

НАУЧНАЯ СЕССИЯ ОБЩЕГО СОБРАНИЯ ЧЛЕНОВ РАН  
“РОЛЬ НАУКИ В ПРЕОДОЛЕНИИ ПАНДЕМИЙ  
И ПОСТКРИЗИСНОМ РАЗВИТИИ ОБЩЕСТВА”

МИГРАЦИИ ДИКИХ ЖИВОТНЫХ КАК ПОТЕНЦИАЛЬНАЯ УГРОЗА  
ЗАНОСА НОВЫХ ВИРУСОВ НА ТЕРРИТОРИЮ РОССИИ

© 2022 г. А. М. Шестопалов<sup>a,\*</sup>, А. Ю. Алексеев<sup>a,\*\*</sup>, В. В. Глупов<sup>b,\*\*\*</sup>, М. И. Воевода<sup>a,\*\*\*\*</sup>

<sup>a</sup> Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины, Новосибирск, Россия

<sup>b</sup> Институт систематики и экологии животных СО РАН, Новосибирск, Россия

\*E-mail: shestopalov2@mail.ru

\*\*E-mail: ayalekseev@centercem.ru

\*\*\*E-mail: skif@eco.nsc.ru

\*\*\*\*E-mail: director@frcftm.ru

Поступила в редакцию 25.03.2022 г.

После доработки 27.03.2022 г.

Принята к публикации 19.04.2022 г.

Пандемия, вызванная SARS-CoV-2, показала, насколько серьёзна для самого нашего существования проблема вновь возникающих зоонозных инфекций. Роль миграций животных, являющихся природным резервуаром того или иного вируса, в распространении патогенов на новые территории огромна. Примером могут служить миграции как сухопутных животных (плотоядные, грызуны и копытные), так и многих морских млекопитающих (ластоногие и китообразные). Но наиболее интересны с точки зрения скорости и дальности распространения вирусных инфекций миграции, связанные с перелётами. В природе их могут осуществлять насекомые, летучие мыши и, конечно, птицы. К сожалению, исследований по миграциям этих животных на территории России очень мало. Учитывая проблемы, связанные с изменением климата, и другие экологические факторы, актуально получение современных данных о изменяющихся путях миграций животных и, как следствие, разработка отечественной аппаратуры, в частности передатчиков, для фиксации миграционных путей.

*Ключевые слова:* зоонозные инфекции, миграции, вирусы, природный резервуар.

DOI: 10.31857/S086958732208014X

Глобальные биологические угрозы представляют серьёзную опасность не только для развития, но и самого существования человечества. К таким угрозам можно отнести экологические, то есть ассоциированные с нарушением среды обитания и даже доведения её до полной непригодности для жизни, изменения климата, приводящие к резкой деградации существующих экосистем, а также угрозы, связанные с биотерроризмом. Опасность для современной цивилизации, осо-

бенно в условиях огромных мегаполисов, активного круглогодичного перемещения потоков людей, продуктов питания и иных товаров по земному шару, представляют также вирусные и бактериальные патогены, способные вызывать массовые эпизоотии, эпидемии и даже пандемии [1–4].

Подсчитано, что по меньшей мере 10 000 разных вирусов, которые в настоящее время выявляются у животных, потенциально могут заразить людей [5]. Только за последние несколько десятилетий были выявлены и описаны такие опасные патогены, как филловирусы (вирус Марбург и вирус Эбола), ортомиксовирусы (новые высокопатогенные вирусы гриппа субтипов H5N1, H5N8, H9N2, H7N9), новые коронавирусы (SARS, MERS, COVID-19) [6]. Вне сомнения, человечество ещё не раз встретится с новыми опас-

ШЕСТОПАЛОВ Александр Михайлович — доктор биологических наук, директор НИИ вирусологии ФИЦ ФТМ. АЛЕКСЕЕВ Александр Юрьевич — кандидат биологических наук, руководитель лаборатории НИИ вирусологии ФИЦ ФТМ. ГЛУПОВ Виктор Вячеславович — член-корреспондент РАН, директор ИСиЭЖ СО РАН. ВОЕВОДА Михаил Иванович — академик РАН, директор ФИЦ ФТМ.

ными вирусами, способными привести к многочисленным жертвам и нанести серьёзный ущерб населению планеты и мировой экономике.

Большинство вновь выявляемых опасных вирусных инфекций XXI в. возникли и получили распространение на территории Китая: это и атипичная пневмония 2002 г., и высокопатогенные вирусы гриппа птиц различных субтипов (H5N1 – 2005 г., H7N9 – 2013 г., H9N2 – 1997–2009 гг.), и коронавирусная инфекция COVID-19 (2019 г.). Некоторые из них, такие как вирус гриппа H5N1, COVID-19, в дальнейшем получили широкое распространение, охватив практически все страны мира [7], причём, что важно отметить, эти вспышки и эпидемии застали человечество врасплох.

Наглядно это видно на примере коронавируса SARS-CoV-2, который вызвал пандемию COVID-19, заставив всерьёз перестроить противоэпидемические мероприятия систем здравоохранения большинства стран, некоторые отрасли экономики, да и саму повседневную жизнь многих миллионов людей. Ещё раз подчеркнём: мы все осознали, насколько серьёзна для самого нашего существования проблема вновь возникающих зоонозных инфекций и насколько хрупким оказался мир, в котором мы жили до 2020 г. Выяснилось, что, несмотря на активное развитие науки в последние десятилетия, мы столкнулись с недостаточностью имеющихся фундаментальных знаний об экологических и эпидемических процессах в живой природе на современном этапе развития цивилизации и их реакции на антропогенные воздействия, изменения климата и катастрофические природные явления.

Для снижения актуальных и потенциальных эпидемиологических и других биологических рисков, предотвращения негативных сценариев развития эпизоотий и пандемий новых инфекций, в том числе зоонозных, необходимо повышение уровня фундаментальных знаний об особенностях экологии вирусных патогенов и связанных с ними природных естественных резервуаров, системе функциональных связей, обеспечивающих циркуляцию таких патогенов в природных резервуарах и возможности смены хозяина при определённых условиях.

Важную, а иногда и главенствующую роль в распространении новых вирусных инфекций играют миграции диких животных, являющихся природными носителями того или иного патогена. Примером может служить вирус гриппа птиц. Так, возникший в северо-западном Китае в апреле 2005 г. высокопатогенный вирус гриппа H5N1 во время весенней и осенней миграции птиц распространился на всю территорию Северо-Восточной Евразии, а в дальнейшем (осенью 2005 г.) на всю Евразию и африканский континент [8].

Большинство вновь возникающих вирусных заболеваний человека (болезнь, вызываемая вирусом Эбола, лихорадка Зика, лихорадка Ласса, Крымская-Конго геморрагическая лихорадка, тяжёлый острый респираторный синдром (SARS), ближневосточный респираторный синдром (MERS), коронавирусная инфекция 2019 г. (COVID-19) имеют зоонозное происхождение [9, 10]. Как правило, вирусы-возбудители ассоциированы с определёнными видами хозяев и переносчиков, и вызываемые ими вспышки или спорадические случаи заболеваний у людей регистрируются в пределах определённых территорий в границах ареалов видов-резервуаров. В то же время некоторые вирусы достаточно быстро и эффективно адаптируются к передаче от человека к человеку, что открывает возможность выхода инфекции за пределы природного очага, а в некоторых случаях приводит к масштабному распространению инфекции на другие континенты (вирусы Эбола, Заир, Зика, коронавирусы MERS-CoV и SARS-CoV-2).

Ясно одно – роль миграций животных, являющихся природным резервуаром того или иного вируса, особенно потенциально опасного для человека, в распространении на новые территории огромна. Изучение таких миграций представляет большой научный и практический интерес. Важность проблемы связана ещё и с тем, что в связи с изменением климата и антропогенным воздействием меняются традиционные, известные пути миграций животных, что может приводить и уже приводит к заносу на новые территории вирусных патогенов, которые не присутствовали в этих местах [11].

Для обеспечения защиты территории от биологических угроз необходимо решение следующих задач:

- выявление и оценка риска возникновения новых вирусных патогенов;
- изучение экологии природных хозяев этих патогенов;
- определение миграционного потенциала природных хозяев;
- изучение антропогенного влияния и изменения климата на миграционные пути переносчиков вирусных патогенов.

Несколько слов о терминологии. Зоонозы – это инфекции, общие для человека и животных в естественных условиях [12, 13]. В отечественной литературе зоонозами принято считать инфекционные и инвазивные болезни человека, при которых резервуаром и источником инфекции служат различные виды домашних и диких млекопитающих и птиц. Из более чем 1400 патогенов, опасных для людей, примерно 61–75% – зоонозы [14, 15].

Только в XX в. и первые два десятилетия XXI в. мы столкнулись более чем с двадцатью новыми вирусами зоонозной природы, которые в сумме

**Таблица 1.** Новые вирусы зоонозной природы, выявленные у человека в XX–XXI вв.

Наименование	Год выявления, страна
Вирус гриппа “испанка”	1918
Вирус японского энцефалита	1935–1937 (изоляция), СССР
Вирус Западного Нила	1937, Уганда
Вирус Крым-Конго геморрагической лихорадки	1944–1945 (изоляция), СССР
Вирус Зика	1947, Уганда
Вирус Мачупо	1952, Боливия
Вирус Хуни	1958, Аргентина
Вирус гепатита В	1965, Австралия
Вирус Ласса	1969, Нигерия
Вирус Эбола	1976, Судан, Заир (Демократическая Республика Конго)
Вирус гепатита Е	1978, Индия
Вирус иммунодефицита человека	1983, США, первое описание болезни – 1981
Вирус Хендра	1994, Австралия
Вирус гриппа “высокопатогенный Н5”	1997, Гонконг
Вирус Нипах	1999, Малайзия, Сингапур
Вирус гриппа “свиной”	2009, Мексика, США
Коронавирус SARS-CoV	2003, КНР
Коронавирус MERS-CoV	2012, Саудовская Аравия
Коронавирус SARS-CoV-2	2019, КНР

привели к гибели около 100 млн человек. В таблице 1 представлен далеко не полный список зоонозных инфекций, выявленных у человека в XX–XXI вв. [4, 16]. Наиболее известные из них – вирус гриппа “испанка” H1N1 (1918 г.), вирус Эбола (1976 г.), вирус иммунодефицита человека (1983 г.), вирус гриппа “высокопатогенный Н5” (1997 г.), вирус гриппа “свиной H1N1pdm09” (2009 г.), коронавирус SARS-CoV (2003 г.), коронавирус MERS-CoV (2012 г.), коронавирус SARS-CoV-2 (2019 г.) [16]. Эти инфекции долгое время были в центре внимания прессы и, соответственно, органов здравоохранения, санитарного и ветеринарного надзора.

Особо следует отметить вирусы семейства *Coronaviridae* (род *Betacoronavirus*). Только за последние 20 лет они трижды вызвали у людей заболевания с высокой летальностью, причём последний представитель этого рода – вирус SARS-CoV-2 вызвал пандемию, продолжающуюся до настоящего времени. В хронологическом порядке это:

1. атипичная пневмония, или тяжёлый острый респираторный синдром (SARS), природный источник – животные семейства виверровых, летальность у людей – 9.6% [17];

2. вирус ближневосточного респираторного синдрома (MERS, MERS-CoV), природный резервуар – рукокрылые, летальность у людей – до 17.6% [18];

3. коронавирус SARS-CoV-2 (COVID-19) – предполагаемый резервуар – летучие мыши, панголины, летальность от 2 до 4% [19].

Анализируя возможность и опасность заражения людей от диких животных, следует отметить, что процесс носит и обратный характер. Мы тоже оказываемся источником заражения для многих домашних и сельскохозяйственных животных, что продемонстрировал вирус SARS-CoV-2. В научной литературе описано немало случаев заражения домашних кошек и собак, вызванного этим вирусом, от их владельцев, больных COVID-19 [20–22].

Несколько слов о миграционных процессах в животном мире. Миграции животных в приро-

де – естественный процесс, необходимый для существования того или иного их вида и обусловленный различными причинами. Одна из основных – поиск новых мест для размножения и выкармливания потомства. (Мы не будем здесь рассматривать миграции, вызванные деятельностью человека, поскольку этот процесс можно достаточно легко контролировать, хотя не учитывать его в распространении вирусных и других патогенов нельзя [23].)

Классические миграции делятся на сезонные, периодические (в обоих случаях перемещение животных происходит внутри ареала) и непериодические (за пределы ареала). Пример – миграции сухопутных животных, таких как плотоядные грызуны и копытные. Эти животные, перемещаясь в пределах своего ареала обитания, могут быть источником многих опасных инфекций: бешенства, клещевого энцефалита, геморрагической лихорадки с почечным синдромом и других [11]. Так, основным природным резервуаром африканской чумы свиней служат дикие кабаны, способные перемещаться на сотни километров и разносить эту инфекцию, заражая домашних свиней.

Огромные расстояния во время миграций проплывают многие морские млекопитающие, хотя считается, что эпидемическая и эпизоотическая значимость их миграций невелика. Это, вероятно, связано с тем, что роль морских животных в возникновении и распространении новых вирусных инфекций практически не изучена, описаны только немногочисленные случаи заражения людей в дельфинариях, океанариумах, а также на охоте [24–27]. Но нельзя не учитывать, что морские млекопитающие являются природными носителями (резервуарами) огромного количества различных вирусных патогенов, в том числе опасных для человека. Например, у ластоногих (тюлени) выявлены вирусы, относящиеся к следующим родам: *Poxvirus*, *Adenovirus*, *Herpesvirus*, *Morbillivirus*, *Influenzavirus*, *Calicivirus*, *Coronavirus*, *Retrovirus*, *Rabies* [28, 29]. У китообразных (дельфины): *Poxvirus*, *Papillomavirus*, *Herpesvirus*, *Morbillivirus*, *Influenzavirus*, *Calicivirus*, *Hepadavirus*, *Rhabdovirus*; у китообразных (киты): *Poxvirus*, *Papillomavirus*, *Adenovirus*, *Herpesvirus*, *Morbillivirus*, *Influenzavirus*, *Calicivirus* [28, 29].

Но наиболее интересны с точки зрения скорости и дальности распространения вирусных инфекций миграции, связанные с перелётами. В природе перелёты могут осуществлять насекомые, летучие мыши и, конечно, птицы.

Что касается летающих насекомых (стрекозы, бабочки и другие), то их роль как природного резервуара опасных для человека вирусов практически неизвестна. Чаще всего на вирусоносительство исследуются комары [30]. Дальние миграции летающих насекомых также изучены очень мало.

Необходимо отметить, что даже имеющиеся данные указывают на то, что насекомые могут преодолевать расстояния в несколько тысяч километров (рис. 1).

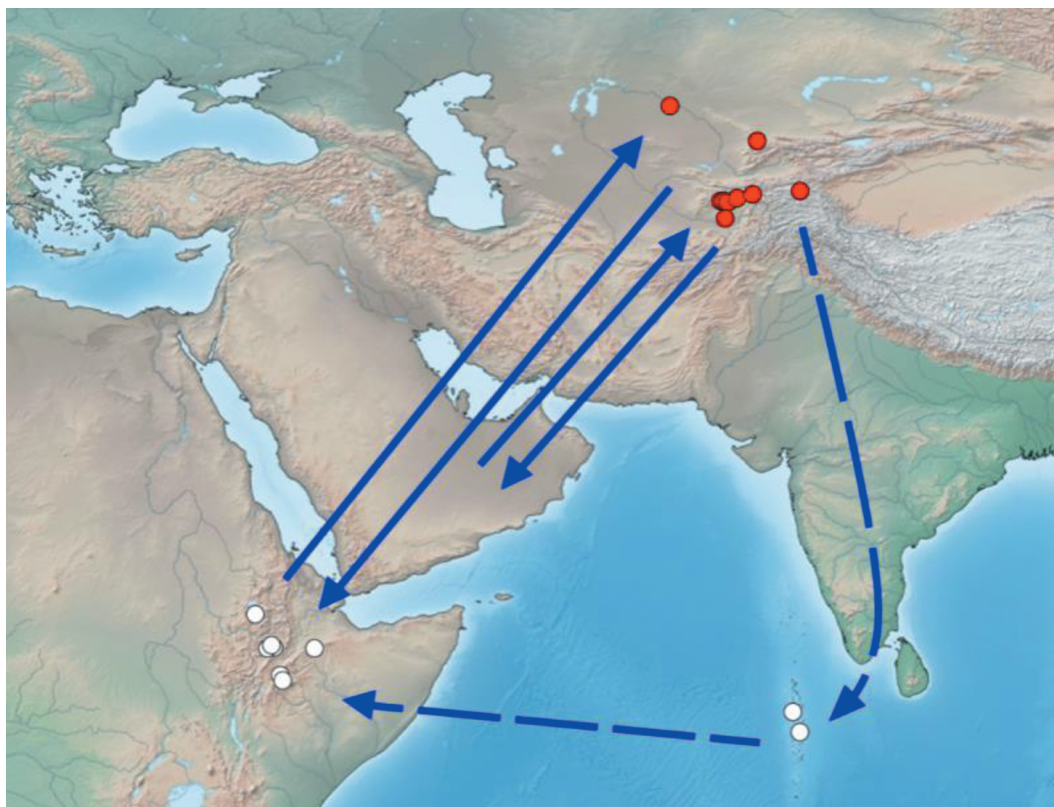
Рукокрылые (летучие мыши) служат природным резервуаром для более чем 200 вирусов, многие из которых вызывают серьёзные, часто опасные для жизни, заболевания у людей, домашнего скота и диких животных. Наиболее известен среди них вирус Эбола, но рукокрылые могут нести также вирус бешенства, парамиксовирусы, коронавирусы и другие, принадлежащие к 30 различным семействам вирусов, что указывает на их большое разнообразие. Менее 7% летучих мышей – известные или предполагаемые мигранты [31]. Особое внимание в последние годы уделяется роли рукокрылых в распространении и поддержании очагов лиссавирусов (в том числе вируса классического бешенства), коронавирусов, пара- и ортомиксовирусов [32–35].

На территории Российской Федерации обитает около 40 видов рукокрылых, принадлежащих к двум семействам. Наибольшее видовое разнообразие отмечается на южных пограничных территориях (Северный Кавказ, Южная Сибирь, Приморье) [36]. К сожалению, исследований по миграциям этих животных на территории России очень мало. На протяжении XX в. изучение миграционных путей рукокрылых проводилось в основном в европейской части страны.

Данные о миграции рукокрылых Сибири немногочисленны, дальние миграции отмечены для трёх видов мышей: из Западной и Восточной Сибири в Европу, Казахстан и обратно [37–39]. Данные о миграции рукокрылых Дальнего Востока практически отсутствуют [40]. Учитывая существование общих видов летучих мышей этого региона и Северного Китая, можно предположить наличие связывающих два региона миграционных путей.

Очень важным природным резервуаром и переносчиком опасных для человека вирусов (вируса гриппа, вируса Западного Нила, вируса Сент-Луиса и многих других) служат птицы [4, 41]. Помимо того, они могут выступать в качестве хозяев и переносчиков различных клещей, которые, в свою очередь, могут быть носителями опасных вирусов, таких как вирус Крымской Конго-геморрагической лихорадки, вирус Дхори и других, неполный список которых приведён в таблице 2 [43, 44].

Важно отметить, что огромное количество птиц – дальние мигранты, два раза в год совершающие перелёты на большие расстояния с севера на юг и обратно. Всего выделяют восемь основных миграционных путей, пересекающих все континенты, причём территорию России пересекают 6 из этих путей, они связывают нашу страну



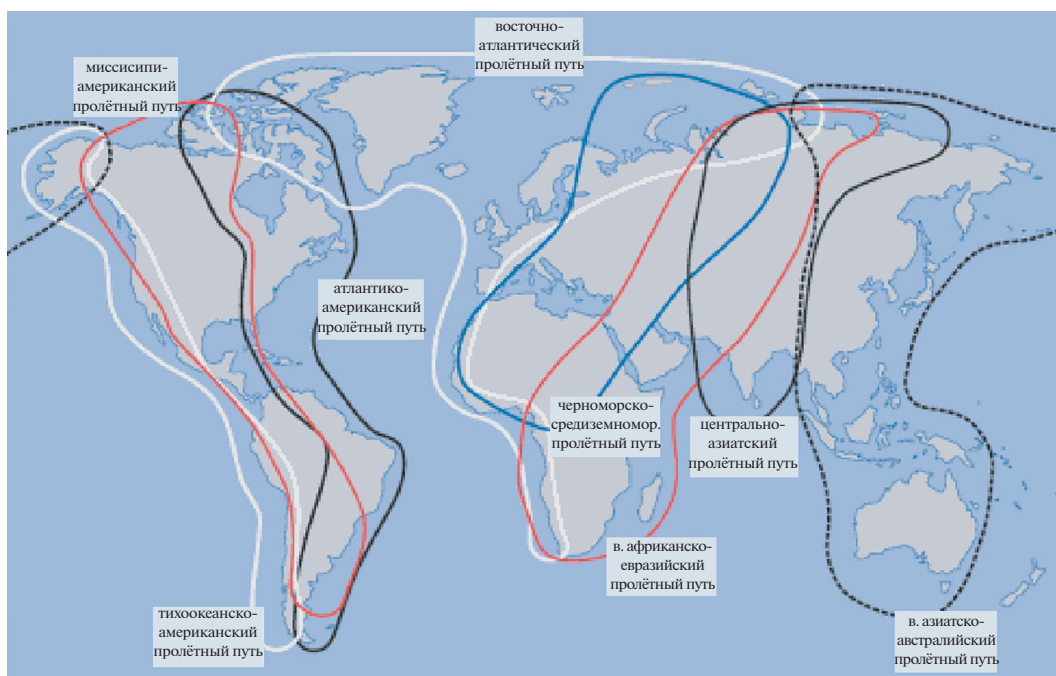
**Рис. 1.** Сезонные миграции стрекозы Бродяжки рыжей (*Pantala flavescens*) в афро-азиатском регионе. Точками обозначены места сбора стрекоз, стрелками – весенние и осенние миграции  
 Источник: [51].

с Европой, Африкой, Австралией, Азией и Северной Америкой (рис. 2). Проведённый нами анализ по возврату колец птиц, маркированных в Новосибирской и Омской областях, показал: юг Западной Сибири во время миграций посещают птицы со всех перечисленных выше континентов, что создаёт предпосылки заноса на эту территорию многочисленных вирусов из Австралии, Африки, Европы и Азии [45] (рис. 3).

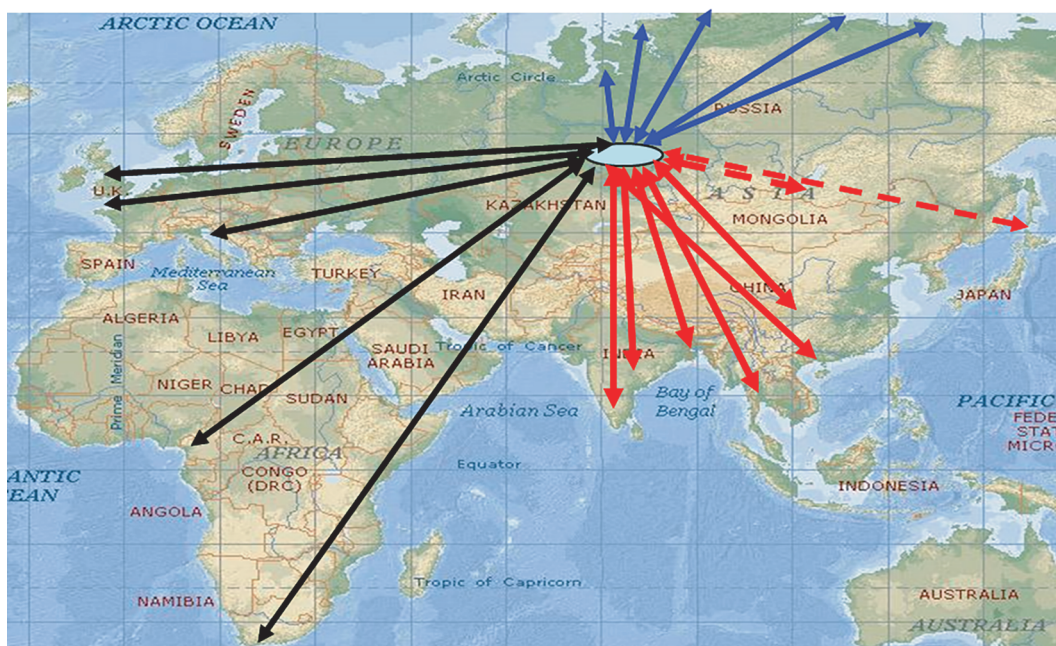
Анализ орнитофауны, выполненный специалистами Института систематики и экологии животных СО РАН (по данным базы возвратов колец), показал, что из более чем 700 видов птиц, обитающих на территории Сибири, дальними мигрантами являются птицы около 600 видов (215 видов мигрируют в Европу, 172 вида – в Азию, 201 вид – в Африку, 15 видов – в Америку, 12 видов – в Австралию). Такая впечатляющая

**Таблица 2.** Природные резервуары и переносчики различных вирусов, опасных для человека

Природные резервуары	Вирусы, опасные для человека
Птицы	Гриппа А, Западного Нила, Сент-Луис, клещевого энцефалита, Повассан, японского энцефалита, Росио, энцефалита долины Мюррея, Uukuniemi, вирус Рифт Валли, Синдбис, Западного лошадиного энцефалита, Восточного лошадиного энцефалита, вирус реки Рось ( <i>Togaviridae</i> ), Батаи, вирусы калифорнийской группы
Клещи – <i>Hyalomma</i>	вирус Крымской-Конго геморрагической лихорадки и вирус Дхори
Клещи – <i>Argasidae</i> “аргасовые клещи”	вирус Парамушир, вирус Рукутама, вирус Сахалин ( <i>Bunyaviridae</i> , <i>Nairovirus</i> ), вирус Баку, вирус Ченуда, вирус Кемерово, вирус Охотский, вирус Трибеч ( <i>Reoviridae</i> , <i>Orbivirus</i> )



**Рис. 2.** Основные мировые миграционные пути перелётных птиц  
 Источник: International Wader Study Group

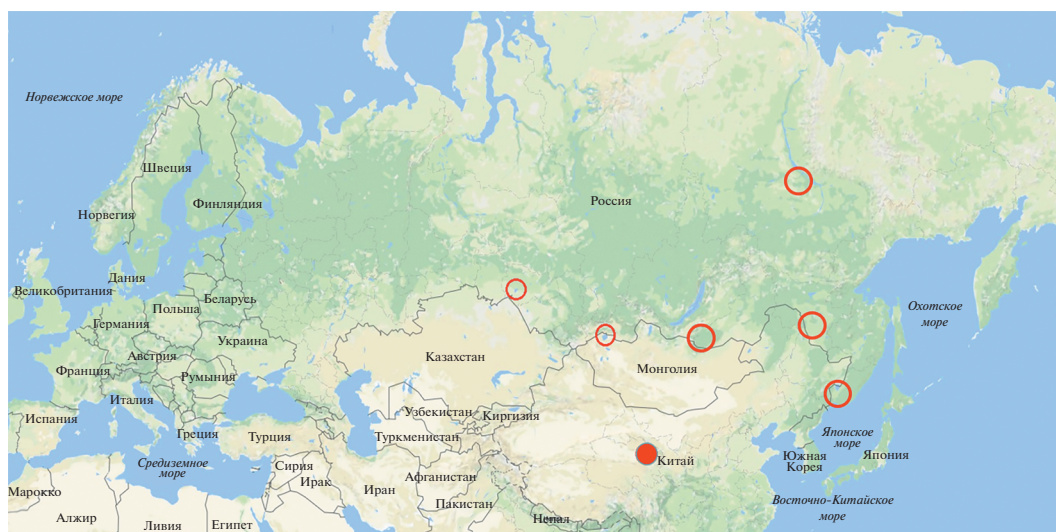


**Рис. 3.** Разлёт околотовных птиц на места гнездования и зимовок с юга Западной Сибири  
 Схема построена по данным [45]

мобильность делает птиц идеальным переносчиком вирусных патогенов на большие расстояния и в короткие сроки.

Наиболее интересен и важен для здравоохранения и ветеринарии с рассматриваемой нами

точки зрения вирус гриппа. Птицы, служа резервуаром практически всех имеющихся вариантов этого вируса, могут выступать источником заражения диких и домашних животных, человека. Разнообразие вариантов вируса гриппа очень ве-



**Рис. 4.** Ключевые точки для наблюдения и сбора материала в рамках мониторинга за вирусом гриппа у диких птиц в азиатской части России (отмечены кружками). Ключевая точка в Китае – озеро Цинхай

лико. Поскольку общепризнанной формулой вируса гриппа А, основным резервуаром и переносчиком которого являются птицы, считается  $H_N N_X$ , где Н – гемагглютинин, N – нейраминидаза, то, учитывая, что в настоящее время выявлено 18 вариантов гемагглютинина и 11 вариантов нейраминидазы, теоретически возможны 198 субтипов вируса гриппа птиц [46] (в научной литературе уже описаны более 80). Какими свойствами могут обладать не выявленные ещё варианты, мы даже не можем пока предположить.

В качестве примера рассмотрим появление и распространение высокопатогенного вируса гриппа субтипа H5N1, который был впервые выявлен и описан в Гонконге в 1997 г., где привёл к нескольким летальным случаям у людей и массовой гибели домашней птицы. К 2005 г. этот вариант вируса гриппа проник в популяцию диких птиц и во время весенней миграции того же года был занесён на территорию юга Западной Сибири [47], а во время осенней миграции разнесён птицами по Азии, Европе и Африке. Распространение вируса H5N1 по трём континентам привело к гибели около 1000 человек и нанесло огромный урон промышленному птицеводству [48, 49]. Этот случай свидетельствует о важной роли птиц в переносе нового высокопатогенного вируса на огромные расстояния и распространении на гигантские территории. Продолжая видоизменяться (H5N1 – H5N8, H5N5, H5N6), вирус до сих пор активно циркулирует в популяциях диких птиц, вызывая обширные эпизоотии домашней птицы и спорадическую гибель людей.

В настоящее время накапливается информация о распространении высокопатогенных для домашней птицы и потенциально опасных для

людей вариантах вируса гриппа птиц: H7N9, H6N1, H10N8, H5N8, H5N6, H5N5, H7N7, H7N1. Каждый из них может привести к возникновению эпидемии или пандемии среди людей, причём потенциальная летальность многих из этих вариантов вируса гриппа достигает 60%. Кроме того, уже сейчас эти вирусы наносят огромный экономический ущерб птицеводству. По информации Международного эпизоотического бюро (МЭБ), только от вируса гриппа птиц с 2005 по 2020 г. погибло более 246 млн голов домашней птицы. В отчёте МЭБ 2022 г. за период с 13.01.2022 по 16.02.2022 отмечена гибель более 5 млн голов домашней птицы от вируса гриппа [50]. Разрастание бедствия до масштабов панзоотии может привести к голоду во многих регионах мира, особенно в густонаселённых странах Азии, где мясо птицы и яйца составляют основу белкового рациона.

В связи с такой опасностью и возможностью возникновения других опасных вариантов вируса гриппа, интересен факт, установленный нами в ходе многолетних наблюдений за вирусом гриппа у диких птиц в азиатской части России. По нашим оценкам, до 10% диких птиц являются носителями того или иного варианта вируса гриппа.

Второй важный итог нашей двадцатилетней работы по мониторингу вируса гриппа у диких птиц состоит в определении ключевых точек для наблюдения и сбора материала в азиатской части России: это крупнейшие озёра вдоль границы с Китаем и несколько мест на севере Сибири (рис. 4).

А теперь кратко о проблемах в изучении миграций птиц. Классическим методом такого изучения считается метод кольцевания. Последние массовые кольцевания с использованием этого метода проводились на юге Сибири в 1970–

1980-е годы. В настоящее время наиболее точным и объективным методом исследования миграций птиц признаётся метод с использованием передатчиков-трансммиттеров.

Учитывая проблемы, связанные с изменением климата, и другие экологические факторы, необходимо получение свежих данных о путях миграций птиц, выявление их видов, наиболее важных для переноса вирусов, представляющих опасность для человека и сельскохозяйственных животных. К сожалению, в России в настоящее время отсутствует необходимая отечественная аппаратура, и мы вынуждены использовать приборы зарубежного производства. Однако, во-первых, хорошие передатчики, выпускаемые в США и странах Европы, стоят очень дорого (до 5000 долл.); во-вторых, системы считывания информации находятся на территориях стран, производящих эти приборы, в результате мы получаем только ту информацию, которую они нам предоставляют.

Из всего изложенного вытекает крайняя необходимость решения следующих задач, стоящих перед нашей областью науки.

1. Изучение изменений миграционных маршрутов животных в связи с меняющимися климатическими, экологическими и антропогенными факторами.

2. Разработка отечественной аппаратуры для фиксации миграционных путей птиц и других животных.

3. Широкое использование современных методов фиксации маршрута (передатчики, изотопный анализ). Здесь мы наблюдаем реальное отставание от Китая, США, Южной Кореи, стран Западной и Восточной Европы.

#### ЛИТЕРАТУРА

- Allen T., Murray K.A., Zambrana-Torrel C. et al. Global hotspots and correlates of emerging zoonotic diseases // *Nature Communications*. 2017. V. 8. № 1. Article number 1124.
- Morens D.M., Folkers G.K., Fauci A.S. The challenge of emerging and re-emerging infectious diseases // *Nature*. 2004. V. 430(6996). P. 242–249. Erratum in: *Nature*. 2010. V. 463(7277). P. 122.
- Geoghegan J.L., Holmes E.C. Evolutionary Virology at 40 // *Genetics*. 2018. V. 210. № 4. P. 1151–1162.
- Woolhouse M., Gaunt E. Ecological Origins of Novel Human Pathogens // *Critical Reviews in Microbiology*. 2007. V. 33. № 4. P. 231–242.
- Carlson C.J., Zipfel C.M., Garnier R., Bansal S. Global estimates of mammalian viral diversity accounting for host sharing // *Nature Ecology and Evolution*. 2019. V. 3. № 7. P. 1070–1075.
- Mercer A. Protection against severe infectious disease in the past // *Pathogens and global health*. 2021. V. 115. № 3. P. 151–167.
- Buowari D.Y., Ogundipe H.D. Severe acute respiratory syndrome coronavirus-2 (SARS-CoV-2) infection: an epidemiological review // *Annals of Ibadan postgraduate medicine*. 2021. V. 19. Suppl 1. P. S68–S76.
- Онищенко Г.Г., Бережнов С.П., Шестопалов А.М. и др. Молекулярно-биологический анализ изолятов вируса гриппа, вызвавших эпизоотии на Юге Западной Сибири и в Республике Крым // *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2007. № 5. С. 28–32.
- Wolfe N.D., Dunavan C.P., Diamond J. Origins of major human infectious diseases // *Nature*. 2007. V. 447(7142). P. 279–283.
- Williams P.C., Bartlett A.W., Howard-Jones A. et al. Impact of climate change and biodiversity collapse on the global emergence and spread of infectious diseases // *Journal of paediatrics and child health*. 2021. V. 57. № 11. P. 1811–1818.
- Dash S.P., Dipankar P., Burange P.S. et al. Climate change: how it impacts the emergence, transmission, resistance and consequences of viral infections in animals and plants // *Critical reviews in microbiology*. 2021. V. 47. № 3. P. 307–322.
- Зоонозы / Большая медицинская энциклопедия. <https://бмэ.орг/index.php/ЗООНОЗЫ> (дата обращения 23.03.2022).
- WHO Zoonoses. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/zoonoses>
- Taylor L.H., Latham S.M., Woolhouse M.E. Risk factors for human disease emergence // *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*. 2001. V. 356(1411). P. 983–989.
- Recht J., Schuenemann V.J., Sánchez-Villagra M.R. Host Diversity and Origin of Zoonoses: The Ancient and the New // *Animals*. 2020. V. 10. № 9. Article number 1672.
- Mohsin H., Asif A., Fatima M., Rehman Y. Potential role of viral metagenomics as a surveillance tool for the early detection of emerging novel pathogens // *Archives of microbiology*. 2021. V. 203. № 3. P. 865–872.
- Severe Syndrome (SARS)-multi-country outbreak – Update 60. [https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2003\\_05\\_20-en](https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2003_05_20-en) (дата обращения 23.03.2022).
- Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV) updates. <https://www.euro.who.int/ru/health-topics/communicable-diseases/influenza/middle-east-respiratory-syndrome-coronavirus-mers-cov/middle-east-respiratory-syndrome-coronavirus-mers-cov-updates> (дата обращения 23.03.2022).
- EuroMOMO Bulletin, Week 11, 2022. <https://www.euro-momo.eu/> (дата обращения 23.03.2022).
- Salajegheh T.S., Magalhães D.P., Rahimi P. et al. Transmission of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) to animals: an updated review // *Journal of translational medicine*. 2020. V. 18. № 1. Article number 358.
- Sailleau C., Dumarest M., Vanhomwegen J. et al. First detection and genome sequencing of SARS-CoV-2 in an infected cat in France // *Transboundary and emerging diseases*. 2020. V. 67. № 6. P. 2324–2328.



22. *Tewari D., Boger L., Brady S. et al.* Transmission of SARS-CoV-2 from humans to a 16-year-old domestic cat with comorbidities in Pennsylvania, USA // *Veterinary medicine and science*. 2022. V. 8(2). P. 899–906.
23. *Braam D.H., Jephcott F.L., Wood J.L.N.* Identifying the research gap of zoonotic disease in displacement: a systematic review // *Global health research and policy*. 2021. V. 6. № 1. Article number 25.
24. *Hunt T.D., Ziccardi M.H., Gulland F.M. et al.* Health risks for marine mammal workers // *Diseases of aquatic organisms*. 2008. V. 81. № 1. P. 81–92.
25. *Webster R.G., Geraci J., Petursson G., Skirnisson K.* Conjunctivitis in human beings caused by influenza A virus of seals // *The New England journal of medicine*. 1981. V. 304. № 15. P. 911.
26. *Kiers A., Klarenbeek A., Mendelts B. et al.* Transmission of *Mycobacterium pinnipedii* to humans in a zoo with marine mammals // *The international journal of tuberculosis and lung disease*: 2008. V. 12. № 12. P. 1469–1473.
27. *Smith A.W., Skilling D.E., Cherry N. et al.* Calicivirus emergence from ocean reservoirs: zoonotic and interspecies movements // *Emerging infectious diseases*. 1998. V. 4. № 1. P. 13–20.
28. *Gulland F.M., Hall A.J.* Is marine mammal health deteriorating? Trends in the global reporting of marine mammal disease // *EcoHealth*. 2007. V. 4. P. 135–150.
29. *Гуляева М.А., Алексеев А.Ю., Шаршов К.А. и др.* Ортомиксо- и парамиксовирусы в популяциях морских млекопитающих // *Юг России: экология, развитие*. 2018. Т. 13. № 1. С. 154–165.
30. *Atoni E., Zhao L., Karungu S. et al.* The discovery and global distribution of novel mosquito-associated viruses in the last decade (2007–2017) // *Reviews in medical virology*. 2019. V. 29. P. e2079. <https://doi.org/10.1002/rmv.2079>
31. *Krauel J.J., McCracken G.F.* Recent Advances in Bat Migration Research // *Adams R., Pedersen S. (eds). Bat Evolution, Ecology, and Conservation*. NY.: Springer, 2013.
32. *Макаров В.В., Лозовой Д.А.* Летучие мыши – малоизвестный резервуар особо опасных инфекций // *Ветеринария*. 2017. № 9. С. 3–9.
33. *Поршаков А.М., Кононова Ю.В., Локтев В.Б., Воиро М.И.* Рукокрылые как возможный резервуар опасных для человека вирусов на территории Гвинейской Республики. Ч. 1 // *Проблемы особо опасных инфекций*. 2018. № 3. С. 32–39.
34. *Luis A.D., Hayman D.T., O’Shea T.J. et al.* A comparison of bats and rodents as reservoirs of zoonotic viruses: are bats special? // *Proceedings. Biological sciences*. 2013. V. 280(1756). P. 20122753.
35. *Bat conservation international*. <https://www.batcon.org/about-bats/bats-101/> (дата обращения 23.03.2022).
36. *Список млекопитающих России*. [https://ru.wikipedia.org/wiki/Список\\_млекопитающих\\_России](https://ru.wikipedia.org/wiki/Список_млекопитающих_России) (дата обращения 23.03.2022).
37. *Лялин В.Г.* К изучению миграций рукокрылых юговостока Западной Сибири // *Млекопитающие СССР. III съезд Всесоюзного териологического общества*. Т. 2. М.: 1982.
38. *Берников К.А.* Фауна и экология рукокрылых (Chiroptera) равнинной тайги Западной Сибири (на примере Ханты-Мансийского автономного округа) // *Автореферат диссертации на соискание учёной степени кандидата биологических наук*. Новосибирск, 2009.
39. *Жигалин А.В., Гаджиев А.А., Даудова М.Г. и др.* Экология рукокрылых Алтае-Саянской горной страны юга Сибири // *Юг России: экология, развитие*. 2019. Т. 14. № 1. С. 9–25.
40. *Горобейко У.В.* Об истории изучения летучих мышей во Владивостоке за последнее столетие // *Региональные проблемы*. 2018. Т. 21. № 2. С. 33–38.
41. *Reed K.D., Meece J.K., Henkel J.S., Shukla S.K.* Birds, migration and emerging zoonoses: west nile virus, lyme disease, influenza A and enteropathogens // *Clinical medicine and research*. 2003. V. 1. № 1. P. 5–12.
42. *Morse S.S., Mazet J.A., Woolhouse M. et al.* Prediction and prevention of the next pandemic zoonosis // *Lancet*. 2012. V. 380 (9857). P. 1956–1965.
43. *Sparagano O., George D., Giangaspero A., Špitalská E.* Arthropods and associated arthropod-borne diseases transmitted by migrating birds. The case of ticks and tick-borne pathogens // *Veterinary parasitology*. 2015. V. 213. № 1–2. P. 61–66.
44. *Buczek A.M., Buczek W., Buczek A., Bartosik K.* The Potential Role of Migratory Birds in the Rapid Spread of Ticks and Tick-Borne Pathogens in the Changing Climatic and Environmental Conditions in Europe // *International journal of environmental research and public health*. 2020. V. 17. № 6. Article number 2117.
45. *Юрлов А.К., Чернышов В.М., Яновский А.П.* 1998. Новые сведения о путях пролёта и районах зимовки некоторых видов птиц из южной части Западной Сибири // *Материалы к распространению птиц на Урале, в Приуралье и Западной Сибири*. 1998. № 3. С. 189–192.
46. *Long J.S., Mistry B., Haslam S.M., Barclay W.S.* Host and viral determinants of influenza A virus species specificity // *Nature reviews. Microbiology*. 2019. V. 17. № 2. P. 67–81. Erratum in: *Nature reviews. Microbiology*. 2018.
47. *Shestopalov A.M., Durimanov A.G., Evseenko V.A. et al.* H5N1 influenza virus, domestic birds, western Siberia, Russia // *Emerging Infectious Diseases*. 2006. V. 12. № 7. P. 1167–1169.
48. *Webster R.G., Govorkova E.A.* H5N1 Influenza – Continuing Evolution and Spread // *New England Journal of Medicine*. 2006. V. 355. № 21. P. 2174–2177.
49. *Global spread of H5N1*. [https://en.wikipedia.org/wiki/Global\\_spread\\_of\\_H5N1](https://en.wikipedia.org/wiki/Global_spread_of_H5N1) (дата обращения 23.03.2022).
50. *High pathogenicity avian influenza (HPAI) – Situation report 24/02/2022*. <https://www.oie.int/app/uploads/2022/03/hpai-situation-report-20220224.pdf> (дата обращения 23.03.2022).
51. *Borisov S.N., Iakovlev I.K., Borisov A.S. et al.* Seasonal Migrations of *Pantala flavescens* (Odonata: Libellulidae) in Middle Asia and Understanding of the Migration Model in the Afro-Asian Region Using Stable Isotopes of Hydrogen // *Insects*. 2020. № 11. Article number 890.