

Әлібекова Д.А., магистр естественных наук, <https://orcid.org/0000-0001-5808-9632>
ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности»,
АО «Национальный холдинг «QazBioPharm», пгт. Гвардейский, ул. Б. Момышулы 15, 080409,
Казахстан, alib3kova@gmail.com

Омарова З.Д., магистр естественных наук, <https://orcid.org/0000-0003-4215-2638>
ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности»,
АО «Национальный холдинг «QazBioPharm», пгт. Гвардейский, ул. Б. Момышулы 15, 080409,
Казахстан, z.omarova@biosafety.kz

Аргимбаева Т.У., магистр естественных наук, <https://orcid.org/0000-0002-5656-0678>
ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности»,
АО «Национальный холдинг «QazBioPharm», пгт. Гвардейский, ул. Б. Момышулы 15, 080409,
Казахстан, t.argimbayeva@biosafety.kz

Алмежанова М.Д., магистр естественных наук, <https://orcid.org/0000-0002-0450-5941>
ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности»,
АО Национальный холдинг «QazBioPharm», пгт. Гвардейский, ул. Б. Момышулы 15, 080409,
Казахстан, m.almezhanova@biosafety.kz

Кожаберженов Н.С., магистр естественных наук, <https://orcid.org/0000-0001-6299-9399>
ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности»,
АО Национальный холдинг «QazBioPharm», пгт. Гвардейский, ул. Б. Момышулы 15, 080409,
Казахстан, n.kozhabergen@biosafety.kz

Баракбаев К.Б., кандидат ветеринарных наук, **основной автор**, <https://orcid.org/0000-0002-7701-5142>
ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности»,
АО Национальный холдинг «QazBioPharm», пгт. Гвардейский, ул. Б. Момышулы 15, 080409,
Казахстан, k.barakbayev@biosafety.kz

Alibekova D.A., master of natural sciences, <https://orcid.org/0000-0001-5808-9632>
Research Institute for Biological Safety Problems LLP, JSC National Holding «QazBioPharm»,
Gvardeiskiy, B. Momyshuly Street 15, 080409, Kazakhstan, alib3kova@gmail.com

Omarova Z.D., master of natural sciences, <https://orcid.org/0000-0003-4215-2638>
Research Institute for Biological Safety Problems LLP, JSC National Holding «QazBioPharm»,
Gvardeiskiy, B. Momyshuly Street 15, 080409, Kazakhstan, z.omarova@biosafety.kz

Argimbayeva T.U., master of natural sciences, <https://orcid.org/0000-0002-5656-0678>
Research Institute for Biological Safety Problems LLP, JSC National Holding «QazBioPharm»,
Gvardeiskiy, B. Momyshuly Street 15, 080409, Kazakhstan, t.argimbayeva@biosafety.kz

Almezhanova M.D., master of natural sciences, <https://orcid.org/0000-0002-0450-5941>
Research Institute for Biological Safety Problems LLP, JSC National Holding «QazBioPharm»,
Gvardeiskiy, B. Momyshuly Street 15, 080409, Kazakhstan, m.almezhanova@biosafety.kz

Kozhabergenov N.S., master of natural sciences, <https://orcid.org/0000-0001-6299-9399>
Research Institute for Biological Safety Problems LLP, JSC National Holding «QazBioPharm»,
Gvardeiskiy, B. Momyshuly Street 15, 080409, Kazakhstan, n.kozhabergen@biosafety.kz

Barakbayev K.B., candidate of veterinary sciences, **the main author**, <https://orcid.org/0000-0002-7701-5142>
Research Institute for Biological Safety Problems LLP, JSC National Holding «QazBioPharm»,
Gvardeiskiy, B. Momyshuly Street 15, 080409, Kazakhstan, k.barakbayev@biosafety.kz

ВЫЯВЛЕНИЕ ВИРУСА ДИАРЕИ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА У КЛЕЩЕЙ РОДА *HYALOMMA*

DETECTION OF BOVINE DIARRHEA VIRUS IN TICKS OF THE GENUS *HYALOMMA*

АННОТАЦИЯ

Вирусная диарея крупного рогатого скота (ВД КРС) – одно из наиболее значимых инфекционных заболеваний, вызывающих серьезный экономический ущерб в животноводстве. Это первое исследование, проведенное для улучшения понимания роли клещей в циркуляции

вирусной диареи КРС в Казахстане. С целью определения циркуляции вируса диареи КРС среди клещей нами проведён молекулярно-генетический анализ иксодовых клещей рода *Hyalomma*, собранных с крупного рогатого скота в Кызылординской области Казахстана. Для выявления вирусного генома использовали метод высокопроизводительного секвенирования (next-generation sequencing, NGS) на платформе Ion Torrent. Из 10 пулов объединённых пулов клещей в трёх получены последовательности, соответствующие вирусу диареи КРС как 1-го, так и 2-го генотипов. Обнаружение ВД КРС-1 и ВД КРС-2 в одном из пулов также подчёркивает генетическое разнообразие циркулирующих штаммов и потенциальную сложность диагностики и контроля инфекции. Анализ данных позволил установить присутствие РНК вируса диареи КРС как одного из доминирующих вирусов, обнаруженных в исследованных образцах клещей. Установлено, что носительство вируса диареи среди клещей рода *Hyalomma* составляет 6-60%. Результаты проведенных исследований показали, что клещи являются носителями вируса диареи и могут играть немаловажную роль в эпизоотологии данного заболевания. Полученные результаты подчеркивают необходимость постоянного наблюдения среди клещей с целью улучшения надзора и выявления инфекционных заболеваний.

ANNOTATION

Bovine viral diarrhea (BVD) is one of the most significant infectious diseases causing serious economic losses in livestock farming. This is the first study conducted to improve the understanding of the role of ticks in the circulation of the BVD virus in Kazakhstan. To determine the circulation of the BVD virus among ticks, we performed a molecular genetic analysis of ixodid ticks of the genus *Hyalomma* collected from cattle in the Kyzylorda region of Kazakhstan. Detection of the viral genome was carried out using next-generation sequencing (NGS) on the Ion Torrent platform. Out of ten pooled tick samples, three contained sequences corresponding to BVD virus genotypes 1 and 2. The detection of both BVDV-1 and BVDV-2 in one of the pools also highlights the genetic diversity of circulating strains and the potential complexity of diagnosis and infection control. Data analysis confirmed the presence of BVD viral RNA as one of the dominant viruses identified in the examined tick samples. The prevalence of BVD virus among *Hyalomma* ticks ranged from 6% to 60%. The obtained results demonstrated that ticks serve as carriers of the BVD virus and may play an important role in the epizootiology of this disease. These findings emphasize the necessity of continuous tick monitoring to enhance surveillance and detection of infectious diseases.

Ключевые слова: вирусная диарея крупного рогатого скота, *Hyalomma*, клещи, секвенирование, NGS.

Key words: bovine viral diarrhea, *Hyalomma*, ticks, sequencing, NGS.

Введение. Вирус диареи крупного рогатого скота (ВД КРС) представляет собой экономически значимый патоген, вызывающий острые и персистирующие инфекции у крупного рогатого скота по всему миру. Вирус относится к роду *Pestivirus* семейства *Flaviviridae* и подразделяется на два основных генотипа – ВД КРС-1 и ВД КРС-2, каждый из которых включает множество субгенотипов [1,2]. Инфекция характеризуется широким спектром клинических проявлений, включая респираторные и желудочно-кишечные расстройства, репродуктивные потери, а также иммунодепрессию, что способствует присоединению вторичных инфекций [3].

Род *Pestivirus* (семейство *Flaviviridae*) содержит вирусы, имеющие значение для животноводства, а именно вирус диареи крупного рогатого скота (ВД КРС)-1, ВД КРС-2 и недавно описанный НоВиРев. Эти вирусы классифицируются как виды *Pestivirus A*, *B* и *H* соответственно [4, 5, 6, 7, 8].

Геном пестивирусов представлен однонитевой РНК положительной полярности, длиной 12,3 тыс. нуклеотидов. Вирионы имеют сферическую форму, их диаметр от 40 до 60 Нм [9, 10, 11].

Передача вируса обычно происходит горизонтально – через прямой контакт между животными, а также вертикально – от матери к плоду. Однако в последние годы всё большее внимание уделяется возможной роли эктопаразитов, включая кровососущих клещей, в циркуляции и передаче ВД КРС в природе. Ряд исследований показал присутствие РНК ВД КРС в различных видах клещей, включая *Rhipicephalus*, *Ixodes* и *Hyalomma*, собранных с инфицированных животных [12, 13]. Тем не менее, данные о видовой принадлежности клещей и распространённости вируса в них остаются ограниченными и требуют дальнейшего изучения.

Клещи рода *Hyalomma* являются одними из наиболее распространённых и эпидемиологически значимых иксодовых клещей в регионах с засушливым и полусухим климатом, включая страны Центральной Азии и Казахстан. Эти клещи выступают переносчиками различных вирусных и бактериальных патогенов, включая вирус Крымской-Конго геморрагической лихорадки, риккетсии, тейлерии и др. [14, 15]. Учитывая их широкое распространение среди сельскохозяйственных животных, особенно крупного рогатого скота, возникает обоснованное предположение о возможной роли клещей рода *Hyalomma* в эпизоотологии ВД КРС.

Болезнь регистрируется во многих странах мира. В государственных источниках с открытым доступом отсутствует какая-либо информация о статусе ВД КРС в Казахстане, поэтому официально считается, что территория Казахстана свободна от ВД КРС. Однако, следует отметить, что имеются многочисленные указания на то, что данная инфекция распространена во многих регионах страны [16].

Материалы и методы исследований. Сбор образцов клещей. В 2023 году сбор образцов клещей проводился на территории Кызылординской, Жамбылской, Алматинской и Жетысуской областей Республики Казахстан. Всего было изучено 94 образца клещей рода *Hyalomma*, из них 30 образца клещей из Кызылординской области, 28 образца клещей Жамбылской области, 10 образца клещей Алматинской области и 16 образца клещей Жетысуской области.

Сбор половозрелых иксодовых клещей для исследований проводился с крупного рогатого скота. Все клещи были собраны живыми и помещены в пластиковые пробирки с завинчивающейся крышкой. К собранному материалу прикрепляли подробную этикетку. Собранные клещи хранились и транспортировались в жидком азоте в сосуде Дьюара. Клещи объединялись по виду и по местам сбора в 10 пулы (таблица 1). Измельчение клещей проводили в пластиковых пробирках в гомогенизаторе IKA ULTRA-TURRAX с добавлением 1000 мкл фосфатного буфера. Полученную суспензию хранили до начала исследования при температуре -70°C . Для идентификации клещей до рода и вида пользовались описанием клещей, их рисунками и таблицами-определителями клещей [17].

Таблица 1 – Характеристики клещей

№ пула	Место сбора клещей	Вид клещей	Количество клещей
1	Кызылординская область, с/о Жалагаш1	<i>H. scupense</i>	10
2	Кызылординская область, с/о Жалагаш2	<i>H. scupense</i>	10
3	Кызылординская область, с/о Жалагаш3	<i>H. scupense</i>	10
4	Жамбылская область, п.Отар1	<i>H. scupense</i>	10
5	Жамбылская область, Жанатас1	<i>H. asiaticum</i>	10
6	Жамбылская область, Шу	<i>H. scupense</i>	8
7	Алматинская область, Чарын	<i>H. asiaticum</i>	10
8	Жетысуская область, Жаркент	<i>H. asiaticum</i>	10
9	Жетысуская область, Учарал	<i>H. asiaticum</i>	10
10	Жетысуская область, Шалакай	<i>H. asiaticum</i>	6
Всего			94

Географические точки сбора клещей рода *Hyalomma* были нанесены на карту с помощью программного обеспечения QGIS 3.34 (рисунок 1).



Рисунок 1 – Места сбора клещей

Выделение РНК и синтез кДНК вируса. Выделение РНК вирусов проводили с помощью набора Purelink Viral RNA, DNA Mini Kit, (Invitrogen, Thermo Fisher Scientific, Carlsbad, California, USA) из 10 пулов клещей. Каждый пул включал по 6-10 клещей одного вида и одного пола, собранных с одной местности.

Синтез кДНК проводили с использованием набора Ion Torrent NGS Reverse Transcription (RT) Kit (Thermo Fisher Scientific, Carlsbad, USA).

Подготовка библиотеки NGS и обработка данных. Для приготовления библиотеки для NGS секвенирования использовали 30 мкл кДНК вируса с концентрацией 10-100 ng/μl. Библиотеки приготовлены методами фрагментации и лигирования с помощью набора Ion Plus Fragment Library Kit (Thermo Fisher Scientific, Carlsbad, USA), а этапы очистки проводили с помощью магнитных сфер Agencourt AMPure XP reagent (Beckman Coulter, Brea, California, USA) в соответствии с инструкциями производителей. Амплификацию ДНК библиотек осуществляли с помощью компонентов набора Ion Plus Fragment Library Kit (Thermo Fisher Scientific, Carlsbad, USA) в соответствии с инструкцией производителя. После очистки амплифицированные библиотеки количественно определяли с помощью набора Ion Universal Library Quantitation Kit (Thermo Fisher Scientific, Carlsbad, USA). ДНК библиотеки далее готовились на оборудовании Ion Chef с использованием набора Ion 510 & Ion 520 & Ion 530 Kit (Thermo Fisher Scientific, Marsiling Industrial Estate, Woodlands, Singapore) и Ion 530 чипа (Thermo Fisher Scientific, Carlsbad, USA).

Секвенирование генома вирусов осуществлялось с использованием технологии высокопроизводительного секвенирования (NGS) на платформе Ion Torrent, на NGS секвенаторе Ion Gene Studio S5 (Thermo Fisher Scientific, Marsiling Industrial Estate, Woodlands, Singapore). Результаты секвенирования были получены с помощью программы Ion Torrent Suite Software ver. 5.12 в форматах UBAM и FASTQ.

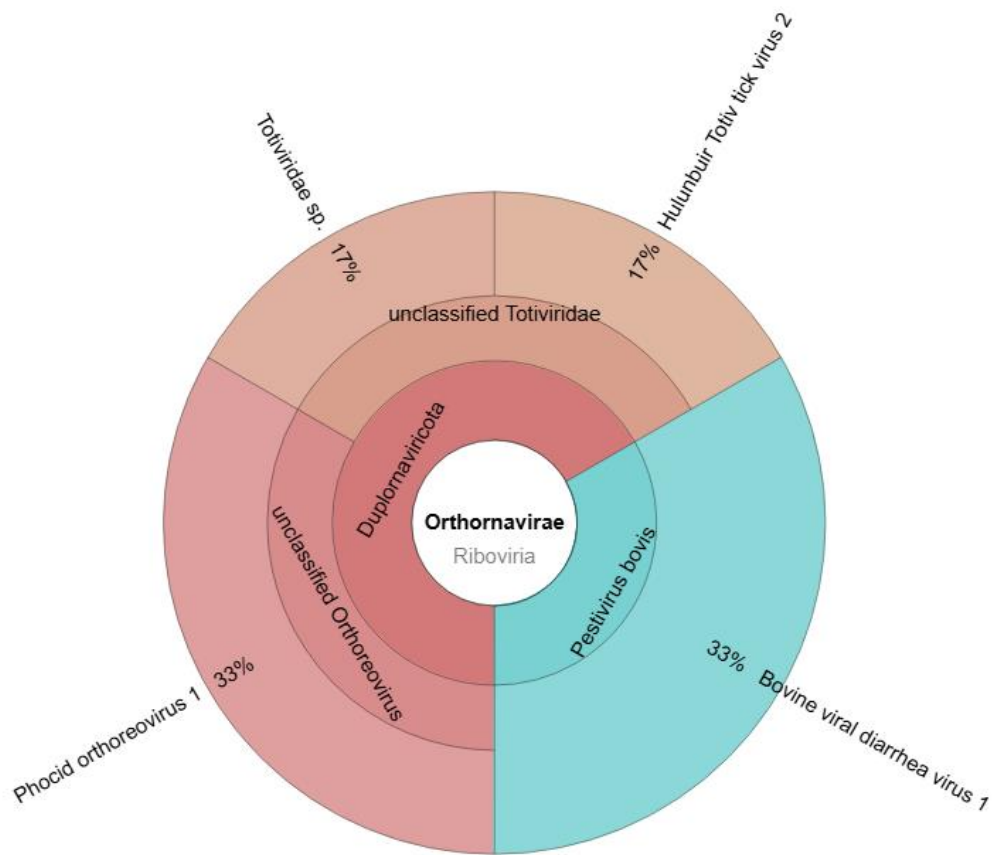
Таксономическую классификацию проводили с помощью программы Kaiju и базы данных nr_euk. Визуализацию осуществляли с помощью программы Krona.

Результаты и их обсуждение. Несмотря на то, что ВД КРС не считается типичным арбовирусом, зарубежные исследования продемонстрировали наличие его РНК в кровососущих членистоногих, включая клещей, собранных с инфицированного скота [13]. Это ставит под вопрос возможность участия клещей в сохранении вируса в окружающей среде и/или его механической передаче. Настоящее исследование направлено на изучение этой потенциальной связи – через выявление генетического материала ВД КРС в клещах рода *Hyalomma*, собранных с крупного рогатого скота в естественных условиях.

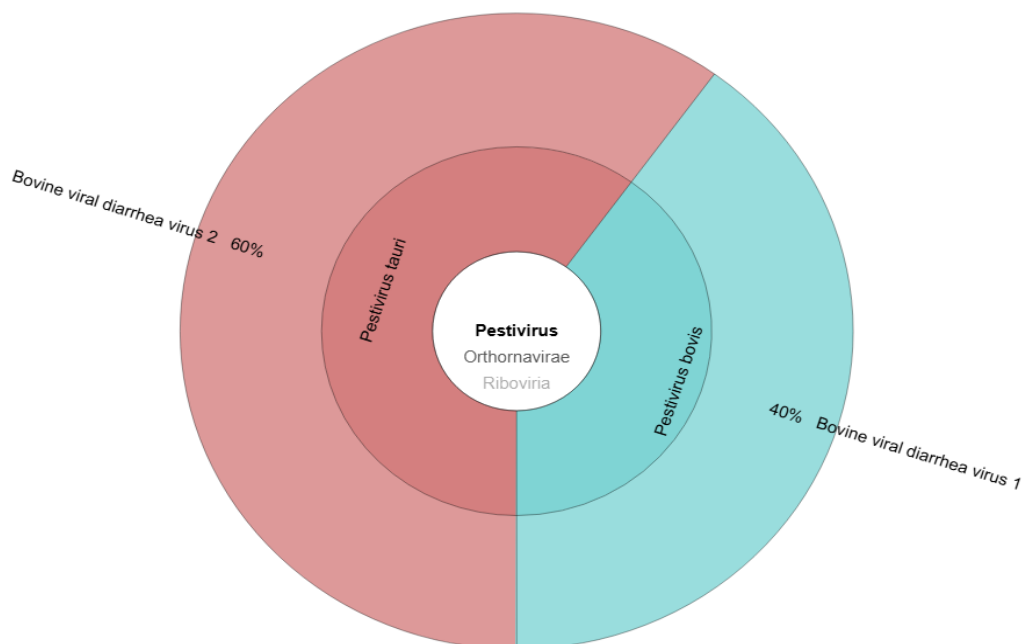
Клещи *H. Scupense* и *H. Asiaticum* объединенные по виду и по местам сбора в 10 пулов клещей были исследованы методом высокопроизводительного секвенирования (next-generation sequencing, NGS) на платформе Ion Torrent. Секвенирование вирусного генетического материала, выделенного из трёх пулов клещей рода *Hyalomma*, позволило идентифицировать вирусы, относящиеся к различным таксонам. Анализ данных с помощью программного обеспечения Kaiju и визуализация с использованием Krona позволили установить присутствие РНК вируса диареи

крупного рогатого скота как одного из доминирующих вирусов, обнаруженных в исследованных образцах. Результаты визуализации результатов NGS секвенирования представлены на рисунке 2.

А



Б



Факт обнаружения РНК ВД КРС в клещах рода *Hyalomma*, собранных с крупного рогатого скота позволяет предположить возможность их участия в механизмах циркуляции вируса. Хотя традиционно ВД КРС передаётся горизонтальным и вертикальным путём между животными, существуют данные, подтверждающие наличие вирусной РНК в эктопаразитах, включая клещей, мух и комаров [12, 13]. До настоящего времени не установлена роль клещей как биологических или механических переносчиков. Несмотря на то, что клещи не считаются основными переносчиками ВД КРС, полученные данные подтверждают возможность их участия в циркуляции вируса в естественных условиях, либо через механическую передачу, либо как резервуаров остаточной вирусной РНК.

На территории Казахстана аналогичные исследования проводились нашими коллегами, которые проанализировали более 3000 клещей из восьми регионов страны, включая *Dermacentor marginatus* (28,08%), *Hyalomma asiaticum* (21,28%), *Hyalomma anatolicum* (17,18%), *Dermacentor reticulatus* (2,01%), *Ixodes ricinus* (3,35%), *Ixodes persulcatus* (0,33%), *Hyalomma scupense* (12,87%) и *Hyalomma marginatum* (14,90%). Однако, несмотря на масштаб выборки, в исследовании не были выявлены последовательности ВД КРС. Авторы сосредоточились на других патогенах: вирус нодулярного дерматита (LSDV), *Coxiella burnetti*, *Theileria annulata* и *Babesia caballi* и др. [18, 19, 20]. Таким образом, отсутствие ВД КРС в исследовании у авторов может быть связано с отличиями в методах (в основном ПЦР), географией отбора, сезонами сбора, а также с недостаточной чувствительностью используемых диагностических подходов по сравнению с NGS.

Исходя из вышеизложенного, нами полученные результаты демонстрируют наличие ВД КРС типов 1 и 2 в клещах рода *Hyalomma*, собранных в Кызылординской области и поднимают вопрос о потенциальной эпизоотологической значимости данных эктопаразитов в эпизоотологии ВД КРС в условиях южного Казахстана.

Заключение. Результаты настоящего исследования продемонстрировали наличие фрагмента генома вируса диареи крупного рогатого скота (ВД КРС) 1 и 2 типов в иксодовых клещах рода *Hyalomma*, собранных с крупного рогатого скота в Кызылординской области Республики Казахстан. Выявление вирусной РНК в трёх независимых пулах клещей с использованием высокопроизводительного секвенирования NGS свидетельствует о потенциальной эпизоотологической значимости этих эктопаразитов.

Таким образом, результаты проведенных исследований показали, что клещи рода *Hyalomma* являются носителями вируса диареи в Казахстане и могут играть немаловажную роль в эпизоотологии данного заболевания. Носительство вируса диареи среди клещей рода *Hyalomma* составляет 6-60%. Исследования показали, что клещи могут играть немаловажную роль в поддержании заболевания в природных очагах исследованных регионов.

Полученные результаты подчеркивают необходимость дальнейших комплексных исследований, направленных на изучение взаимодействия между эктопаразитами и вирусами сельскохозяйственных животных. Дальнейшая валидация этих данных на расширенной выборке, а также определение жизнеспособности обнаруженного вируса, позволит более точно оценить эпидемиологическую роль клещей рода *Hyalomma* в распространении ВД КРС в условиях Казахстана.

Финансирование. Исследование выполнено в рамках проекта «Распространенность и генетическое разнообразие флавивирусов в Казахстане» (ИРН № AP19678678) при финансовой поддержке Комитета науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- 1 Ridpath J.F. Bovine viral diarrhoea virus: global status // *Veterinary Clinics of North America: Food Animal Practice*. – 2010. – Vol. 26, No. 1. – P. 105-121. – DOI: 10.1016/j.cvfa.2009.10.007.
- 2 Yeşilbaş K., Alpay G., Becher P. Variability and global distribution of subgenotypes of bovine viral diarrhoea virus // *Viruses*. – 2017. – Vol. 9, No. 6. – P. 128. – DOI: 10.3390/v9060128.
- 3 Fulton R.W. Host response to bovine viral diarrhoea virus and interactions with infectious agents in the feedlot and breeding herd // *Biologicals*. – 2013. – Vol. 41, No. 1. – P. 31-38. – DOI: 10.1016/j.biologicals.2012.07.009.
- 4 Smith D.B., Meyers G., Bukh J., Gould E.A., Monath T., Muerhoff A.S., Pletnev A., Rico-Hesse R., Stapleton J.T., Simmonds P., Becher P. Proposed revision to the taxonomy of the genus Pestivirus, family Flaviviridae // *Journal of General Virology*. – 2017. – Vol. 98, No. 8. – P. 2106-2112. – DOI: 10.1099/jgv.0.000873.

- 5 Decaro N. HoBi-like pestivirus and reproductive disorders // *Frontiers in Veterinary Science*. – 2020. – Vol. 7. – Article 622447. – DOI: 10.3389/fvets.2020.622447.
- 6 Bauermann F.V., Ridpath J.F., Weiblen R., Flores E.F. Epidemiology of Pestivirus H in Brazil and its control implications // *Frontiers in Veterinary Science*. – 2021. – Vol. 8. – Article 693041. – DOI: 10.3389/fvets.2021.693041.
- 7 Wang Y., Zhao X., Wang Z., Yang X., Zhang X. Diagnosis of bovine viral diarrhea virus: an overview // *Frontiers in Microbiology*. – 2024. – Vol. 15. – Article 1370050. – DOI: 10.3389/fmicb.2024.1370050.
- 8 Baumbach L.F., Mósen A.C.S., Batista H.B.C.R., Flores E.F. HoBi-like pestivirus is highly prevalent in cattle herds in the Amazon region (Northern Brazil) // *Viruses*. – 2023. – Vol. 15, No. 2. – P. 453. – DOI: 10.3390/v15020453.
- 9 King A.M.Q., Lefkowitz E.J., Mushegian A.R., Adams M.J., Dutilh B.E., Gorbalenya A.E., Harrach B., Harrison R.L., Junglen S., Knowles N.J., Kropinski A.M., Krupovic M., Kuhn J.H., Nibert M.L., Rubino L., Sabanadzovic S., Sanfaçon H., Siddell S.G., Simmonds P., Varsani A., Zerbini F.M., Davison A.J. Changes to taxonomy and the International Code of Virus Classification and Nomenclature ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses (2018) // *Archives of Virology*. – 2018. – Vol. 163, No. 9. – P. 2601-2631. – DOI: 10.1007/s00705-018-3847-1.
- 10 Schmeiser S., Witteveldt J., Drexler J.F., González-González E., Stocker A., Becher P., et al. New insights into pestivirus biology from ultrastructural studies of strain Giraffe-1 // *Journal of Virology*. – 2014. – Vol. 88, No. 20. – P. 11726-11735. – DOI: 10.1128/JVI.01096-14.
- 11 Callens N., Brügger B., Bonnafous P., Drobecq H., Gerlier D., Cosset F.L., et al. Morphology and molecular composition of purified bovine viral diarrhea virus by cryo-electron microscopy and mass spectrometry // *PLoS Pathogens*. – 2016. – Vol. 12, No. 2. – Article e1005476. – DOI: 10.1371/journal.ppat.1005476.
- 12 Wernike K., Hoffmann B., Kalthoff D., Beer M. Detection of BVDV RNA in blood-sucking arthropods collected from persistently infected animals // *Veterinary Microbiology*. – 2014. – Vol. 173, No. 3-4. – P. 344-348. – DOI: 10.1016/j.vetmic.2014.08.013.
- 13 Zhang M., Xu D., Liu Y., Liu X., Ding L., Chen J., et al. Evidence for the presence of bovine viral diarrhea virus in ticks collected from cattle in China // *Transboundary and Emerging Diseases*. – 2019. – Vol. 66, No. 6. – P. 2553-2560. – DOI: 10.1111/tbed.13306.
- 14 Apanaskevich D.A., Schuster A.L., Horak I.G. The genus *Hyalomma*: VII. Redescription of all parasitic stages of *H. (Euhyalomma) dromedarii* and *H. (E.) schulzei* (Acari: Ixodidae) // *Journal of Medical Entomology*. – 2008. – Vol. 45, No. 5. – P. 817-831. – DOI: 10.1093/jmedent/45.5.817.
- 15 Estrada-Peña A., Gray J.S., Kahl O., Lane R.S., Nijhof A.M. Research on the ecology of ticks and tick-borne pathogens – methodological principles and caveats // *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. – 2013. – Vol. 3. – Article 29. – DOI: 10.3389/fcimb.2013.00029.
- 16 Lushova A.V., Kan S.A., Zhigailov A.V., Ostapchuk E.O., Kumatbekova S., Abdolla N., Naizabaeva D.A., Mamadaliev S.M. Analysis of the risks of the spread of bovine viral diarrhea in Kazakhstan // *Bulletin of Kazakh National University. Series Ecology*. – 2023. – No. 1 (74). – P. 98-105.
- 17 Apanaskevich D.A., Horak I.G. The genus *Hyalomma*. XI. Redescription of all parasitic stages of *H. (Euhyalomma) asiaticum* (Acari: Ixodidae) and notes on its biology // *Experimental and Applied Acarology*. – 2010. – Vol. 52, No. 2. – P. 207-220. – DOI: 10.1007/s10493-010-9361-0.
- 18 Sultankulova K.T., Shynybekova G.O., Issabek A.U., Mukhami N.N., Melisbek A.M., Chervyakova O.V., Kozhabergenov N.S., Barmak S.M., Bopi A.K., Omarova Z.D., Alibekova D., Argimbayeva T., Namet A., Zuban I., Orynbayev M.B. The prevalence of pathogens among ticks collected from livestock in Kazakhstan // *Pathogens*. – 2022. – Vol. 11, No. 10. – Article 1206. – DOI: 10.3390/pathogens11101206.
- 19 Perfil'yeva Y.V., Shapiyeva Zh.Zh., Dmitrovskiy A. Tick-borne pathogens and their vectors in Kazakhstan: a review // *Ticks and Tick-borne Diseases*. – 2020. – Vol. 11, No. 5. – Article 101498. – DOI: 10.1016/j.ttbdis.2020.101498.
- 20 Zeng W., Zhumanov K., Awulibieer M., Abylay S., Serik K., Yang M., Wang Y., Hazihan W. Molecular detection of piroplasms, *Anaplasma*, and *Ehrlichia* species in Kazakhstan // *Frontiers in Veterinary Science*. – 2025. – Vol. 12. – Article 1533589. – DOI: 10.3389/fvets.2025.1533589.

REFERENCES

- 1 Ridpath J.F. Bovine viral diarrhea virus: global status // *Veterinary Clinics of North America: Food Animal Practice*. – 2010. – Vol. 26, No. 1. – P. 105–121. – DOI: 10.1016/j.cvfa.2009.10.007.
- 2 Yeşilbağ K., Alpay G., Becher P. Variability and global distribution of subgenotypes of bovine viral diarrhea virus // *Viruses*. – 2017. – Vol. 9, No. 6. – P. 128. – DOI: 10.3390/v9060128.
- 3 Fulton R.W. Host response to bovine viral diarrhea virus and interactions with infectious agents in the feedlot and breeding herd // *Biologicals*. – 2013. – Vol. 41, No. 1. – P. 31-38. – DOI: 10.1016/j.biologicals.2012.07.009.
- 4 Smith D.B., Meyers G., Bukh J., Gould E.A., Monath T., Muerhoff A.S., Pletnev A., Rico-Hesse R., Stapleton J.T., Simmonds P., Becher P. Proposed revision to the taxonomy of the genus Pestivirus, family Flaviviridae // *Journal of General Virology*. – 2017. – Vol. 98, No. 8. – P. 2106-2112. – DOI: 10.1099/jgv.0.000873.
- 5 Decaro N. HoBi-like pestivirus and reproductive disorders // *Frontiers in Veterinary Science*. – 2020. – Vol. 7. – Article 622447. – DOI: 10.3389/fvets.2020.622447.
- 6 Bauermann F.V., Ridpath J.F., Weiblen R., Flores E.F. Epidemiology of Pestivirus H in Brazil and its control implications // *Frontiers in Veterinary Science*. – 2021. – Vol. 8. – Article 693041. – DOI: 10.3389/fvets.2021.693041.
- 7 Wang Y., Zhao X., Wang Z., Yang X., Zhang X. Diagnosis of bovine viral diarrhea virus: an overview // *Frontiers in Microbiology*. – 2024. – Vol. 15. – Article 1370050. – DOI: 10.3389/fmicb.2024.1370050.
- 8 Baumbach L.F., Mósena A.C.S., Batista H.B.C.R., Flores E.F. HoBi-like pestivirus is highly prevalent in cattle herds in the Amazon region (Northern Brazil) // *Viruses*. – 2023. – Vol. 15, No. 2. – P. 453. – DOI: 10.3390/v15020453.
- 9 King A.M.Q., Lefkowitz E.J., Mushegian A.R., Adams M.J., Dutilh B.E., Gorbalenya A.E., Harrach B., Harrison R.L., Junglen S., Knowles N.J., Kropinski A.M., Krupovic M., Kuhn J.H., Nibert M.L., Rubino L., Sabanadzovic S., Sanfaçon H., Siddell S.G., Simmonds P., Varsani A., Zerbini F.M., Davison A.J. Changes to taxonomy and the International Code of Virus Classification and Nomenclature ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses (2018) // *Archives of Virology*. – 2018. – Vol. 163, No. 9. – P. 2601–2631. – DOI: 10.1007/s00705-018-3847-1.
- 10 Schmeiser S., Witteveldt J., Drexler J.F., González-González E., Stocker A., Becher P., et al. New insights into pestivirus biology from ultrastructural studies of strain Giraffe-1 // *Journal of Virology*. – 2014. – Vol. 88, No. 20. – P. 11726–11735. – DOI: 10.1128/JVI.01096-14.
- 11 Callens N., Brügger B., Bonnafous P., Drobecq H., Gerlier D., Cosset F.L., et al. Morphology and molecular composition of purified bovine viral diarrhea virus by cryo-electron microscopy and mass spectrometry // *PLoS Pathogens*. – 2016. – Vol. 12, No. 2. – Article e1005476. – DOI: 10.1371/journal.ppat.1005476.
- 12 Wernike K., Hoffmann B., Kalthoff D., Beer M. Detection of BVDV RNA in blood-sucking arthropods collected from persistently infected animals // *Veterinary Microbiology*. – 2014. – Vol. 173, No. 3–4. – P. 344-348. – DOI: 10.1016/j.vetmic.2014.08.013.
- 13 Zhang M., Xu D., Liu Y., Liu X., Ding L., Chen J., et al. Evidence for the presence of bovine viral diarrhea virus in ticks collected from cattle in China // *Transboundary and Emerging Diseases*. – 2019. – Vol. 66, No. 6. – P. 2553-2560. – DOI: 10.1111/tbed.13306.
- 14 Apanaskevich D.A., Schuster A.L., Horak I.G. The genus Hyalomma: VII. Redescription of all parasitic stages of *H. (Euhyalomma) dromedarii* and *H. (E.) schulzei* (Acari: Ixodidae) // *Journal of Medical Entomology*. – 2008. – Vol. 45, No. 5. – P. 817–831. – DOI: 10.1093/jmedent/45.5.817.
- 15 Estrada-Peña A., Gray J.S., Kahl O., Lane R.S., Nijhof A.M. Research on the ecology of ticks and tick-borne pathogens – methodological principles and caveats // *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. – 2013. – Vol. 3. – Article 29. – DOI: 10.3389/fcimb.2013.00029.
- 16 Lushova A.V., Kan S.A., Zhigailov A.V., Ostapchuk E.O., Kuvatbekova S., Abdolla N., Naizabaeva D.A., Mamadaliev S.M. Analysis of the risks of the spread of bovine viral diarrhea in Kazakhstan // *Bulletin of Kazakh National University. Series Ecology*. – 2023. – No. 1 (74). – P. 98-105.
- 17 Apanaskevich D.A., Horak I.G. The genus Hyalomma. XI. Redescription of all parasitic stages of *H. (Euhyalomma) asiaticum* (Acari: Ixodidae) and notes on its biology // *Experimental and Applied Acarology*. – 2010. – Vol. 52, No. 2. – P. 207-220. – DOI: 10.1007/s10493-010-9361-0.
- 18 Sultankulova K.T., Shynybekova G.O., Issabek A.U., Mukhami N.N., Melisbek A.M., Chervyakova O.V., Kozhabergenov N.S., Barmak S.M., Bopi A.K., Omarova Z.D., Alibekova D., Argimbayeva T., Namet A., Zuban I., Orynbayev M.B. The prevalence of pathogens among ticks

collected from livestock in Kazakhstan // Pathogens. – 2022. – Vol. 11, No. 10. – Article 1206. – DOI: 10.3390/pathogens11101206.

19 Perfilyeva Y.V., Shapiyeva Zh.Zh., Dmitrovskiy A. Tick-borne pathogens and their vectors in Kazakhstan: a review // Ticks and Tick-borne Diseases. – 2020. – Vol. 11, No. 5. – Article 101498. – DOI: 10.1016/j.ttbdis.2020.101498.

20 Zeng W., Zhumanov K., Awulibieer M., Abylay S., Serik K., Yang M., Wang Y., Hazihan W. Molecular detection of piroplasms, Anaplasma, and Ehrlichia species in Kazakhstan // Frontiers in Veterinary Science. – 2025. – Vol. 12. – Article 1533589. – DOI: 10.3389/fvets.2025.1533589.

ТҮЙІН

Ірі қара малдың вирустық диареясы (ІҚМ ВД) – мал шаруашылығында айтарлықтай экономикалық шығын келтіретін маңызды жұқпалы аурулардың бірі. Бұл зерттеу Қазақстанда ІҚМ ВД вирусының айналымындағы кенелердің рөлін түсінуді жақсарту мақсатында жүргізілген алғашқы жұмыс болып табылады. ІҚМ ВД вирусының кенелер арасында таралуын анықтау үшін Қазақстанның Қызылорда облысындағы ірі қара малдан жиналған *Hyalomma* туысына жататын иксод кенелеріне молекулалық-генетикалық талдау жүргізілді. Вирустық геномды анықтау үшін Ion Torrent платформасында жоғары өнімді секвенирлеу (next-generation sequencing, NGS) әдісі қолданылды. Он біріктірілген кене пулдарының үшеуінен ІҚМ ВД вирусының 1 және 2 генотиптеріне сәйкес келетін тізбектер табылды. Бір пулдан ІҚМ ВД-1 және ІҚМ ВД-2 генотиптерінің қатар анықталуы айналымдағы штаммдардың генетикалық алуандылығын және инфекцияны диагностикалау мен бақылаудың күрделілігін көрсетеді. Мәліметтерді талдау нәтижесінде зерттелген үлгілерден ІҚМ ВД вирусының РНҚ-сы басым вирустардың бірі ретінде анықталды. *Hyalomma* кенелерінің арасында вирустың таралу деңгейі 6-60% аралығында болды. Алынған нәтижелер кенелердің ІҚМ ВД вирусының тасымалдаушысы болып, бұл аурудың эпизоотологиясында маңызды рөл атқаратынын көрсетті. Зерттеу нәтижелері инфекциялық ауруларды анықтау мен эпидемиологиялық бақылауды жетілдіру мақсатында кенелерге тұрақты мониторинг жүргізудің қажеттілігін айқындайды.