

DOI: 10.21055/0370-1069-2026-3-26-35

УДК 616.993:578.27

П.В. Гришина<sup>1,2</sup>, С.А. Бриллиант<sup>1</sup>, Е.В. Кузнецова<sup>1</sup>, В.А. Мищенко<sup>1,3</sup>, М.Ю. Быкова<sup>1</sup>, И.В. Вялых<sup>1</sup>**Возбудители зоонозных вирусных инфекций, циркулирующие в популяциях мелких млекопитающих: обзор современного состояния**<sup>1</sup>Федеральный научно-исследовательский институт вирусных инфекций «Вирум», Екатеринбург, Российская Федерация;<sup>2</sup>Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук, Екатеринбург, Российская Федерация; <sup>3</sup>Институт экологии растений и животных Уральского отделения Российской академии наук, Екатеринбург, Российская Федерация

Мелкие млекопитающие (грызуны, насекомоядные, рукокрылые) являются основными резервуарами широкого спектра зоонозных вирусов, включая как возбудителей трансмиссивных инфекций, передающихся через укусы кровососущих членистоногих (иксодовые клещи, комары, москиты), так и другими путями передачи (ортоханта-вирусы и др.). На территории Российской Федерации природные очаги вирусных инфекций, резервуаром которых являются мелкие млекопитающие, имеют значительное эпидемиологическое значение – ежегодно регистрируются сотни случаев заболеваний, многие из которых протекают в тяжелой форме. **Целью** обзора являлось обобщение современных данных о циркуляции вирусных зоонозных патогенов в популяциях мелких млекопитающих в природных очагах РФ и мира, а также выявление ключевых проблем эпизоотологического надзора и изучение резервуарных взаимоотношений между хозяевами, возбудителями и переносчиками. Показано, что среди зоонозных вирусов, циркулирующих с участием грызунов и насекомоядных, наряду с наиболее значимыми и широко распространенными, важное эпидемиологическое значение имеют и возвращающиеся (re-emerging) патогены, представляющие серьезную глобальную и региональную угрозу. Это представители семейств *Flaviviridae* (вирус клещевого энцефалита, вирус омской геморрагической лихорадки, вирус Киасанурской лесной болезни), *Bunyaviridae* (ортохантавирусы, вирус Крымской-Конго геморрагической лихорадки и др.), *Coronaviridae* и прочих. Отмечено, что мелкие млекопитающие выступают не только в качестве резервуарных хозяев для вирусов, но и как прокормители, обеспечивающие поддержание и рост популяций переносчиков (иксодовых и аргасовых клещей, комаров, москитов), что создает устойчивые паразитарные системы. Проблема зоонозных вирусов, циркулирующих среди мелких млекопитающих, остается остроактуальной как для РФ, так и для мирового сообщества. Анализ глобальных тенденций показывает, что инфекционные болезни животных расширяют свой ареал, причем многие из них обладают зооантропонозным потенциалом. Ключевыми драйверами этого процесса выступают изменение климата, расширение международной торговли и трансформация экосистем, что требует совершенствования эпидемиологического мониторинга и междисциплинарного подхода к оценке рисков.

**Ключевые слова:** мелкие млекопитающие, зоонозы, трансмиссивные инфекции, природные очаги, *Bunyaviridae*, *Flaviviridae*, *Coronaviridae*.

Корреспондирующий автор: Гришина Полина Владимировна, e-mail: grischina\_p\_v@niivrom.ru.

Для цитирования: Гришина П.В., Бриллиант С.А., Кузнецова Е.В., Мищенко В.А., Быкова М.Ю., Вялых И.В. Возбудители зоонозных вирусных инфекций, циркулирующие в популяциях мелких млекопитающих: обзор современного состояния. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2026; 3:26–35. DOI: 10.21055/0370-1069-2026-3-26-35

Поступила 20.05.2026. Отправлена на доработку 15.06.2026. Принята к публикации 07.07.2026.

P.V. Grishina<sup>1,2</sup>, S.A. Brilliant<sup>1</sup>, E.V. Kuznetsova<sup>1</sup>, V.A. Mishchenko<sup>1,3</sup>, M.Yu. Bykova<sup>1</sup>, I.V. Vyalykh<sup>1</sup>**Pathogens of Zoonotic Viral Infections, Circulating in Populations of Small Mammals: an Overview of the Current State**<sup>1</sup>Federal Research Institute of Viral Infections “Virom”, Yekaterinburg, Russian Federation;<sup>2</sup>Ural Federal Agrarian Research Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Yekaterinburg, Russian Federation;<sup>3</sup>Institute of Plant and Animal Ecology of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russian Federation

**Abstract.** Small mammals (rodents, insectivores, and bats) are the main reservoirs for a wide range of zoonotic viruses. These include the agents of vector-borne infections transmitted via bites of blood-sucking arthropods (ixodid ticks, mosquitoes, sand flies) and non-vector-borne infections (orthohantaviruses and others). Natural foci of viral infections, the reservoir of which are small mammals, are of primary epidemiological significance in the Russian Federation: hundreds of cases are recorded annually, many of which are severe. **The aim** of this review was to summarize current data on the circulation of viral zoonotic pathogens in small mammal populations in natural foci in the Russian Federation and worldwide, as well as to identify key issues in epizootiological surveillance and the study of reservoir relationships between hosts, pathogens, and vectors. It has been shown that among the zoonotic viruses circulating with the participation of rodents and insectivores, along with the most significant and widespread, returning (re-emerging) pathogens that pose a serious global and regional threat are also of great epidemiological importance. These are representatives of the *Flaviviridae* family (tick-borne encephalitis virus, Omsk hemorrhagic fever virus, Kyasanur forest disease virus), *Bunyaviridae* (orthohantaviruses, Crimean-Congo hemorrhagic fever virus, and others), and *Coronaviridae* families. It was noted that small mammals acted not only as reservoir hosts for viruses but also as feeders, ensuring the maintenance of populations of vectors (ixodid and argasid ticks, mosquitoes and midges), thereby creating stable parasitic systems. The issue of zoonotic viruses circulating among small mammals remains urgent for both the Russian Federation and

the global community. Analysis of global trends indicates that infectious diseases of animals are expanding their range, thereat many of them with zoonotic potential. The key drivers of this process are climate change, expansion of international trade and transformation of ecosystems, requiring improved epidemiological monitoring and an interdisciplinary approach to risk assessment.

**Key words:** small mammals, zoonoses, vector-borne infections, natural foci, *Bunyaviridae*, *Flaviviridae*, *Coronaviridae*.

**Conflict of interest:** The authors declare no conflict of interest.

**Funding:** The authors declare that there was no additional funding for this study. The work was carried out within the framework of the research topic "Study of pathogens of zoonotic viral infections circulating in populations of small mammals in natural foci" (registration number: 126021217151-7) of the industry research program of the Rospotrebnadzor.

**Corresponding author:** Polina V. Grishina, e-mail: grishina\_pv@niivrom.ru.

**Citation:** Grishina P.V., Brilliant S.A., Kuznetsova E.V., Mishchenko V.A., Bykova M.Yu., Vyalykh I.V. Pathogens of Zoonotic Viral Infections, Circulating in Populations of Small Mammals: an Overview of the Current State. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2026; 3:26–35. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2026-3-26-35

Received 20.05.2026. Revised 15.06.2026. Accepted 07.07.2026.

Grishina P.V., ORCID: <https://orcid.org/0009-0007-9611-4043>

Brilliant S.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8640-6674>

Kuznetsova E.V., ORCID: <https://orcid.org/0009-0005-0579-8765>

Mishchenko V.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4280-283X>

Bykova M.Yu., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5791-9411>

Vyalykh I.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3123-8359>

В современном мире изучение популяций мелких млекопитающих, являющихся природными резервуарами вирусных инфекций (носителями возбудителей природно-очаговых заболеваний и биоиндикаторами состояния окружающей среды), приобретает с каждым годом все большую значимость в экологии и медицине.

Согласно K. Jones et al., среди всех событий возникновения инфекционных заболеваний (EID events) зоонозы составляют 60,3 %. При этом 71,8 % зоонозных EID events связаны с дикими животными [1]. По оценкам экспертов, именно дикая природа служит основным источником новых инфекционных угроз для человека, причем в подавляющем большинстве случаев резервуарами выступают мелкие млекопитающие (грызуны, рукокрылые, насекомоядные), которые являются основными резервуарами значительного числа вирусных патогенов [2].

Высокая численность, синантропность многих видов и быстрая смена популяционных циклов делают мелких млекопитающих идеальными природными резервуарами зоонозных патогенов. Так, пандемия COVID-19 наглядно продемонстрировала, что недооценка рисков, связанных с вирусами диких животных, может приводить к катастрофическим последствиям для человечества [3].

По состоянию на май 2026 г. в базе ZOVER содержится информация о данных секвенирования генов вирусов, ассоциированных с отрядом грызунов (Rodentia). Выявленные вирусы относятся к 36 семействам. Основными носителями вирусов являются семейства мелких млекопитающих Muridae, Cricetidae и Sciuridae. Среди вирусов, выявленных у грызунов, наибольшее количество секвенирований генетических вариантов приходится на семейства *Hantaviridae* (5329; 30,5 %), *Coronaviridae* (1678; 9,6 %), *Arenaviridae* (1654; 9,5 %), *Hepeviridae* (1201; 6,9 %), *Astroviridae* (1079; 6,2 %), *Paramyxoviridae* (1058; 6,1 %), *Picobirnaviridae* (866; 5,0 %), *Picornaviridae* (853; 4,9 %), *Anelloviridae* (824; 4,7 %) и *Flaviviridae* (689; 3,9 %) [4]. При этом многие из этих семейств включают возбудителей, представляющих

серьезную угрозу для общественного здравоохранения.

Значительным вирусным разнообразием характеризуются также представители отряда рукокрылых (Chiroptera). База данных вирусов, ассоциированных с летучими мышами, по состоянию на май 2026 г. содержит информацию о 27 233 сиквенсах вирусов, относящихся к 35 вирусным семействам. Наиболее значимыми из них являются *Coronaviridae* (11342; 46,9 %), *Rhabdoviridae* (3506; 14,5 %), *Paramyxoviridae* (2222; 9,2 %), *Astroviridae* (1575; 6,5 %), *Adenoviridae* (652; 2,7 %), *Herpesviridae* (558; 2,3 %), *Picornaviridae* (531; 2,2 %), *Circoviridae* (472; 2,0 %), *Reoviridae* (465; 1,9 %) и *Polyomaviridae* (359; 1,5 %) [4].

Отряд насекомоядных (Eulipotyphla) занимает третье место по численности среди отрядов млекопитающих, его представители являются значимым резервуаром вирусных патогенов. Согласно исследованию H. Li et al., насекомоядные являются хозяевами для 941 микроорганизма, 60 % из которых составляют вирусы, преимущественно выявленные у представителей семейств землеройковых (Soricidae) и ежовых (Erinaceidae) [5].

Территория РФ характеризуется наличием многочисленных зоонозных природных очагов вирусных инфекций, что обусловлено разными ландшафтно-географическими зонами страны, видовым и численным разнообразием животных-резервуаров. Мелкие млекопитающие представляют собой весьма обширную группу наземных позвоночных, распространенных повсеместно. Они хорошо адаптированы к различным типам среды обитания и являются связующим звеном между естественными и антропогенными экосистемами.

На энзоотичных по различным инфекциям территориях отдельные виды диких мелких млекопитающих могут иметь важное эпидемиологическое значение из-за тесного контакта с человеком. Во многих случаях наблюдается сочетание природных очагов разных инфекционных агентов не только в результате их территориального совмещения, но и

вследствие наличия общих носителей и переносчиков [6]. Дикie мелкие млекопитающие, главным образом грызуны, играют центральную роль в поддержании природных очагов трансмиссивных вирусных инфекций. Они выступают в качестве резервуара вируса, в котором происходит его репликация и сохранение в популяции, а также являются прокормителями кровососущих членистоногих – переносчиков инфекций (клещей, комаров и блох).

В последние годы наблюдается тенденция к расширению ареалов иксодовых клещей-переносчиков, что связывают с изменением экологических условий и трансформацией экосистем [7, 8]. В ряде регионов документировано выявление устойчивых популяций клещей за пределами их известных ареалов, а также новые виды животных-прокормителей, что может играть важную роль в распространении «клещевых» инфекций [8]. Питаясь кровью млекопитающих, клещи могут инфицироваться (виремическая трансмиссия) на любой постэмбриональной стадии своего развития.

В фазе развития личинки и нимфы клещи в основном питаются на мелких грызунах или птицах, взрослые особи – на более крупных позвоночных. В качестве прокормителей клещей в распространении очагов клещевых инфекций важное значение имеют представители многих семейств млекопитающих и птиц. Ключевую роль играют грызуны (включая семейства Muridae, Cricetidae, Sciuridae и др.), насекомоядные (Eulipotyphla), зайцеобразные (Leporidae), а также различные виды птиц, особенно из семейства врановых (Corvidae) отряда воробьинообразных (Passeriformes) и других наземно-кормящихся, которые не только служат источником питания, но и способствуют распространению клещей. Взрослые стадии клещей часто предпочитают крупных млекопитающих, таких как копытные (Artiodactyla) и хищные (Carnivora) [9, 10].

Среди возбудителей природно-очаговых инфекций, регистрация которых в последнее время растет, особое место занимают ортохантавирусы – классические зоонозные патогены, ассоциированные с определенными видами мелких млекопитающих (рыжая, красно-серая, обыкновенная, большая полевки, полевая, восточноазиатская, кавказская мыши, серая крыса) [11]. Согласно последнему таксономическому обзору, род *Orthohantavirus* относится к подсемейству *Mammantavirinae*, семейству *Hantaviridae*, порядку *Elliovirales* и включает в себя более 30 различных вирусов [12].

Хантавирусы являются классическими представителями возбудителей природно-очаговых зоонозных инфекций, циркулирующих в популяциях мелких млекопитающих. В отличие от трансмиссивных арбовирусов, они не требуют переносчиков-членистоногих и передаются человеку преимущественно аэрогенным путем при контакте с экскрементами инфицированных грызунов. Важно отметить, что для данных вирусов характерна бессимптомная

персистенция в организме хозяина, который выделяет вирус в окружающую среду с мочой, калом и слюной [13].

В систематическом обзоре D. Fabbri et. al. обобщены современные данные о комплексе экологических факторов (популяционная динамика хозяев, структура сообществ, климатические условия), определяющих распространенность хантавирусов у мелких млекопитающих. На примере хантавирусов Европы показано, что их распространенность в популяциях мелких млекопитающих определяется комплексом экологических факторов: популяционными циклами хозяев, структурой сообществ, климатическими условиями и абиотическими факторами. Авторы подчеркивают, что, несмотря на значительный прогресс в изучении этих взаимосвязей, сохраняется ряд ключевых нерешенных вопросов, что затрудняет точную оценку рисков для здоровья человека [14].

Хантавирусы вызывают тяжелые заболевания человека (геморрагическую лихорадку с почечным синдромом в Евразии и хантавирусный кардиопульмональный синдром в Северной и Южной Америке) [13]. Филогенетический анализ демонстрирует тесную коэволюцию вирусов с их хозяевами: вирусы формируют обособленные кластеры в зависимости от принадлежности к подсемействам грызунов Murinae, Arvicolinae, Neotominae и Sigmodontinae [15–17].

В Российской Федерации геморрагическая лихорадка с почечным синдромом (ГЛПС) остается одной из самых распространенных природно-очаговых вирусных инфекций. С момента выявления ГЛПС с 1978 по 2023 г. в России зарегистрировано 297 172 случая, за 2024 г. – 3396, за 2025 г. – 4912 [18, 19]. По данным Роспотребнадзора за 2025 г., в Приволжском федеральном округе сосредоточено более 80 % от всех случаев ГЛПС в РФ [19].

Этиологическая структура ГЛПС в России представлена шестью типами хантавирусов: *Hantaan*, *Amur*, *Seoul*, *Puumala*, *Kurkino* и *Sochi*. Для *Hantaan*, *Amur*, *Seoul* и *Puumala* достоверно установлена ассоциация с определенными видами-резервуарами из семейств мышиных (Muridae) и хомяковых (Cricetidae) [11, 20]. Однако для вирусов *Kurkino* и *Sochi* эти данные требуют дальнейшего подтверждения ввиду ограниченного числа находок. Кроме того, в России выявлены и другие хантавирусы (*Adler*, *Khabarovsk*, *Taimyr*), ассоциация которых с резервуарами пока носит предварительный характер.

Среди хантавирусов, циркулирующих на территории России, наиболее изученным является вирус *Puumala*, персистирующий в популяциях рыжей полевки (*Myodes glareolus*) и выступающий основным этиологическим агентом ГЛПС в европейской части страны. На юге России с мышами рода *Apodemus* ассоциированы вирусы *Dobrava/Belgrad* (генотипы *Kurkino* и *Sochi*), с кустарниковой полевкой (*Microtus majori*) – вид *Adler*. На Дальнем

Востоке в Хабаровском крае идентифицирован вирус *Khabarovsk*, выделенный от большой полевки (*Microtus fortis*). На полуострове Таймыр от сибирских леммингов (*Lemmus sibiricus*) выделен вид *Taimyr* [11].

Важно отметить, что 97,7 % случаев ГЛПС в России вызываются вирусом *Puumala* и лишь 2,3 % приходится на остальные типы хантавирусов. Однако отмечается низкая эффективность их выделения [11].

Многолетние исследования в Калужской области (1993–2019 гг.) показали, что основными носителями хантавирусов в луго-полевых станциях являются серые полевки (*Microtus spp.*) и полевая мышь (*Apodemus agrarius*). Эти виды доминируют в структуре популяций мелких млекопитающих и обеспечивают устойчивую циркуляцию возбудителя [21].

Особый интерес представляет обнаружение животных со смешанной инфекцией (два и более патогена одновременно), что свидетельствует о возможности одновременного заражения человека несколькими возбудителями. Так, в Архангельской области в 2019 г. впервые выявлен сочетанный природный очаг лесного типа, где основными носителями возбудителей ГЛПС, туляремии и лептоспироза выступают рыжая полевка (*M. glareolus*) и обыкновенная бурозубка (*Sorex araneus*) [22].

Основным резервуаром хантавирусов в Ставропольском крае выступает обыкновенная полевка (*Microtus arvalis*), обитающая во всех ландшафтно-географических зонах региона [23].

Исследования последних лет показывают, что инфицированные хантавирусами мелкие млекопитающие способны передавать вирус не только при прямом контакте, но и через иксодовых клещей, что предполагает наличие более сложных межвидовых взаимодействий, чем считалось ранее [24].

Растущую угрозу для южных регионов России и мира представляет вирус Крымской-Конго геморрагической лихорадки / Crimean-Congo hemorrhagic fever virus (ККГЛ/ССНФВ) семейства *Nairoviridae*. Циркуляция вируса поддерживается в системе «иксодовые клещи (преимущественно рода *Hyalomma*) ↔ позвоночные животные». Исследования природных очагов проводились с 1969 г. на Керченском полуострове, где в 1972 г. вирус ККГЛ выделен из клещей *H. marginatum*. Циркуляция вируса подтверждалась многократными выделениями вируса из иксодовых клещей и от зайцев-русаков, отловленных в окрестностях г. Севастополя. Мелкие млекопитающие, а также представители семейств зайцевых (*Leporidae*) и ежовых (*Erinaceidae*) играют ключевую роль в прокормлении преимагинальных стадий клещей. Серологические исследования подтверждают контакт с вирусом у широкого круга диких и домашних животных, однако клиническая манифестация инфекции у них, как правило, отсутствует. Для ККГЛ характерна трансовариальная и транстадиальная передача вируса в популяциях клещей,

что подтверждается обнаружением специфического антигена в яйцекладках клещей *H. marginatum*. Это позволяет им выступать не только в качестве переносчиков, но и как долговременный резервуар возбудителя [25, 26].

#### **Флавивirusы и вирус клещевого энцефалита.**

Среди многочисленных семейств арбовирусов особое место занимает семейство *Flaviviridae*, включающее значительное число возбудителей опасных заболеваний человека и животных. Современные данные по систематике семейства *Flaviviridae* свидетельствуют о существенно более широком разнообразии вирусов и их хозяев, чем предполагалось ранее. В семействе *Flaviviridae* выделяют пять родов: *Orthoflavivirus* (*Flavivirus* до 2023 г.), *Guaicovirus*, *Jingmenvirus*, *Tamanavirus*, *Termitovirus*. Род *Orthoflavivirus* включает более 50 вирусов, классифицированных по антигенным группам, причем большинство из них являются арбовирусами. На основании современных филогенетических исследований 50 % флавивирусов передаются комарами, примерно 30 % – клещами, а для части вирусов переносчики не определены [27].

Масштабные метагеномные исследования последних лет выявили множество ранее неизвестных РНК-содержащих вирусов, родственных классическим флавивирусам, но с совершенно иной длиной и конфигурацией генома. Эти вирусы демонстрируют значительно расширенный круг хозяев, охватывающий различные типы беспозвоночных, включая моллюсков и стрекающих, а также растения. Результаты интегративного анализа последовательностей РНК-зависимой РНК-полимеразы (RdRP) позволили пересмотреть таксономию группы вирусов и классифицировать флавивирусы в установленный порядок *Amarillovirales*, включающий три семейства (*Flaviviridae*, *Pestiviridae* и *Hepaciviridae*) и 12 родов [28].

**Клещевые флавивirusы и их резервуарные хозяева среди мелких млекопитающих.** Среди флавивирусов особую группу представляют вирусы, передающиеся иксодовыми клещами. Филогенетический анализ разделяет их на три основные группы: связанные с млекопитающими, с морскими птицами и эволюционно обособленная линия вируса Кадам [29].

Одним из наиболее опасных патогенов человека является вирус клещевого энцефалита (ВКЭ/ТБЕВ), отличающийся высокой нейротропностью и тяжестью клинических проявлений, который часто относят к группе «больших» флавивирусных инфекций. В эту же группу, помимо ВКЭ, входят возбудители желтой лихорадки, денге, японского энцефалита, лихорадки Западного Нила и лихорадки Зика – все они характеризуются широким ареалом распространения и встречаются во многих странах мира [30].

Клещевой энцефалит (КЭ) является одной из наиболее распространенных природно-очаговых вирусных инфекций Евразии. ВКЭ циркулирует в природных биоценозах в сложной системе взаимо-

действия между переносчиками (иксодовыми клещами) и позвоночными хозяевами. На сегодняшний день клещевой энцефалит – это серьезная проблема общественного здравоохранения как на территории Российской Федерации, так и во всем мире.

Мелкие млекопитающие являются одним из трех ключевых компонентов эпизоотической цепи природных очагов зоонозных инфекций. Они выполняют две функции: служат прокормителями (источниками питания для клещей-переносчиков) и выступают в качестве природных резервуаров (естественных хозяев) возбудителей. Благодаря этому обеспечивается непрерывная циркуляция патогенов и поддержание очагов инфекций [31].

Наиболее важными резервуарными хозяевами ВКЭ являются мелкие млекопитающие, доминирующие в конкретных биотопах и играющие ключевую роль в питании преимагинальных стадий иксодовых клещей. В лесных экосистемах основными прокормителями повсеместно выступают полевки рода *Myodes* (*M. glareous*, *M. rutilus*) и бурозубки (*Sorex* spp.). При этом в европейской части России преобладают рыжая полевка (*M. glareolus*) и обыкновенная бурозубка (*S. araneus*), тогда как в азиатской части их экологические ниши занимают красная (*M. rutilus*) или красно-серая полевка (*Craseomys rufocanus*). В европейских очагах дополнительное значение имеют лесные мыши (*Sylvaeus*), а на Дальнем Востоке – полевые и восточноазиатские мыши (*Apodemus*). Данные виды характеризуются большой численностью и высокой степенью пораженности клещами, что делает их ключевыми элементами природных очагов инфекции [32].

Передача ВКЭ происходит несколькими путями: трансмиссивная передача (при укусе инфицированного клеща), трансовариальная (передача от самки клеща потомству), трансфазовая (сохранение вируса при переходе клеща между стадиями развития). Также раскрыт механизм невинемической (конфайдинг) передачи (Non-viraemic transmission, NVT) через обмен вирусом между клещами, питающимися одновременно на одном хозяине, который позволяет вирусу распространяться даже при низком уровне вирусемии у позвоночного хозяина [33].

Анализ эпизоотического процесса в 42 регионах России показывает, что ареалы ГЛПС и КЭ часто перекрываются, создавая предпосылки для формирования сочетанных очагов [34].

Клещевые флавивирuses (КФВ) ежегодно вызывают до 15 тыс. случаев заболевания в Европе, несмотря на наличие нескольких лицензированных вакцин. В эту группу близкородственных патогенов входят серокомплекс вируса клещевого энцефалита (ВКЭ/TBEV), вирус Киасанурской лесной болезни (ВКЛБ/KFDV), вирус омской геморрагической лихорадки (ВОГЛ/ОНФV), вирус Повассан (POWV), природный аттенуированный вирус Лангат (LGTV), вирус Луппинг-илл (LIV) и др. Антигенное и генетическое сходство LIV с TBEV позволяет некоторым

авторам рассматривать его как еще один субтип вируса клещевого энцефалита [35].

Вирус Повассан – единственный клещевой флавивирус, циркулирующий в Северной Америке, представлен двумя линиями: классической POWV (линия I) и вирусом оленьего клеща (линия II). У оленьих хомячков (*Peromyscus maniculatus*) обнаружена серопозитивность к POWV, что предполагает их важную роль в поддержании вируса в этом географическом регионе. Выявлена серопозитивность к вирусу POWV у лесных сурков (*Marmota monax*) и полосатых скунсов (*Mephitis mephitis*) при отсутствии клинической манифестации инфекции, при этом выделить вирус от этих животных пока не удалось [36].

В 1940-х гг. в Сибири была выявлена вирусная зоонозная природно-очаговая болезнь – омская геморрагическая лихорадка (ОГЛ), возбудитель которой принадлежит к роду *Orthoflavivirus* семейства *Flaviviridae*. Вирус омской геморрагической лихорадки относится к филогенетической ветви клещевых вирусов группы млекопитающих. Его природные очаги расположены в лесостепной ландшафтной зоне Западной Сибири (Омская, Новосибирская, Курганская и Тюменская области). Нередко ареалы этих вирусов частично перекрываются и очаги ОГЛ зачастую приурочены к тем же ландшафтам, что и очаги клещевого энцефалита [37].

Преимущественный тип передачи ВОГЛ – это контакт человека с тканями и кровью инфицированных ондатр (*Ondatra zibethicus*). Дополнительными путями передачи могут служить трансмиссивный (клещи) и водный. До сих пор не утратил своей актуальности вопрос об истинных резервуарных хозяевах ВОГЛ. Среди позвоночных чаще всего рассматривается водяная полевка (*Arvicola terrestris*); среди членистоногих – предположительно клещи рода *Dermacentor*. Известно, что в периоды энзоотий ВОГЛ изолировали от достаточно широкого круга членистоногих (иксодовые и гамазовые клещи, кровососущие комары) и позвоночных: узкочерепной полевки (*Lasiopodomys gregalis*), полевки-экономки (*M. oeconomus*), красной полевки (*M. rutilus*), полевой мыши (*A. agrarius*) и водяной полевки (*A. terrestris*) [38].

Помимо ВОГЛ, циркулирующего в Западной Сибири, к патогенным для человека флавивирусам относится и вирус геморрагической лихорадки леса Киасанур, эндемичный для Индии. Вирус Киасанурской лесной болезни передается клещами *Haemaphysalis spinigera*, а его подтипом является *Alkhurma virus* (ALKV), выделенный в Саудовской Аравии [29].

**Комариные флавивирuses и их связь с мелкими млекопитающими.** Комариные флавивирuses (MBFVs) филогенетически разделяются на две основные клады: одна передается комарами рода *Aedes* и ассоциирована с млекопитающими, другая – комарами рода *Culex* и ассоциирована с птицами.

В ходе анализа 79 опубликованных исследований выявлено 18 флавивирусов (по девять у *Aedes* и *Culex*), инфицирующих 129 видов млекопитающих. Полученные данные подтверждают, что переносчики передают MBFVs широкому кругу хозяев, и даже орнитофильные комары способны заражать млекопитающих. При этом, хотя большинство видов комаров являются универсальными в выборе хозяев, обнаружена определенная степень специфичности MBFVs [39].

Систематический обзор арбовирусов у млекопитающих Неотропики выявил 43 арбовируса у 9 отрядов млекопитающих в 11 странах. Среди флавивирусов наиболее часто регистрировались вирус Западного Нила (*Orthoflavivirus nilense*), вирус Сент-Луисского энцефалита (*Orthoflavivirus louisense*) и вирус Венесуэльского лошадиного энцефалита (*Alphavirus venezuelan*). Наибольшее количество находок арбовирусов отмечено у приматов, однако в обзоре подчеркивается, что отряды Rodentia (грызуны) и Chiroptera (рукокрылые) представляют особый интерес как потенциальные резервуарные хозяева благодаря их широкому распространению и способности адаптироваться к различным местообитаниям [40].

V. Savić et al. рассмотрели и систематизировали широкий круг ортофлавивирусов птиц, многие из которых обладают значительным зоонозным потенциалом и способны вызывать у человека заболевания различной тяжести – от легких лихорадочных состояний до тяжелых нейроинвазивных и геморрагических форм, а также способных распространяться в широких географических пределах [41]. Представителями таких вирусов являются: вирус Западного Нила (*Orthoflavivirus nilense*), WNV; вирус японского энцефалита (*Orthoflavivirus japonicum*), JEV; вирус энцефалита долины Мюррей (*Orthoflavivirus murrayense*), MVEV; вирус Усуту (*Orthoflavivirus usutuense*), USUV; вирус Ильхеус (*Orthoflavivirus ilheusense*), ILHV; вирус Сасипакорэ (*Orthoflavivirus cacipacoreense*), CPCV; Тюлений вирус (*Orthoflavivirus tyulenyense*), TYUV; Ntaya virus (*Orthoflavivirus ntayaense*), NTAV; Bagaza virus (*Orthoflavivirus bagazaense*), BAGV; Tembusu virus (*Orthoflavivirus tembusu*), TMUV; Wesselsbron virus (*Orthoflavivirus wesselsbronense*), WSLV; и другие [41].

Согласно данным систематического обзора Y. Fang et al., в Египте циркулирует не менее пяти основных вирусов, передающихся комарами (MBVs): вирус денге (DENV), вирус лихорадки Рифт-Валли (RVFV), вирус Западного Нила (WNV), вирус Чикунгунья и вирус Синдбис [42]. Данные исследований показали, что штаммы RVFV и WNV, выделенные в Египте на протяжении почти полувека, являются монофилетическими, что свидетельствует об их длительной и активной циркуляции на территории страны. При этом отмечается рост серопозитивности к DENV и WNV в последние годы. В обзор

ре представлены данные, согласно которым грызуны рассматриваются как потенциальные резервуарные хозяева. Так, у черных крыс (*Rattus rattus*) с высокой частотой были обнаружены антитела к вирусу лихорадки Рифт-Валли (RVFV) [42].

Таким образом, флавивирусы и другие арбовирусы, циркулирующие в популяциях мелких млекопитающих, представляют значительную и динамично развивающуюся область исследований. Современные данные по систематике семейства *Flaviviridae* свидетельствуют о существенно более широком разнообразии вирусов и их хозяев, чем предполагалось ранее. Грызуны родов *Myodes*, *Apodemus*, *Microtus*, *Arvicola*, *Peromyscus*, *Rattus*, *Chiroptera* и *Arvicanthis* выступают установленными или предполагаемыми резервуарами ряда клещевых и комариных флавивирусов в Евразии, Северной Америке и Африке.

#### **Коронавирусы мелких млекопитающих.**

Коронавирусы обнаружены у многих видов мелких млекопитающих. В Юньнани у двух семейств млекопитающих выявлены вирусы *Lucheng Rn rat coronavirus* и *ArcCoV-JC34*, классифицируемые как VOER (вирусы с потенциальной межвидовой передачей), способные распространяться среди филогенетически отдаленных хозяев, что свидетельствует об их способности к межвидовой передаче [43].

У грызунов идентифицированы коронавирусы, относящиеся к подроду *Embecovirus* рода *Betacoronavirus* (близкие к вирусу гепатита мышей), а также α-коронавирусы у представителей грызунов семейства Cricetidae [2].

В 2020 г. открыты SARS-подобные коронавирусы (Khosta-1 и Khosta-2) у двух видов летучих мышей рода *Rhinolophidae* (подковоносов) в Краснодарском крае РФ и изучены их полноразмерные геномы [44].

**Современные метагеномные исследования вирусного разнообразия у мелких млекопитающих.** Прорывные результаты получены в ходе масштабного метагеномного исследования в Китае (провинция Юньнань), где обследовано 1688 особей мелких млекопитающих 38 видов из 428 локаций. Идентифицировано 162 вида вирусов млекопитающих, относящихся к 23 семействам, включая 116 РНК-содержащих вирусов из 16 семейств и 41 ДНК-вирус, из них 102 вируса отнесены к новым видам. Среди выявленных вирусов 24 были классифицированы как вирусы с риском эмерджентности (*Viruses of emergence risk*, VOER) на основании их филогенетического родства с известными патогенами человека и/или способности к межвидовой передаче. Особую тревогу вызывают обнаруженные новые ортонайровирусы (*Orthonairovirus*, *Yunnan shrew orthonairovirus 1* и *2*), филогенетически близкие к вирусу Крымской-Конго геморрагической лихорадки, а также новый флебовирус (*Phlebovirus*), родственный вирусу лихорадки Рифт-Валли [43].

Другое исследование, охватившее 2175 животных из Южного и Юго-Западного Китая, выявило 328 вирусов, из которых 167 ранее не описывались.

У грызунов (Rodentia) обнаружено 20 семейств вирусов, у насекомоядных (Eulipotyphla) – 15, у рукокрылых (Chiroptera) – 19 [2].

В России метагеномные исследования пока менее масштабны, однако получены важные данные по виروмам насекомоядных. У ежей (*Erinaceus* sp.) из европейской части России впервые обнаружены β-коронавирусы (*Erinaceus coronaviruses*) и маммаренавирусы (*Mammarenavirus*). Выявлено одновременное носительство двух различных штаммов коронавируса EriCoV. Оба штамма принадлежат к той же филогенетической кладе, что и другие коронавирусы европейских ежей. Парный сравнительный анализ показал, что один из этих двух штаммов возник в результате рекомбинации с неизвестным коронавирусом. Особого внимания заслуживает обнаружение маммаренавирусов у спящих ежей, содержащихся в контролируемых условиях без контакта друг с другом. Это указывает на возможность персистентной аренавирусной инфекции у ежей [45].

Метагеномные исследования позволяют количественно оценить вклад различных факторов в вирусное разнообразие. Согласно данным из Юньнани, видовая принадлежность хозяина объясняет 25,7 % различий в составе вирома, а экологические особенности – 10,27 %. Около 14,3 % идентифицированных вирусов демонстрируют способность к передаче между разными видами хозяев [43]. В исследовании X. Cui et al. выявлена потенциальная межвидовая передача парамиксовирусов, астровирусов, а также ДНК-вирусов (псевдобешенства, цирковирусов свиней 2-го и 3-го типа, парвовирусов) между дикими и домашними животными [2].

Таким образом, изучение циркуляции возбудителей в природных очагах и их потенциальных резервуаров, мелких млекопитающих, остается важной задачей для предотвращения вспышек заболеваний среди населения. Основными семействами вирусов, ассоциированных с мелкими млекопитающими и потенциально опасными для человека, являются *Hantaviridae*, *Flaviviridae*, *Nairoviridae*, *Coronaviridae* и др.

Циркуляция арбовирусов в популяциях мелких млекопитающих определяется сложным взаимодействием вируса, переносчика, хозяина и факторов окружающей среды. Мелкие млекопитающие являются основными резервуарами для сохранения и передачи вирусов как на территории РФ, так и в мире. В связи с высокой адаптацией к различным средам обитания мелкие млекопитающие являются связующим звеном между естественными и искусственными экосистемами. Антропогенное влияние на места их обитания повышает вероятность межвидовой передачи. Данный факт подтверждает, что для понимания циркуляции вирусов необходимо учитывать особенности экологии животных-резервуаров.

Проведенный анализ данных подтверждает, что в последние годы сохраняется сложная эпидемиологическая обстановка по природно-очаговым зооноз-

ным вирусным инфекциям в РФ и в мире, что делает эпизоотологический мониторинг популяций мелких млекопитающих ключевым элементом эпидемиологического надзора за этими инфекциями.

**Конфликт интересов.** Авторы подтверждают отсутствие конфликта финансовых/нефинансовых интересов, связанных с написанием статьи.

**Финансирование.** Авторы заявляют об отсутствии дополнительного финансирования при проведении данного исследования. Исследование выполнено в рамках темы НИР «Изучение возбудителей зоонозных вирусных инфекций, циркулирующих в популяциях мелких млекопитающих в природных очагах» (номер регистрации: 126021217151-7) отраслевой научно-исследовательской программы Роспотребнадзора.

### Список литературы

1. Jones K.E., Patel N.G., Levy M.A., Storeygard A., Balk D., Gittleman J.L., Daszak P. Global trends in emerging infectious diseases. *Nature*. 2008; 451(7181):990–3. DOI: 10.1038/nature06536.
2. Cui X., Fan K., Liang X., Gong W., Chen W., He B., Chen X., Wang H., Wang X., Zhang P., Lu X., Chen R., Lin K., Liu J., Zhai J., Liu D.X., Shan F., Li Y., Chen R.A., Meng H., Li X., Mi S., Jiang J., Zhou N., Chen Z., Zou J.J., Ge D., Yang Q., He K., Chen T., Wu Y.J., Lu H., Irwin D.M., Shen X., Hu Y., Lu X., Ding C., Guan Y., Tu C., Shen Y. Virus diversity, wildlife-domestic animal circulation and potential zoonotic viruses of small mammals, pangolins and zoo animals. *Nat. Commun.* 2023; 14(1):2488. DOI: 10.1038/s41467-023-38202-4.
3. Куличенко А.Н., Малецкая О.В., Саркисян Н.С., Волькина А.С. COVID-19 как зоонозная инфекция. *Инфекция и иммунитет*. 2021; 11(4):617–23. DOI: 10.15789/2220-7619-CAA-1621.
4. Live data statistics of currently identified viruses in ZOVER. [Электронный ресурс]. URL: [https://www.mgc.ac.cn/cgi-bin/ZOVER/statistics\\_overview.cgi](https://www.mgc.ac.cn/cgi-bin/ZOVER/statistics_overview.cgi) (дата обращения: 24.06.2026).
5. Li H., Huang Z.Y.X., Lan J., Hu L., Wei X., Wang Y., Li X., Li Y., Becker D.J., Wei F., Xu Y. Diversity and transmission and zoonotic potential of microbes in true insectivores. *Nat. Commun.* 2025; 16(1):6709. DOI: 10.1038/s41467-025-61835-6.
6. Коваленко И.С., Зинич Л.С., Якушин С.Н., Полуэктова О.А., Раменская О.Ю., Афонина А.Н., Тихонов С.Н. Результаты эпизоотологического мониторинга мелких млекопитающих в Крыму за период 2015–2017 гг. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2018; (2):57–61. DOI: 10.21055/0370-1069-2018-2-57-61.
7. Da Re D., Gilson G.F., Dalaiden Q., Goosse H., Bødker R., Kjaer L.J., Ogden N.H., Rosa R., Vanwambeke S.O. Northward expansion of the thermal limit for the tick *Ixodes ricinus* over the past 40 years. *Parasit Vectors*. 2025; 18(1):449. DOI: 10.1186/s13071-025-07084-4.
8. Vaschalde P.J., Barolin J., Monje L.D., Flores F.S. Established populations of *Ixodes silvanus* (Acari: Ixodidae) in the Chaco Serrano, Argentina. *Exp. Appl. Acarol.* 2024; 94(1):12. DOI: 10.1007/s10493-024-00983-8.
9. Pitó A., Fedorov D., Brlik V., Kotschán J., Keve G., Sandor A.D., Takács N., Hornok S. East-to-west dispersal of bird-associated ixodid ticks in the northern Palaearctic: Review of already reported tick species according to longitudinal migratory avian hosts and first evidence on the genetic connectedness of *Ixodes apronophorus* between Siberia and Europe. *Curr. Res. Parasitol. Vector Borne Dis.* 2024; 6:100201. DOI: 10.1016/j.crpvbd.2024.100201.
10. Kazimírová M., Mangová B., Chvostáč M., Didyk Y.M., de Alba P., Mira A., Purgatová S., Selyemová D., Rusňáková Taragelová V., Schnittger L. The role of wildlife in the epidemiology of tick-borne diseases in Slovakia. *Curr. Res. Parasitol. Vector Borne Dis.* 2024; 6:100195. DOI: 10.1016/j.crpvbd.2024.100195.100195.
11. Ткаченко Е.А., Дзагурова Т.К., Бернштейн А.Д., Коротина Н.А., Окулова Н.М., Мутных Е.С., Иванов А.П., Ишмухаметов А.А., Юничева Ю.В., Пилюкова О.М., Морозов В.Г., Транквиловский Д.В., Городин В.Н., Бахтина В.А., Соцкова С.Е. Геморрагическая лихорадка с почечным синдромом (история, проблемы и перспективы изучения). *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2016; 15(3):23–34. DOI: 10.3163/12073-3046-2016-15-3-23-34.
12. Current ICTV Taxonomy Release. [Электронный ресурс]. URL: <https://ictv.global/taxonomy> (дата обращения: 01.04.2026).

13. Shehata A.A., Parvin R., Tasnim S., Duarte P.M., Rodriguez-Morales A.J., Basiouni S. The hidden threat: rodent-borne viruses and their impact on public health. *Viruses*. 2025; 17(6):809. DOI: 10.3390/v17060809.
14. Fabbri D., Mirolo M., Tagliapietra V., Ludlow M., Osterhaus A., Beraldo P. Ecological determinants driving orthohantavirus prevalence in small mammals of Europe: a systematic review. *One Health Outlook*. 2025; 7(1):15. DOI: 10.1186/s42522-025-00136-w.
15. Hughes A.L., Friedman R. Evolutionary diversification of protein-coding genes of hantaviruses. *Mol. Biol. Evol.* 2000; 17(10):1558–68. DOI: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a026254.
16. Янагихара Р. [Реконструкция эволюционной истории хантавирусов]. *Acta Biomedica Scientifica*. 2012; 5(1):158–62.
17. Guterres A., de Oliveira R.C., Fernandes J., de Lemos E.R.S. The mystery of the phylogeographic structural pattern in rodent-borne hantaviruses. *Mol. Phylogenet. Evol.* 2019; 136:35–43. DOI: 10.1016/j.ympev.2019.03.020.
18. Савицкая Т.А., Иванова А.В., Зубова А.А., Решетникова И.Д., Исаева Г.Ш., Трифонов В.А., Маггеррамов Ш.В., Марцоха К.С., Транквилевский Д.В. Хантавирусные болезни: обзор эпидемиологической ситуации в мире. Анализ эпидемиологической ситуации по геморрагической лихорадке с почечным синдромом в Российской Федерации в 2023 г. и прогноз на 2024 г. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2024; (1):113–24. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-113-124.
19. О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2025 году: Государственный доклад. М.: Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека; 2026. 407 с.
20. Avšič-Županc T., Saksida A., Korva M. Hantavirus infections. *Clin. Microbiol. Infect.* 2019; 21S:e6–e16. DOI: 10.1111/1469-0691.12291.
21. Корзинов В.А., Васильева О.Л., Рогуленко А.В., Винникова О.Н., Овсянникова Л.В. Структура населения мелких млекопитающих в закрытых луго-полевых стациях и их эпизоотическое значение на юге нечернозёмного центра. *Дезинфекционное дело*. 2020; (1):68–78. DOI: 10.35411/2076-457X-2020-1-68-78.
22. Михайлова Т.В., Емельянова Л.Г., Подобедова Я.С., Демидова Т.Н., Кормилицына М.И., Семихин А.С., Амирханян А.В., Шарапова Н.Е., Савельева О.В., Попова Ю.В. Сочетанные очаги туляремии, лептоспирозов и геморрагической лихорадки с почечным синдромом на юге Архангельской области. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2022; 21(4):60–9. DOI: 10.31631/2073-3046-2022-21-4-60-69.
23. Василенко Н.Ф., Прилегина Д.А., Цапко Н.В., Вольныкина А.С., Семенко О.В., Ашибоков У.М., Тохов Ю.М., Малецкая О.В., Куличенко А.Н. Современное состояние популяции позвоночных животных и их роль в поддержании природных очагов зоонозов на территории Ставропольского края. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2021; (4):54–61. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-4-54-61.
24. Результаты вирусологических и молекулярно-биологических исследований материала от животных на наличие известных вирусов, вызывающих трансмиссивные и зооантропонозные инфекции, а также новых и вновь появляющихся на территории Российской Федерации вирусов, проведенных в ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора за период с января 2021 года по декабрь 2023 года: Письмо Роспотребнадзора от 10.01.2024 № 02/119-2024-32 «Об обзоре и прогнозе активности природных очагов инфекционных болезней в Российской Федерации». Приложение 2. [Электронный ресурс]. URL: <https://base.garant.ru/409589485/56ace36fc84d31bc2f9c0b07177fa16a9/> (дата обращения: 01.04.2026).
25. Celina S.S., Italiya J., Tekkara A.O., Černý J. Crimean-Congo haemorrhagic fever virus in ticks, domestic, and wild animals. *Front. Vet. Sci.* 2025; 11:1513123. DOI: 10.3389/fvets.2024.1513123.
26. Зинич Л.С., Шварсалон Н.К., Коваленко И.С., Якунин С.Н., Пидченко Н.Н., Баринаова О.Ю., Шапошников Л.И., Котенев Е.С., Малецкая О.В., Куличенко А.Н., Тихонов С.Н. Опыт и результаты обследования очагов Крымской геморрагической лихорадки на территории Крыма. *Здоровье населения и среда обитания*. 2016; (2):24–8.
27. Рупрехт Ч.Е. Рецензия на кн.: Lvov D.K., Shchelkanov M.Y., Alkhovsky S.V., Deryabin P.G. Zoonotic Viruses of Northern Eurasia: Taxonomy and Ecology. Academic Press, New York; 2014. 452 p. *Вопросы вирусологии*. 2017; 62(1):45–7. DOI: 10.18821/0507-4088-2017-62-1-45-47.
28. Simmonds P., Butković A., Grove J., Mayne R., Mifsud J.C.O., Beer M., Bukh J., Drexler J.F., Kapoor A., Lohmann V., Smith D.B., Stapleton J.T., Vasilakis N., Kuhn J.H. Integrated analysis of protein sequence and structure redefines viral diversity and the taxonomy of the *Flaviviridae*. *bioRxiv [Preprint]*. 2025; 2025.01.17.632993. DOI: 10.1101/2025.01.17.632993.
29. Kazimírová M., Thangamani S., Bartíková P., Hermance M., Holíková V., Štíbránová I., Nuttall P.A. Tick-borne viruses and biological processes at the tick-host-virus interface. *Front. Cell. Infect. Microbiol.* 2017; 7:339. DOI: 10.3389/fcimb.2017.00339.
30. Локтев В., Карташов М. Флавивирусы: новые, старые и будущие угрозы. *Наука из первых рук*. 2024; 2(100). [Электронный ресурс]. URL: [https://elementy.ru/nauchno-populyarnaya\\_biblioteka/437320/Flavivirussy\\_novye\\_starye\\_i\\_budushchie\\_ugrozy\\_\(data\\_obrasheniya:\\_01.04.2026\)](https://elementy.ru/nauchno-populyarnaya_biblioteka/437320/Flavivirussy_novye_starye_i_budushchie_ugrozy_(data_obrasheniya:_01.04.2026)).
31. Nicholson W.L., Sonenshine D.E., Noden B.H., Brown R.N. Ticks (Ixodida). In: Mullen G.R., Durden L.A., editors. *Medical and Veterinary Entomology*. 3rd ed. London: Academic Press (an imprint of Elsevier); 2019. P. 603–72.
32. Ткаченко Е.А., Дзагурова Т.К., Транквилевский Д.В., Колясников Н.М., Попова Ю.В., Теодорович Р.Д., Ворович М.Ф., Курашова С.С., Ткаченко П.Е., Балкина А.С., Белякова А.В., Ишмухаметов А.А. Прикладные и теоретические аспекты экологии возбудителей геморрагической лихорадки с почечным синдромом и клещевого энцефалита. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2024; 23(4):4–11. DOI: 10.31631/2073-3046-2024-23-4-4-11.
33. Havliková S., Ličková M., Klempa B. Non-viraemic transmission of tick-borne viruses. *Acta Virol.* 2013; 57(2):123–9. DOI: 10.4149/av-2013\_02\_123.
34. Дзагурова Т.К., Ткаченко Е.А., Транквилевский Д.В., Колясников Н.М., Теодорович Р.Д., Курашова С.С., Ворович М.Ф., Ткаченко П.Е., Балкина А.С., Егорова М.С., Попова Ю.В., Белякова А.В., Ишмухаметов А.А. Эпидемиологический анализ заболеваемости геморрагической лихорадкой с почечным синдромом и клещевым энцефалитом в Российской Федерации. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2024; 23(5):84–91. DOI: 10.31631/2073-3046-2024-23-5-84-91.
35. Kemenesi G., Bányai K. Tick-borne flaviviruses, with a focus on powassan virus. *Clin. Microbiol. Rev.* 2018; 32(1):e00106-17. DOI: 10.1128/CMR.00106-17.
36. Mlera L., Bloom M.E. The role of mammalian reservoir hosts in tick-borne flavivirus biology. *Front. Cell. Infect. Microbiol.* 2018; 8:298. DOI: 10.3389/fcimb.2018.00298.
37. Kovalev S.Y., Mazurina E.A. Omsk hemorrhagic fever virus is a tick-borne encephalitis virus adapted to muskrat through host-jumping. *J. Med. Virol.* 2022; 94(6):2510–18. DOI: 10.1002/jmv.27581.
38. Платонов А.Е., Ciccozzi M., Карань Л.С., Якименко В.В., Lo Presti A., Rezza G. Современные методы изучения филогенеза вирусов (на примере вируса Омской геморрагической лихорадки). *Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы*. 2014; (2):57–64.
39. Sotomayor-Bonilla J., Tolsá-García M.J., García-Peña G.E., Santiago-Alarcon D., Mendoza H., Alvarez-Mendizabal P., Rico-Chávez O., Sarmiento-Silva R.E., Suzán G. Insights into the host specificity of mosquito-borne flaviviruses infecting wild mammals. *Ecohealth*. 2019; 16(4):726–33. DOI: 10.1007/s10393-019-01442-2.
40. García-Romero C., Carrillo Bilbao G.A., Navarro J.C., Martín-Solano S., Saegerman C. Arboviruses in mammals in the neotropics: A systematic review to strengthen epidemiological monitoring strategies and conservation. *Viruses*. 2023; 15(2):417. DOI: 10.3390/v15020417.
41. Savić V., Barbić L., Bogdanić M., Rončević I., Klobučar A., Medić A., Vilibić-Čavlek T. Zoonotic orthoflaviviruses related to birds: A literature review. *Microorganisms*. 2025; 13(7):1590. DOI: 10.3390/microorganisms13071590.
42. Fang Y., Khater E.I.M., Xue J.B., Ghallab E.H.S., Li Y.Y., Jiang T.G., Li S.Z. Epidemiology of mosquito-borne viruses in Egypt: A systematic review. *Viruses*. 2022; 14(7):1577. DOI: 10.3390/v14071577.
43. Feng Y., Kuang G., Pan Y., Wang J., Yang W., Wu W.C., Pan H., Wang J., Han X., Yang L., Xin G.Y., Shan Y.T., Gou Q.Y., Liu X., Guo D., Liang G., Holmes E.C., Gao Z., Shi M. Small mammals in a biodiversity hotspot harbor viruses of emergence risk. *Natl Sci. Rev.* 2024; 12(6):nwae463. DOI: 10.1093/nsr/nwae463.
44. Alkhovsky S., Lenshin S., Romashin A., Vishnevskaya T., Vyshemirsky O., Bulycheva Yu., Lvov D., Gitelman A. SARS-like coronaviruses in horseshoe bats (*Rhinolophus* spp.) in Russia, 2020. *Viruses*. 2022; 14(1):113. DOI: 10.3390/v14010113.
45. Lukina-Gronskaya A.V., Chudinov I.K., Korneenko E.V., Mashkova S.D., Semashko T.A., Sinkova M.A., Penkin L.N., Litvinova E.M., Feoktistova N.Yu., Speranskaya A.S. Novel coronaviruses and mammarenaviruses of hedgehogs from Russia including the comparison of viral communities of hibernating and active specimens. *Front. Vet. Sci.* 2024; 11:1486635. DOI: 10.3389/fvets.2024.1486635.

## References

1. Jones K.E., Patel N.G., Levy M.A., Storeygard A., Balk D., Gittleman J.L., Daszak P. Global trends in emerging infectious diseases. *Nature*. 2008; 451(7181):990–3. DOI: 10.1038/nature06536.
2. Cui X., Fan K., Liang X., Gong W., Chen W., He B., Chen X., Wang H., Wang X., Zhang P., Lu X., Chen R., Lin K., Liu J., Zhai

- J., Liu D.X., Shan F., Li Y., Chen R.A., Meng H., Li X., Mi S., Jiang J., Zhou N., Chen Z., Zou J.J., Ge D., Yang Q., He K., Chen T., Wu Y.J., Lu H., Irwin D.M., Shen X., Hu Y., Lu X., Ding C., Guan Y., Tu C., Shen Y. Virus diversity, wildlife-domestic animal circulation and potential zoonotic viruses of small mammals, pangolins and zoo animals. *Nat. Commun.* 2023; 14(1):2488. DOI: 10.1038/s41467-023-38202-4.
3. Kulichenko A.N., Maletskaia O.V., Sarkisyan N.S., Volynkina A.S. [COVID-19 as a zoonotic infection]. *Infektsiya i Immunitet [Russian Journal of Infection and Immunity]*. 2021; 11(4):617–23. DOI: 10.15789/2220-7619-CAA-1621.
4. Live data statistics of currently identified viruses in ZOVER. (Cited 24 June 2026). [Internet]. Available from: [https://www.mgc.ac.cn/cgi-bin/ZOVER/statistics\\_overview.cgi](https://www.mgc.ac.cn/cgi-bin/ZOVER/statistics_overview.cgi).
5. Li H., Huang Z.Y.X., Lan J., Hu L., Wei X., Wang Y., Li X., Li Y., Becker D.J., Wei F., Xu Y. Diversity and transmission and zoonotic potential of microbes in true insectivores. *Nat. Commun.* 2025; 16(1):6709. DOI: 10.1038/s41467-025-61835-6.
6. Kovalenko I.S., Zinich L.S., Yakunin S.N., Poluektova O.A., Ramenskaya O.Yu., Afonina A.N., Tikhonov S.N. [Results of epizootiological monitoring of small mammals habitant in Crimea over the period of 2015–2017]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2018; (2):57–61. DOI: 10.21055/0370-1069-2018-2-57-61.
7. Da Re D., Gilson G.F., Dalaiden Q., Goosse H., Bødker R., Kjær L.J., Ogden N.H., Rosa R., Vanwambeke S.O. Northward expansion of the thermal limit for the tick *Ixodes ricinus* over the past 40 years. *Parasit Vectors.* 2025; 18(1):449. DOI: 10.1186/s13071-025-07084-4.
8. Vaschalde P.J., Barolin J., Monje L.D., Flores F.S. Established populations of *Ixodes silvanus* (Acari: Ixodidae) in the Chaco Serrano, Argentina. *Exp. Appl. Acarol.* 2024; 94(1):12. DOI: 10.1007/s10493-024-00983-8.
9. Pitó A., Fedorov D., Brlik V., Kontschán J., Keve G., Sandor A.D., Takács N., Hornok S. East-to-west dispersal of bird-associated ixodid ticks in the northern Palaearctic: Review of already reported tick species according to longitudinal migratory avian hosts and first evidence on the genetic connectedness of *Ixodes apronophorus* between Siberia and Europe. *Curr. Res. Parasitol. Vector Borne Dis.* 2024; 6:100201. DOI: 10.1016/j.crpvbd.2024.100201.
10. Kazimírová M., Mangová B., Chvostáč M., Didyk Y.M., de Alba P., Mira A., Purgatová S., Selyemová D., Rusňáková Taragelová V., Schnittger L. The role of wildlife in the epidemiology of tick-borne diseases in Slovakia. *Curr. Res. Parasitol. Vector Borne Dis.* 2024; 6:100195. DOI: 10.1016/j.crpvbd.2024.100195.100195.
11. Tkachenko E.A., Dzagurova T.K., Bernshtein A.D., Korotina N.A., Okulova N.M., Mutnykh E.S., Ivanov A.P., Ishmukhametov A.A., Yunicheva Yu.V., Pilikova O.M., Morozov V.G., Trankvilevsky D.V., Gorodin V.N., Bakhtina V.A., Sotskova S.E. [Hemorrhagic fever with renal syndrome (history, problems and research prospects)]. *Epidemiologiia i Vaktsinoprofilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2016; 15(3):23–34. DOI: 10.31631/2073-3046-2016-15-3-23-34.
12. Current ICTV Taxonomy Release. (Cited 1 Apr 2026). [Internet]. Available from: <https://ictv.global/taxonomy>.
13. Shehata A.A., Parvin R., Tasnim S., Duarte P.M., Rodriguez-Morales A.J., Basiouni S. The hidden threat: rodent-borne viruses and their impact on public health. *Viruses.* 2025; 17(6):809. DOI: 10.3390/v17060809.
14. Fabbri D., Mirolo M., Tagliapietra V., Ludlow M., Osterhaus A., Beraldo P. Ecological determinants driving orthohantavirus prevalence in small mammals of Europe: a systematic review. *One Health Outlook.* 2025; 7(1):15. DOI: 10.1186/s42522-025-00136-w.
15. Hughes A.L., Friedman R. Evolutionary diversification of protein-coding genes of hantaviruses. *Mol. Biol. Evol.* 2000; 17(10):1558–68. DOI: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a026254.
16. Yanagihara R. Reconstructing the evolutionary history of hantaviruses. *Acta Biomedica Scientifica.* 2012; 5(1):158–62.
17. Guterres A., de Oliveira R.C., Fernandes J., de Lemos E.R.S. The mystery of the phylogeographic structural pattern in rodent-borne hantaviruses. *Mol. Phylogenet. Evol.* 2019; 136:35–43. DOI: 10.1016/j.ympev.2019.03.020.
18. Savitskaya T.A., Ivanova A.V., Zubova A.A., Reshetnikova I.D., Isaeva G.Sh., Trifonov V.A., Magerramov Sh.V., Martsohka K.S., Trankvilevsky D.V. [Hantavirus infections: review of the epidemiological situation around the world. Analysis of the epidemiological situation on hemorrhagic fever with renal syndrome in the Russian Federation in 2023 and forecast of its development for 2024]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2024; (1):113–24. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-113-124.
19. [The State of the Sanitary and Epidemiological Well-Being of the Population in the Russian Federation in 2025: State Report]. Moscow: Federal Service for Surveillance on Consumers Rights Protection and Human Wellbeing; 2026. 407 p.
20. Avšič-Zupanc T., Saksida A., Korva M. Hantavirus infections. *Clin. Microbiol. Infect.* 2019; 21S:e6–e16. DOI: 10.1111/1469-0691.12291.
21. Korzikov V.A., Vasilyeva O.L., Rogulenko A.V., Vinnikova O.N., Ovsiyannikova L.V. [Population structure of small mammals in closed meadow-field stations and their epizootic significance in the south of the non-chernozem center]. *Dezinfektsionnoe Delo [Disinfection Affairs]*. 2020; (1):68–78. DOI: 10.35411/2076-457X-2020-1-68-78.
22. Mikhailova T.V., Emelyanova L.G., Podobedova Ya.S., Demidova T.N., Kormilicyna M.I., Semixin A.S., Amirkhanyan A.V., Sharapova N.E., Savel'eva O.V., Popova Yu.V. [Combined foci of tularemia, leptospirosis, and hemorrhagic fever with renal syndrome in the south of the Arkhangelsk Region]. *Epidemiologiia i Vaktsinoprofilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2022; 21(4):60–9. DOI: 10.31631/2073-3046-2022-21-4-60-69.
23. Vasilenko N.F., Prislekina D.A., Tsapko N.V., Volynkina A.S., Semenok O.V., Ashibokov U.M., Tokhov Yu.M., Maletskaia O.V., Kulichenko A.N. [The current state of the vertebrate animals populations and their role in the persistence of natural zoonoses foci in the Stavropol Territory]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2021; (4):54–61. DOI: 10.21055/0370-1069-2021-4-54-61.
24. [Results of virological and molecular-biological studies of animal samples for the presence of known viruses that cause transmissible and zoonotic infections, as well as emerging and re-emerging viruses in the Russian Federation, conducted at the Federal Budgetary Institution of Science “State Scientific Center of Virology and Biotechnology “Vector” of the Rospotrebnadzor” for the period from January 2021 to December 2023. Letter of the Rospotrebnadzor dated January 10, 2024 No. 02/119-2024-32 “On the review and forecast of the activity of natural foci of infectious diseases in the Russian Federation”. Supplement 2]. (Cited 1 Apr 2026). [Internet]. Available from: <https://base.garant.ru/409589485/56ae36fc84d31bc2f9c0b07177fa16a9/>.
25. Celina S.S., Italiya J., Tekkara A.O., Černý J. Crimean-Congo haemorrhagic fever virus in ticks, domestic, and wild animals. *Front. Vet. Sci.* 2025; 11:1513123. DOI: 10.3389/fvets.2024.1513123.
26. Zinich L.S., Shvarsalon N.K., Kovalenko I.S., Yakunin S.N., Pidchenko N.N., Barinova O.Yu., Shaposhnikova L.I., Kotenev E.S., Maletskaia O.V., Kulichenko A.N., Tikhonov S.N. [Experience and results of survey of Crimean hemorrhagic fever foci in the territory of Crimea]. *Zdorovie Naseleniya i Sreda Obitaniya [Public Health and Life Environment]*. 2016; (2):24–8.
27. Rupprecht C.E. [Review of the book: Lvov D.K., Shchelkanov M.Y., Alkhovsky S.V., Deryabin P.G. Zoonotic Viruses of Northern Eurasia: Taxonomy and Ecology. Academic Press, New York; 2014. 452 p.]. *Problemy Virologii [Problems of Virology]*. 2017; 62(1):45–7. DOI: 10.18821/0507-4088-2017-62-1-45-47.
28. Simmonds P., Butković A., Grove J., Mayne R., Mifsud J.C.O., Beer M., Bukh J., Drexler J.F., Kapoor A., Lohmann V., Smith D.B., Stapleton J.T., Vasilakis N., Kuhn J.H. Integrated analysis of protein sequence and structure redefines viral diversity and the taxonomy of the *Flaviviridae*. *bioRxiv [Preprint]*. 2025; 2025.01.17.632993. DOI: 10.1101/2025.01.17.632993.
29. Kazimírová M., Thangamani S., Bartíková P., Hermance M., Holíková V., Stibrániová I., Nuttall P.A. Tick-borne viruses and biological processes at the tick-host-virus interface. *Front. Cell. Infect. Microbiol.* 2017; 7:339. DOI: 10.3389/fcimb.2017.00339.
30. Loktev V., Kartashov M. [Flaviviruses: new, old and future threats]. *Nauka iz Pervykh Ruk [First-hand Science]*. 2024; 2(100). (Cited 1 Apr 2026). [Internet]. Available from: [https://elementy.ru/nauchno-populyarnaya\\_biblioteka/437320/Flavivirussy\\_novye\\_staraye\\_i\\_budushchie\\_ugrozy](https://elementy.ru/nauchno-populyarnaya_biblioteka/437320/Flavivirussy_novye_staraye_i_budushchie_ugrozy).
31. Nicholson W.L., Sonenshine D.E., Noden B.H., Brown R.N. Ticks (Ixodida). In: Mullen G.R., Durden L.A., editors. *Medical and Veterinary Entomology*. 3rd ed. London: Academic Press (an imprint of Elsevier); 2019. P. 603–72.
32. Tkachenko E.A., Dzagurova T.K., Trankvilevsky D.V., Kolyasnikova N.M., Popova Yu.V., Teodorovich R.D., Vorovich M.F., Kurashova S.S., Tkachenko P.E., Balkina A.S., Belyakova A.V., Ishmukhametov A.A. [Applied and theoretical aspects of the ecology of pathogens of hemorrhagic fever with renal syndrome and tick-borne encephalitis]. *Epidemiologiia i Vaktsinoprofilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2024; 23(4):4–11. DOI: 10.31631/2073-3046-2024-23-4-4-11.
33. Havliková S., Ličková M., Klempa B. Non-viraemic transmission of tick-borne viruses. *Acta Virol.* 2013; 57(2):123–9. DOI: 10.4149/av.2013.02\_123.
34. Dzagurova T.K., Tkachenko E.A., Trankvilevsky D.V., Kolyasnikova N.M., Teodorovich R.D., Kurashova S.S., Vorovich M.F., Tkachenko P.E., Balkina A.S., Egorova M.S., Popova Yu.V., Belyakova A.V., Ishmukhametov A.A. [Epidemiological analysis of the incidence of hemorrhagic fever with renal syndrome and tick-borne encephalitis in the Russian Federation]. *Epidemiologiia i Vaktsinoprofilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2024; 23(5):84–91. DOI: 10.31631/2073-3046-2024-23-5-84-91.
35. Kemenesi G., Bányai K. Tick-borne flaviviruses, with a focus on powassan virus. *Clin. Microbiol. Rev.* 2018; 32(1):e00106-17. DOI: 10.1128/CMR.00106-17.

36. Mlera L., Bloom M.E. The role of mammalian reservoir hosts in tick-borne flavivirus biology. *Front. Cell. Infect. Microbiol.* 2018; 8:298. DOI: 10.3389/fcimb.2018.00298.

37. Kovalev S.Y., Mazurina E.A. Omsk hemorrhagic fever virus is a tick-borne encephalitis virus adapted to muskrat through host-jumping. *J. Med. Virol.* 2022; 94(6):2510–18. DOI: 10.1002/jmv.27581.

38. Platonov A.E., Ciccozzi M., Karan L.S., Yakimenko V.V., Lo Presti A., Rezza G. [Modern methods of studying the phylogenesis of viruses (using the Omsk hemorrhagic fever virus as an example)]. *Epidemiologiya i Infektsionnye Bolezni. Aktual'nye Voprosy. [Epidemiology and Infectious Diseases. Current Items]*. 2014; (2):57–64.

39. Sotomayor-Bonilla J., Tolsá-García M.J., García-Peña G.E., Santiago-Alarcon D., Mendoza H., Alvarez-Mendizabal P., Rico-Chávez O., Sarmiento-Silva R.E., Suzán G. Insights into the host specificity of mosquito-borne flaviviruses infecting wild mammals. *Ecohealth.* 2019; 16(4):726–33. DOI: 10.1007/s10393-019-01442-2.

40. García-Romero C., Carrillo Bilbao G.A., Navarro J.C., Martín-Solano S., Saegerman C. Arboviruses in mammals in the neotropics: A systematic review to strengthen epidemiological monitoring strategies and conservation. *Viruses.* 2023; 15(2):417. DOI: 10.3390/v15020417.

41. Savić V., Barbić L., Bogdanić M., Rončević I., Klobučar A., Medić A., Vilibić-Čavlek T. Zoonotic orthoflaviviruses related to birds: A literature review. *Microorganisms.* 2025; 13(7):1590. DOI: 10.3390/microorganisms13071590.

42. Fang Y., Khater E.I.M., Xue J.B., Ghallab E.H.S., Li Y.Y., Jiang T.G., Li S.Z. Epidemiology of mosquito-borne viruses in Egypt: A systematic review. *Viruses.* 2022; 14(7):1577. DOI: 10.3390/v14071577.

43. Feng Y., Kuang G., Pan Y., Wang J., Yang W., Wu W.C., Pan H., Wang J., Han X., Yang L., Xin G.Y., Shan Y.T., Gou Q.Y., Liu X., Guo D., Liang G., Holmes E.C., Gao Z., Shi M. Small mammals in a biodiversity hotspot harbor viruses of emergence risk. *Natl Sci. Rev.* 2024; 12(6):nwae463. DOI: 10.1093/nsr/nwae463.

44. Alkhovsky S., Lenshin S., Romashin A., Vishnevskaya T., Vyshemirsky O., Bulycheva Yu., Lvov D., Gitelman A. SARS-like coronaviruses in horseshoe bats (*Rhinolophus* spp.) in Russia, 2020. *Viruses.* 2022; 14(1):113. DOI: 10.3390/v14010113.

45. Lukina-Gronskaya A.V., Chudinov I.K., Korneenko E.V., Mashkova S.D., Semashko T.A., Sinkova M.A., Penkin L.N., Litvinova E.M., Feoktistova N.Yu., Speranskaya A.S. Novel coronaviruses and mammarenaviruses of hedgehogs from Russia including the comparison of viral communities of hibernating and active specimens. *Front. Vet. Sci.* 2024; 11:1486635. DOI: 10.3389/fvets.2024.1486635.

# Authors:

Grishina P.V. Federal Research Institute of Viral Infections “Virom”; 23, Letnyaya St., Yekaterinburg, 620030, Russian Federation; e-mail: info@niivirom.ru. Ural Federal Agrarian Research Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences; 112a, Belinskogo St., Yekaterinburg, 620142, Russian Federation; e-mail: info@urfanic.ru.

Brilliant S.A., Kuznetsova E.V., Mishchenko V.A., Bykova M.Yu., Vyalykh I.V. Federal Research Institute of Viral Infections “Virom”. 23, Letnyaya St., Yekaterinburg, 620030, Russian Federation. E-mail: info@niivirom.ru.

Mishchenko V.A. Federal Research Institute of Viral Infections “Virom”; 23, Letnyaya St., Yekaterinburg, 620030, Russian Federation; e-mail: info@niivirom.ru. Institute of Plant and Animal Ecology of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences; Ekaterinburg, Russian Federation.

# Об авторах:

Гришина П.В. Федеральный научно-исследовательский институт вирусных инфекций «Виром»; Российская Федерация, 620030, Екатеринбург, ул. Летняя, 23; e-mail: info@niivirom.ru. Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук; Российская Федерация, 620142, Екатеринбург, ул. Белинского, 112а; e-mail: info@urfanic.ru.

Бриллиант С.А., Кузнецова Е.В., Мищенко В.А., Быкова М.Ю., Вялых И.В. Федеральный научно-исследовательский институт вирусных инфекций «Виром». Российская Федерация, 620030, Екатеринбург, ул. Летняя, 23. E-mail: info@niivirom.ru.

Мищенко В.А. Федеральный научно-исследовательский институт вирусных инфекций «Виром»; Российская Федерация, 620030, Екатеринбург, ул. Летняя, 23; e-mail: info@niivirom.ru. Институт экологии растений и животных Уральского отделения Российской академии наук; Российская Федерация, Екатеринбург.