

Научная статья
 УДК 619:616.995.4/7:636.2
 doi:10.35694/YARCX.2025.72.4.009

ДВУКРЫЛЫЕ НАСЕКОМЫЕ КАК МЕХАНИЧЕСКИЙ ВЕКТОР РАСПРОСТРАНЕНИЯ ИНФЕКЦИОННЫХ АГЕНТОВ В КОРОВНИКЕ

П. П. Красочко¹, И. А. Красочко², Р. Б. Корочкин³, Ю. А. Столярова⁴, В. А. Конопская⁵
^{1, 2, 3, 4, 5}Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины,
 Витебск, Республика Беларусь

Автор, ответственный за переписку: Павел Петрович Красочко, 7696695@gmail.com

Реферат. Множественность видов отряда двукрылых насекомых во всём мире, разнообразие их пищевых привычек, высокая плодовитость, универсальность для выживания в различных средах обитания и возможность пространственного перемещения по воздуху способствуют тому, что они могут служить вектором распространения патогенов. Членистоногие имеют исторически сложившиеся ассоциации с вирусами, участвуя в виде механических и биологических векторов. В данном исследовании авторы с помощью молекулярных методов провели исследования по обнаружению геномов ротавируса А, бета-коронавируса, вируса парагриппа-3 и хламидий на мухах, отловленных в помещениях для дойных коров. В помещении коровника были обнаружены: муха полевая (*Musca autumnalis*), малая комнатная муха (*Fannia canicularis*), серая живородящая коровница (*Musca larvipara*), обыкновенная коровья жигалка (*Haematobia stimulanis*), малая коровья жигалка (*Liperosia irritans*), синие и зелёные мясные мухи (*Calliphora walensis* – синяя падальная и *Calliphora vicina* – синяя мясная мухи, *Lucilia sericata* – зелёная мясная), серые мясные мухи (*Sarcophaga carnaria*, *Ravinia striata*). Двукрылые насекомые обеспечивают механический перенос вирусных агентов в животноводческих помещениях с фекально-оральным и воздушно-капельным механизмом распространения, в частности ротавирусов вида А и бета-коронавируса, и в минимальной степени – вирусных агентов с аэрозольным механизмом распространения, что доказывает необходимость снижения арthropодной инфеcтации в помещении коровника для снижения вирусной нагрузки и повышения эпизоотологического благополучия по инфекционным болезням животных.

Ключевые слова: двукрылые, мухи, вирусная контаминация, распространение, вектор передачи, ПЦР, ротавирус, коронавирус, хламидии, вирус парагриппа-3

DIPTERA INSECTS AS A MECHANICAL VECTOR OF SPREADING INFECTIOUS AGENTS IN A COWSHED

P. P. Krasochko¹, I. A. Krasochko², R. B. Korochkin³, Yu. A. Stolyarova⁴, V. A. Konopskaya⁵
^{1, 2, 3, 4, 5}Vitebsk Order of the Badge of Honour State Academy of Veterinary Medicine,
 Vitebsk, Republic of Belarus

Author responsible for correspondence: Pavel P. Krasochko, 7696695@gmail.com

Abstract. The multiplicity of dipteran insect species all over the world, the diversity of their food habits, high fecundity, versatility for survival in various habitats and the ability to move through space via the air contribute to the fact that they can serve as a vector for the spread of pathogens. Arthropods have historically established associations with viruses, serving as mechanical and biological vectors. In this study, the authors, using molecular methods, conducted studies to detect the genomes of rotavirus A, beta-coronavirus, parainfluenza-3 virus and chlamydia on flies caught in accommodations for milk cows. The following were found in the cowshed: field fly (*Musca autumnalis*), small domestic fly (*Fannia canicularis*), grey viviparous cow fly (*Musca larvipara*), cattle stable fly (*Haematobia stimulanis*), cattle fly (*Liperosia irritans*), blue and green blow flies (*Calliphora walensis* – bluebottle and *Calliphora vicina* – blue blow fly, *Lucilia sericata* – green blow fly), grey blow flies (*Sarcophaga carnaria*, *Ravinia striata*). Diptera insects provide mechanical transfer of viral agents in livestock buildings with a fecal-oral and airborne mechanism of spread, in particular rotaviruses type A and beta-coronavirus, and to a minimum extent – viral agents with an aerosol mechanism of spread, which proves the need to reduce arthropod infestation in the cowshed to reduce viral load and increase epizootological well-being for infectious diseases of animals.

Keywords: Diptera, flies, viral contamination, spread, transfer vector, PCR, rotavirus, coronavirus, chlamydia, parainfluenza-3 virus

Введение. Ассоциация вирусов и членистоногих животных находится в фокусе исследований в вирусологии в течение долгого времени. Данное обстоятельство не случайно, так как, согласно современным представлениям, отдельные вирусы прошли через длительный процесс коэволюционного развития с артроподами. Во многих случаях способность вирусов инфицировать позвоночных животных, в том числе гомойотермных (теплокровных) представителей, является лишь вторичной приспособленностью через тесную ассоциацию их первичных хозяев (членистоногих) с позвоночными. Аналогичная ассоциация прослеживается также в отношении вирусов, одновременно поражающих членистоногих и растения, учитывая тесную экологическую связь последних. Членистоногие впервые появились более 500 миллионов лет назад и были одними из первых животных, которые освоили наземные и пресноводные экосистемы. В течение полумиллиарда лет эволюции они установили тесные экологические взаимоотношения с растениями и животными [1]. Только в наземных экосистемах насчитывается около 6,8 миллиона видов членистоногих, что намного превышает предполагаемую сумму видов в трёх других царствах эукариот. С членистоногими связано огромное разнообразие вирусов, причём некоторые из них вызывают серьёзные болезни у людей, домашнего скота и сельскохозяйственных растительных культур [2].

Современные метагеномные анализы раскрыли поразительно широкое разнообразие артропод-ассоциированных вирусов, включая неизвестных ранее представителей [3]. Они глубоко вовлечены в макроэволюцию всей виросферы, в основном представляя собой РНК-геномные вирусы, начиная от предположительно самых ранних в филогенетическом отношении (тип *Lenarviricota*) и заканчивая более поздними таксонами группами (тип *Negarnaviricota*).

В ходе длительной совместной коэволюции вирусы развили способность устанавливая с членистоногими три основные категории взаимоотношений. В первом случае вирусы не реплицируются и не циркулируют среди своих переносчиков-членистоногих (это так называемые непersistивные хозяева и непersistентные вирусы, в основном представленные вирусными агентами с одноцепочечной РНК). Вторая категория представлена вирусами, которые не реплицируются, но циркулируют в популяции своих переносчиков-членистоногих (неpersistивные хозяева и неразмножающиеся вирусы, в основном представленные вирусными агентами с позитивной однонитчатой РНК или однонитчатой ДНК). Наконец, третью категорию взаимоотношений составляют вирусы, которые циркулируют и реплицируются в своих переносчиках-членистоногих (persistивные хозяева и persistентные размножающиеся вирусы, в основном из числа вирусных агентов с двуничей РНК или негативной однонитчатой РНК). Эту третью группу вирусных патогенов часто объединяют во внетаксономическую категорию *арбовирусов*.

Из числа членистоногих (тип *Arthropoda*) насекомые составляют наиболее многочисленный класс. Так, в настоящее время более 75% всех описанных видов жи-

вотных являются членистоногими, а из их числа около 90% относятся к классу *Insecta* [4]. Некоторые виды насекомых являются основными переносчиками вирусов растений и животных. В их числе двукрылые насекомые (отряд *Diptera*) являются одними из самых многочисленных членистоногих, имеющих тесную ассоциацию с антропогенной средой. Перемещение по воздуху, разнообразие пищевых привычек, высокая плодовитость и, главное, сильная адаптивная пластичность, позволяющая им выживать в различных местообитаниях, в том числе загрязнённых, способствуют тому, что эти насекомые становятся потенциальными переносчиками широкого спектра возбудителей болезней человека и животных. Ряд вирусов, бактерий, грибов, простейших и гельминтов переносятся двукрылыми, которые вызывают более 65 заболеваний у людей, домашнего скота, домашних и диких животных. Бактериальные энтериты и конъюнктивиты, кожные инфекции и мастит крупного рогатого скота часто связаны с видом *Musca domestica*. В среде животноводческих ферм фекальные остатки и навоз содержат вещества, привлекательные для двукрылых, что способствует их участию в качестве переносчиков некоторых энтеропатогенов, например, *Escherichia coli*, *Salmonella spp.*, ротавирусов и коронавируса [5].

Наши исследования заключались в изучении роли двукрылых насекомых (мух) в качестве механического переносчика основных вирусных патогенов крупного рогатого скота, а также агентов переходной бактериально-вирусной природы (хламидий).

Материалы и методы исследований. Материалом для исследования служила коллекция мух, отобранных внутри животноводческого помещения в Витебском районе Республики Беларусь. Животные содержались в типовых коровниках с нормируемыми условиями кормления, санитарно-гигиеническими показателями, включая обязательные вакцинации стада. Стадо включало 150 коров голштинской или помесной голштинской породы.

Насекомые были собраны в период с апреля по август 2024 года в местах доения (доильный зал и прилегающие территории с максимальным периметром 200 метров) на каждой из ферм, предпочтительно в местах, наиболее близких к коровам. Сборы проводились с использованием энтомологической сетки, предварительно продезинфицированной 10%-ным раствором хлорной извести в течение 30 минут перед посещением объекта. Перед каждым сбором энтомологическую сетку опрыскивали 70%-ным раствором этилового спирта для предотвращения перекрестного загрязнения. Образцы хранили и транспортировали при температуре +4...+8°C в изотермических боксах, а по доставлению в лабораторию подвергали непосредственному исследованию. В процессе идентификации образцы брали пинцетом на чашках Петри, предварительно стерилизованных для окончательного исследования. Идентификацию проводили на уровне отряда, семейства, рода.

Идентификацию вирусно-бактериальных агентов на насекомых проводили в ПЦР с использованием специальных диагностикумов. Идентифицируемыми

патогенами были ротавирусы, коронавирусы, вирус парагриппа-3 крупного рогатого скота, а также хламидии. Выбор идентифицируемых агентов определялся различиями в механизмах их распространения в животноводческой среде: фекально-оральный (ротавирус), аэрозольный (парагрипп-3), воздушно-капельный (коронавирус) и всагильный, или разнообразный механизм (хламидии). Данные вирусные агенты не относятся к числу арбовирусов, то есть насекомые являются лишь механическими переносчиками.

Исследовательскую часть работы проводили в 3 этапа. Из них основная опытная часть включала обнаружение генома перечисленных агентов в гомогенате двукрылых насекомых, ей предшествовало изучение циркуляции основных вирусно-хламидийных агентов в стаде, размещённом в исследуемом помещении. Заключительный этап нашей работ был посвящён аналитической оценке полученных результатов и прогнозированию вероятности участия двукрылых животных в качестве вектора внутростадного распространения инфекционных агентов, а также в соседние поголовья.

Результаты исследования. На первом этапе исследовательской работы был проведён мониторинг циркуляции возбудителей основных инфекционных болезней крупного рогатого скота. С этой целью от животных стада был отобран биоматериал для ПЦР-диагностики, в ходе которой проводилась идентификация геномов основных этиологических агентов болезней, относимых к группе пневмоэнтеритов.

Проведённый ПЦР-анализ позволил установить циркуляцию в стаде ротавируса вида А (RVA), бета-коронавируса (BCoV), вируса парагриппа-3 (PIV-3) и хламидий (*Chlamydia spp.*). Данное обнаружение вполне ожидаемо, учитывая убиквитарную природу этих инфекционных агентов и широкую распространённость вызываемых ими инфекций. В связи с тем, что наше мониторинговое исследование было основано на идентификации самих инфекционных агентов, а не антител к ним в сыворотке крови, мы предположили факт вирусывыделения инфицированными животными, что позволило постулировать и исследовать возможность пространственной трансмиссии патогенов с помощью артроподного механического вектора.

Для этого был осуществлён отлов обитающих в животноводческом помещении насекомых и их видовая идентификация. В последующем насекомые были сгруппированы в зависимости от их таксономической принадлежности, а приготовленный из них гомогенат был подвергнут ПЦР-анализу в отношении геномной детекции инфекционных агентов, циркуляция которых в коровнике была установлена на предыдущем этапе.

Таксономическая идентификация позволила установить обитание различных насекомых в помещении коровника, в основном из числа представителей мух.

В помещении коровника были отловлены: муха полевая (*Musca autumnalis*), малая комнатная муха (*Fannia canicularis*), серая живородящая коровница (*Musca larvipara*), обыкновенная коровья жигалка (*Haematobia stimulanis*), малая коровья жигалка (*Liperosia irritans*), синие и зелёные мясные мухи

(*Calliphora walensis* – синяя падальная и *Calliphora vicina* – синяя мясная мухи, *Lucilia sericata* – зелёная мясная), серые мясные мухи (*Sarcophaga carnaria*, *Ravinia striata*). Разнообразие двукрылых насекомых, ассоциированных с помещением коровника и средой для доения коров, определённое в нашем исследовании, является результатом широкого разнообразия пищевых и поведенческих привычек членов этого таксона. Органические вещества, в основном частицы фекалий, остатки навоза и поверхностные бактериальные биоплёнки, присутствующие внутри животноводческих помещений, а также сами домашние животные играют важную роль аттрактантов для двукрылых, находящихся в поисках энергетических ресурсов.

Обсуждение. Полученные результаты свидетельствуют о детекции геномов ротавируса вида А, бета-коронавируса и хламидий в гомогенате от насекомых *Musca autumnalis*, *Fannia canicularis*, *Musca larvipara*, *Haematobia stimulanis*, *Liperosia irritans*, *Calliphora walensis*. В наибольшем количестве были идентифицированы геномы ротавируса вида А и бета-коронавирусы при отсутствии положительной детекции вируса парагриппа-3. Полученные данные позволили нам провести изыскательскую работу в области механизмов распространения данных возбудителей в пространстве помещения и оценить роль такой механической векторной передачи на основе исследований других авторов.

Более высокая распространённость в гомогенате мух ротавируса вида А, по сравнению с другими инфекционными агентами, в текущем исследовании может быть связана отчасти с его устойчивостью в водной и почвенной средах, а также к действию обычных дезинфицирующих средств, в том числе используемых в молочном животноводстве, из-за отсутствия у ротавирусов суперкапсидной оболочки. Кроме того, хорошо известно, что ротавирус обладает тремя капсидными концентрическими слоями, состоящими из белков VP4, VP6 и VP7, а также внутренним слоем, связанным с нуклеоидом. Многослойность структурной организации нуклеокапсида ротавируса защищает геном, повышая устойчивость вирусного агента к условиям окружающей среды [5]. Идентификация генома ротавируса вида А также важна с точки зрения опасности для здоровья не только животных, но и человека, поскольку представители этого вида являются частой причиной кишечных инфекций не только у крупного рогатого скота, но и у людей.

Отдельно следует отметить, что ротавирусы вида А демонстрируют большое разнообразие, причём отдельные человеческие штаммы имеют общие генетические и антигенные признаки с изолятами ротавирусов свиней, крупного рогатого скота, собак, кошек. Потенциальные пути заражения человека ротавирусом включают пищу и воду, а также прямой контакт с домашними и дикими животными и окружающей средой [6]. В этом контексте наши исследования, посвящённые изучению присутствия двукрылых в общей среде животных и человека, подтверждают участие этих насекомых в переносе зоонозных патогенов, обитающих в среде молочных ферм.

Бета-коронавирус вызывает неонатальную диарею, инфекцию дыхательных путей у телят и энтерит у взрослого крупного рогатого скота со значительными экономическими потерями. В отличие от ротавируса, коронавирусы представляют собой оболочечные вирусы с суперкапсидом, структурное свойство которого снижает устойчивость вириона в окружающей среде и к дезинфектантам [7]. Таким образом, наличие суперкапсидной оболочки могло повлиять на более низкое выделение этого возбудителя с гомогената двукрылых насекомых. Кроме того, хотя коронавирус поражает крупный рогатый скот всех возрастов, он чаще циркулирует у телят первого месяца жизни из-за высокого вирусывыделения с фекалиями. Данный факт также мог повлиять на менее значительное выделение этого возбудителя среди насекомых, пойманных в местах дойки коров.

Зоонозный потенциал бета-коронавирусов остаётся неясным, несмотря на тесную филогенетическую связь между ними и вирусом SARS-CoV-2, возбудителем пандемического коронавируса человека. Межвидовая передача BCoV кажется возможной даже между филогенетически различающимися хозяевами, такими как крупный рогатый скот и человек. Так, в исследовании [8], проведённом на мухах *Musca domestica*, пойманных в больницах, где лечили пациентов с COVID-19, было показано, что 75% смывов двукрылых показали наличие генома SARS-CoV-2, что позволяет предположить участие этого насекомого в качестве механического вектора распространения вируса. Кроме того, аналогичное исследование показало, что поверхность домашней мухи может содержать вирус SARS-CoV-2 в течение 24 часов после первичного контакта.

Полученные нами данные по детекции геномов основных вирусно-хламидийных патогенов также вполне лежат в канве различий в путях передачи и механизмах их распространения. Так, ротавирус представляет собой агент фекально-орального пути передачи, распространение которого в абсолютной степени зависит от любого механического вектора. Вполне ожидаемо, в качестве такового чаще всего участвует корм (пища) и, в меньшей степени, вода, однако, по нашему мнению, артроподный механический вектор вполне может выступать в роли такового. Для коронавирусов характерен аэрогенный путь передачи, реализуемый через воздушно-капельный механизм распространения. Обычно этот путь обеспечивается относительно крупными твёрдыми носителями или аэрозольными каплями размерами более 5 мкм. Относительно высокая плотность и масса таких носителей обеспечивает быструю их седиментацию и, как следствие, оседание вблизи вирусывыделителя в диаметре 1–2 м. Таким образом, вирусы этой категории распространения также в основном полагаются на адгезивный захват с поверхности и механическое распространение в пространстве.

Отсутствие идентификации генома парагриппа-3 кажется вполне ожидаемым, учитывая особенности его распространения. Данный вирусный агент характеризуется аэрогенным путём передачи, основанным на аэрозольном механизме распространения. Данный механизм отличается от воздушно-капельного формированием

мельчайших аэрозольных ядер (около 1–5 мкм), невысокая масса которых обеспечивает длительное время суспендированного состояния в воздушной среде. Как следствие, такие аэрозольные ядра дальше распространяются в пространстве и практически никогда не осаждаются силой гравитации на горизонтальные поверхности по причине их быстрого высыхания. В связи с этим инфекционные агенты такого механизма распространения не полагаются на механических переносчиков, в роли которых в нашем исследовании выступали насекомые.

Ещё один вывод можно сделать относительно опасности участия двукрылых насекомых в качестве механического вектора распространения вирусных агентов. К сожалению, методика проводимой ПЦР не давала возможность определить количественное содержание вирионов в биоматериале. Однако логическая оценка разницы в показателе минимальной инфекционной дозы и минимально детектируемым значением геномных копий в анализе позволила нам провести подобный расчёт. Из всех изученных агентов наиболее низкой инфекционной дозой отличается ротавирус вида А – всего 10 вирионов. Декларируемая чувствительность ПЦР ограничивается порогом в 10 геномных копий. Это даёт возможность утверждать, что положительный результат детекции генома может свидетельствовать о потенциальной контагиозности аналита, в качестве которого в нашем исследовании выступал гомогенат мух. Убедительных оценочных данных о минимальной инфекционной дозе бета-коронавирусов в доступной литературе не обнаружено, однако в ходе недавней пандемии Covid-19 она оценивалась на уровне более 100 вирионов SARS-CoV-2, что позволяет нам экстраполировать данный показатель на бета-коронавирусы. В связи с тем, что минимальный порог детекции в ПЦР составляет 10 геномных копий, у авторов нет оснований делать выводы о непосредственной контагиозности векторного пути передачи с помощью насекомых.

Наконец, заключительный этап нашего исследования был посвящён прогнозированию и оценке дальности механического распространения инфекционных агентов при участии мух. С этой целью мы проанализировали доступную научную литературу, среди которой обнаружили убедительные работы по оценке дистанции полёта двукрылых насекомых. В одной из них была признана способность *Musca domestica* перемещаться между объектами в пространстве в радиусе около 5 км. Данное исследование показало, что от 60 до 80 процентов мух было поймано в пределах одного километра от места выпуска. Тем не менее, это исследование даёт основание считать возможным механическое распространение вирусных патогенов с помощью артроподного вектора в пределах исследованного хозяйства.

Кроме того, имеется исследование, оценивающее механическую роль мух в распространении вирусов. В нём было установлено, что вирионы могут прикрепляться к экзоскелету насекомого, а затем смещаться при контакте с поверхностью или чистке крыльев и головы. Контаминация также может произойти, когда проглоченный корм, содержащий вирус, отрыгивается и

выбрасывается в виде рвотных масс или выделяется с переваренными кишечными массами мухи без репликации вирусного агента.

Важность внешних поверхностей тела комнатной мухи в механическом переносе вирусов зависит от их способности адгезировать вирусные частицы. При питании мухи на навозе её конечности и ротовой аппарат являются наиболее вероятными частями, которые контаминируются вирусом. Крылья также могут быть контаминированы, так как в покое они сложены не параллельно телу, а расположены под углом, обнажая примерно половину нижней стороны крыльев. Загрязнённые вирусами материалы, разбросанные мухой во время кормления, могут касаться и прилипнуть к открытой нижней стороне крыльев.

Последующий перенос вирионов от мух на любую контактную поверхность может осуществляться во время ходьбы насекомого. Поскольку подвижность и беспокойный характер мухи заставляют её делать частые короткие остановки, количество контактных поверхностей, на которые возможен перенос вируса, а также их характер являются двумя определяющими факторами. Как оказалось, природа вирусосuspendирующей среды оказывает большое влияние на уровень вирусной контаминации. Повышение вязкости поверхности и добавление в вирусосuspendирующую среду плотных фекальных частиц оказывает более сильное влияние на количество адсорбированных вирусных частиц, нежели чем на процент мух, подвергшихся вирусной контаминации. Несмотря на то, что муха способна переносить вирус на несколько последовательных контактных поверхностей, подавляющее большинство вирусных частиц оседало на

1-й контактной поверхности, независимо от её типа и длительности ходьбы насекомого, то есть распространение вируса во многом зависит от места первой посадки мухи с момента её контаминации.

Выводы.

1. Различные виды двукрылых насекомых могут выступать в роли механического вектора распространения основных вирусно-бактериальных агентов крупного рогатого скота в животноводческих помещениях.

2. В помещении коровника были обнаружены муха полевая (*Musca autumnalis*), малая комнатная муха (*Fannia canicularis*), серая живородящая коровница (*Musca larvipara*), обыкновенная коровья жигалка (*Haematobia stimulanis*), малая коровья жигалка (*Liperosia irritans*), синие и зелёные мясные мухи (*Calliphora walensis* – синяя падальная и *Calliphora vicina* – синяя мясная мухи, *Lucilia sericata* – зелёная мясная), серые мясные мухи (*Sarcophaga carnaria*, *Ravinia striata*).

3. Двукрылые насекомые обеспечивают механический перенос вирусных агентов в животноводческих помещениях с фекально-оральным и воздушно-капельным механизмом распространения, в частности ротавирусов вида А и бета-коронавируса, и в минимальной степени – вирусных агентов с аэрозольным механизмом распространения.

4. Экологические особенности двукрылых насекомых, в частности мух, определяемые особенностями их питания, поведения и предельной дистанции полёта, способны обеспечить распространение вирусно-хламидийных агентов в пределах животноводческого хозяйства.

Список источников

- Lozano-Fernandez J., Carton R., Tanner A. R. [et al.] A molecular palaeobiological exploration of arthropod terrestrialization // Philosophical Transactions of the Royal Society B. 2016. Vol. 371, Is. 1699. 20150133. DOI 10.1098/rstb.2015.0133.
- Alegbeleye O. O., Singleton I., Sant'Ana A. S. Sources and contamination routes of microbial pathogens to fresh produce during field cultivation: A review // Food Microbiology. 2018. Vol. 73. P. 177–203. DOI 10.1016/j.fm.2018.01.003.
- Calisher C. H., Higgs S. The Discovery of Arthropod-Specific Viruses in Hematophagous Arthropods: An Open Door to Understanding the Mechanisms of Arbovirus and Arthropod Evolution // Annual Review of Entomology. 2018. Vol. 63. P. 87–103. DOI 10.1146/annurev-ento-020117-043033.
- Chakravarthy A. K., Sridhara S. Economic and Ecological Significance of Arthropods in Diversified Ecosystems : Sustaining Regulatory Mechanisms. Singapore : Springer, 2016. 422 p. ISBN 978-981-10-1523-6.
- Chang T., Hirai J., Hunt B. P. V. [et al.] Arthropods and the evolution of RNA viruses // bioRxiv. 2021. doi: <https://doi.org/10.1101/2021.05.30.446314>.
- Chen S.-C., Tan L.-B., Huang L.-M., Chen K.-T. Rotavirus infection and the current status of rotavirus vaccines // Journal of the Formosan Medical Association. 2012. Vol. 111, Is. 4. P. 183–193. DOI 10.1016/j.jfma.2011.09.024.
- Gomez D. E., Arroyo L. G., Poljak Z. [et al.] Detection of Bovine Coronavirus in Healthy and Diarrheic Dairy Calves // Journal of Veterinary Internal Medicine. 2017. Vol. 31, Is. 6. P. 1884–1891. DOI 10.1111/jvim.14811.
- Soltani A., Jamalidoust M., Hosseinpour A. [et al.] First molecular-based detection of SARS-CoV-2 virus in the field-collected houseflies // Scientific Reports. 2021. Vol. 11 (1). Art. 13884. DOI 10.1038/s41598-021-93439-7.

Сведения об авторах

Павел Петрович Красочко – доктор биологических наук, кандидат ветеринарных наук, доцент, заведующий отраслевой лабораторией ветеринарной биотехнологии и заразных болезней животных, Учреждение образования «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины», spm-код: 2825-0170.

Ирина Александровна Красочко – доктор ветеринарных наук, профессор, заведующий кафедрой микробиологии и вирусологии, Учреждение образования «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины», spm-код: 6964-3868.

Рудольф Борисович Корочкин – кандидат ветеринарных наук, доцент, доцент кафедры микробиологии и вирусологии, Учреждение образования «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины», spm-код: 6641-1006.

Юлия Александровна Столярова – кандидат ветеринарных наук, доцент, доцент кафедры микробиологии и вирусологии, Учреждение образования «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины», spm-код: 4237-7628.

Вера Андреевна Конопская – магистр ветеринарных наук, специалист по международному сотрудничеству, Учреждение образования «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины», spin-код: 4334-0044.

Information about the authors

Pavel P. Krasochko – Doctor of Biological Sciences, Candidate of Veterinary Sciences, Docent, Head of the Branch Laboratory of Veterinary Biotechnology and Infectious Animal Diseases, Vitebsk Order of the Badge of Honour State Academy of Veterinary Medicine, spin-code: 2825-0170.

Irina A. Krasochko – Doctor of Veterinary Sciences, Full Professor, Head of the Department of Microbiology and Virology, Vitebsk Order of the Badge of Honour State Academy of Veterinary Medicine, spin-code: 6964-3868.

Rudolf B. Korochkin – Candidate of Veterinary Sciences, Docent, Associate Professor of the Department of Microbiology and Virology, Vitebsk Order of the Badge of Honour State Academy of Veterinary Medicine, spin-code: 6641-1006.

Yuliya A. Stolyarova – Candidate of Veterinary Sciences, Docent, Associate Professor of the Department of Microbiology and Virology, Vitebsk Order of the Badge of Honour State Academy of Veterinary Medicine, spin-code: 4237-7628.

Vera A. Konopskaya – Master of Veterinary Sciences, International Cooperation Specialist, Vitebsk Order of the Badge of Honour State Academy of Veterinary Medicine, spin-code: 4334-0044.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

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

