

Ортопоксвирусы Нового Света: обзор научной литературы

Л. Ф. Стовба¹, О. В. Чухраля¹, А. А. Петров¹, С. А. Мельников¹, Д. П. Белозеров¹,
М. А. Филиппова², В. А. Ковальчук², С. В. Борисевич^{*1}

¹ ФГБУ «48 Центральный научно-исследовательский институт» Минобороны России,
г. Сергиев Посад-6

² ФГОУ ВО «Ярославский государственный медицинский институт» Минздрава
России

Резюме

Актуальность. До 2015 г. к ортопоксвирусам Нового Света относились вирусы оспы енотов, скунсов, полевок. В последнее десятилетие вирус оспы енотов используется в качестве вектора для создания рекомбинантных вакцин для животных. После 2015 г. эта группа пополнилась еще одним возбудителем, первоначально названным вирусом Аляска, выделенным от больной женщины. После 2020 г. зарегистрированы еще 6 случаев заболевания, вызванным вирусом, названным сейчас вирусом бореальной оспы. **Цель.** Обобщение имеющейся информации о ортопоксвирусах, эндемичных для Североамериканского континента, и перспективах их использования в качестве вектора при разработке вакцин. **Материалы.** В работе использованы данные публикаций, размещенных на сайтах международных поисковых систем по биомедицинским исследованиям: PubMed, Web of Science, Embase и др. **Заключение.** Анализ опубликованных данных позволяет установить, что вирусы оспы енотов, скунсов и полевок не патогенны для человека. Вакцины на основе вируса оспы енотов иммуногенны и безопасны для животных и могут применяться в виде приманок. Вирус бореальной оспы вызывает оспоподобное заболевание, протекающее в легкой форме у иммунокомпетентных людей. Инфицирование человека этим вирусом происходит при контактах с мелкими млекопитающими. Изучение структуры геномов всех 4 ортопоксвирусов Нового Света позволило провести их филогенетический анализ. Установлено, что вирусы оспы енотов, скунсов и полевок формируют отдельную ветвь по отношению к другим ортопоксвирусным видам. Возбудитель бореальной оспы (вирус Аляска) образует отдельную монофилетическую ветвь, расположенную между ортопоксвирусами Старого и Нового Света, но теснее связан с ортопоксвирусами Старого Света, и эта связь произошла еще на уровне их предков.

Ключевые слова: ортопоксвирусы, филогенетическое древо, вирусы оспы енотов, оспы полевок, оспы скунсов, вирус Аляска (бореальной оспы)

Конфликт интересов не заявлен.

Для цитирования: Стовба Л. Ф., Чухраля О. В., Петров А. А. и др. Ортопоксвирусы Нового Света: обзор научной литературы. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2025;24(4):106-114. <https://doi:10.31631/2073-3046-2025-24-4-106-114>

Orthopoxviruses of New World: review of scientific literature

LF Stovba¹, OV Chuchralia¹, AA Petrov¹, SA Melnikov¹, DP Belozеров¹, MA Filippova², VA Kovalchuk², SV Borisevich^{**1}

¹ FSBE «48 Central Scientific Research Institute» of the Ministry of Defense of the Russian Federation, Russia

² Yaroslavl State Medical University, Russia

Abstract

Relevance. 3 agents raccoonpox, skunkpox and volepox belonged to orthopoxviruses of the New World until 2015 years. In last ten-years period skunkpox virus using as vector for creation recombinant vaccines for animals. After 2015 years this group supplemented some more agent primary called virus Alaska, was isolated from ill man. After 2020 years 6 causes of illness by this virus, now named borealpox virus, was registries. **Aim.** Summary of available information on viruses endemic to the North American continent. Evaluations of effectivity vaccines on the base virus raccoonpox in laboratory conditions and in Wild World. Monitoring of changes pathogenicity virus borealpox by clinical symptoms at infected peoples. **Materials.** The work uses data from publications posted on the websites of international biomedical research search engines% PubMed, Web of Science, Embase, etc. **Results and discussion.** Raccoon, skunk and vole smallpox viruses endemic to North America, isolated from their host animals, have specific features that affect their distribution in nature. The high degree of genetic similarity between orthopoxvirus species suggests that rodents may represent the primary ecological reservoir for members of this genus. The most studied representative of the raccoon pox

* Для переписки: Борисевич Сергей Владимирович, д. б. н., профессор, академик РАН, начальник ФГБУ «48 Центральный научно-исследовательский институт» Министерства обороны Российской Федерации, 141306, Московская область, г. Сергиев Посад-6, ул. Октябрьская, д. 11. +7 (496) 552-12-06, 48cni@mail.ru. ©Стовба Л. Ф. и др.

** For correspondence: Borisevich Sergey V., Dr. Sci. (Biol.), Professor, the RAS Academician, Chief of the FSBE «48 Central Scientific Research Institute» of the Ministry of Defense of the Russian Federation, 11, Ocyabrskaya Street, Moscow region, Sergiev Posad-6, 141306, Russia. +7 (496) 552-12-06, 48cni@mail.ru. ©Stovba LF, et al.

pathogen has an attenuated phenotype and is used as a vector for the creation of vaccine preparations. Based on the construction of a phylogenetic tree, it was found that the orthopoxviruses of the New World are closely related to the orthopoxviruses of the Old World (Eurasia and Africa), and the Alaska virus, capable of infecting humans, forms a separate monophyletic branch. Sequencing of the Alaska virus genome revealed that its closest relative is the Akhmet virus. Human infection with the boreal smallpox virus occurs through contact with small mammals. **Conclusion.** Analysis of the published data makes it possible to establish that raccoonpox, skunkpox and volepox viruses are not pathogenic to humans. Vaccines on the base virus raccoonpox is immunogenicity and safety for animals and can using as baits. Virus borealpox evoke variola-like disease, proceed in light form at immunedominante peoples. Infected of man by this virus origin by contacts with small mammalians. Study of genomic virus structures all 4 orthopoxviruses of New World allowed conducting their phylogenetic analysis. Established, that raccoonpox, skunkpox and volepox viruses form these parating branch relatively other orthopoxviruses species. Agent of borealpox form the fisting monophyletic branch with localization between orthopoxviruses Old World and New Word, but narrowly related with orthopoxviruses Old World and this relationship execute still on the level of their ancestors.

Keywords: orthopoxviruses, phylogenetic tree, viruses Raccoonpox, Skunkpox, Volepox, virus Alaska (borealpox virus)
No conflict of interest to declare.

For citation: Stovba LF, Chuchralia OV, Petrov AA, et al. Orthopoxviruses of New World: review of scientific literature. *Epidemiology and Vaccinal Prevention*. 2025;24(4):106-114 (In Russ.). <https://doi:10.31631/2073-3046-2025-24-4-106-114>

До 2015 г. к ортопоксвирусам Нового Света относили вирусы оспы енотов, полевок и скунсов. Они эндемичны для территории Северной Америки и названы по названию животных-хозяев, от которых были выделены. После 2015 г. эта группа пополнилась еще одним возбудителем, первоначально названным вирусом Аляска, выделенным от больной женщины [1]. После 2020 г. зарегистрированы еще 6 случаев заболевания этим вирусом, сейчас названным вирусом бореальной оспы [2].

Цель обзора – обобщение имеющейся информации о ортопоксвирусах, эндемичных для Североамериканского континента, и перспективах их использования в качестве вектора при разработке вакцин.

Материалы

В работе использованы данные публикаций, размещенных на сайтах международных поисковых систем по биомедицинским исследованиям: PubMed, Web of Science, Embase и др. Для выявления видовых различий ортопоксвирусов используются генетический и филогенетические анализы.

Вирус оспы енотов – это аттенуированный североамериканский ортопоксвирус, выделенный из верхнего респираторного тракта здоровых енотов [3]. Авирулентен для многих животных (домашних кошек, овец, летучих мышей, свиней, цыплят, степных собачек, низших приматов). Заболевания у енотов отмечено не было. Уровень сероконверсии у диких енотов в ареале их распространения в штате Мэриленд составлял 23 %. Ортопоксвирусные гемагглютинин-ингибирующие антитела были найдены в сыворотках 22 из 92 енотов [4]. В Канаде описан случай выделения оспы енотов от домашних кошек [5]. Возбудитель был определен с помощью ПЦР на гены гемагглютинина, тимидинкиназы и интерферона- γ . Секвенирование амплифицированных последовательностей тимидинкиназного и интерферон- γ генов выявило их идентичность с таковыми вируса оспы енотов. Этот

случай показал, что вирус оспы енотов может передаваться другим домашним и диким животным и, возможно, даже человеку, хотя инфицирование человека отмечено не было [6]. В данном случае заболевание произошло при контакте кошки с больным енотом или другим животным, инфицированным вирусом оспы енотов.

Вирус оспы полевок впервые выделен в 1985 г. в Калифорнии из струпа на задней ноге здоровой калифорнийской полевки (*Microtus californicus*). Второй изолят этого возбудителя был выделен в 1988 г. от сосновой мыши (*Peromyscus truei*). Кроме того, он выделяется и от другого вида сосновых (*pinyon*) мышей, которые распространены в этом же ареале [7]. Экспериментальное интраназальное заражение калифорнийских мышей (*Peromyscus californicus*) вирусом оспы полевок вызывало заболевание с летальностью до 50 % [8]. Последующие исследования, проведенные в Сан-Франциско, выявили, что вирус оспы полевок является эндемичным для этого ареала [9,10]. Заражение в дикой природе происходит интраназально. Однако не только вирус оспы полевок распространяется грызунами. Практически все ортопоксвирусы переносятся грызунами [11].

Высокая степень генетического подобия между ортопоксвирусными видами предполагает, что грызуны могут представлять первичный экологический резервуар для членов этого рода [12]. Поскольку человек относительно мало контактирует с полевыми мышами, вероятность передачи вируса оспы полевок человеку очень мала, хотя этот вирус и вызывает эпизоотии у грызунов.

Вирус оспы скунсов выделен от больного скунса в 1978 г. в Колфаксе, штате Вашингтон. Это единственный представитель ортопоксвирусов Нового Света, который выделен от больного животного [4,6,7].

Среди ортопоксвирусов Нового Света возбудитель оспы енотов – это наиболее изученный представитель. По организации генома, который

составляет 214 699 пар оснований, вирус оспы енотов подобен ортопоксвирусам, а белки, кодируемые генами центральной консервативной части генома, на 90 % идентичны белкам, кодируемым так же в центральной части генома ортопоксвирусов, и на 81 % идентичны белкам поксвируса *Yoka* (род *Yatapoxvirus*), выделенного от москитов в 1972 г. [8]. В его геноме содержится одна уникальная рамка считывания, которая кодирует белок с трансмембранным доменом и которая отсутствует во всех ортопоксвирусах. Кроме того, отсутствуют 10 генов, которые находятся в центральной части генома ортопоксвирусов и отвечают за патогенность. Эти генные делеции могут объяснить аттенуированный фенотип вируса оспы енотов для млекопитающих [13]. Поскольку этот вирус реплицируется в клетках млекопитающих и имеет аттенуированный фенотип [14], он может представлять интерес с точки зрения эволюции, а главное, как вектор для создания вакцинных препаратов против инфекционных болезней и онкологических заболеваний [4,5,15–19].

Эффективность рекомбинантных векторных вакцин на основе вируса оспы енотов показана на мышах, енотах, скунсах, кроликах, овцах, лисах, рысях, низших приматах и домашних кошках, причем в последнем случае вакцина может применяться перорально, интраназально и субконъюнктивально [20]. На основе вируса оспы енотов созданы рекомбинантные вакцины против кошачьей панлейкопении и кошачьего инфекционного перитонита [5].

Векторная вакцина на основе вируса оспы енотов против бешенства разрешена к применению департаментом сельского хозяйства США [13].

Приоритетом выбора вакцины против бешенства является факт, что ежегодно в мире от этого заболевания умирает около 50 тысяч человек и миллионы особей крупного рогатого скота [21]. Финансовые потери от заболевания скота бешенством исчисляются десятками миллионов долларов.

После доказательств безопасности вируса оспы енотов для летучих мышей были созданы рекомбинантные вакцины на основе вируса оспы енотов как вектора. Первые вакцины против бешенства, экспрессирующие гликопротеин вируса бешенства, вызывали иммунный ответ только при внутримышечной и внутрикожной иммунизации [17,22,23], поэтому была разработана вакцина, экспрессирующая мозаичный гликопротеин G вируса бешенства (MoG). Данная вакцина на основе вируса оспы енотов как вектора при ее ороназально-митохондриальном применении индуцировала нейтрализующие антитела у мышей линии A/J и больших коричневых летучих мышей (*E. fuscus*), одновременно защищая их от заражения вирусом бешенства [16].

С целью увеличения количества экспрессируемого белка для индуцирования большего количества антител в дальнейшем проводились

исследования по модификации рекомбинантного MoG гена. Полученная за счет этих модификаций вакцина второго поколения индуцировала значительный гуморальный ответ и повышенную выживаемость после заражения высокими дозами вируса бешенства [24].

Следовательно, вакцины на основе вируса оспы енотов, применяемые перорально, могут предотвратить трансмиссию вируса бешенства от летучих мышей к человеку [25,26].

В настоящее время на основе высокоаттенуированных ортопоксвирусов, в частности, на модифицированном вирусе осповакцины Анкара (MVA) и оспы енотов разрабатываются ДНК-вакцины против заболевания, вызываемого вирусом Нипа [27]. Предварительная оценка вакцин на основе штамма MVA [28–30] и вируса оспы енотов, экспрессирующих фьюс (F) и гликопротеиновый (G) антигены вируса Нипа, показала, что они индуцировали гуморальный иммунный ответ у летучих мышей при оральной иммунизации [27]. Оба вектора индуцировали высокие уровни анти-F и анти-G циркулирующих антител, генерируя высокую нейтрализующую активность против вируса Нипа, штамм Бангладеш.

Однако необходимо отметить, что одна доза вакцины на основе вируса оспы енотов успешно нейтрализовала 100 % вируса Нипа при разведении 1:495, в то время как MVA достигала этого эффекта при бустировании в разведении 1:240. Эти результаты показывают, что рекомбинантные вакцины на основе векторных вирусов MVA и оспы енотов могут назначаться как вакцинные препараты людям и животным для вакцинации против заболевания, вызываемого вирусом Нипа. В настоящее время коммерческой вакцины против этого заболевания еще не разработано.

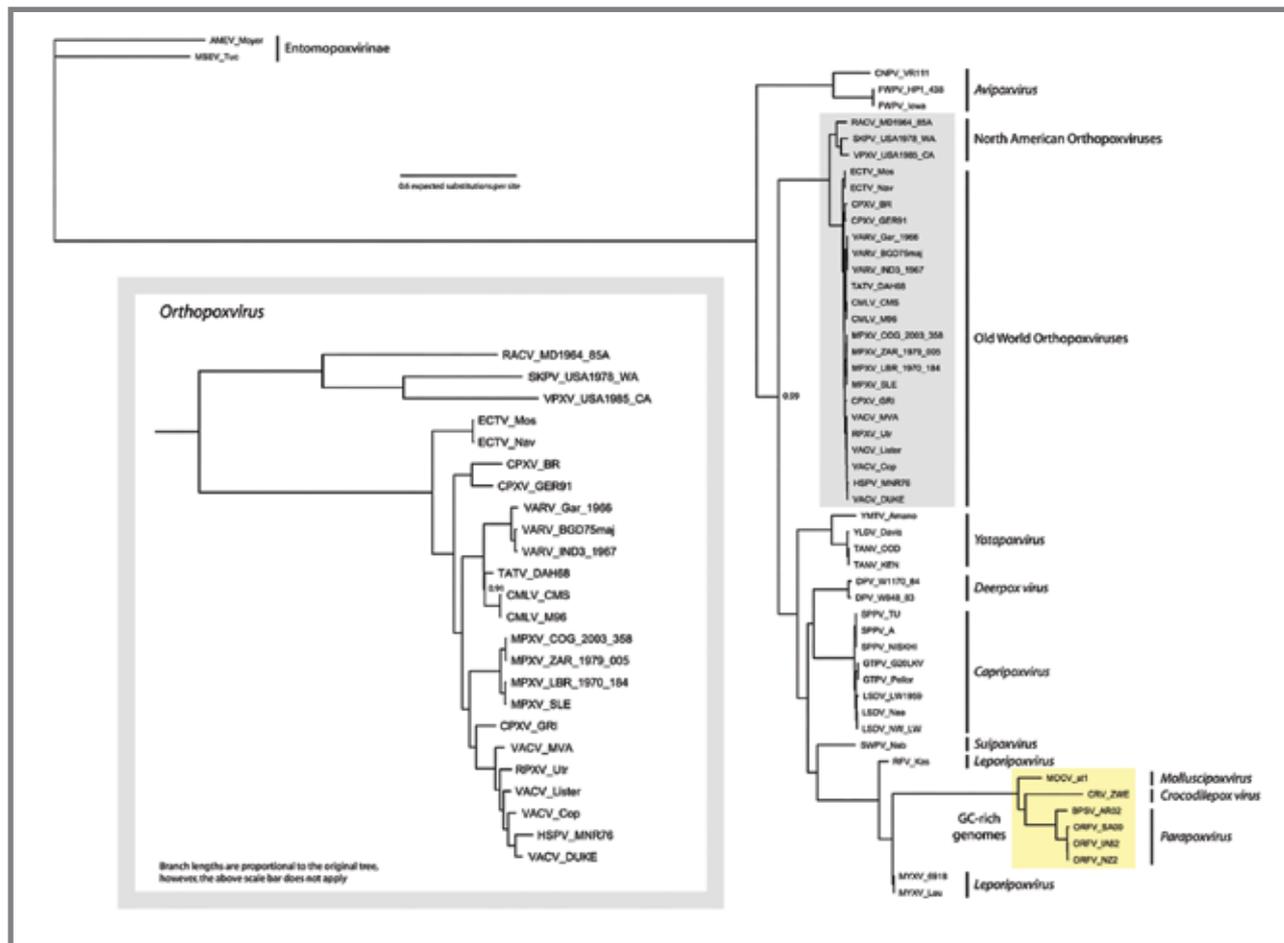
Таким образом, в настоящее время среди ортопоксвирусов Нового Света вирус оспы енотов представляет огромный интерес в качестве вектора для создания вакцинных препаратов против инфекционных болезней и онкологических заболеваний.

Изучение биологических свойств и структуры геномов представителей ортопоксвирусов Нового Света позволило провести их филогенетический анализ [4,31–33]. На основе данных по последовательностям ДНК девяти консервативных генов для всех членов рода ортопоксвирусов было построено филогенетическое древо (рис. 1) [4].

Установлено, что все ортопоксвирусы Нового Света связаны с ортопоксвирусами Старого Света (Евразия и Африка). Вирусы оспы полевков и скунсов наиболее тесно связаны друг с другом и вместе с вирусом оспы енотов формируют отдельную ветвь по отношению к другим видам ортопоксвирусов. Топология и относительно большая дистанция между ветвями ортопоксвирусов показывает, что ортопоксвирусы Нового Света являются группой, наиболее удаленной от других ортопоксвирусов,

Рисунок 1. Филогенетическое древо, основанное на геномах 53 представителей ортопоксвирусов, в том числе Нового Света, взятых из Genbank [4]

Figure 1. Phylogenetic tree, constructing on the base of genome 53 species of orthopoxviruses, New World taking from GenBank [4]



Примечание: Racv – вирус оспы енотов, Skpv – вирус оспы скунсов, Vpxv – вирус оспы полевок, Ectv – вирус экстремелии, Varv – вирус натуральной оспы, Tatv – татеравирус, Cmlv – вирус оспы верблюдов, Mpxv – вирус оспы обезьян, Vacv – вирус вакцины, Rpxv – вирус оспы кроликов, Hspv – вирус оспы лошадей.

Note: Racv – raccoonpox virus, Skpv – Skunkpox virus, Vpxv – Volepox virus, Ectv – ectromelia virus, Varv – variola virus, Tatv – taterapox virus, Cmlv – camelopox virus, Mpxv – monkeypox virus, Vacv – vaccinia virus, Rpxv – rabbitpox virus, Hspv – hoarsepox virus.

и это расхождение произошло еще на уровне их предков. Кроме того, существенные генетические расстояния, которые разделяют описанные к настоящему времени ортопоксвирусы Нового Света, предполагают вполне возможное наличие пока еще не известных видов, циркулирующих на территории Северной Америки.

Вирусы оспы енотов, полевок и скунсов были выделены от животных, случаев заражения человека этими возбудителями отмечено не было. Однако в 2015 г. в Фербенксе было впервые зарегистрировано кожное заболевание у женщины [34]. Выделенный от заболевшей вирус был исследован в лаборатории оспенных вирусов Центров по контролю и профилактике заболеваний в ПЦР-тесте, показавшем, что это ортопоксвирус. В сыворотке крови заболевшей определялись IgM и IgG к ортопоксвирусам. Полученные в дальнейшем данные о свойствах этого возбудителя свидетельствовали о том, что выделенный вирус эндемичен для Аляски, а инфицирование им происходит

при контактах с дикими млекопитающими малых размеров. Предполагают, что грызуны и другие мелкие млекопитающие являются резервуарами для этого вируса [35]. Выделенный вирус был обозначен как AK2015 [35].

В последующих исследованиях было определено строение генома вируса Аляска [36,37]. Проведено полногеномное секвенирование и выполнен филогенетический анализ поксвируса AK2015 относительно его положения среди ортопоксвирусов Старого и Нового Света [8,37]. Генетические исследования показали, что нуклеотидная последовательность центральной части его генома была подобна таковой для генома ортопоксвирусов Старого Света на 92,9 %, а для генома ортопоксвирусов Нового Света – на 87,1 % [38]. Секвенирование генома вируса Аляска выявило, что его ближайшим родственником является вирус Ахмета. Вирус Ахмета – это вновь выделенный в Грузии в 2013 г. вирус (на территории Старого Света).

На основе центральной области генома поксвируса АК2015, соответствующей генам ДНК-полимеразы и единице *gro132* ДНК-зависимой РНК-полимеразы, был выполнен филогенетический анализ вируса АК2015 относительно 27 ортопоксвирусов Старого и Нового Света (рис. 2).

Согласно полученным данным, вирус Аляска не группировался с другими ортопоксвирусами, которые представлены ортопоксвирусами Старого Света, и образовывал отдельную монофилетическую ветвь, локализованную между ортопоксвирусами Старого Света и Нового Света (вирусами оспы енотов, оспы полевок и оспы скунсов), но был теснее связан с ортопоксвирусами Старого Света (рис. 2) [39].

Всего в 2020–2021 гг. было выявлено четыре случая заболевания вирусом Аляска в районе Фербенкса (штат Аляска). В дальнейшем было зарегистрировано еще 3 случая, два из них были легкими. Все первые 6 заболеваний характеризовались лихорадкой, лимфаденопатией, мышечной болью

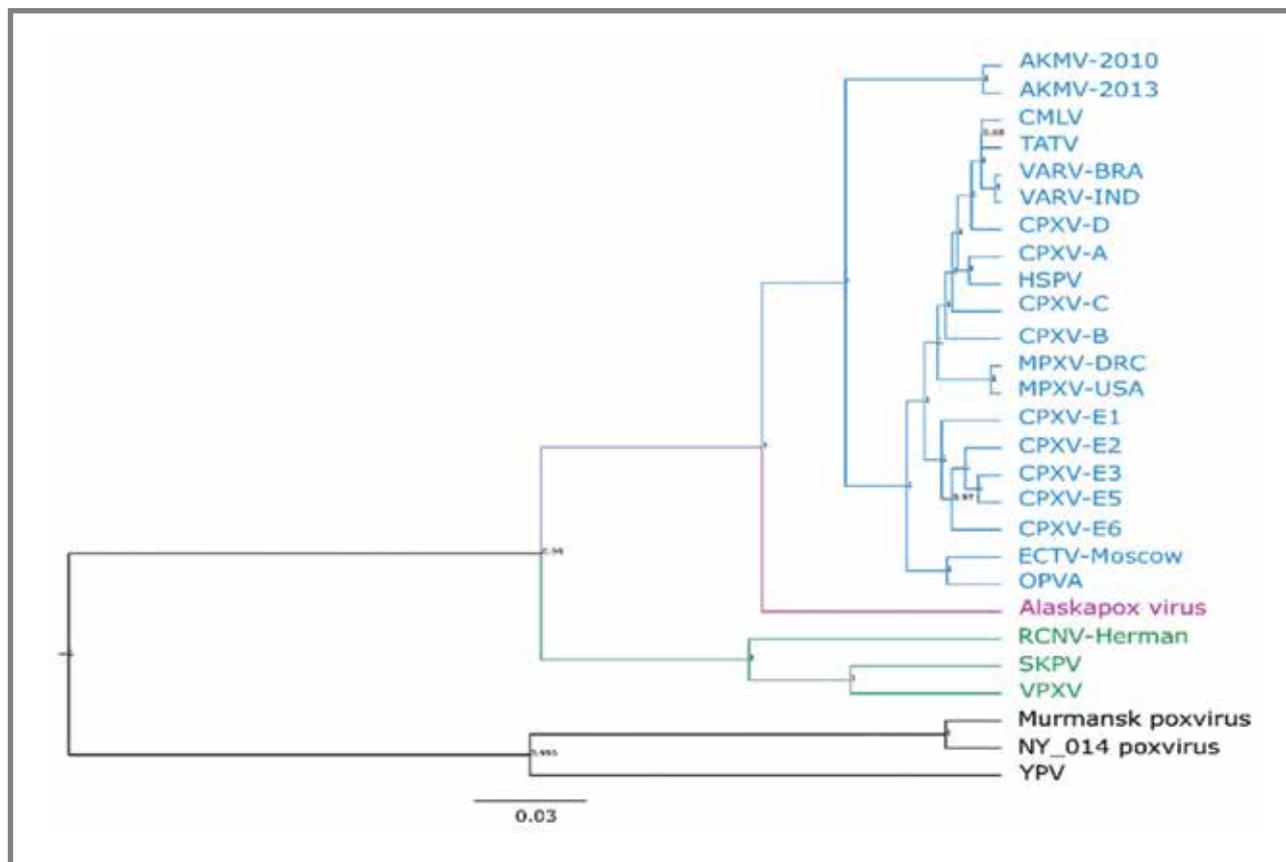
и усталостью. Все заболевания самокупировались в сроки от 4 суток до 6 месяцев.

Однако седьмой случай заболевания, диагностированный у пожилого мужчины, закончился летальным исходом [40]. Пациент проходил иммуносупрессивное лечение рака. В середине сентября 2023 г. у него появилась болезненная красная папула в правой подмышечной впадине, а также 4 более мелких оспенных поражения в разных частях тела. Определение возбудителя, сделанное в лаборатории Центров по контролю и профилактике заболеваний методом ПЦР, показало, что это ортопоксвирус, но не вирус натуральной оспы. Внутривенное введение тековиримата и иммуноглобулина против MVA и оральный прием бринцидофвира привели к улучшению его состояния. Вместе с тем, несмотря на применяемое лечение, он умер в январе 2024 г. [41].

Все случаи заболевания наблюдались у людей, проживавших в лесистой малонаселенной местности, где широко распространены мелкие млекопитающие и грызуны. Эти лесистые местности

Рисунок 2. Филогенетический анализ на основе консервативной центральной области генома вируса Аляска относительно 27 ортопоксвирусов и оспенных вирусов Мурманск, NY-014 и Yoka [39]

Figure 2. Phylogenetic analysis on the base of conserved region of genome virus Alaska, relatively 27 orthopoxviruses and poxviruses Murmansk, NY-014 и Yoka [39]



Примечание: AKMV – вирус Ахмета, CMLV – вирус оспы верблюдов, TATV – татеравирус, VARV – вирус натуральной оспы, CPXV – вирус оспы коров, HSPV – вирус оспы лошадей, MPXV – вирус оспы обезьян, ECTV – вирус экстремелии, OPVA – вирус Абатино, Alaskapox virus – вирус Аляска, RCNV – вирус оспы енотов, SKPV – вирус оспы скунсов, VPXV – вирус оспы полевок, Murmansk poxvirus – поксвирус Мурманск, NY-014 poxvirus, YPV – представителей другого рода оспенных вирусов.

Note: AKMV – virus Akhmeta, CMLV – camelpoxvirus, TATV – taterapox virus, VARV – variola virus, CPXV – cowpox virus, HSPV – horsepox virus, MPXV – monkeypox virus, ECTV – ectromelia virus, OPVA – Abatino virus, Alaskapox virus – Alaskapox virus, RCNV – raccoonpox virus, SKPV – Skunkpox virus, VPXV – Volepox virus, Murmansk poxvirus, NY-014 poxvirus, YPV – representatives of other poxvirus genus.

называются бореальные леса. Они распространены на Аляске, в Канаде, Китае, Сибири, Норвегии, Швеции и Финляндии. Поскольку вирус Аляска был выделен в бореальном лесу, он был переименован по месту выделения – вирус бореальной оспы.

Инфицирование человека вирусом бореальной оспы происходит при контактах с мелкими млекопитающими так же, как это наблюдается при заболеваниях человека, вызванных вирусами оспы верблюдов, оспы обезьян, оспы коров, вакцинным вирусом [38].

Вирусы бореальной оспы были выделены от краснопинных полевок и землероек. Они не передаются от человека к человеку, а вызываемое ими заболевание протекает в легкой форме у иммунокомпетентных людей [42].

Изучение генома вируса бореальной оспы свидетельствовало о его близости к вирусу Ахмета, как это было отмечено выше, и к вирусу Аляска. Однако секвенирование его генома показало, что он несколько отличается от геномов ранее выделенных вирусов Аляска [43].

Хотя геном вируса бореальной оспы представлен двухцепочечной ДНК, он вряд ли будет быстро мутировать, однако то же самое можно было сказать о вирусе оспы обезьян несколько лет назад,

который распространился из Африки с пугающей скоростью [44,45].

Пока что изменения в геноме вируса бореальной оспы приводили к появлению вируса, вызывающего легкие самокупирующиеся осподобные заболевания, однако изменения условий окружающей среды и снижение популяционного противооспенного иммунитета могут привести к редкой вирусной инфекции, которая трансформируется в пандемию [46]. Невзирая на то, что местом выделения вирусов бореальной оспы является территория Нового Света, они теснее связаны с ортопоксвирусами Старого Света, чем Нового Света. Подобное филогенетическое родство можно объяснить вполне объективными причинами. Согласно теории дрейфа материков, 570–280 млн лет тому назад на поверхности Земли образовался один пракоинтinent – Пангея, на котором территории современной Европы граничили с территорией современной Северной Америки. Впоследствии под действием центробежных сил, вызванных вращением Земли и взаимного притяжения Земли и Солнца, он раскололся на более мелкие части. В частности, территории, на которых сейчас располагается Северная Америка, отделились от территории современной Европы

Таблица 1. Эпидемиологические свойства изученных ортопоксвирусов [49]

Table 1. Epidemiologic properties of studying orthopoxviruses [49]

Ортопоксвирус Orthopoxvirus	Источник выделения Source of original isolation	Круг хозяев Animal reservoirs	Ареал распространения Geographic distribution
Оспы енотов Raccoonpox	Здоровый енот Healthy racoon	Еноты Raccoons	По всему миру Worldwide
Оспы песчанок Volepox	Здоровая песчанка Healthy voles	Песчанки и другие грызуны Voles and other rodents	
Оспы скунсов Skunkpox	Больной скунс Ill skunk	Скунсы Skunks	
Бореальной оспы Borealpox	Больной человек Ill man	Мелкие млекопитающие Small mammals	Аляска Alaska

Таблица 2. Таксономия изученных ортопоксвирусов [40]

Table 2. Taxonomic of studying orthopoxviruses [40]

Вид ортопоксвируса Type of orthopoxvirus	Штамм ортопоксвируса Orthopoxvirus strain	Год выделения Year of allocation	Страна выделения Country of allocation	Регистрационный номер в GenBank Accession number in GenBank
Оспы енотов Raccoonpox	Герман Herman	1964	США USA	KP143769
Оспы песчанок Volepox	CA CA	1985		KU749311
Оспы скунсов Skunkpox	WA WA	1978		KU749310
Бореальной оспы Borealpox	Аляска AK2015* Alaska AK2015_*	2015		MN240300

Примечание: *Штамм Alaska AK2015–, возможно, был импортирован из Старого Света
Note: *Strain Alaska AK2015–, is possible was imported from Old World

и Африки, в результате чего возник Атлантический океан [47,48]. Поэтому ортопоксвирусы Нового Света тесно связаны с возбудителями Европы и Африки, и эта связь произошла еще на уровне их предков.

В таблицах 1 и 2 суммированы данные о свойствах ортопоксвирусов, эндемичных для Северной Америки.

Заключение

Таким образом, ортопоксвирусы Нового Света принадлежат к роду ортопоксвирусов семейства оспенных вирусов. Вирусы оспы енотов, полевок и скунсов не патогенны для человека, в то время

как вирусы борелиальной оспы патогенны. Хотя все эти вирусы эндемичны для Северной Америки, вирусы оспы енотов, полевок и скунсов могут встречаться и в других регионах мира. Вирус оспы енотов не является патогенным для человека и животных и используется как вектор для создания на его основе вакцинных препаратов. Филогенетический анализ выявил, что вирусы оспы енотов, полевок и скунсов формируют ветвь, теснее связанную с ортопоксвирусами Старого Света. Вирус борелиальной оспы на филогенетическом древе образует отдельную монофилогенетическую ветвь, теснее связанную с ортопоксвирусами Старого Света, чем Нового Света.

Литература

1. Онищенко Г. Г., Сизикова Т. Е., Лебедев В. Н., Борисевич С. В. Новые представители рода *Orthopoxvirus*. *Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение*. 2023. Т. 12, № 2. С. 8–13.
2. Сунотницкий М. В. Оспа Аляски на фоне новых ортопоксвирусных инфекций. *Вестник войск РХБ защиты*. 2024. Т. 8, № 2. С. 122–134.
3. Herman Y. Isolation and characterization of a naturally occurring poxvirus of raccoons. In: Kallio RE, editor. *Bacteriological Proceedings of the 64 th Annual Meeting of the American Society for Microbiology* (1964); 1964 May 3-7. American Society for Microbiology; Washington, D.C.: 1964. p. 117.
4. Emerson GL, Li Y, Frace MA, et al. The phylogenetics and ecology of the orthopoxviruses endemic to North America. *PLoS One*. 2009;4(10):e7666. doi: 10.1371/journal.pone.0007666
5. Yager JA, Hutchison L, Barrett JW. Raccoonpox in a Canadian cat. *Vet Dermatol*. 2006;17(6):443–8. doi: 10.1111/j.1365-3164.2006.00553.x
6. Rocke TE, Dein FJ, Fuchsberger M, et al. Limited infection upon human exposure to a recombinant raccoon pox vaccine vector. *Vaccine*. 2004;22(21-22):2757–60. doi: 10.1016/j.vaccine.2004.01.030
7. Gallardo-Romero NF, Drew CP, Weiss SL, et al. The pox in the North American backyard: *Volepox virus* pathogenesis in California mice (*Peromyscus californicus*). *PLoS ONE*. 2012;7(8): e43881. doi: 10.1371/journal.pone.0043881
8. Haller SL, Peng C, McFadden G, et al. Poxviruses and the evolution of host range and virulence. *Infection, Genetics and Evolution*. 2014;21:15–40. doi: 10.1016/j.meegid.2013.10.014
9. Regnery DC. Isolation and partial characterization of an orthopoxvirus from a California vole (*Microtus californicus*). *Brief report. Arch. Virol*. 1987;94(1-2):159–62. doi: 10.1007/BF01313734
10. Gallardo-Romero NF, Velasco-Villa A, Weiss SL, et al. Detection of North American orthopoxviruses by real time-PCR. *Virology Journal*. 2011;8:313. doi: 10.1186/1743-422x-8-313
11. Fashina T, Huang Y, Thomas J, et al. Ophthalmic Features and Implications of Poxviruses: Lessons from Clinical and Basic Research *Microorganisms*. 2022;10(12):2487. doi: 10.3390/microorganisms10122487
12. Li Y, Carroll DS, Gardner SN, et al. On the origin of smallpox: correlating variola phylogenics with historical smallpox records. *Proc. Natl. Acad. Sci*. 2007;104(40):15787–92. doi: 10.1073/pnas.0609268104
13. Fleischauer C, Upton C, Victoria J, et al. Genome sequence and comparative virulence of raccoonpox virus: the first North American poxvirus sequence. *J. Gen. Virol*. 2015;96(9):2806–21. doi: 10.1099/vir.0.000202
14. Jones GJB, Boles C, Roper RL. Raccoonpox virus safety in immunocompromised and pregnant mouse models. *Vaccine*. 2014;32(31):3977–81. doi: 10.1016/j.vaccine.2014.05.018
15. Rocke TE, Kingstad-Bakke B, Wuthrich M, et al. Virally-vectored vaccine candidates against white-nose syndrome induce anti-fungal immune response in little brown bats (*Myotis lucifugus*). *Sci. Rep*. 2019;9(1):6788. doi: 10.1038/s41598-019-43210-w
16. Stading B, Ellison JA, Carson WC, et al. Protection of bats (*Eptesicus fuscus*) against rabies following topical or oronasal exposure to a recombinant raccoon poxvirus vaccine. *PLoS Negl. Trop. Dis*. 2017;11(10):e0005958. doi: 10.1371/journal.pntd.0005958
17. DeMartini JC, Bickle HM, Brodie SJ, et al. Raccoon poxvirus rabies virus glycoprotein recombinant vaccine in sheep. *Arch. Virol*. 1993;133(1-2):211–22. doi: 10.1007/BF01309757
18. Hwa S.-H, Iams KP, Hall JS, et al. Characterization of recombinant raccoon pox vaccine vectors in chickens. *Avian Dis*. 2010;54(4):1157–65. doi: 10.1637/9313-032410-Per.1
19. Rocke TE, Smith SR, Stinchcomb DT, et al. Immunization of black-tailed prairie dog against plague through consumption of vaccine-laden baits. *J. Wildl. Dis*. 2008;44(4):930–7. doi: 10.7589/0090-3558-44.4.930
20. Osorio JE, Powell T, Frank RS, et al. Raccoon poxvirus as a mucosal vaccine vector for domestic cats. *J. Drag. Target*. 2003;11(8-10):463–70. doi: 10.1080/10611860410001670062
21. Wunner WW, Conzelmann K-K. Rabies Virus. In: Jackson AC, editor. *Rabies: Scientific Basis of the Disease and its Management*. Third. Oxford: Elsevier; 2013. pp. 17–49. doi: 10.1016/b978-0-12-396547-9.00002-x
22. Johnson N, Arechiga-Ceballos N, Aguilar-Setien A. Vampire Bat Rabies: Ecology, Epidemiology and Control. *Viruses*. 2014;6(5):1911–28. doi: 10.3390/v6051911
23. Anderson A, Shwiff S, Gebhardt K, et al. Economic evaluation of vampire bat (*Desmodus rotundus*) rabies prevention in Mexico. *Transbound Emerg Dis*. 2014;61(2):140–6. doi: 10.1111/tbed.12007
24. Malavé CM, Lopera-Madrid J, Medina-Magües LG, et al. Impact of Molecular Modifications on the Immunogenicity and Efficacy of Recombinant Raccoon Pox-virus-Vectored Rabies Vaccine Candidates in Mice. *Vaccines*. 2021;9(12):1436. doi: 10.3390/v9121436
25. Cárdenas-Canales EM, Gigante CM, Greenberg L, et al. Clinical presentation and serologic response during a rabies epizootic in captive common vampire bats (*Desmodus rotundus*). *Trop. Med. Infect. Dis*. 2020;5(1):34. doi: 10.3390/tropicalmed5010034
26. Malavé CM, Lopera-Madrid J, Medina-Magües LG, et al. In Vitro Expression, Immunogenicity, and Efficacy Data from Recombinant Raccoon Poxvirus-Vectored Rabies Vaccine Candidates Tested in Mice; U.S. Geological Survey Data Release: Reston, VA, USA, 2021. URL: <https://www.sciencebase.gov/catalog/item/6196c135d34eb622f691acc6> (дата обращения: 08.05.2025)
27. Medina-Magües ES, Lopera-Madrid J, Lo MK, et al. Immunogenicity of poxvirus based vaccines against Nipah virus. *Scientific Reports*. 2023;13(1):11384. doi: 10.1038/s41598-023-38010-2
28. Brewoo JN, Powell TD, Stinchcomb DT, et al. Efficacy and safety of a modified vaccinia Ankara (MVA) vectored plague vaccine in mice. *Vaccine*. 2010;28(36):5891–9. doi: 10.1016/j.vaccine.2010.06054
29. Gilbert SC, Moorthy VS, Andrews L, et al. Synergistic DNA-MVA prime-boost vaccination regimes for malaria and tuberculosis. *Vaccine*. 2006;24(2):4554–61. doi: 10.1016/j.vaccine.2005.08.048
30. Brewoo JN, Powell TD, Jones JC, et al. Cross-protective immunity against multiple influenza virus subtypes by a novel modified vaccinia Ankara (MVA) vectored vaccine in mice. *Vaccine*. 2013;31(14):1848–55. doi: 10.1016/j.vaccine.2013.01.038
31. Knight JC, Goldsmith CS, Tamin A, et al. Further analyses of the orthopoxviruses volepox virus and raccoon poxvirus. *Virology*. 1992;190(1):423–33. doi: 10.1016/0042-6822(92)91228-m
32. Meyer H, Ropp SL, Esposito JJ. Gene for A-type inclusion body protein is useful for a polymerase chain reaction assay to differentiate orthopoxviruses. *J. Virol. Methods*. 1997;64(2):217–21. doi: 10.1016/s0166-0934(96)-2155-6
33. Lefkowitz EJ, Wang C, Upton C. Poxviruses: Past, present, and future. *Virus Res*. 2006;117(1):105–18. doi: 10.1016/j.virusres.2006.01.016

36. Gigante CM, Gao J, Tang S, et al. Genome of Alaskapox virus, a novel orthopoxvirus isolated from Alaska. *Viruses*. 2019;11(8):708. doi:10.3390/v11080708
37. Gubser C, Hue S, Kellam P, et al. Poxvirus genomes: A phylogenetic analysis. *J. Gen. Virol.* 2004;85(1):105–17. doi:10.1099/vir.0.19565-0
38. Smithson C, Tang N, Sammons S, et al. The genomes of three North American orthopoxviruses. *Virus Genes*. 2017;53(1):21–34. doi:10.1007/s11262-016-1388-9
39. Babkin IV, Babkina IN, Tikunova NV. An Update of Orthopoxvirus Molecular Evolution. *Viruses*. 2022;14(2):388–401. doi:10.3390/v14020388
40. Dyer O. Alaskapox: First human death from zoonotic virus is announced. *BMJ*. 2024;384:q415. doi:10.1136/bmj.q415
41. Devi S. First fatality from Alaskapox virus. *Lancet Infect Dis*. 2024;24(5):e282. doi:10.1016/S1473-3099(24)00213-5
42. Douglass N. Borelpo (Alaskapox) virus: will there be more emerging zoonotic orthopoxviruses? *Lancet Microbe*. 2024;5(8):100883. doi:10.1016/S2666-5247(24)00106-X
43. Bulletin State of Alaska Epidemiology. *Bulletin 2 February 9, 2024*. Department of Health Heidi Hedberg, Commissioner Anne Ziak MD, Chief Medical Officer. 3601 C Street, Suite 540 Anchorage. Alaska 99503.
44. Sun Y, Nie W, Tian D, et al. Human monkeypox virus: epidemiologic review and research progress in diagnosis and treatment. *J Clin Virol*. 2024;171:105662. doi:10.1016/j.jcv.2024.105882
45. Hraib M, Jouni S, Albitar MM. The outbreak of monkeypox 2022: an overview. *Ann Med Surg (Lond)*. 2022;79:104069. doi:10.1016/j.amsu.2022.104069
46. Branda F, Romano C, Ciccozzi M, et al. The emergence of Alaskapox: exploring an unprecedented viral threat and implications for public health. *Infect Dis (Lond)*. 2024;56(6):496–8. doi:10.1080/23744235.2024.2332463
47. Hellman H. *Great Feuds in Science: Ten of the Liveliest Disputes Eve. M.: Dialectics*, 2007. – 320 p.
48. Hellem E. *The great geographical argues. M.: Mir*, 1985 – 216 p.
49. Diaz JH. *The Disease Ecology, Epidemiology, Clinical Manifestations, Management, Prevention, and Control of Increasing Human Infections with Animal Orthopoxviruses. Wilderness Environ Med*. 2021;32(4):528–36. doi:10.1016/j.wem.2021.08.003

Об авторах

- **Людмила Федоровна Стомба** – к. б. н., старший научный сотрудник, ФГБУ «48 ЦНИИ» Минобороны России. +7 (496) 552-12-06, 48cnii@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7985-5516>.
- **Олег Васильевич Чухраля** – заместитель начальника научно-исследовательского отдела, ФГБУ «48 ЦНИИ» Минобороны России. +7 (496) 552-12-06, 48cnii@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2603-0860>.
- **Александр Анатольевич Петров** – д. м. н., начальник управления, ФГБУ «48 ЦНИИ» Минобороны России. +7 (496) 552-12-06, 48cnii@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9714-2085>.
- **Сергей Алексеевич Мельников** – старший научный сотрудник, к. б. н., ФГБУ «48 ЦНИИ» Минобороны России. +7 (496) 552-12-06, 48cnii@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3497-5829>.
- **Денис Петрович Белозеров** – научный сотрудник, ФГБУ «48 ЦНИИ» Минобороны России. +7 (496) 552-12-06, 48cnii@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-1858-8689>.
- **Мария Андреевна Филиппова** – студентка 6-го курса ФГБОУ ВО ЯГМУ Минздрава России. +7 (916) 811-97-27, marii.filippova.99@inbox.ru. ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-3687-9404>.
- **Владимир Алексеевич Ковальчук** – студент 6-го курса ФГБОУ ВО ЯГМУ Минздрава России. +7 (916) 811-97-27, ropegi47@gmail.com. ORCID: <https://orcid.org/0009-0005-5183-4499>.
- **Сергей Владимирович Борисевич** – д. б. н., профессор, академик РАН, начальник института, ФГБУ «48 ЦНИИ» Минобороны России. +7 (496) 552-12-06, 48cnii@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6742-3919>.

Поступила: 25.04.2025. Принята к печати: 25.08.2025.

Контент доступен под лицензией CC BY 4.0.

About the Authors

- **Ludmila F. Stovba** – Cand. Sci. (Biol.), Senior Researcher of the Department, FSBE «48 Central Scientific Research Institute» of the Ministry of Defense of the Russian Federation. +7 (496) 552-12-06, 48cnii@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7985-5516>.
- **Oleg V. Chukhralia** – Deputy Head of the Department, FSBE «48 Central Scientific Research Institute» of the Ministry of Defense of the Russian Federation. +7 (496) 552-12-06, 48cnii@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2603-0860>.
- **Alexander A. Petrov** – Dr. Sci. (Med.), Chief of the Directorate, FSBE «48 Central Scientific Research Institute» of the Ministry of Defense of the Russian Federation. +7 (496) 552-12-06, 48cnii@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9714-2085>.
- **Sergey A. Melnikov** – Cand. Sci. (Biol.), Senior Researcher, FSBE «48 Central Scientific Research Institute» of the Ministry of Defense of the Russian Federation. +7 (496) 552-12-06, 48cnii@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3497-5829>.
- **Denis P. Belozero** – Senior Researcher, FSBE «48 Central Scientific Research Institute» of the Ministry of Defense of the Russian Federation. +7 (496) 552-12-06, 48cnii@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-1858-8689>.
- **Maria A. Filippova** – 6th year student, Yaroslavl State Medical University, Russian Federation. +7 (916) 811-97-27, marii.filippova.99@inbox.ru. ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-3687-9404>.
- **Vladimir A. Kovalchuk** – 6th year student, Yaroslavl State Medical University, Russian Federation. +7 (916) 811-97-27, ropegi47@gmail.com. ORCID: <https://orcid.org/0009-0005-5183-4499>.
- **Sergey V. Borisevich** – Dr. Sci. (Biol.), Professor, The RAS Academician, Chief of the Institute, FSBE «48 Central Scientific Research Institute» of the Ministry of Defense of the Russian Federation. +7 (496) 552-12-06, 48cnii@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6742-3919>.

Received: 25.04.2025. Accepted: 25.08.2025.

Creative Commons Attribution CC BY 4.0.

АНОНС

В серии «Медицина Рунета» вышла книга «Микробиом. То, что убивает, и то, что делает нас сильнее»

Автор Игорь Олегович Стома – доктор медицинских наук, профессор, практикующий врач-инфекционист. Ректор Гомельского государственного медицинского университета, Республика Беларусь. Приглашенный исследователь Центра изучения микробов, воспаления и рака в Мемориальном онкологическом центре им. Слоуна-Кеттеринга, Нью-Йорк, 2017–2018 гг. Автор более 200 научных публикаций.

Из предисловия автора: «Еще в 400 г. до н. э. Гиппократ отмечал, что «смерть начинается в кишечнике». Сегодня мы начинаем понимать всю глубину этой мысли, опираясь на недавно полученные знания о микробиоме. И действительно, не только смерть, но и жизнь, а также здоровье человека находятся во взаимосвязи с невероятным объемом микроорганизмов, сопровождающих нас на протяжении всего нашего пути...

Микробы составляют 70 % всей биологической массы на планете Земля!

Из всего этого гигантского объема биомассы микробов, только часть способна колонизировать и жить внутри и на поверхности человеческого тела. По сути, человеческий организм и микробы, проживающие в нем, формируют единое целое – то, что еще в середине XX века было названо суперорганизмом. Количество микробов, проживающих в организме человека, в 10–100 раз превышает количество собственных клеток самого человека. Это 10¹⁵ (квадриллион, т. е. миллион миллиардов) бактерий в сравнении с «всего» 10¹³–10¹⁴ (10–100 триллионов) человеческих клеток. Суммарная биологическая масса этих бактерий внутри и на поверхности тела человека колеблется в районе 1–1,5 кг.»

© ООО «Издательство АСТ»