



DOI: 10.26898/0370-8799-2020-3-5

УДК: 619:578.833.2:636

КОРОНАВИРУСЫ ЖВАЧНЫХ ЖИВОТНЫХ

Глотов А.Г., Глотова Т.И.

Сибирский федеральный научный центр агробιοтехнологий Российской академии наук
Новосибирская область, р.п. Краснообск, Россия

Для цитирования: Глотов А.Г., Глотова Т.И. Коронавирусы жвачных животных // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. 2020. Т. 50. С. 49–61. DOI: 10.26898/0370-8799-2020-3-5.

For citation: Glotov A.G., Glotova T.I. Koronavirussy zhvachnykh zhivotnykh [Coronaviruses in ruminants]. *Sibirskii vestnik sel'skokhozyaistvennoi nauki* [Siberian Herald of Agricultural Science], 2020, vol. 50, no. 3, pp. 49–61. DOI: 10.26898/0370-8799-2020-3-5.

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.

Представлен обзор литературных данных о роли коронавирусов крупного рогатого скота в этиологии различных форм инфекции у домашних и диких жвачных животных, имеющих постоянный или временный контакт с рукокрылыми и человеком. Коронавирусы (CoVs) – большая группа оболочечных РНК-содержащих вирусов с размером генома 26,4–31,7 т.п.н. CoVs относятся к подсемейству Coronavirinae семейства Coronaviridae отряда Nidovirales и классифицированы в четыре рода. У крупного рогатого скота они вызывают три синдрома: диарею новорожденных телят, зимнюю дизентерию взрослых животных, респираторный дистресс у молочных и мясных телят на фоне угасания колострального иммунитета и пневмонию у телят на откорме. Bovine-like коронавирусы относятся к виду *Betacoronavirus 1*. Они возникают в результате генетических рекомбинаций и межвидовых передач, являются вариантами коронавирусов крупного рогатого скота, которые способны преодолевать межвидовые барьеры и инфицировать широкий спектр домашних и диких жвачных животных: овец, коз, водяных буйволов, верблюдов, оленей, жирафов и других, вызывая у них поражения желудочно-кишечного и респираторного трактов, а также неврологические и печеночные расстройства. Передача вируса

CORONAVIRUSES IN RUMINANT ANIMALS

Glotov A.G., Glotova T.I.

Siberian Federal Scientific Centre of Agro-BioTechnologies of the Russian Academy of Sciences

A review of the literature on the role of cattle coronaviruses in the etiology of various forms of infection in domestic and wild ruminants with constant or temporary contact with chiroptera and humans is presented. Coronaviruses (CoVs) are a large group of enveloped RNA viruses with a genome size of 26.4–31.7 kb. CoVs belong to the subfamily Coronavirinae of the family Coronaviridae of the order Nidovirales and are classified into four genera. They cause three syndromes in cattle: diarrhea of newborn calves, winter dysentery of adult animals, respiratory distress in dairy and meat calves against decline in colostral immunity and pneumonia in calves on feedlots. Bovine-like coronaviruses belong to the species *Betacoronavirus 1*. They arise as a result of genetic recombination and interspecific transmission, and are variants of cattle coronaviruses that are able to cross interspecific barriers and infect a wide range of domestic and wild ruminants: sheep, goats, water buffalo, camels, deer, giraffes and others, causing damage to the gastrointestinal and respiratory tracts, as well as neurological and liver disorders. The transmission of the virus from cattle to other ruminant species, and vice versa, contributes to the survival and preservation of the virus in nature, leads to new outbreaks of infection and keeps up the evolution of the virus. The constant migration of wild ruminants, caused in particular by human in-

от крупного рогатого скота другим жвачным животным, и наоборот, способствует выживанию и сохранению популяции вируса в природе, приводит к возникновению новых вспышек инфекции и поддерживает эволюцию вируса. Постоянная миграция диких жвачных животных, обусловленная, в частности, вмешательством человека в природу, способствует заносу и распространению вируса в новые регионы, его адаптации к другим хозяевам и формированию новых штаммов. Зоонозный потенциал коронавирусов крупного рогатого скота изучен достаточно хорошо. Зооантропонозный потенциал коронавирусов жвачных остается мало изученным. С учетом высоких адаптационных способностей последних к ним требуется более пристальное внимание и тщательный анализ.

Ключевые слова: коронавирусы, крупный рогатый скот, домашние и дикие жвачные животные, bovine-like вирусы, межвидовая передача, зооантропонозный потенциал

ВВЕДЕНИЕ

Коронавирусы (CoVs) образуют большую группу оболочечных вирусов, которые содержат самый большой геном среди всех РНК-вирусов (длиной 26,4–31,7 т.п.н.). Они относятся к подсемейству Coronavirinae семейства Coronaviridae отряда *Nidovirales*. Коронавирусы традиционно классифицируют в четыре рода: альфа-, бета-, гамма- и дельта-коронавирус [1, 2]. CoVs инфицируют широкий спектр видов животных и птиц, вызывая поражения желудочно-кишечного и респираторного трактов, а также неврологические и печеночные расстройства. Вирусы этого семейства обладают повышенной способностью адаптироваться к новым тканям, преодолевать межвидовые барьеры и занимать различные экологические ниши, что связано с высокочастотными мутациями, протяженными генными делециями и гомологичными рекомбинациями РНК [3].

Межвидовая передача ранее зарегистрирована у многих CoVs. Примером могут служить SARS-CoV у пальмовых циветт и человека [4], ближневосточный респираторный синдром CoV (MERS-CoV) у верблюдов и человека [5], COVID-19 у летучих мышей и человека [6].

Intervention in nature, contributes to the introduction and spread of the virus in new regions, its adaptation to other hosts and formation of new strains. The zoonotic potential of cattle coronaviruses has been studied quite well. The zooanthroponic potential of ruminant coronaviruses remains understudied. Given the high adaptive abilities of the latter, they require closer attention and careful analysis.

Keywords: coronaviruses, cattle, domestic and wild ruminants, bovine-like viruses, interspecific transmission, zooanthroponic potential

Данные вирусы имеют зооантропонозный потенциал. Из-за широкого спектра хозяев среди сельскохозяйственных животных, а также тесного контакта с человеком они во многом представляют ветеринарную проблему [6–8].

Коронавирусы крупного рогатого скота (BCoV) представляют группу вирусов, обладающих способностью преодолевать межвидовые барьеры в широких пределах. Эти вирусы идентифицированы в качестве основных этиологических агентов желудочно-кишечных или респираторных болезней у разных видов жвачных животных [9], собак [10] и даже человека [11]. Существует предположение, что домашние и дикие жвачные животные могут потенциально выполнять функцию промежуточных хозяев или резервуаров для коронавирусов и представлять опасность для человека [8].

Цель данного обзора – обновить информацию относительно роли коронавирусов крупного рогатого скота в этиологии различных форм инфекции у домашних и диких жвачных животных, имеющих постоянный или временный контакт с рукокрылыми и человеком.

Коронавирусные инфекции крупного рогатого скота – одни из самых распространенных у этого вида домашних животных, что объясняется быстрой передачей вируса фекально-оральным и воздушно-капельным путями [12], а также наличием животных-вирусоносителей в стаде, которые выделяют вирус с фекалиями, особенно во время стресса, зимнего сезона и отелов, и служат источником инфекции для новорожденных телят [13].

Коронавирусная диарея новорожденных телят. Коронавирус часто выявляется у здоровых и больных диареями животных, что в практических условиях затрудняет оценку его роли в качестве основного этиологического агента [14]. Вирус впервые выделен в 1973 г. [15]. Установлены количественные связи между частотой выявления вируса в фекалиях и носовых выделениях с наличием клинических признаков болезни [16].

Заболеваемость новорожденных телят может достигать 100%, общие потери животных могут составлять до 50%. Клинические признаки заболевания начинают проявляться примерно через 2 дня после инфицирования и длятся в течение 3–6 дней. Наблюдают обильную водянистую диарею, в фекалиях могут присутствовать сгустки крови. У телят регистрируют умеренную депрессию, слабый сосательный рефлекс и быстрое обезвоживание. Пониженное потребление корма и воды, потеря электролитов могут привести к дегидратации, метаболическому ацидозу и гипогликемии. Клинически выздоровевшие телята способны выделять вирус в течение нескольких недель [17].

Зимняя коронавирусная дизентерия взрослых животных. Зимняя дизентерия (ЗД) – острая болезнь мясного и молочного крупного рогатого скота, а также диких жвачных животных в неволе, протекающая с симптомами диареи и возникающая в основном в зимнее время (ноябрь – март) [18].

Болезнь встречается у крупного рогатого скота во всем мире. Серопревалентность к вирусу среди взрослых животных обычно высокая [19]. Описаны вспышки болезни у

взрослого молочного скота, а также у телят от 6 до 9 мес [20]. Заболеваемость высокая (50–100%), однако летальность при неосложненных случаях низкая (1–2%). Риск возникновения болезни представляет выделение вируса с фекалиями, а также выявление сероконверсии к вирусу.

Впервые вирус выделен в культуре клеток от животных с признаками ЗД в 1990 г. [21]. Штаммы вируса, выделенные при вспышках ЗД, проявляют тесное антигенное родство со штаммами при других клинических синдромах коронавирусной инфекции [20]. В экспериментальных условиях они перекрестно защищают телят от заражения штаммами, выделенными при диарее новорожденных [19].

Респираторный коронавирус крупного рогатого скота

Респираторная инфекция молодых телят в молочных и мясных стадах. Респираторная форма встречается во всем мире и проявляется в виде ринита, кашля или пневмонии у телят в возрасте 2–6 мес после снижения титров колостральных антител ниже защитного уровня [9]. Вирус присутствует в носовых выделениях и фекалиях больных животных.

Зарегистрировано фекальное и назальное выделение респираторного штамма вируса новорожденными телятами до 20-недельного возраста [9, 22]. Первоначальной формой болезни может быть диарея, переходящая в респираторную форму. Выделение вируса с носовыми секретами носит прерывистый характер в связи с повторным заражением. Долговременный иммунитет слизистых оболочек верхних дыхательных путей телят после естественной респираторной инфекции аналогично респираторной форме инфекции человека и свиней отсутствует [23, 24].

Резервуарами вируса могут быть субклинически или клинически больные телята или телки старших возрастов, у которых размножение вируса происходит циклично, сопровождаясь его выделением из носа [9]. Циркуляция вируса может происходить и на взрослых животных при субклиническом течении инфекции. Передача респираторных

штаммов вируса в молочных стадах происходит, как правило, фекально-оральным путем. Воздушно-капельный способ передачи имеет меньшее значение.

Респираторная инфекция мясных быков на откорме (фидлотах). Респираторную коронавирусную инфекцию откормочных быков начали интенсивно изучать с 1995 г. в связи с возрастающей ролью вируса в этиологии массовых респираторных болезней («транспортной лихорадки») и снижением показателей роста и привесов у животных на откорме [25]. Установлена связь между выделением респираторных штаммов вируса от телят и возникновением респираторных болезней. Респираторные штаммы вируса выделены из носовых секретов, ткани легких и фекалий животных с пневмонией в течение четырех дней после их поступления на фидлот. Течение вирусного заболевания осложнялось развитием вторичного пастереллеза, о чем свидетельствовало одновременное выделение вируса и бактерий семейства Pasteurellaceae из легких с некротической пневмонией [26]. Таким образом, получено доказательство этиологической роли коронавируса в возникновении «транспортной лихорадки».

Коронавирусы крупного рогатого скота (Bovine-like CoVs, «бычьи коронавирусы») и их роль в патологии домашних и диких жвачных животных. В 2008 г. исследовательская группа по коронавирусам Международного комитета по таксономии вирусов предложила сгруппировать шесть CoV человека, крупного рогатого скота, свиней, лошадей и собак в новый вид, названный *Betacoronavirus 1* (семейство Coronaviridae, подсемейство Orthocoronavirinae, род *Betacoronavirus*, подрод *Embecovirus*, «вид» *Betacoronavirus 1*)¹. Из-за их тесного антигенного и генетического родства членов этого рода стали обо-

значать как варианты основного хозяина, а не как отдельные вирусы. Был сделан вывод о том, что они могут возникать в результате генетических рекомбинаций и межвидовых передач [27]. Например, штамм HCoV-OC43 энтерита человека мог произойти от штаммов коронавирусов крупного рогатого скота, преодолевших межвидовой барьер и вызвавших вспышку инфекции у человека приблизительно в 1890 г. [28].

Несколько штаммов CoV идентифицированы в фекалиях, содержимом кишечника и иногда в дыхательных секретах группы домашних и диких жвачных животных. Большинство продемонстрировали широкий спектр биологического, антигенного и генетического родства с BCoV, в связи с чем названы «bovine-like CoVs», или «бычьи коронавирусы» (BCoVs) [20]. Экспериментально показано, что крупный рогатый скот может быть резервуаром для штаммов CoV, инфицирующих другие виды домашних и диких жвачных животных и, наоборот, штаммы BCoV могут участвовать в процессе, поддерживающем циркуляцию CoVs у этих животных [29]. Предположили, что широкий спектр хозяев BCoV можно объяснить наличием белка гемагглютининэстеразы, который позволяет вирусу связываться с различными типами клеток [9].

Bovine-like CoVs домашних жвачных

Водяной буйвол. Первое описание BCoVs у водяных буйволов датируют 1985 г. в Болгарии. В начале 1990-х годов коронавирус обнаружили в фекалиях новорожденных буйволов с диареей в Египте [30]. Эпизоотологические данные показали, что CoV является вторым наиболее распространенным патогеном, вызывающим диарею у телят буйволов в Египте с показателем распространенности 37,7%^{2,3}.

¹De Groot R.J., Ziebuhr J., Poon L.L., Woo P.C., Talbot P., Rottier P.J.M., Holmes K.V., Baric R., Perlman S., Enjuanes L. Revision of the Family Coronaviridae // Taxonomic Proposal of the Coronavirus Study Group to the ICTV Executive Committee. 2008. Available at <https://data.ictvonline.org/proposals/2008.085-122V.v4.Coronaviridae.pdf>.

²Saleh S.M. Epidemiological studies on diarrhea in cattle newborn calves fed on colostrum from vaccinated and control-pregnant cows // Trinational Animal Health Research Project (TAHRP), 2nd Annual Workshop. Sharm El-Sheikh, Egypt. 1994.

³Garbe J.A., Amarín M., Hicheri K. The Tri-national Animal Health Research Project (TAHRP) – Project N 398-0158.21 // Final Evaluation Report. United States Agency for International Development. 1995. 110 p.

Вспышка коронавирусной инфекции и неонатальной смертности позже описана в стаде водяных буйволов в Кампании (Южная Италия) в октябре 2006 – апреле 2007 гг. BCoV обнаружили в кишечном содержимом телят с тяжелой диареей с помощью ОТ-ПЦР в реальном времени. Выделенный штамм вируса (обозначенный как 179/07-11) имел много общего с BCoV [31]. После этого выделены еще четыре штамма вируса, три из которых продемонстрировали сходные характеристики с прототипным штаммом 179/07-11, четвертый – с эталонными штаммами BCoVs [32]. Предполагается, что этот CoV может происходить из межвидовой передачи штамма BCoV.

Овцы и козы. Bovine-like CoVs выявлены в качестве причины энтеритов и неонатальной смертности у домашних овец в нескольких странах мира [30]. В качестве источника вируса предполагаются фекалии инфицированного крупного рогатого скота, а не естественное заражение. Работ по выявлению коронавирусов у коз проведено мало. Исследование образцов фекалий у козлят (возраст 1–45 дней) в Испании дало отрицательные результаты [33]. CoVs обнаружен в фекалиях одного из 19 (3,3%) козленка с неонатальным энтеритом в Турции. Вирус выявлен в эпителии тонкой кишки и в подслизистых макрофагах [34]. Антитела к вирусу обнаружены у 1% обследованных коз в Южной Корее [35].

Верблюжьи

Верблюды старого света. Роль верблюдов как наиболее вероятного источника заражения человека вирусом MERS-CoV уже доказана [30]. Однако этот вирус не имеет антигенного и генетического сходства с BCoV.

Несмотря на то что верблюды являются обитателями Северной и Восточной Африки и Юго-Западной Азии, первое сообщение о бычьих инфекциях в их популяции поступило из США [36]. Случай тяжелого летального гастроэнтерита зарегистрирован у 6-недельной самки верблюда в Висконсине. Вирус обнаружен в фекалиях верблюдов с признаками диареи с помощью электрон-

ной микроскопии. Выделенный штамм продемонстрировал специфическую реактивность с двумя моноклональными антителами к белкам BCoV S и нуклеокапсиду (N). Происхождение CoV не выяснено, однако роль межвидовой трансмиссии предложена в качестве основной, потому что другие животные, такие как лошади, зебры и северные олени, содержались вместе с телятами-верблюдами в том же сарае во время заражения.

В 2013 г. новый CoV, обозначенный как DcCoV UAE-HKU23, выявлен в пробах фекалий верблюдов в ОАЭ. Полный анализ генома вируса показал его принадлежность к линии A1 бета-коронавирусов. В то же время он был отдален от других представителей рода и мог образовывать уникальный кластер в группе. Эти результаты показывают, что бета-коронавирус, отличный от MERS-CoV, циркулирует среди верблюдов в разных странах Ближнего Востока и может вызывать диареи, особенно у телят верблюдов [37].

Респираторные болезни верблюдов. У верблюдов в Саудовской Аравии выявлены три вида CoV: MERS-CoV (группа C) и верблюжий HKU23-CoV (группа A) и один альфа-коронавирус, аналогичный человеческому CoV 229E. Все пробы ректальных мазков, отобранные с мая 2014 по апрель 2015 г. были CoV-положительными, за исключением трех назальных [38]. В них идентифицировали два бета-коронавируса, что указывает на то, что дыхательные пути являются основным источником выделения CoV у верблюдов. Независимо от MERS-CoV, который обнаружен у верблюдов, HKU-23-CoV выявили у верблюдов в Дубае незадолго до этого [37]. Близкородственный альфа-коронавирус верблюда выделен также от альпак в США в 2007 г. [39]. Высокая распространенность CoVs в образцах, частые сопутствующие инфекции и отсутствие симптомов в большинстве CoV-позитивных случаев предполагают, что эти CoVs являются энзоотическими у верблюдов, по крайней мере в Саудовской Аравии, и могут играть важную роль в экологии коронавируса.

Верблюды Нового света. Коронавирус как основная причина тяжелого энтерита впервые обнаружен у молодняка лам и альпак в штате Орегон США в 1998 г. У заболевших животных регистрировали клинические признаки, сходные с симптомами у телят крупного рогатого скота, инфицированных BCoV [40]. Один штамм (обозначенный ACoV-00-1381) выделен из образцов фекалий альпак в культуре клеток. Филогенетический анализ его генома выявил гомологию ($> 99,5\%$) с двумя штаммами BCoV, которые вызывали пневмонию и энтерит у телят на откорме [41]. Высказано предположение об общем происхождении вируса, выделенного от альпак, и обоих штаммов BCoV [42].

В 2007 г. в Калифорнии выделили вирус от больных альпак с респираторным синдромом [43]. Секвенирование его генома выявило близкую гомологию с альфа-коронавирусами в отличие от генома кишечных штаммов, которые относились к бета-коронавирусам. Сравнение последовательностей генов S респираторного вируса альпак и нескольких человеческих изолятов, выделенных с 1962 по 2003 г., показало близкую генетическую гомологию со штаммами HCoV-229, выделенными с 1960-х до начала 1980-х годов. Сделан вывод, что общий предок HCoV-229E и респираторного вируса альпак, возможно, существовал или у людей, или у альпак до 1960 г., и затем пересек межвидовой барьер для установления инфекции у других видов [39]. Вирус, возможно, распространялся среди альпак на низком уровне в течение десятилетий, прежде чем внезапно появился во время вспышки в 2007 г.

Олени

Карибу (северный олень). Циркуляция коронавируса у этих животных установлена случайно в ходе массовых эпизоотологических обследований на наличие антител к пяти другим вирусам крупного рогатого скота в Канаде. Специфические антитела к вирусу обнаружили в 1978 г. в 13,3% исследованных проб сыворотки крови. Источник возбудителя не установлен, так как живот-

ные двух обследованных стад не имели прямого контакта с крупным рогатым скотом в течение 25 лет [44].

Лось. CoVs часто вызывают энтериты и диарею у новорожденных лосей. Вирус выделен как единственный патоген у пяти из 11 телят с диареей (45,5%) в западной части Северной Америки [45]. Позднее в США выделены два изолята CoV из образцов фекалий от 10-месячных телят лосей с диареей [46]. Эти изоляты вируса, обозначенные WY-28 и WY-29, показали высокую степень антигенной и генетической связи с BCoV.

Самбер и белохвостый олень. Инфицирование оленей самбер BCoV зарегистрировано лишь во время вспышки энтерита в парке диких животных в южном Огайо США зимой 1993/94 г. У животных наблюдали тяжелые симптомы кровавой диареи с летальностью 30%. В другом парке диких животных на севере центральной части штата Огайо в 1994 г. регистрировали признаки водянистой диареи у белохвостых оленей. Из фекалий больных животных выделили два изолята, показавших тесную антигенную связь с несколькими штаммами коронавируса крупного рогатого скота [20]. Анализ полной последовательности генома обоих изолятов подтвердил заметное сходство с BCoV, особенно со штаммами LUN и ENT, выделенными в 1998 г.

Пятнистый олень. Этот тип оленей обитает в Хоккайдо (Япония). Инфицированность данного вида животных BCoV низкая, так как только два из 179 обследованных оленей (1,1%) реагировали на BCoV в реакции нейтрализации.

Водяной олень. Доказательства инфицирования водяного оленя BCoV получены в 2016, 2017 гг., когда вирус выявили в мазках из носа от оленей, живущих в неволе (3,9% проб). Филогенетический анализ показал тесную связь трех CoVs от водяных оленей с BCoV (99,2%). Полногеномное секвенирование одного штамма CoV водяных оленей выявило тесную связь с BCoV и другими бычьими CoVs (гомология больше 98%) [47].

Дикие жвачные животные

Подобно домашнему скоту, у диких жвачных зарегистрированы CoV-диарея телят и зимняя дизентерия взрослых животных. Зимой 1979/80 г. регистрировали вспышку массовой диареи у овцебыков в зоопарке Великобритании. Коронавирусы выявлены в пробах фекалий от больных животных только методом электронной микроскопии [48]. CoV также входят в число распространенных патогенов телят бизонов [49]. Фактическое распространение CoVs у зубров недооценивается, потому что они маскируют клинические признаки болезни⁴. CoVs обнаружены в фекалиях взрослого европейского зубра, страдающего тяжелой диареей, в Национальном зоопарке Южной Кореи. Все выделенные штаммы CoVs показали высокий уровень генетического родства (99,4–99,5%) с BCoV, выделенными в Южной Корее. Сделан вывод, что все BCoV не имеют ограниченной специфичности к хозяину и могут происходить от одного и того же предка штаммов крупного рогатого скота BCoV-0501 и BCoV-0502 [50].

В литературе имеются сообщения о роли бычьих CoVs в возникновении коронавирусных инфекций у четырех видов антилоп, включая водяного козла [20, 48], ситатунга [48, 50], ньяла [50] и черной антилопы [51]. Наличие инфекции подтверждено у водяного козла [20], найлы и гималайского тара [50], саблерогой антилопы [52], жирафа [51]. Последний факт представляет особый интерес, так как риск передачи вируса между крупным рогатым скотом и жирафами представляется важным, особенно в Африке, где животные пасутся на одних пастбищах. Это может привести к эволюции вируса и потенциальному распространению новых штаммов при смене пастбищ, разведении диких животных и переводе их в зоологические парки.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Коронавирусы широко распространены в природе и вызывают характерные клинические синдромы не только у крупного рогатого скота, но и у широкого спектра домашних и диких жвачных животных. В настоящее время признано, что Bovine-like вирусы являются вариантами коронавирусов крупного рогатого скота, которые способны преодолевать межвидовые барьеры. Передача вируса от крупного рогатого скота другим жвачным животным, и наоборот, способствует сохранению вируса в природе, приводит к возникновению новых вспышек инфекции и поддерживает эволюцию вируса. Постоянная миграция диких жвачных животных, обусловленная в частности вмешательством человека в природу, способствует заносу и распространению вируса в новые регионы, его адаптации к другим хозяевам и формированию новых штаммов. Зооантропонозный потенциал коронавирусов жвачных остается мало изученным и с учетом их высоких адаптационных способностей требует более пристального внимания и тщательного анализа.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Brian D.A., Baric R.S. Coronavirus genome structure and replication // *Current Topics in Microbiology and Immunology*. 2005. Vol. 287. P. 1–30.
2. De Groot R.J., Baker S.C., Baric R., Enjuanes L., Gorbalenya A.E., Holmes K.V., Perlman S., Poon L., Rottier P.J.M., Talbot P.J., Woo P.C.Y., Ziebuhr J. Family Coronaviridae // In King A.M.Q., Adams M., Carstens E., Lefkowitz E. (eds). *Virus Taxonomy. Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses*. San Diego: Elsevier Science Publishing Co. 2012. Inc. P. 86–828.
3. Decaro N., Mari V., Elia G., Addie D.D., Camero M., Lucente M.S., Martella V., Buonavoglia C. Recombinant canine coronaviruses in dogs, Europe // *Emerging Infectious Diseases*. 2010a. Vol. 16. P. 41–47. DOI: 10.3201/eid1601.090726.
4. Eckerle L.D., Becker M.M., Halpin R.A., Li K., Venter E., Lu X., Scherbakova S., Graham R.L.,

⁴Berezowski J. Diseases of Bison. 2001. Available at <http://www.usask.ca/wcvm/herdmed/specialstock/bison/bisondis.html>

- Baric R.S., Stockwell T.B., Spiro D.J., Denison M.R.* Infidelity of SARS-CoV Nsp14-exonuclease mutant virus replication is revealed by complete genome sequencing // *PLoS Pathogens*. 2010. Vol. 6. e1000896. DOI: 10.1371/journal.ppat.1000896.
5. *Drosten C., Kellam P., Memish Z.A.* Evidence for camel-to-human transmission of MERS coronavirus // *New England Journal of Medicine*. 2014. Vol. 371. P. 1359–1360. DOI: 10.1056/NEJMc1409847.
 6. *Львов Д.К., Альховский С.В., Колобухина Л.В., Бурцева Е.И.* Этиология эпидемической вспышки COVID-19 в г. Ухань (провинция Хубэй, Китайская Народная Республика), ассоциированной с вирусом 2019-nCoV (*Nidovirales, Coronaviridae, Coronavirinae, Betacoronavirus*, подрод *Sarbecovirus*): уроки эпидемии SARS-CoV // *Вопросы вирусологии*. 2020. № 65(1). С. 6–15. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-2020-65-1-6-15>.
 7. *Decaro N., Martella V., Saif L.J., Buonavoglia C.* COVID-19 from veterinary medicine and one health perspectives // *What animal coronaviruses have taught us. Research in Veterinary Science*. 2020. Vol. 7 (131). P. 21–23. DOI: 10.1016/j.rvsc.2020.04.009.
 8. *Lorusso A., Calistri P., Petrini A., Savini G., Decaro N.* Novel coronavirus (SARS-CoV-2) epidemic: a veterinary perspective Article // *Veterinaria Italiana*. 2020. Vol. 56 (1). DOI: 10.12834/VetIt.2173.11599.1.
 9. *Saif L.J.* Bovine respiratory coronavirus. *Veterinary Clinics of North America // Food Animal Practice*. 2010. Vol. 26. P. 349–364. DOI: 10.1016/j.cvfa.2010.04.005.
 10. *Decaro N., Desario C., Elia G., Mari V., Lucente M.S., Cordioli P., Colaianni M.L., Martella V., Buonavoglia C.* Serological and molecular evidence that canine respiratory coronavirus is circulating in Italy // *Veterinary Microbiology*. 2007. Vol. 121. P. 225–230. DOI: 10.1016/j.vetmic.2006.12.001.
 11. *Zhang X.M., Herbst W., Kousoulas K.G., Storz J.* Biological and genetic characterization of a hemagglutinating coronavirus isolated from a diarrhoeic child // *Journal of Medical Virology*. 1994. Vol. 44. P. 152–161. DOI: 10.1002/jmv.1890440207.
 12. *Decaro N., Campolo M., Desario C., Cirone F., D'Abramo M., Lorusso E., Greco G., Mari V., Colaianni M.L., Elia G., Martella V., Buonavoglia C.* Respiratory disease associated with bovine corona-virus infection in cattle herds in Southern Italy // *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*. 2008a. Vol. 20. P. 28–32. DOI: 10.1177/104063870802000105.
 13. *Carman P.S., Hazlett M.J.* Bovine coronavirus infection in Ontario 1990–1991 // *Canadian Veterinary Journal*. 1992. Vol. 33. P. 812–814.
 14. *Bartels C.J.M., Holzhauer M., Jorritsma R., Swart WAJM, Lam TJGM.* Prevalence, prediction and risk factors of enteropathogens in normal and non-normal faeces of young Dutch dairy calves // *Preventive Veterinary Medicine*. 2010. Vol. 93. P. 162–169. DOI: 10.1016/j.prevetmed.2009.09.020.
 15. *Mebus C.A., Stair E.L., Rhodes M.B., Twiehaus M.J.* Neonatal calf diarrhea: propagation, attenuation, and characteristics of a coronavirus-like agent // *American Journal of Veterinary Research*. 1973. Vol. 34. P. 145–150.
 16. *Francoz D., Buczinski S., Bélanger A.M., Forté G., Labrecque O., Tremblay D., Wellems V., Dubuc J.* Respiratory pathogens in Québec dairy calves and their relationship with clinical status, lung consolidation, and average daily gain // *Journal of Veterinary Internal Medicine*. 2015. Vol. 29. P. 381–387. DOI: 10.1111/jvim.12531.
 17. *Gomez D.E., Weese J.S.* Viral enteritis in calves // *Canadian Veterinary Journal*. 2017. Vol. 58 (12). P. 1267–1274.
 18. *Saif L.J.* Winter Dysentery // *Food Animal Practice*. 2009. P. 112–114. DOI: 10.1016/B978-141603591-6.10026-0.
 19. *Saif L.J.* A review of evidence implicating bovine coronavirus in the etiology of winter dysentery in cows: an enigma resolved? // *Cornell Veterinary Medicine*. 1990. Vol. 80. P. 303.
 20. *Tsunemitsu H., El-Kanawati Z.R., Smith D.R., Reed H.H., Saif L.J.* Isolation of coronaviruses antigenically indistinguishable from bovine coronavirus from wild ruminants with diarrhea // *Journal of Clinical Microbiology*. 1995. Vol. 33. P. 3264.
 21. *Benfeld D.A., Saif L.J.* Cell culture propagation of a coronavirus isolated from cows with winter dysentery // *Journal of Clinical Microbiology*. 1990. Vol. 28. P. 1454.
 22. *Мищенко В.А., Думова В.В., Черных О.Ю., Киселев М.Ю., Мищенко А.В., Бакунов И.Н., Кононов А.В.* Распространение коронавируса крупного рогатого скота у жвачных животных // *Ветеринария*. 2010. № 9. С. 18–21.
 23. *Callow K.A., Parry H.F., Sergeant M., Tyrrell D.A.* The time course of the immune response to experimental coronavirus infection

- of man // *Epidemiology and Infection*. 1999. Vol. 105. P. 435–446.
24. Callebaut P., Cox E., Pensaert M., Van Deun K. Induction of milk IgA antibodies by porcine respiratory coronavirus infection // *Advances in Experimental Medicine and Biology*. 1990. Vol. 276. P. 421–428.
 25. Storz J., Stine L., Liem A., Anderson G.A. Coronavirus isolation from nasal swab samples in cattle with signs of respiratory tract disease after shipping // *Journal of the American Veterinary Medical Association*. 1996. Vol. 208. P. 1452–1455.
 26. Storz J., Purdy C.W., Lin X., Burrell M., Truax R.E., Briggs R.E., Frank G.H., Loan R.W. Isolation of respiratory bovine coronavirus, other cytotidal viruses, and *Pasteurella* spp. from cattle involved in two natural outbreaks of shipping fever // *Journal of the American Veterinary Medical Association*. 2000. Vol. 216. P. 1599–1604. DOI: 10.2460/javma.2000.216.1599.
 27. Lau S.K., Woo P.C., Yip C.C., Fan R.Y., Huang Y., Wang M., Guo R., Lam C.S., Tsang A.K., Lai K.K., Chan K.H., Che X.Y., Zheng B.J., Yuen K.Y. Isolation and characterization of a novel Betacoronavirus subgroup A coronavirus, rabbit coronavirus HKU14, from domestic rabbits // *Journal of Virology*. 2012. Vol. 86. P. 5481–5496. DOI: 10.1128/JVI.06927-11.
 28. Vijgen L., Keyaerts E., Lemey P., Maes P., Van Reeth K., Nauwynck H., Pensaert M., Van Ranst M. Evolutionary history of the closely related group 2 coronaviruses: porcine hemagglutinating encephalomyelitis virus, bovine coronavirus, and human coronavirus OC43 // *Journal of Virology*. 2006. Vol. 80. P. 7270–7274. DOI:10.1128/JVI.02675-05.
 20. Hasoksuz M., Alekseev K., Vlasova A., Zhang X., Spiro D., Halpin R., Wang S., Ghedin E., Saif L.J. Biologic, antigenic, and full-length genomic characterization of a bovine-like coronavirus isolated from a giraffe // *Journal of Virology*. 2007. Vol. 81. P. 4981–4990. DOI: 10.1128/JVI.02361-06.
 30. Amer H.M. Bovine-like coronaviruses in domestic and wild ruminants // *Animal Health Research Reviews*. 2018. Vol. 19. P. 113–124.
 31. Decaro N., Martella V., Elia G., Campolo M., Mari V., Desario C., Lucente M., Lorusso A., Greco G., Corrente M., Tempesta M., Buonavoglia C. Biological and genetic analysis of a bovine-like coronavirus isolated from water buffalo (*Bubalus bubalis*) calves // *Virology*. 2008b. Vol. 370. P. 213–222. DOI: 10.1016/j.virol.2007.08.031.
 32. Decaro N., Cirone F., Mari V., Nava D., Tinelli A., Elia G., Sarno A., Martella V., Colaianni M., Aprea G., Tempesta M., Buonavoglia C. Characterisation of bubaline coronavirus strains associated with gastroenteritis in water buffalo (*Bubalus bubalis*) calves // *Veterinary Microbiology*. 2010b. Vol. 145. P. 245–251. DOI: 10.1016/j.vetmic.2010.04.010.
 33. Muñoz M., Alvarez M., Lanza I., Cármenes P. Role of enteric pathogens in the aetiology of neonatal diarrhoea in lambs and goat kids in Spain // *Epidemiology and Infection*. 1996. Vol. 117. P. 203–211.
 34. Özmen O., Yukari B., Haligur M., Sahinduran S. Observations and immunohistochemical detection of Coronavirus, *Cryptosporidium parvum* and *Giardia intestinalis* in neonatal diarrhoea in lambs and kids // *Schweizer Archiv Fur Tierheilkunde*. 2006. Vol. 148. P. 357–364.
 35. Yang D.K., Hwang I.J., Kim B.H., Kweon C.H., Lee K.W., Kang M.I., Lee C.S., Cho K.O. Sero-surveillance of viral diseases in Korean native goats (*Capra hircus*) // *Journal of Veterinary Medical Sciences*. 2008. Vol. 70. P. 977–979. DOI: 10.1292/jvms.70.977.
 36. Wünschmann A., Frank R., Pomeroy K., Kapil S. Enteric corona-virus infection in a juvenile dromedary (*Camelus dromedarius*) // *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*. 2002. Vol. 14. P. 441–444.
 37. Woo P.C., Lau S.K., Wernery U., Wong E.Y., Tsang A.K., Johnson B., Yip C.C., Lau C.C., Sivakumar S., Cai J.P., Fan R.Y., Chan K.H., Mareena R., Yuen K.Y. Novel betacoronavirus in dromedaries of the Middle East, 2013 // *Emerging Infectious Diseases*. 2014. Vol. 20. P. 560–572. DOI: 10.3201/eid2004.131769.
 38. Sabir J.S., Lam T.T., Ahmed M.M., Li L., Shen Y., Abo-Aba S.E., Qureshi M.I., Abu-Zeid M., Zhang Y., Khiyami M.A., Alharbi N.S., Hajrah N.H., Sabir M.J., Mutwakil M.H., Kabli S.A., Alsulaimany F.A., Obaid A.Y., Zhou B., Smith D.K., Holmes E.C., Zhu H., Guan Y. Co-circulation of three camel coronavirus species and recombination of MERS-CoVs // *Saudi Arabia Science*. 2016. Vol. 351. P. 81–84. DOI: 10.1126/science.aac8608.
 39. Crossley B.M., Mock R.E., Callison S.A., Hietala S.K. Identification and characterization of a novel alpaca respiratory coronavirus most closely related to the human coronavirus 229E // *Viruses*. 2012. Vol. 4. P. 3689–3700. DOI: 10.3390/v4123689.

40. *Cebra C.K.* Diarrhea in llama and alpaca crias // *The AABP Proceedings*. 2007. Vol. 40. P. 170–173.
41. *Chouljenko V.N., Lin X.Q., Storz J., Kousoulas K.G., Gorbalenya A.E.* Comparison of genomic and predicted amino acid sequences of respiratory and enteric bovine coronaviruses isolated from the same animal with fatal shipping pneumonia // *Journal of General Virology*. 2001. Vol. 82. P. 2927–2933. DOI: 10.1099/0022-1317-82-12-2927.
42. *Jin L., Cebra C.K., Baker R.J., Mattson D.E., Cohen S.A., Alvarado D.E., Rohrmann G.F.* Analysis of the genome sequence of an alpaca coronavirus // *Virology*. 2007. Vol. 365. P. 198–203. DOI: 10.1016/j.virol.2007.03.035.
43. *Crossley B., Barr B., Magdesian K.G., Ing M., Mora D., Jensen D., Loretti A., McConnell T., Mock R.* Identification of a novel coronavirus possibly associated with acute respiratory syndrome in alpacas (*Vicugna pacos*) in California, 2007. // *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*. 2010. Vol. 22. P. 94–97. DOI: 10.1177/104063871002200118.
44. *Elazhary M.A., Frechette J.L., Silim A., Roy R.S.* Serological evidence of some bovine viruses in the caribou (*Rangifer tarandus caribou*) in Quebec // *Journal of Wildlife Diseases*. 1981. Vol. 17. P. 609–612. DOI: 10.7589/0090-3558-17.4.609.
45. *Smits J.E.* Elk diseases survey in western Canada and northwestern United States // In *Brown R.D. (ed.) The Biology of Deer*. NY: Springer-Verlag, 1992. P. 101–106.
46. *Majhdi F., Minocha H.C., Kapil S.* Isolation and characterization of a coronavirus from elk calves with diarrhea // *Journal of Clinical Microbiology*. 1997. Vol. 35. P. 2937–2942.
47. *Kim J.H., Jang J.H., Yoon S.W., Noh J.Y., Ahn M.J., Kim Y., Jeong D.G., Kim H.K.* Detection of bovine coronavirus in nasal swab of non-captive wild water deer, Korea // *Transboundary and Emerging Diseases*. 2018. Vol. 65. P. 627–631. DOI: 10.1111/tbed.12847.
48. *Chasey D., Reynolds D.J., Bridger J.C., Debney T.G., Scott A.C.* Identification of coronaviruses in exotic species of Bovidae // *Veterinary Record*. 1984. Vol. 115. P. 602–603. DOI: 10.1136/vr.115.23.602.
49. *Haigh J.C., Mackintosh C., Griffin F.* Viral, parasitic and prion diseases of farmed deer and bison // *Revue Scientifique Et Technique*. 2002. Vol. 21. P. 219–248. DOI: 10.20506/rst.21.2.1331.
50. *Berezowski J.* Diseases of Bison. 2001. Available at <http://www.usask.ca/wcvm/herdmed/specialstock/bison/bisondis.html>.
51. *Chung J.E., Kim H.R., Bae Y.C., Lee O.S., Oem J.K.* Detection and characterization of bovine-like coronaviruses from four species of zoo ruminants // *Veterinary Microbiology*. 2011. Vol. 148. P. 396–401. DOI: 10.1016/j.vetmic.2010.08.035.
52. *Hasoksuz M., Alekseev K., Vlasova A., Zhang X., Spiro D., Halpin R., Wang S., Ghedin E., Saif L.J.* Biologic, antigenic, and full-length genomic characterization of a bovine-like coronavirus isolated from a giraffe // *Journal of Virology*. 2007. Vol. 81. P. 4981–4990. DOI: 10.1128/JVI.02361-06.
53. *Alekseev K.P., Vlasova A.N., Jung K., Hasoksuz M., Zhang X., Halpin R., Wang S., Ghedin E., Spiro D., Saif L.J.* Bovine-like coronaviruses isolated from four species of captive wild ruminants are homologous to bovine coronaviruses, based on complete genomic sequences // *Journal of Virology*. 2008. Vol. 82. P. 12422–12431. DOI: 10.1128/JVI.01586-08.

REFERENCES

1. *Brian D.A., Baric R.S.* Coronavirus genome structure and replication. *Current Topics in Microbiology and Immunology*, 2005, vol. 287, pp. 1–30.
2. *De Groot R.J., Baker S.C., Baric R., Enjuanes L., Gorbalenya A.E., Holmes K.V., Perlman S., Poon L., Rottier P.J.M., Talbot P.J., Woo P.C.Y., Ziebuhr J.* Family Coronaviridae. In *King A.M.Q., Adams M., Carstens E., Lefkowitz E. (eds). Virus Taxonomy. Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses*. San Diego: Elsevier Science Publishing Co. 2012. Inc. P. 86–828.
3. *Decaro N., Mari V., Elia G., Addie D.D., Camero M., Lucente M.S., Martella V., Buonavoglia C.* Recombinant canine coronaviruses in dogs, Europe. *Emerging Infectious Diseases*, 2010a, vol. 16, pp. 41–47. DOI: 10.3201/eid1601.090726.
4. *Eckerle L.D., Becker M.M., Halpin R.A., Li K., Venter E., Lu X., Scherbakova S., Graham R.L., Baric R.S., Stockwell T.B., Spiro D.J., Denison M.R.* Infidelity of SARS-CoV Nsp14-exonuclease mutant virus replication is revealed by complete genome sequencing. *PLoS Pathogens*, 2010, vol. 6, e1000896. DOI: 10.1371/journal.ppat.1000896.

5. Drosten C., Kellam P., Memish Z.A. Evidence for camel-to-human transmission of MERS coronavirus. *New England Journal of Medicine*, 2014, vol. 371, pp. 1359–1360. DOI: 10.1056/NEJMc1409847.
6. L'vov D.K., Al'khovskii S.V., Kolobukhina L.V., Burtseva E.I. Etiologiya epidemicheskoi vspyshki COVID-19 v g. Ukhan' (provintsiya Khubei, Kitaiskaya Narodnaya Respublika), assotsiirovannoi s virusom 2019-nCoV (Nidovirales, Coronaviridae, Coronavirinae, Betacoronavirus, podrod Sarbecovirus): uroki epidemii SARS-CoV *virusologii* [Etiology of epidemic outbreaks COVID-19 in Wuhan, Hubei Province, Chinese People Republic, associated with 2019-nCoV (Nidovirales, Coronaviridae, Coronavirinae, Betacoronavirus, subgenus Sarbecovirus): lessons of SARS-CoV outbreak]. *Voprosy virusologii* [Problems of Virology], 2020, no. 65 (1), pp. 6–15. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-2020-65-1-6-15>. (In Russian).
7. Decaro N., Martella V., Saif L.J., Buonavoglia C. COVID-19 from veterinary medicine and one health perspectives. *What animal coronaviruses have taught us. Research in Veterinary Science*, 2020, vol. 7 (131), pp. 21–23. DOI: 10.1016/j.rvsc.2020.04.009.
8. Lorusso A., Calistri P., Petrini A., Savini G., Decaro N. Novel coronavirus (SARS-CoV-2) epidemic: a veterinary perspective Article. *Veterinaria Italiana*, 2020, vol. 56 (1). DOI: 10.12834/VetIt.2173.11599.1
9. Saif L.J. Bovine respiratory coronavirus. *Veterinary Clinics of North America. Food Animal Practice*, 2010, vol. 26, pp. 349–364. DOI: 10.1016/j.cvfa.2010.04.005.
10. Decaro N., Desario C., Elia G., Mari V., Lucente M.S., Cordioli P., Colaianni M.L., Martella V., Buonavoglia C. Serological and molecular evidence that canine respiratory coronavirus is circulating in Italy. *Veterinary Microbiology*, 2007, vol. 121, pp. 225–230. DOI: 10.1016/j.vetmic.2006.12.001.
11. Zhang X.M., Herbst W., Kousoulas K.G., Storz J. Biological and genetic characterization of a hemagglutinating coronavirus isolated from a diarrhoeic child. *Journal of Medical Virology*, 1994, vol. 44, pp. 152–161. DOI: 10.1002/jmv.1890440207.
12. Decaro N., Campolo M., Desario C., Cirone F., D'Abramo M., Lorusso E., Greco G., Mari V., Colaianni M.L., Elia G., Martella V., Buonavoglia C. Respiratory disease associated with bovine corona-virus infection in cattle herds in Southern Italy. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, 2008a, vol. 20, pp. 28–32. DOI: 10.1177/104063870802000105.
13. Carman P.S., Hazlett M.J. Bovine coronavirus infection in Ontario 1990-1991. *Canadian Veterinary Journal*, 1992, vol. 33, pp. 812–814.
14. Bartels C.J.M., Holzhauer M., Jorritsma R., Swart WAJM, Lam TJGM. Prevalence, prediction and risk factors of enteropathogens in normal and non-normal faeces of young Dutch dairy calves. *Preventive Veterinary Medicine*, 2010, vol. 93, pp. 162–169. DOI: 10.1016/j.prevetmed.2009.09.020.
15. Mebus C.A. Stair E.L., Rhodes M.B., Twiehaus M.J. Neonatal calf diarrhea: propagation, attenuation, and characteristics of a coronavirus-like agent. *American Journal of Veterinary Research*, 1973, vol. 34, pp. 145–150.
16. Francoz D., Buczinski S., Bélanger A.M., Forté G., Labrecque O., Tremblay D., Wellems V., Dubuc J. Respiratory pathogens in Québec dairy calves and their relationship with clinical status, lung consolidation, and average daily gain. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, 2015, vol. 29, pp. 381–387. DOI: 10.1111/jvim.12531.
17. Gomez D.E., Weese J.S. Viral enteritis in calves. *Canadian Veterinary Journal*, 2017, vol. 58 (12), pp. 1267–1274.
18. Saif L.J. Winter Dysentery. *Food Animal Practice*, 2009, pp. 112–114. DOI: 10.1016/B978-141603591-6.10026-0.
19. Saif L.J. A review of evidence implicating bovine coronavirus in the etiology of winter dysentery in cows: an enigma resolved? *Cornell Veterinary Medicine*, 1990, vol. 80, pp. 303.
20. Tsunemitsu H., El-Kanawati Z.R., Smith D.R., Reed H.H., Saif L.J. Isolation of coronaviruses antigenically indistinguishable from bovine coronavirus from wild ruminants with diarrhea. *Journal of Clinical Microbiology*, 1995, vol. 33, pp. 3264.
21. Benfeld D.A., Saif L.J. Cell culture propagation of a coronavirus isolated from cows with winter dysentery. *Journal of Clinical Microbiology*, 1990, vol. 28, pp. 1454.
22. Mishchenko V.A., Dumova V.V., Chernykh O.Yu., Kiselev M.Yu., Mishchenko A.V., Bakunov I.N., Kononov A.V. Rasprostranenie koronavirusa krupnogo rogatogo skota u zhvachnykh zhivotnykh [Bovine coronavirus distribution in ruminants]. *Veterinariya* [Veterinary], 2010, no. 9, pp. 18–21. (In Russian).
23. Callow K.A., Parry H.F., Sergeant M., Tyrrell D.A. The time course of the immune re-

- sponse to experimental coronavirus infection of man. *Epidemiology and Infection*, 1999, vol. 105, p. 435–446.
24. Callebaut P., Cox E., Pensaert M., Van Deun K. Induction of milk IgA antibodies by porcine respiratory coronavirus infection. *Advances in Experimental Medicine and Biology*, 1990, vol. 276, pp. 421–428.
 25. Storz J., Stine L., Liem A., Anderson G.A. Coronavirus isolation from nasal swab samples in cattle with signs of respiratory tract disease after shipping. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 1996, vol. 208, pp. 1452–1455.
 26. Storz J., Purdy C.W., Lin X., Burrell M., Truax R.E., Briggs R.E., Frank G.H., Loan R.W. Isolation of respiratory bovine coronavirus, other cytotidal viruses, and *Pasteurella* spp. from cattle involved in two natural outbreaks of shipping fever. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 2000, vol. 216, pp. 1599–1604. DOI: 10.2460/javma.2000.216.1599.
 27. Lau S.K., Woo P.C., Yip C.C., Fan R.Y., Huang Y., Wang M., Guo R., Lam C.S., Tsang A.K., Lai K.K., Chan K.H., Che X.Y., Zheng B.J., Yuen K.Y. Isolation and characterization of a novel Betacoronavirus subgroup A coronavirus, rabbit coronavirus HKU14, from domestic rabbits. *Journal of Virology*, 2012, vol. 86, pp. 5481–5496. DOI: 10.1128/JVI.06927-11.
 28. Vijgen L., Keyaerts E., Lemey P., Maes P., Van Reeth K., Nauwynck H., Pensaert M., Van Ranst M. Evolutionary history of the closely related group 2 coronaviruses: porcine hemagglutinating encephalomyelitis virus, bovine coronavirus, and human coronavirus OC43. *Journal of Virology*, 2006, vol. 80, pp. 7270–7274. DOI:10.1128/JVI.02675-05.
 29. Hasoksuz M., Alekseev K., Vlasova A., Zhang X., Spiro D., Halpin R., Wang S., Ghedin E., Saif L.J. Biologic, antigenic, and full-length genomic characterization of a bovine-like coronavirus isolated from a giraffe. *Journal of Virology*, 2007, vol. 81, pp. 4981–4990. DOI: 10.1128/JVI.02361-06.
 30. Amer H.M. Bovine-like coronaviruses in domestic and wild ruminants. *Animal Health Research Reviews*, 2018, vol. 19, pp. 113–124.
 31. Decaro N., Martella V., Elia G., Campolo M., Mari V., Desario C., Lucente M., Lorusso A., Greco G., Corrente M., Tempesta M., Buonavoglia C. Biological and genetic analysis of a bovine-like coronavirus isolated from water buffalo (*Bubalus bubalis*) calves. *Virology*, 2008b, vol. 370, pp. 213–222. DOI: 10.1016/j.virol.2007.08.031.
 32. Decaro N., Cirone F., Mari V., Nava D., Tinelli A., Elia G., Sarno A., Martella V., Colaianni M., Aprea G., Tempesta M., Buonavoglia C. Characterisation of bubaline coronavirus strains associated with gastroenteritis in water buffalo (*Bubalus bubalis*) calves. *Veterinary Microbiology*, 2010b, vol. 145, p. 245–251. DOI: 10.1016/j.vetmic.2010.04.010.
 33. Muñoz M., Alvarez M., Lanza I., Cármenes P. Role of enteric pathogens in the aetiology of neonatal diarrhoea in lambs and goat kids in Spain. *Epidemiology and Infection*, 1996, vol. 117, pp. 203–211.
 34. Ozmen O., Yukari B., Haligur M., Sahinduran S. Observations and immunohistochemical detection of Coronavirus, *Cryptosporidium parvum* and *Giardia intestinalis* in neonatal diarrhoea in lambs and kids. *Schweizer Archiv Fur Tierheilkunde*, 2006, vol. 148, pp. 357–364.
 35. Yang D.K., Hwang I.J., Kim B.H., Kweon C.H., Lee K.W., Kang M.I., Lee C.S., Cho K.O. Sero-surveillance of viral diseases in Korean native goats (*Capra hircus*). *Journal of Veterinary Medical Sciences*, 2008, vol. 70, pp. 977–979. DOI: 10.1292/jvms.70.977.
 36. Wünschmann A., Frank R., Pomeroy K., Kapil S. Enteric corona-virus infection in a juvenile dromedary (*Camelus dromedarius*). *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, 2002, vol. 14, pp. 441–444.
 37. Woo P.C., Lau S.K., Wernery U., Wong E.Y., Tsang A.K., Johnson B., Yip C.C., Lau C.C., Sivakumar S., Cai J.P., Fan R.Y., Chan K.H., Mareena R., Yuen K.Y. Novel betacoronavirus in dromedaries of the Middle East, 2013. *Emerging Infectious Diseases*, 2014, vol. 20, pp. 560–572. DOI: 10.3201/eid2004.131769.
 38. Sabir J.S., Lam T.T., Ahmed M.M., Li L., Shen Y., Abo-Aba S.E., Qureshi M.I., Abu-Zeid M., Zhang Y., Khiyami M.A., Alharbi N.S., Hajrah N.H., Sabir M.J., Mutwakil M.H., Kabli S.A., Alsulaimany F.A., Obaid A.Y., Zhou B., Smith D.K., Holmes E.C., Zhu H., Guan Y. Co-circulation of three camel coronavirus species and recombination of MERS-CoVs. *Saudi Arabia Science*, 2016, vol. 351, pp. 81–84. DOI: 10.1126/science.aac8608.
 39. Crossley B.M., Mock R.E., Callison S.A., Hietala S.K. Identification and characterization of a novel alpaca respiratory coronavirus most closely related to the human coronavirus 229E. *Viruses*, 2012, vol. 4, pp. 3689–3700. DOI: 10.3390/v4123689.

40. Cebra C.K. Diarrhea in llama and alpaca crias. *The AABP Proceedings*, 2007, vol. 40, pp. 170–173.
41. Chouljenko V.N., Lin X.Q., Storz J., Kousoulas K.G., Gorbalenya A.E. Comparison of genomic and predicted amino acid sequences of respiratory and enteric bovine coronaviruses isolated from the same animal with fatal shipping pneumonia. *Journal of General Virology*, 2001, vol. 82, pp. 2927–2933. DOI: 10.1099/0022-1317-82-12-2927.
42. Jin L., Cebra C.K., Baker R.J., Mattson D.E., Cohen S.A., Alvarado D.E., Rohrmann G.F. Analysis of the genome sequence of an alpaca coronavirus. *Virology*, 2007, vol. 365, pp. 198–203. DOI: 10.1016/j.virol.2007.03.035.
43. Crossley B., Barr B., Magdesian K.G., Ing M., Mora D., Jensen D., Loretto A., McConnell T., Mock R. Identification of a novel coronavirus possibly associated with acute respiratory syndrome in alpacas (*Vicugna pacos*) in California, 2007. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, 2010, vol. 22, pp. 94–97. DOI: 10.1177/104063871002200118.
44. Elazhary M.A., Frechette J.L., Silim A., Roy R.S. Serological evidence of some bovine viruses in the caribou (*Rangifer tarandus caribou*) in Quebec. *Journal of Wildlife Diseases*, 1981, vol. 17, pp. 609–612. DOI: 10.7589/0090-3558-17.4.609.
45. Smits J.E. Elk diseases survey in western Canada and northwestern United States. In Brown R.D. (ed.) *The Biology of Deer*. NY: Springer-Verlag, 1992, pp. 101–106.
46. Majhdi F., Minocha H.C., Kapil S. Isolation and characterization of a coronavirus from elk calves with diarrhea. *Journal of Clinical Microbiology*, 1997, vol. 35, pp. 2937–2942.
47. Kim J.H., Jang J.H., Yoon S.W., Noh J.Y., Ahn M.J., Kim Y., Jeong D.G., Kim H.K. Detection of bovine coronavirus in nasal swab of non-captive wild water deer, Korea. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2018, vol. 65, pp. 627–631. DOI: 10.1111/tbed.12847.
48. Chasey D., Reynolds D.J., Bridger J.C., Debney T.G., Scott A.C. Identification of coronaviruses in exotic species of Bovidae. *Veterinary Record*, 1984, vol. 115, pp. 602–603. DOI: 10.1136/vr.115.23.602.
49. Haigh J.C., Mackintosh C., Griffin F. Viral, parasitic and prion diseases of farmed deer and bison. *Revue Scientifique Et Technique*, 2002, vol. 21, pp. 219–248. DOI: 10.20506/rst.21.2.1331.
50. Chung J.E., Kim H.R., Bae Y.C., Lee O.S., Oem J.K. Detection and characterization of bovine-like coronaviruses from four species of zoo ruminants. *Veterinary Microbiology*, 2011, vol. 148, pp. 396–401. DOI: 10.1016/j.vetmic.2010.08.035.
51. Hasoksuz M., Alekseev K., Vlasova A., Zhang X., Spiro D., Halpin R., Wang S., Ghedin E., Saif L.J. Biologic, antigenic, and full-length genomic characterization of a bovine-like coronavirus isolated from a giraffe. *Journal of Virology*, 2007, vol. 81, pp. 4981–4990. DOI: 10.1128/JVI.02361-06.
52. Alekseev K.P., Vlasova A.N., Jung K., Hasoksuz M., Zhang X., Halpin R., Wang S., Ghedin E., Spiro D., Saif L.J. Bovine-like coronaviruses isolated from four species of captive wild ruminants are homologous to bovine coronaviruses, based on complete genomic sequences. *Journal of Virology*, 2008, vol. 82, pp. 12422–12431. DOI: 10.1128/JVI.01586-08.

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ

✉ **Глотов А.Г.**, доктор ветеринарных наук, главный научный сотрудник; **адрес для переписки:** Россия, 630501, Новосибирская область, р.п. Краснообск, а/я 463; e-mail: glotov_vet@mail.ru

Глотова Т.И., доктор биологических наук, главный научный сотрудник; e-mail: t-glотова@mail.ru

AUTHOR INFORMATION

✉ **Glotov A.G.**, Doctor of Science in Veterinary Medicine, Head Researcher; **address:** PO Box 463, SFSCA RAS, Krasnoobsk, Novosibirsk Region, 630501, Russia; e-mail: glotov_vet@mail.ru

Glотова T.I., Doctor of Science in Biology, Head Researcher; e-mail: t-glотова@mail.ru

Дата поступления статьи 12.04.2020
Received by the editors 12.04.2020