропольского края, исследовали методом ПЦР и секвенированием полученных вирусоспецифических ДНК фрагментов.

В клещах, собранных в Астраханской области, Карелии и Ставропольском крае обнаружены геномные маркеры вирусов семейств *Flaviviridae*, *Phenuiviridae* и *Nairoviridae*.

В клещах *Ixodes*, собранных в Астраханской области, Карелии и Ставропольском крае, были обнаружены генетические маркеры вирусов, ранее не описанных для России. Природные очаги клещевых инфекций проявляют тенденцию к расширению ареала, в связи с чем, большую актуальность приобретают исследования по выявлению новых вирусов, экологически связанных с иксодовыми клещами.

Ключевые слова

Иксодовый клещ, НГС, вирус Хасеки, Вирус Кемерово, вирус Гакугса, вирус Таченг 2, вирус Чангпинг 1.

Viral vector-borne pathogens in ticks from natural habitats in the European part of Russia

Vladimir A. Ternovoi, Eugenia P. Ponomareva, Natalia L. Tupota, Marina A. Stepanyuk, Mikhail Yu. Kartashov, Roman B. Bayandin, Tatyana V. Tregubchak and Alexander P. Agafonov

Vector State Research Centre of Virology and Biotechnology, Rospotrebnadzor, World-class Center for Genomic Research to Ensure Biological Safety and Technological Independence within the Framework of the Federal Scientific and Technical Program for the Development of Genetic Technologies, Koltsovo, Novosibirsk Region, Russia

Principal contact

Vladimir A. Ternovoi, PhD, Acting Head, Department of Molecular Virology and Viral Hepatitis, Leading Researcher, Vector State Research Centre of Virology and Biotechnology; Koltsovo, Novosibirsk, Novosibirskiy region, Russia 630559.

Tel. +79137355577

Email tern@vector.nsc.ru

ORCID <https://orcid.org/0000-0003-1275-171X>

How to cite this article

Ternovoi V.A., Ponomareva E.P., Tupota N.L., Stepanyuk M.A., Kartashov M.Yu., Bayandin R.B., Tregubchak T.V., Agafonov A.P. Viral vector-borne pathogens in ticks from natural habitats in the European part of Russia. *South of Russia: ecology, development*. 2025; 20(3):24-34. (In Russ.)
DOI: 10.18470/1992-1098-2025-3-2

Received 18 April 2025

Revised 14 July 2025

Accepted 25 July 2025

Abstract

The aim of the work was to identify viruses transmitted by transmission in hard ticks collected in several regions of the European part of Russia. The viral RNA of ticks of the genus *Ixodes*, collected from natural foci of tick-borne encephalitis in the Astrakhan region, Karelia and Stavropol Krai, was studied by PCR and sequencing of the obtained virus-specific DNA fragments.

Genomic markers of viruses of the *Flaviviridae*, *Phenuiviridae* and *Nairoviridae* families were found in ticks collected in the Astrakhan Region, Republic of Karelia and Stavropol krai.

Genetic markers of viruses previously not described for Russia were found in *Ixodes* ticks collected in the Astrakhan Region, Republic of Karelia and Stavropol krai. Natural foci of tick-borne infections tend to expand their range, and, therefore, research to identify new viruses ecologically associated with ixodid ticks is becoming increasingly important.

Key Words

Ixodes tick, NGS, Haseki tick virus, virus Kemerovo, Gakugsa virus, Tacheng tick virus 2, Changping tick virus 1.

ВВЕДЕНИЕ

Согласно данным Всемирной организации здравоохранения 17 % заболеваний у людей вызывают трансмиссивные патогены, передаваемые клещами – облигатными кровососущими эктопаразитами, принадлежащими к классу паукообразных, отряду *Parasitiformes* и подотряду (*Mesostigmata*), который в свою очередь делится на три семейства: *Ixodidae* (твердые клещи), *Argasidae* (мягкие клещи) и *Nuttalliellidae* [1]. *Ixodidae* – самое многочисленное семейство клещей, включающее 14 родов и более 700 видов, которые распространены по всему земному шару [2]. В настоящее время клещи хорошо известны как переносчики патогенных для человека и животных вирусов, среди которых флавивirus наиболее хорошо охарактеризованы с точки зрения их географической распространенности и ассоциации с заболеванием у человека. Это, например, вирус клещевого энцефалита, широко распространенный на территории России, вирус Повассан, присутствующий в основном на Северо-Американском континенте [3; 4], вирус Кьясанурской лесной болезни, распространенный на Индийском субконтиненте, Louping ill virus, встречающийся в Европе, вирус Омской геморрагической лихорадки, зарегистрированный на территории Юга России и Средней Азии [5] и др. Известны и другие опасные для человека вирусы, передающиеся клещами, такие как вирус Крымской-Конго геморрагической лихорадки, который обнаруживается в Азии, Африке и Европе, вирус колорадской клещевой лихорадки, встречающийся в западной части США и Канаде [6; 7].

Развитие новых методов исследования дало возможность проводить масштабные исследования микробиома и виroma членистоногих, что, в свою очередь, позволило обнаружить новые вирусы в клещах. Так, у пациента в США был обнаружен новый клещевой буньявирус, названный Heartland virus [8], вирус, выделенный от клещей и человека в Китае, в 2011 г. и вызывающий тяжелую лихорадку с синдромом тромбоцитопении (SFTS) [9; 10], вирусы Карьяна и Кундала [11] и некоторые другие [12; 13].

Целью работы являлось выявление в твердых клещах, собранных в нескольких регионах Европейской части России, новых для России вирусов передающихся трансмиссивно.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

В весенне-летний период 2021–2023 годов, в природных биотопах Астраханской области, Ставропольского края и Республики Карелия, были собраны иксодовые клещи. Всего в исследование были взяты 2422 особи *I. persulcatus* (самки – 1300 штук, самцы – 1122 штук). Клещей собирали на флаг с растительности, транспортировали в сумках-холодильниках на влажной салфетке при температуре +4 °C и после хранили при температуре минус 40 °C. Определение видовой принадлежности клещей осуществляли по морфологическим признакам, с последующей верификацией по нуклеотидной последовательности фрагмента (660 п.н.) гена, кодирующего субъединицу I цитохромоксидазы [14]. По пять особей одного вида, с одного места сбора, объединяли в пулы.

Перед гомогенизацией клещей промывали один раз в 70 %-ном этаноле, а затем дважды стерильной водой, для удаления потенциального поверхностного

загрязнения микроорганизмами. Сформированные пулы гомогенизировали на приборе QIAGEN TissueLyser LT с добавлением стерильного физраствора. Полученные гомогенаты центрифугировали при 8000 g 5 мин при 4° C, супернатант отбирали для анализа. После обработки бензоназой [15] тотальную РНК экстрагировали с помощью «Reagent Extract RNA» (Евроген, Россия) согласно протоколу производителя. Экстракт разбавляли 1:1 об./об. свежеприготовленным 70 %-ным этанолом и очищали на спин-колонках Cleanup Mini (Евроген, Россия). Скрининговое исследование виroma членистоногих проводили методом высокопроизводительного секвенирования (NGS). Для этого, с использованием модуля NEBNext® Ultra Directional (New England Biolabs, США) проводили синтез первой цепи кДНК. Синтез второй цепи ДНК проводили с использованием UMI Second Strand Synthesis Module for QuantSeq FWD (Illumina, США). Полученные ДНК библиотеки анализировали на приборе MiSeq с использованием технологии Illumina. Прикладные программы Cutadapt (версия 1.18) и SAMtools (версия 0.1.18), использовали для удаления адаптеров и повторного чтения нуклеотидных последовательностей. Контиги были собраны *de novo* с использованием ассемблера MIRA (версия 4.9.6).

Из-за низкой вирусной нагрузки в образцах клещей, для определения нуклеотидных последовательностей и построения филогенетических деревьев выявленных вирусов, были использованы панели вирус специфических праймеров. Для выявления РНК Haseki tick virus (HTV) и Bole tick virus 4 (BTV4) в ПЦР использовали праймеры AGTACATCCGAGCTCTCATCCA (F10224) и TTCGCTCTTGTCCTGATGACC (R10579), Kemerovo virus ACCTTGATGCTGACTACCC (F700) и CAAACTCCGTGGTGACGTG (R1039), Tacheng tick virus 2 (TTV2) и Changping tick virus 1 (CTV1) TTGCTGACCCGTATCGCCTAGTGACCT (2294F) и GATGCTTTCAAAGTCCAACCTCTGTCCAA (2633R), Beiji nairovirus и Gakugsa tick virus AGAGGAAAGAAGTATGCTCAAGACAA (F1427) и CTTGACTTGTTGAAGTGGGTCT (R1856).

Постановку ПЦР проводили в 25 мкл реакционной смеси, содержащей 12,5 мкл BioMaster LR HS-ПЦР (x2) (БиоЛабМикс, Россия), по 0,2 мкМ каждого из праймеров и 3 мкл кДНК. Постановку ПЦР проводили в амплификаторе C1000 (BioRad, США) по программе: 95 °C, 5 мин; далее 40 последовательных циклов — 95 °C, 5 сек, 56 °C, 15 сек и 68 °C, 30 сек; финальная элонгация — 68 °C, 7 мин. Разделение продуктов амплификации проводили методом гель-электрофореза в 2 %-ном агарозном геле, содержащем бромистый этидий. Определение нуклеотидных последовательностей проводили с помощью набора реактивов ABI PRISM® BigDye™ Terminator v. 3.1 (ThermoFisher Scientific, США) с анализом продуктов реакции на ABI PRISM 3500 (Applied Biosystems, США). Анализ полученных хроматограмм проводили с помощью программы SeqMan (DNASTar, США).

Филогенетический анализ выполняли для нуклеотидной последовательности РНК-зависимой РНК-полимеразы (RdRp) и последовательностей известных вирусов из базы данных GenBank, с идентичностью >60 %. Множественное выравнивание последовательностей выполняли в Vector NTI Advance 11. Построение филогенетических деревьев осуществляли в Unipro UGENE v. 1.31 [16] и MEGA 7/12 [17], методом присоединения соседей [18]. Показатель статисти-

ческой надежности узлов филогенетического дерева рассчитывался с помощью бутстрап-анализа с использованием 1000 случайных реплик. Доверительный 95 %-ный интервал уровня инфицированности клещей изучаемыми патогенами рассчитывался с использованием онлайн-сервиса [19].

ПОЛУЧЕННЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Нами была проведена оценка генетического разнообразия вирусов у клещей рода *I. persulcatus*, собранных в природных биотопах Республики Карелия (29 экз. – Прионежский район, ст. Шуйская, 33 экз. – Кондопожский район, с. Малая Гомсельга, 210 экз. – Пряжинский район, с. Мишинсельга). При анализе суммарной РНК, методом NGS, нами были выявлены открытые рамки трансляции, имеющие гомологию с

вирусными последовательностями из базы данных GenBank. Далее, методом ПЦР с использованием вирусспецифических праймеров, получили вирусные нуклеотидные последовательности. При построении филогенетического дерева (рис. 1) полученные нуклеотидные последовательности группировались в одну ветвь с вирусами BLTV4 (MZ244340) и Trinbago virus (MN025505), а часть из них образовывали ветвь с HTV (MN218447; MN218444) и с недавно обнаруженными у клещей, еще с неклассифицированными вирусами. Обнаруженные в исследуемых образцах клещей вирусы имели 92,8 % идентичность с HTV (isolate 26-Novosibirsk/2019, MN218447, выделен у человека) и идентичность 87 % – с БТВ 4 (MN 561135, выделенным из *Hyalomma asiaticum* в 2019 г. и PV093870 из *Dermacentor silvarum* в 2022 г. в Китае).

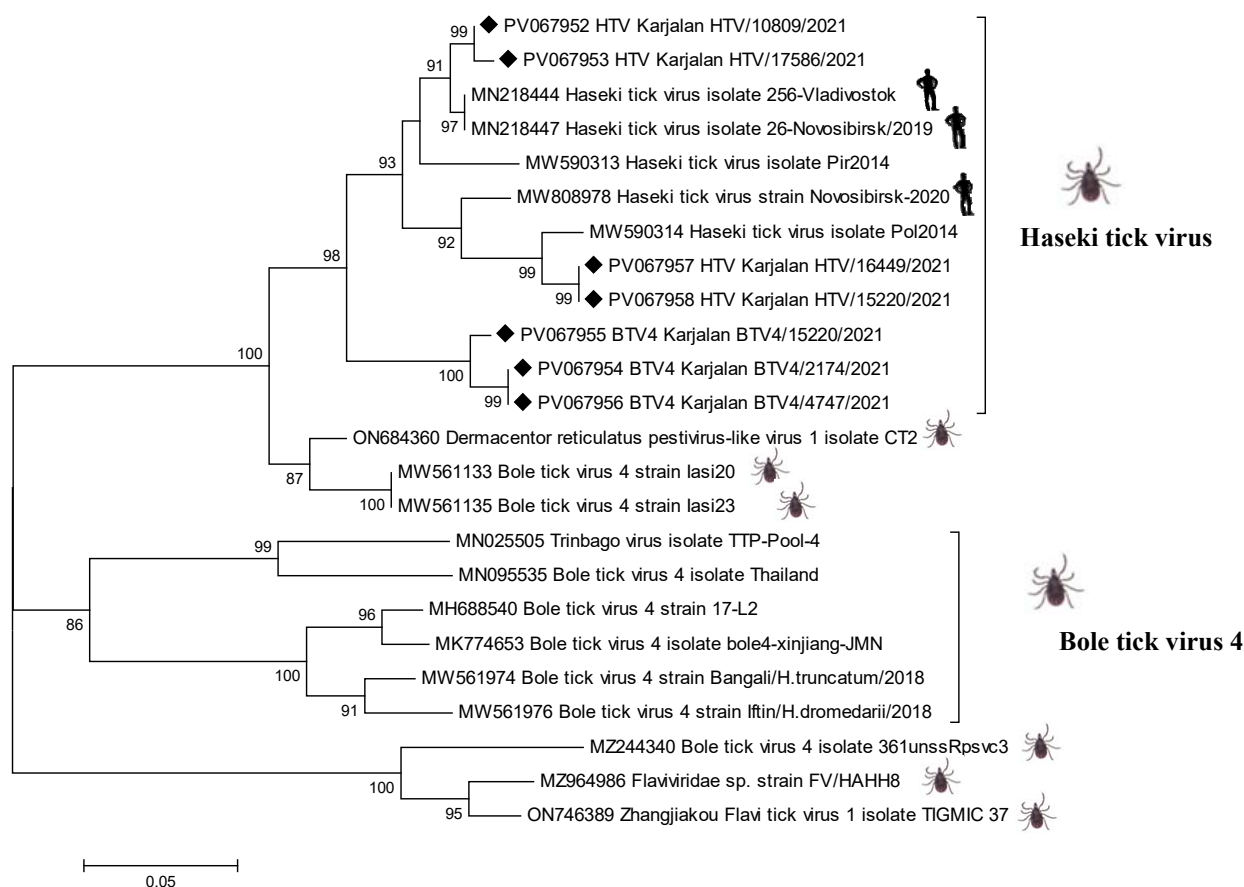


Рисунок 1. Филогендрограмма, отображающая анализ максимального правдоподобия нуклеотидных последовательностей (фрагмент 330 нуклеотидов) HTV и БТВ4 у *Ixodes persulcatus* из Республики Карелия (2021 г.) Прототипные штаммы вирусов обозначены номером GenBank и символом (♦)

Индексы поддержки рассчитаны для 1000 повторов

Figure 1. Phylogenogram, displaying maximum likelihood analysis of nucleotide sequences (330 nucleotide fragment) of HTV and BTV4 in *Ixodes persulcatus* from the Republic of Karelia (2021) Prototype virus strains are indicated by a GenBank number and a symbol (♦) Support indices are calculated for 1000 replicates

У клещей рода *I. persulcatus*, собранных в природных биотопах Республики Карелия, были обнаружены вирусы рода *Orbivirus* (рис. 2). Филогенетический анализ их генома показал, что они образуют единую ветвь с известными штаммами вируса Кемерово

(Kemerovo virus), с уровнем идентичности 97,7 % (MF939555), с вирусом Трибек с уровнем идентичности 77,3 % (Tribec virus, KJ010806) и с вирусом Липовник (Lipovnik virus, HM543475), с уровнем идентичности 75,5 %.

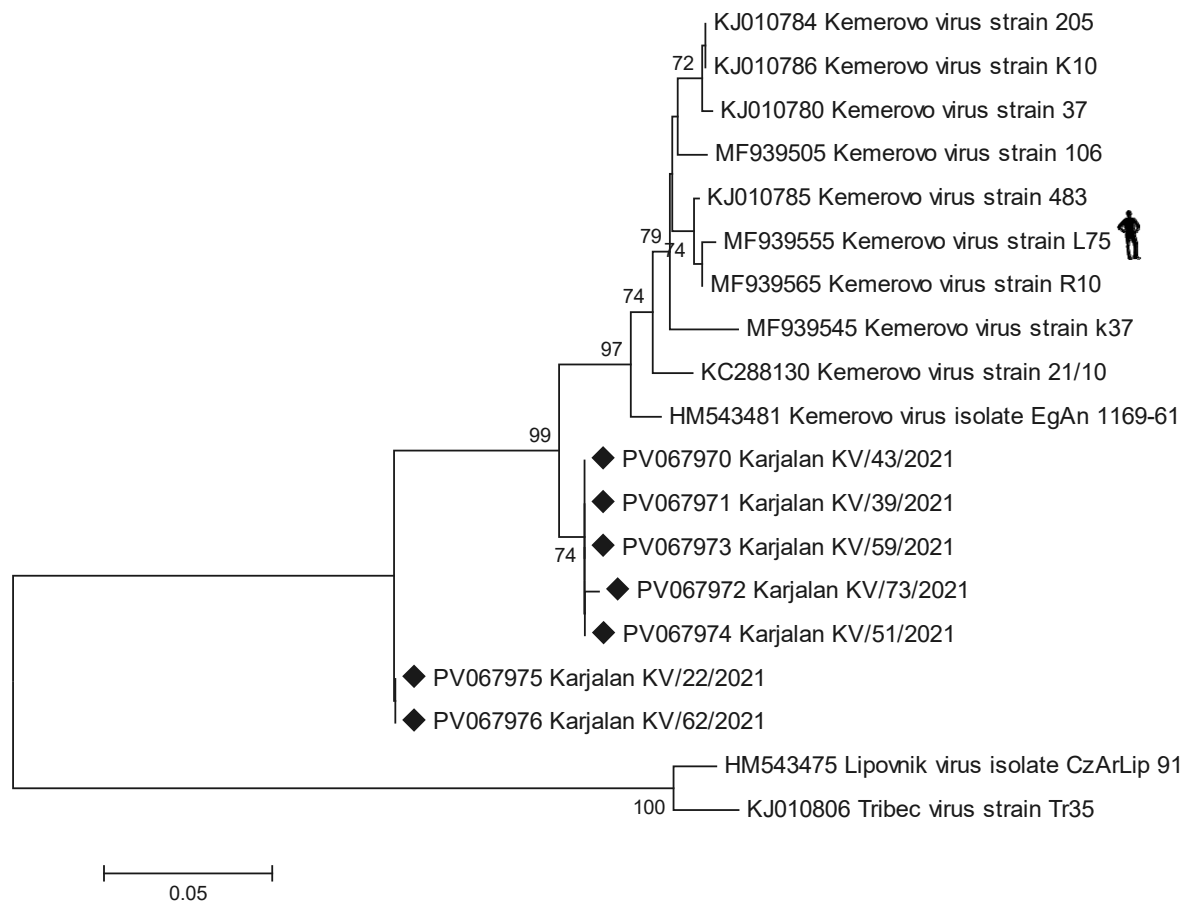


Рисунок 2. Филодендрограмма, отображающая анализ максимального правдоподобия нуклеотидных последовательностей (250 нуклеотидов) вируса Kemerovo у *Ixodes persulcatus* из Республики Карелия (KV) (2021 г.). Прототипные штаммы вирусов обозначены номером GenBank и символом (♦). Индексы поддержки рассчитаны для 1000 повторов

Figure 2. Philodendrogram, displaying maximum likelihood analysis of nucleotide sequences (250 nucleotides) of Virus Kemerovo in *Ixodes persulcatus* from the Republic of Karelia (KV) (2021). Prototype virus strains are indicated by a GenBank number and a symbol (♦). Support indices are calculated for 1000 replicates

Анализ виroma клещей, собранных в природных биотопах Республики Карелия, позволил выявить и новый для России вируса Gakugsa virus. Анализ родственных взаимосвязей этого вируса приведен на рисунке 3. Геном флебовируса Gakugsa семейства *Reoviridae* представлен одноцепочечной РНК (-) и состоит из трех сегментов, кодирующих гены S, M и L. Выявленные нами в клещах из Республики Карелия вирусные изоляты имели более чем 96 %-ную гомологию с ранее описанным Gakugsa virus (MN542363, Rus/Ix_persulcatus/Karelia/1/2018). Важно отметить, что если флебовирусы Gakugsa virus и Beiji pairovirus ранее были обнаружены только у клещей, то вирусы Yezo, Wetland и Orthonairovirus huangpiense были обнаружены у людей, после укусов клещами [20], а заболевание у них протекало с симптомами лихорадки и общего недомогания.

Вирус Yezo, возбудитель передающийся клещами, был впервые зарегистрирован в Японии в 2021 году у людей, относится к семейству *Phenuiviridae*. В 2025 году было сообщение о выявлении 18 случаев заболевания Yezo в Китае. Кроме того, Yezo virus был выделен у клещей, снятых с перелетных птиц [21]. Вирус Yezo передается клещами *I. persulcatus* [22].

Вирус Wetland, или вирус водно-болотных угодий (WELV) – это недавно идентифицированный ортонаировирус, который филогенетически связан с вирусом Крымской-Конго геморрагической лихорадки. Вирус принадлежит к семейству *Phenuiviridae*. Недавно было показано, что WELV является патогенным для человека вирусом: у части пациентов, инфицированных WELV, отмечалось лихорадочное заболевание, сопровождающееся геморрагическими и неврологическими проявлениями [23].

На рисунке 4 представлена филодендрограмма фрагментов гена РНК-зависимой РНК-полимеразы (RdRp), выделенных из клещей *I. persulcatus*, в 2021 году в Карелии и установленных или предполагаемых членов семейства *Phenuiviridae*. Эти вирусы, ближайшими прототипами которых являются трансмиссивные вирусы – CTV 1 и TTV 2, относятся к семейству *Phenuiviridae*, рода *Phlebovirus*. Вирусы имеют линейные или кольцевые геномы, состоящие из одноцепочечной моноцистронной РНК отрицательной полярности. Семейство *Phenuiviridae* содержит 23 рода и 159 видов вирусов, филогенетически определяющими являются *Phleboviruses* Uukuniemi, Bhanja virus, SFTS и Kaisodi virus [24–26].

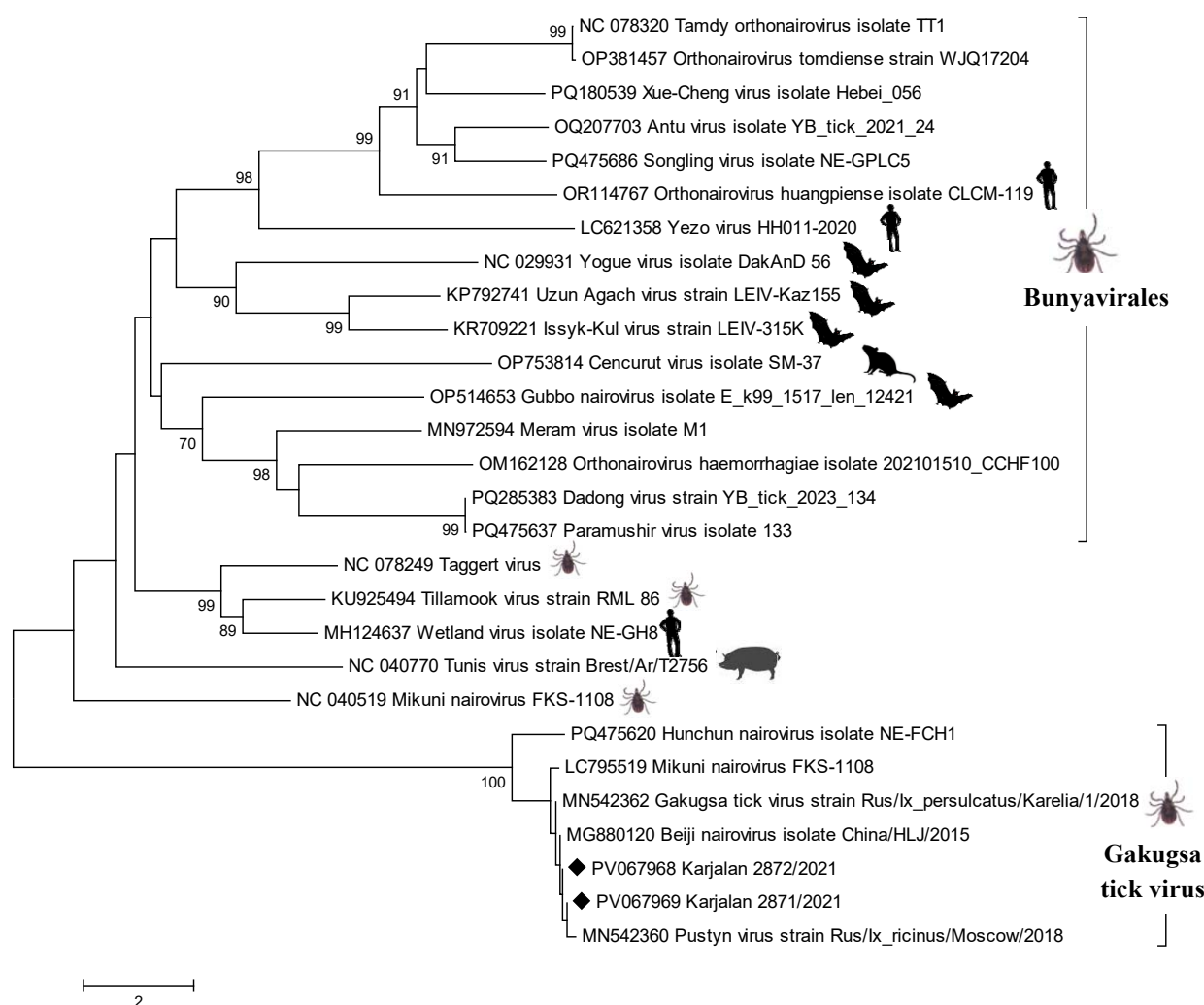


Рисунок 3. Филогендрограмма, отображающая анализ максимального правдоподобия нуклеотидных последовательностей (фрагмент ДНК 400 нуклеотидов) PV067969 Karjalan 2871/2021 и PV067968 Karjalan 2872/2021 у *Ixodes persulcatus* из Республики Карелия (2021 г.)

Прототипные штаммы вирусов обозначены номером GenBank и символом (♦)

Индексы поддержки рассчитаны для 1000 повторов

Figure 3. Philodendrogram, representing the maximum likelihood analysis of nucleotide sequences (400 nucleotide DNA fragment) of PV067969 Karjalan 2871/2021 and PV067968 Karjalan 2872/2021 in *Ixodes persulcatus* from the Republic of Karelia (2021)

Prototype virus strains are designated by GenBank number and symbol (♦)

Support indices are calculated for 1000 repeats

Вирусы, обнаруженные нами у клещей *I. persulcatus*, из природных биотопов Республики Карелия, представляют большой интерес, поскольку включают в себя несколько опасных вирусов для человека и животных. Это выделенные у животных Bluetongue virus, вирус африканской чумы лошадей, вирус эпизоотической геморрагической болезни и выделенные у людей Yezo virus, Orthonairovirus huangpiense и Wetland virus. Вирусы передаются рядом гематофагов – членистоногих переносчиков, размножающихся как в насекомых, так и в клетках млекопитающих.

Отличительной особенностью вирусов семейства *Phenuiviridae* являются их многокомпонентные геномы с дцРНК [25; 27–29]. Геном представителей этого семейства состоит из десяти сегментов дцРНК (S1–S10), заключенных в четырехслойный белковый капсид. В пределах одного и того же вида, разные серотипы орбивирусов могут

обмениваться сегментами генома, что может приводить к изменению из биологических свойств.

Обнаруженные нами вирусы – BTV4 и HTV, предположительно относящиеся к семейству *Flaviviridae*, являются ближайшими родственниками экономически значимых вирусных патогенов. Так, помимо вируса классической чумы свиней и включенного в список OIE [30] вируса Bungowannah, к вирусам BTV4 и роду *Pestivirus* относятся – атипичный свиной пестивирус (Atypical porcine pestivirus) и вирус Линда (Linda virus) [31]. Кроме того, в 2003 году был обнаружен вирус Bungo, считающийся чрезвычайно опасным для здоровья свиней [31–33], но, к счастью, этот вирус широко не распространен. Напротив, APPV встречается во всем мире и приводит к значительным экономическим потерям [34; 35]. Ранее нами, был выявлен HTV. Этот вирус был найден как у иксодовых клещей, так и у людей, из азиатской части России [36]. Вирус генетически близок к неклассифицированным

Flavi-подобным вирусам. Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей HTV показал, что вирусы близки к вирусу клещей BTV 4, который ранее был обнаружен в странах Юго-Восточной Азии, на Балканах в Европе, в Африке и Карибском регионе. По-

видимому, HTV и BTV 4 могут быть классифицированы как предполагаемые представители нового рода внутри *Flaviviridae*. Эти Flavi-подобные вирусы имеют увеличенный вирусный геном (РНК 16 483 н.о.) с оцРНК положительного смысла.



Рисунок 4. Филогендограмма, отображающая анализ максимального правдоподобия нуклеотидных последовательностей (316 нуклеотидов) CTV 1 и TTV 2 у *Ixodes persulcatus* из Республики Карелия (2021 г.). Прототипные штаммы вирусов обозначены номером GenBank и символом (♦)

Индексы поддержки рассчитаны для 1000 повторов

Figure 4. Phylodendrogram, displaying maximum likelihood analysis of nucleotide sequences (316 nucleotides) of CTV 1 and TTV 2 in *Ixodes persulcatus* from the Republic of Karelia (2021). Prototype virus strains are indicated by a GenBank number and a symbol (♦). Support indices are calculated for 1000 replicates

Выделенные нами в Республике Карелия вирусные изоляты филогенетически формировали отдельные клады с CTV 1 и с TTV 2, с идентичностью нуклеотидных последовательностей 95,3 % и 88,4 %, соответственно (рис. 4). Ранее Tacheng uukuvirus – CTV 1 и TTV 2 были нами выявлены в таежных клещах из Свердловской, Томской областей и Приморского края России. Наибольшее сходство нуклеотидных последовательностей выделенных фрагментов было с TTV 2, strain Iasi20 (94,5 %), выделенного ранее в Румынии (MW561154) и с CTV 1, strain Iasi21 (94,5 %) (MW561143), также найденного в клеще *Dermacentor reticulatus* в Румынии (2019 г.). Обнаружение в Республике Карелия CTV 1 и TTV 2, передающихся иксодовыми клещами, свидетельствует о широком географическом распространении данных вирусов на территории России.

Кроме того, чумирусы были обнаружены нами в клещах *Ixodes* из Астраханской области, Карелии и Ставропольского края. Эти чумирусы формировали отдельную ветвь с флеховирусом TTV 2 (MW561154, вирус выделен у *Dermacentor reticulatus* в Румынии, в 2019 г.), с уровнем гомологии 97,6 % по нуклеотидной последовательности.

Обнаруженные нами CTV 1 и TTV 2 обнаруживались у клещей с частотой около 10 %. Попытки выделить эти вирусы на культурах клеток Vero, 293 и C6/36 не достигли цели.

Всего в семейство *Chuviridae* входят 16 родов и 43 вида вирусов [37]. Чумирусы широко распространены в мире и могут быть обнаружены у различных видов иксодовых клещей, а также у овец и крупного рогатого скота. Недавно было показано, что новый чумирус связан с лихорадкой у человека, а значит он требует пристального внимания, особенно в эндемичных по клещам районах.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Проведено выявление трансмиссивных вирусов у клещей рода *I. persulcatus*, собранных в природных биотопах Республики Карелия, Астраханской области и Ставропольском крае. Обнаруженные в клещах Карелии нуклеотидные последовательности, на филогенетическом дереве, группировались с известными вирусами BLTV4 и Tringbago virus, но часть имели 92,8 % идентичность с недавно обнаруженными у клещей HTV. Этот вирус был найден как у иксодовых клещей, так и у людей.

У клещей рода *I. persulcatus* также были обнаружены вирусы – вирус Кемерово, рода Orbivirus и новый для России флеховирус Gakugsa, семейства Reoviridae. Флеховирусы, как правило, обнаруживаются у клещей, но были обнаружены и у людей, после укусов клещами.

Кроме того, обнаружение в Республике Карелия вирусов семейства Phenuiviridae CTV 1 и TTV 2, передающихся иксодовыми клещами, свидетельствует о широком географическом распространении данных вирусов на территории России. CTV 1 и TTV 2 ранее были обнаружены у различных видов иксодовых клещей, а также у овец и крупного рогатого скота.

Таким образом, вирусы, обнаруженные нами у клещей *I. persulcatus*, из природных биотопов Республики Карелия, Астраханской области и Ставропольского края представляют большой интерес, поскольку включают в себя несколько опасных вирусов

для человека и животных. Выявление новых трансмиссивных вирусов в клещах из природных биотопов в Европейской части России подчеркивают необходимость в усилении эпиднадзора за вновь обнаруженными клещевыми инфекциями, особенно за теми, в отношении которых показана способность вызывать у человека заболевания с выраженными клиническими признаками.

БЛАГОДАРНОСТИ

1. Авторы выражают глубокую признательность коллегам из региональных центров гигиены и эпидемиологии за сбор и доставку материала: ФКУЗ Астраханская ПЧС и ФБУЗ ЦГиЭ в Республике Карелия, Пахомовой Т.Н., ФКУЗ «Астраханская ПЧС», Бамматову Д.М. и Соломашченко Н.И. из ФБУЗ ЦГиЭ в Ставропольском крае, а также бывшему сотруднику ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора Швалову А.Н.

2. Исследование было выполнено при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (соглашение № 075-15-2019-1665 и Государственное задание 9/21).

ACKNOWLEDGMENTS

1. The authors express their deep gratitude to their colleagues from the regional centers of hygiene and epidemiology for collecting and delivering the material: Astrakhan Fire and Emergency Situations Centre; Centre for Hygiene and Epidemiology, Republic of Karelia; T.N. Pakhomova, Astrakhan Fire and Emergency Situations Centre, D.M. Bammatov and N.I. Solomashchenko, Centre for Hygiene and Epidemiology, Stavropol krai, as well as a former employee of the Vector State Research Centre of Virology and Biotechnology of Rosпотребнадзор, A.N. Shvalov.

2. The study was carried out with the support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (agreement No. 075-15-2019-1665 and State Assignment 9/21).

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Anderson J.F., Magnarelli L.A. Biology of ticks // Infectious Disease Clinics of North America. 2008. V. 22. N 2. P. 195–215. <https://doi.org/10.1016/j.idc.2007.12.006>
- Guglielmone A.A., Robbins R.G., Apanaskevich D.A., Petney T.N., Estrada-Peña A., Horak I. G., Shao R., Barker S.C. The Argasidae, Ixodidae and Nuttalliellidae (Acari: Ixodida) of the world: a list of valid species names // Zootaxa. 2010. V. 28. P. 27–54.
- Kazimirova M., Thangamani S., Bartikova P., Hermance M., Holikova V., Stibraniova I., Nuttall P.A. Tick-borne viruses and biological processes at the tick-host-virus interface // Frontiers in Cellular and Infection Microbiology. 2017. V. 7. P. 339. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2017.00339>
- Hermance M.E., Thangamani S. Powassan virus: An emerging arbovirus of public health concern in North America // Vector-Borne and Zoonotic Diseases. 2017. V. 17. N 7. P. 453–462. <https://doi.org/10.1089/vbz.2017.2110>
- Gould E.A., Solomon T. Pathogenic flaviviruses // Lancet. 2008. V. 371. P. 500–509. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(08\)60238-X](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(08)60238-X)
- Hawman D.W., Feldmann H. Crimean-Congo haemorrhagic fever virus // Nature reviews. Microbiology. 2023. V. 21. N 7. P. 463–477. <https://doi.org/10.1038/s41579-023-00871-9>
- Harris E.K., Foy B.D., Ebel G.D. Colorado tick fever virus: a review of historical literature and research emphasis for a modern era // Journal of medical entomology. 2023. V. 60. N 6. P. 1214–1220. <https://doi.org/10.1093/jme/tjad094>
- McMullan L.K., Folk S.M., Kelly A.J., MacNeil A., Goldsmith C.S., Metcalfe M.G., Batten B.C., Albarino C.G., Zaki S.R., Rollin P.E., et al. A new phlebovirus associated with severe febrile illness in Missouri // The New England Journal of Medicine. 2012. V.367. N 9. P. 834–841. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa1203378>
- Zhang Y.Z., Zhou D.J., Xiong Y., Chen X.P., He Y.W., Sun Q., Yu B., Li J., Dai Y.A., Tian J.H., et al. Hemorrhagic fever caused by a novel tick-

- borne bunyavirus in huaiyangshan, China // *Zhonghua Liu Xing Bing Xue Za Zhi*. 2011. V. 32. N 3. P. 209–220.
10. Zhang Y.Z., He Y.W., Dai Y.A., Xiong Y., Zheng H., Zhou D.J., Li J., Sun Q., Luo X.L., Cheng Y.L., et al. Hemorrhagic fever caused by a novel bunyavirus in China: Pathogenesis and correlates of fatal outcome // *Clinical Infectious Diseases*. 2012. V. 54. P. 527–533. <https://doi.org/10.1093/cid/cir804>
11. Yadav P.D., Whitmer S.L.M., Sarkale P., et al. Characterization of Novel Reoviruses Wad Medani Virus (Orbivirus) and Kundal Virus (Coltivirus) Collected from *Hyalomma anatolicum* Ticks in India during Surveillance for Crimean Congo Hemorrhagic Fever // *Journal of Virology*. 2019. V. 93. N 13. Article id: e00106-19. <https://doi.org/10.1128/JVI.00106-19>
12. Shi J., Hu Z., Deng F., Shen S. Tick-Borne Viruses // *Virologica Sinica*. 2018. V. 33. N 1. P. 21–43. <https://doi.org/10.1007/s12250-018-0019-0>
13. Zhang Y., Hu B., Agwanda B., Fang Y., Wang J., Kuria S., Yang J., Masika M., Tang S., Lichoti J., Fan Z., Shi Z., Ommeh S., Wang H., Deng F., Shen S. Viromes and surveys of RNA viruses in camel-derived ticks revealing transmission patterns of novel tick-borne viral pathogens in Kenya // *Emerging Microbes & Infections*. 2021. V. 10. N 1. P. 1975–1987. <https://doi.org/10.1080/22221751.2021.1986428>
14. Карташов М.Ю., Микрюкова Т.П., Кривошеина Е.И., Кузнецов А.И., Глушкова Л.И., Корабельников И.В., Егорова Ю.И., Терновой В.А., Локтев В.Б. Генотипирование возбудителей клещевого энцефалита и лихорадки Кемерово в таежных клещах, собранных в республике Коми // *Инфекция и иммунитет*. 2020. Т. 10. N 1. С. 159–166. <http://dx.doi.org/10.15789/2220-7619-GOT-1147>
15. Law J., Jovel J., Patterson J., Ford G., O’Keefe S., Wang W., Meng B., Song D., Zhang Y., Tian Z., Wasilenko S.T., Rahbari M., Mitchell T., Jordan T., Carpenter E., Mason A.L., Wong G.K. Identification of hepatotropic viruses from plasma using deep sequencing: a next generation diagnostic tool // *PLoS One*. 2013. V. 8. N 4. Article id: e60595. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0060595>
16. Okonechnikov K., Golosova O., Fursov M. The UGENE team. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit // *Bioinformatics*. 2012. V. 28. N 8. P. 1166–1167. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts091>
17. Kumar S., Stecher G., Tamura K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for Bigger Datasets // *Molecular Biology and Evolution*. 2015. V. 33. N 7. P. 1870–1874. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>
18. Saitou N., Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees // *Molecular Biology and Evolution*. 1987. V. 4. N 4. P. 406–425. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454>
19. Confidence interval calculator. URL: <http://www.pedro.org.au/english/downloads/confidence-interval-calculator> (дата обращения: 18.04.2025)
20. Kodama F., Yamaguchi H., Park E., Tatemoto K. A novel nairovirus associated with acute febrile illness in Hokkaido, Japan // *Nature Communications*. 2021. V. 12. N 1. P. 5539–5547. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-25857-0>
21. Nishino A., Tatemoto K., Ishijima K., Inoue Y., Park E.-S., Yamamoto T., Taira M., Kuroda Y., Virhuez-Mendoza M., Harada M., Nakamura N., Morimoto G., Yamaguchi H., Ariizumi T., Takano A., Shimoda H., Matsuno K., Maeda K. Transboundary Movement of Yezo Virus via Ticks on Migratory Birds, Japan, 2020–2021 // *Emerging Infectious Diseases*. 2024. V. 30. N 12. P. 2674–2678. <https://doi.org/10.3201/eid3012.240539>
22. Zhang M.-Z., Bian C., Ye R.-Z., Cui X.-M., Yao N.-N., Yang J.-H., Chu Y.-L., Su X.-L., Wu Y.-F., Ye J.-L., Liu S.-S., Shi X.-Y., Shi W., Jia N., Chen Y.-G., Zhao L., Zheng Y.-C., Zheng X.-M., Jiang J.-F., Cao W.-C. A series of patients infected with the emerging tick-borne Yezo virus in China: an active surveillance and genomic analysis // *The Lancet Infectious Diseases*. 2025. V. 25. N 4. P. 390–398. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(24\)00616-9](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(24)00616-9)
23. Wang R., Wang X., Zhu J., Li H., Liu W. Effectiveness of nucleoside analogs against Wetland virus infection // *Antiviral Research*. 2025. V. 236. Article id: 106114. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2025.106114>
24. Schwarz L., Riedel C., Högl S., Sinn L.J., Voglmayr T., Wöchtel B., Dinhl N., Rebel-Bauder B., Weissenböck H., Ladinig, A., et al. Congenital infection with atypical porcine pestivirus (APPV) is associated with disease and viral persistence // *Veterinary Research*. 2017. V. 48. P. 1–14. <https://doi.org/10.1186/s13567-016-0406-1>
25. Manjunatha N.B., Sushila M., Narender S.M., Joe B., Robert T., Houssam A., Peter P.C.M. Genetic Characterization of the Tick-Borne Orbiviruses // *Viruses*. 2015. V. 7. N 5. P. 2185–2209. <https://doi.org/10.3390/v7052185>
26. Tokarz R., Williams S.H., Sameroff S., et al. Virome analysis of *amblyomma americanum*, *dermacentor variabilis*, and *Ixodes scapularis* ticks reveals novel highly divergent vertebrate and invertebrate viruses // *Journal of Virology*. 2014. V. 88. N 19. P. 11480–11492. <https://doi.org/10.1128/JVI.01858-14>
27. Belhouchet M., Mohd Jaafar F., Firth A.E., Grimes J.M., Mertens P.P., Attoui H. Detection of a fourth orbivirus non-structural protein // *PLOS ONE*. 2011. V. 6. Article id: e25697. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0025697>
28. Ratnir M., Caporale M., Golder M., Franzoni G., Allan K., Nunes S.F., Armezani A., Bayoumy A., Rixon F., Shaw A., et al. Identification and characterization of a novel non-structural protein of bluetongue virus // *PLOS Pathog*. 2011. V. 7. Article id: e1002477. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1002477>
29. Mertens P.P., Brown F., Sangar D.V. Assignment of the genome segments of bluetongue virus type 1 to the proteins which they encode // *Virology*. 1984. V. 135. P. 207–217. [https://doi.org/10.1016/0042-6822\(84\)90131-4](https://doi.org/10.1016/0042-6822(84)90131-4)
30. OIE. Terrestrial Animal Health Code. URL: <https://www.oie.int/en/what-we-do/standards/codes-and-manuals/terrestrial-code-online-access/> (дата обращения: 18.04.2025)
31. Kirkland P.D., Frost M.J., Finlaison D.S., King K.R., Ridpath J.F., Gu X. Identification of a novel virus in pigs-bungowannah virus: A possible new species of pestivirus // *Virus Research*. 2007. V. 129. P. 26–34. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2007.05.002>
32. Michelitsch A., Dalmann A., Wernike K., Reimann I., Beer M. Seroprevalences of newly discovered porcine pestiviruses in german pig farms // *Veterinary Sciences*. 2019. V. 6. P. 86. <https://doi.org/10.3390/vetsci6040086>
33. Mósen A.C.S., Weber M.N., Cibulski S.P., Silva M.S., Paim W.P., Silva G.S., Medeiros A.A., Viana N.A., Baumbach L.F., Puhl D.E., et al. Survey for pestiviruses in backyard pigs in southern Brazil // *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*. 2020. V. 32. P. 136–141. <https://doi.org/10.1177/1040638719896303>
34. Yuan J., Han Z., Li J., Huang Y., Yang J., Ding H., Zhang J., Zhu M., Zhang Y., Liao J., et al. Atypical porcine pestivirus as a novel type of pestivirus in pigs in China // *Frontiers in Microbiology*. 2017. V. 8. Article id: 862. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00862>
35. Beer M., Wernike K., Dräger C., Höper D., Pohlmann A., Bergemann C., Schröder C., Klinkhammer S., Blome S., Hoffmann B. High prevalence of highly variable atypical porcine pestiviruses found in Germany // *Transboundary and Emerging Diseases*. 2017. V. 64. P. e22–e26. <https://doi.org/10.1111/tbed.12532>
36. Kartashov M.Y., Gladysheva A.V., Shalov A.N., Tupota N. L., Chernikova A. A., Ternovoi V. A., Loktev V. B. Novel Flavi-like virus in ixodid ticks and patients in Russia // *Ticks and Tick-borne Diseases*. 2023. V. 14. Article id: 102101. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2022.102101>
37. Current ICTV Taxonomy Release. URL: <https://ictv.global/taxonomy> (дата обращения: 18.04.2025)

REFERENCES

- Anderson J.F., Magnarelli L.A. Biology of ticks. *Infectious Disease Clinics of North America*, 2008, vol. 22, no. 2, pp. 195–215. <https://doi.org/10.1016/j.idc.2007.12.006>
- Guglielmone A.A., Robbins R.G., Apanaskevich D.A., Petney T.N., Estrada-Peña A., Horak I. G., Shao R., Barker S.C. The Argasidae, Ixodidae and Nuttalliellidae (Acari: Ixodida) of the world: a list of valid species names. *Zootaxa*. 2010, vol. 28, pp. 27–54.
- Kazimirova M., Thangamani S., Bartikova P., Hermance M., Holikova V., Stibraniya I., Nuttall P.A. Tick-borne viruses and biological processes at the tick-host-virus interface. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 2017, vol. 7, P. 339. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2017.00339>

4. Hermance M.E., Thangamani S. Powassan virus: An emerging arbovirus of public health concern in North America. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 2017, vol. 17, no. 7, pp. 453–462. <https://doi.org/10.1089/vbz.2017.2110>
5. Gould E.A., Solomon T. Pathogenic flaviviruses. *Lancet*, 2008, vol. 371, pp. 500–509. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(08\)60238-X](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(08)60238-X)
6. Hawman D.W., Feldmann H. Crimean-Congo haemorrhagic fever virus. *Nature reviews. Microbiology*, 2023, vol. 21, no.7, pp. 463–477. <https://doi.org/10.1038/s41579-023-00871-9>
7. Harris E.K., Foy B.D., Ebel G.D. Colorado tick fever virus: a review of historical literature and research emphasis for a modern era. *Journal of medical entomology*, 2023, vol. 60, no. 6, pp. 1214–1220. <https://doi.org/10.1093/jme/tjad094>
8. McMullan L.K., Folk S.M., Kelly A.J., MacNeil A., Goldsmith C.S., Metcalfe M.G., Batten B.C., Albarino C.G., Zaki S.R., Rollin P.E., et al. A new phlebovirus associated with severe febrile illness in Missouri. *The New England Journal of Medicine*, 2012, vol. 367, no. 9, pp. 834–841. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa1203378>
9. Zhang Y.Z., Zhou D.J., Xiong Y., Chen X.P., He Y.W., Sun Q., Yu B., Li J., Dai Y.A., Tian J.H., et al. Hemorrhagic fever caused by a novel tick-borne bunyavirus in huaiyangshan, China. *Zhonghua Liu Xing Bing Xue Za Zhi*, 2011, vol. 32, no. 3, pp. 209–220.
10. Zhang Y.Z., He Y.W., Dai Y.A., Xiong Y., Zheng H., Zhou D.J., Li J., Sun Q., Luo X.L., Cheng Y.L., et al. Hemorrhagic fever caused by a novel bunyavirus in China: Pathogenesis and correlates of fatal outcome. *Clinical Infectious Diseases*, 2012, vol. 54, pp. 527–533. <https://doi.org/10.1093/cid/cir804>
11. Yadav P.D., Whitmer S.L.M., Sarkale P., et al. Characterization of Novel Reoviruses Wad Medani Virus (Orbivirus) and Kundal Virus (Coltivirus) Collected from Hyalomma anatolicum Ticks in India during Surveillance for Crimean Congo Hemorrhagic Fever. *Journal of Virology*, 2019, vol. 93, no. 13, article id: e00106-19. <https://doi.org/10.1128/JVI.00106-19>
12. Shi J., Hu Z., Deng F., Shen S. Tick-Borne Viruses. *Virologica Sinica*, 2018, vol. 33, no. 1, pp. 21–43. <https://doi.org/10.1007/s12250-018-0019-0>
13. Zhang Y., Hu B., Agwanda B., Fang Y., Wang J., Kuria S., Yang J., Masika M., Tang S., Lichoti J., Fan Z., Shi Z., Ommeh S., Wang H., Deng F., Shen S. Viromes and surveys of RNA viruses in camel-derived ticks revealing transmission patterns of novel tick-borne viral pathogens in Kenya. *Emerging Microbes & Infections*, 2021, vol. 10, no. 1, pp. 1975–1987. <https://doi.org/10.1080/22221751.2021.1986428>
14. Kartashov M.Yu., Mikryukova T.P., Krivosheina E.I., Kuznetsov A.I., Glushkova L.I., Korabelnikov I.V., Egorova Yu.I., Ternovoi V.A., Loktev V.B. Genotyping of pathogens of tick-borne encephalitis and Kemerovo fever in taiga ticks collected in the Komi Republic. *Infection and immunity*, 2020, vol. 10, no. 1, pp. 159–166. (In Russia) <http://dx.doi.org/10.15789/2220-7619-GOT-1147>
15. Law J., Jovel J., Patterson J., Ford G., O'Keefe S., Wang W., Meng B., Song D., Zhang Y., Tian Z., Wasilenko S.T., Rahbari M., Mitchell T., Jordan T., Carpenter E., Mason A.L., Wong G.K. Identification of hepatotropic viruses from plasma using deep sequencing: a next generation diagnostic tool. *PLoS One*, 2013, vol. 8, no. 4, article id: e60595. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0060595>
16. Okonechnikov K., Golosova O., Fursov M. The UGENE team. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. *Bioinformatics*, 2012, vol. 28, no. 8, pp. 1166–1167. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts091>
17. Kumar S., Stecher G., Tamura K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 2015, vol. 33, no. 7, pp. 1870–1874. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>
18. Saitou N., Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 1987, vol. 4, no. 4, pp. 406–425. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454>
19. Confidence interval calculator. Available at: <http://www.pedro.org.au/english/downloads/confidence-interval-calculator> (accessed 18.04.2025)
20. Kodama F., Yamaguchi H., Park E., Tatemoto K. A novel nairovirus associated with acute febrile illness in Hokkaido, Japan. *Nature Communications*, 2021, vol. 12, no. 1, pp. 5539–5547. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-25857-0>
21. Nishino A., Tatemoto K., Ishijima K., Inoue Y., Park E.-S., Yamamoto T., Taira M., Kuroda Y., Virhuez-Mendoza M., Harada M., Nakamura N., Morimoto G., Yamaguchi H., Ariizumi T., Takano A., Shimoda H., Matsuno K., Maeda K. Transboundary Movement of Yezo Virus via Ticks on Migratory Birds, Japan, 2020-2021. *Emerging Infectious Diseases*, 2024, vol. 30, no. 12, pp. 2674–2678. <https://doi.org/10.3201/eid3012.240539>
22. Zhang M.-Z., Bian C., Ye R.-Z., Cui X.-M., Yao N.-N., Yang J.-H., Chu Y.-L., Su X.-L., Wu Y.-F., Ye J.-L., Liu S.-S., Shi X.-Y., Shi W., Jia N., Chen Y.-G., Zhao L., Zheng Y.-C., Zheng X.-M., Jiang J.-F., Cao W.-C. A series of patients infected with the emerging tick-borne Yezo virus in China: an active surveillance and genomic analysis. *The Lancet Infectious Diseases*, 2025, vol. 25, no. 4, pp. 390–398. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(24\)00616-9](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(24)00616-9)
23. Wang R., Wang X., Zhu J., Li H., Liu W. Effectiveness of nucleoside analogs against Wetland virus infection. *Antiviral Research*, 2025, vol. 236, article id: 106114. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2025.106114>
24. Schwarz L., Riedel C., Högl S., Sinn L.J., Voglmayr T., Wöchtel B., Dinhopf N., Rebel-Bauder B., Weissenböck H., Ladinig, A., et al. Congenital infection with atypical porcine pestivirus (APPV) is associated with disease and viral persistence. *Veterinary Research*, 2017, vol. 48, pp. 1–14. <https://doi.org/10.1186/s13567-016-0406-1>
25. Manjunatha N.B., Sushila M., Narendar S.M., Joe B., Robert T., Houssam A., Peter P.C.M. Genetic Characterization of the Tick-Borne Orbiviruses. *Viruses*, 2015, vol. 7, no. 5, pp. 2185–2209. <https://doi.org/10.3390/v7052185>
26. Tokarz R., Williams S.H., Sameroff S., et al. Virome analysis of amblyomma americanum, dermacentor variabilis, and Ixodes scapularis ticks reveals novel highly divergent vertebrate and invertebrate viruses. *Journal of Virology*, 2014, vol. 88, no. 19, pp. 11480–11492. <https://doi.org/10.1128/JVI.01858-14>
27. Belhouchet M., Mohd Jaafar F., Firth A.E., Grimes J.M., Mertens P.P., Attoui H. Detection of a fourth orbivirus non-structural protein. *PLOS ONE*, 2011, vol. 6, article id: e25697. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0025697>
28. Ratnien M., Caporale M., Golder M., Franzoni G., Allan K., Nunes S.F., Armezzani A., Bayoumy A., Rixon F., Shaw A., et al. Identification and characterization of a novel non-structural protein of bluetongue virus. *PLOS Pathog*, 2011, vol. 7, article id: e1002477. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1002477>
29. Mertens P.P., Brown F., Sangar D.V. Assignment of the genome segments of bluetongue virus type 1 to the proteins which they encode. *Virology*, 1984, vol. 135, pp. 207–217. [https://doi.org/10.1016/0042-6822\(84\)90131-4](https://doi.org/10.1016/0042-6822(84)90131-4)
30. OIE. Terrestrial Animal Health Code. Available at: <https://www.oie.int/en/what-we-do/standards/codes-and-manuals/terrestrial-code-online-access/> (accessed 18.04.2025)
31. Kirkland P.D., Frost M.J., Finlaison D.S., King K.R., Ridpath J.F., Gu X. Identification of a novel virus in pigs-bungowannah virus: A possible new species of pestivirus. *Virus Research*, 2007, vol. 129, pp. 26–34. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2007.05.002>
32. Michelitsch A., Dalmann A., Wernike K., Reimann I., Beer M. Seroprevalences of newly discovered porcine pestiviruses in german pig farms. *Veterinary Sciences*, 2019, vol. 6, pp. 86. <https://doi.org/10.3390/vetsci6040086>
33. Mósena A.C.S., Weber M.N., Cibulski S.P., Silva M.S., Paim W.P., Silva G.S., Medeiros A.A., Viana N.A., Baumbach L.F., Puhl D.E., et al. Survey for pestiviruses in backyard pigs in southern Brazil. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, 2020, vol. 32, pp. 136–141. <https://doi.org/10.1177/1040638719896303>
34. Yuan J., Han Z.; Li J., Huang Y., Yang J., Ding H., Zhang J., Zhu M., Zhang Y., Liao J., et al. Atypical porcine pestivirus as a novel type of pestivirus in pigs in China. *Frontiers in Microbiology*, 2017, vol. 8, article id: 862. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00862>
35. Beer M., Wernike K., Dräger C., Höper D., Pohlmann A., Bergermann C., Schröder C., Klinkhammer S., Blome S., Hoffmann B. High prevalence of highly variable atypical porcine pestiviruses found in Germany. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2017, vol. 64, pp. e22–e26. <https://doi.org/10.1111/tbed.12532>
36. Kartashov M.Y., Gladysheva A.V., Shvalov A.N., Tupota N.L., Chernikova A.A., Ternovoi V.A., Loktev V.B. Novel Flavi-like virus in ixodid ticks and patients in Russia. *Ticks and Tick-borne Diseases*,

2023, vol. 14, article id: .102101.
<https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2022.102101>

37. Current ICTV Taxonomy Release. Available at:
<https://ictv.global/taxonomy> (accessed 18.04.2025)

КРИТЕРИИ АВТОРСТВА

Владимир А. Терновой участвовал в написании работы, в научном дизайне, в анализе и интерпретации результатов. Александр П. Агафонов участвовал в разработке концепции, в корректуре рукописи до подачи в редакцию. Евгения П. Пономарева и Наталья Л. Тупота участвовала в экспериментальной части работы, в анализе и интерпретации результатов, в корректуре рукописи до подачи в редакцию. Михаил Ю. Карташов участвовал в экспериментальной части работы. Роман Б. Баяндин участвовал в анализе и интерпретации результатов. Марина А. Степанюк участвовала в экспериментальной части работы. Татьяна В. Трегубчак участвовала в секвенировании образцов. Все авторы в равной степени участвовали в написании рукописи и несут ответственность при обнаружении плагиата, самоплагиата или других неэтических проблем.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

AUTHOR CONTRIBUTIONS

Vladimir A. Ternovoi participated in writing the work, in scientific design and in analysis and interpretation of results. Alexander P. Agafonov participated in the development of the concept and in proofreading the manuscript before submission to the Editor. Eugenia P. Ponomareva and Natalia L. Tupota participated in the experimental part of the work, in the analysis and interpretation of results, and in proofreading the manuscript before submission to the Editor. Mikhail Yu. Kartashov participated in the experimental part of the work. Roman B. Bayandin participated in the analysis and interpretation of results. Marina A. Stepanyuk participated in the experimental part of the work. Tatyana V. Tregubchak participated in the sequencing of samples. All authors are equally participated in the writing of the manuscript and are responsible for plagiarism, self-plagiarism and other ethical transgressions.

NO CONFLICT OF INTEREST DECLARATION

The authors declare no conflict of interest.

ORCID

Владимир А. Терновой / Vladimir A. Ternovoi <https://orcid.org/0000-0003-1275-171X>
Евгения П. Пономарева / Eugenia P. Ponomareva <https://orcid.org/0000-0002-8237-457X>
Наталья Л. Тупота / Natalia L. Tupota <https://orcid.org/0000-0001-6150-370X>
Марина А. Степанюк / Marina A. Stepanyuk <https://orcid.org/0009-0002-2658-7746>
Михаил Ю. Карташов / Mikhail Yu. Kartashov <https://orcid.org/0000-0002-7857-6822>
Роман Б. Баяндин / Roman B. Bayandin <https://orcid.org/0000-0002-6460-0828>
Татьяна В. Трегубчак / Tatyana V. Tregubchak <https://orcid.org/0000-0001-9608-2044>
Александр П. Агафонов / Alexander P. Agafonov <https://orcid.org/0000-0003-2577-0434>