

СЕКВЕНИРОВАНИЕ ФРАГМЕНТА ГЕНА COX1 КРАСНОГО КУРИНОГО КЛЕЩА

А. Н. ПРИТЫЧЕНКО

РДУП «Опытная научная станция по птицеводству» НАН Беларуси,
г. Заславль, Республика Беларусь, 223036, e-mail: bievmvitebsk@gmail.com

А. В. ПРИТЫЧЕНКО, Е. Б. КРИВОРУЧКО

УО «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины»,
г. Витебск, Республика Беларусь, 210026, e-mail: vit.nauka@gmail.com, keb.73@mail.ru

(Поступила в редакцию 28.04.2026)

Дерманиссиозы – группа арахнозов, вызываемых преимущественно клещами видов *Dermanyssus gallinae*, *Ornithonyssus sylviarum*, поражающие животных, включая птиц, а также человека. Данные представители вызывают различную клиническую картину в виде анемичности гребня, сережек, кожного покрова, выпадение перьев, дерматиты, общее ухудшение состояния птицы, вызванное недостатком сна, повышение склонности к саморасклеву, понижение иммунитета, акты каннибализма, анемии при тяжелых формах заражения, аллергические реакции, потерю массы и снижение яйценоскости. Клещи могут служить вектором переноса возбудителей бактериальных, вирусных и паразитарных болезней, что подчёркивает социальный характер дерманиссиозов. Традиционные методы идентификации клещей, такие как морфологический и микроскопический, обладают существенными ограничениями: они трудоемки, субъективны, малочувствительны и требуют высокой квалификации специалиста. Наибольшую практическую значимость имеют молекулярно-генетические методы диагностики, важнейшими из которых выступают полимеразная цепная реакция ПЦР – (Polymerase Chain Reaction PCR), изотермическая амплификация (Loop-mediated isothermal amplification LAMP) – петлевая изотермическая амплификация, рекомбиназная полимеразная амплификация РПА (Recombinase Polymerase Amplification RPA) и секвенирование нового поколения – (Next-Generation Sequencing NGS) высокопроизводительное определение последовательности нуклеотидов нуклеиновых кислот, что позволяет идентифицировать представителей дерманиссиозов с высочайшей чувствительностью и специфичностью. Эти методы позволяют проводить исследование генов, устанавливать лекарственную устойчивость, а также осуществлять в кратчайшие сроки мониторинг значительных популяций птицы с одновременной дифференциальной диагностикой арахнозов. Впервые в Беларуси проведено NGS-секвенирование фрагмента гена COX1 семи образцов биологического материала клещей. На основании доступных в базах данных нуклеотидных последовательностей фрагмента гена COX1 клещей видов *Ornithonyssus sylviarum* и *Dermanyssus gallinae* был разработан набор праймеров для секвенирования консервативного фрагмента. Определена консенсусная последовательность фрагмента гена COX1. Все исследованные образцы относились к виду *Dermanyssus gallinae*. Исследования показали, что определение видоспецифических полиморфных локусов не представляется возможным ввиду практически полной идентичности полученных последовательностей.

Ключевые слова: *Ornithonyssus sylviarum*, *Dermanyssus gallinae*, ген COX1 секвенирование, межвидовой полиморфизм

Dermanyssiosis is a group of arachnoses caused primarily by mites of the species *Dermanyssus gallinae* and *Ornithonyssus sylviarum*, affecting animals, including birds, and humans. These mites cause a variety of clinical symptoms, including anemia of the comb, wattles, and skin, feather loss, dermatitis, general deterioration of the bird's condition due to lack of sleep, increased tendency to self-pecking, decreased immunity, acts of cannibalism, anemia in severe cases, allergic reactions, weight loss, and decreased egg production. Mites can serve as a vector for the transmission of bacterial, viral, and parasitic pathogens, emphasizing the social nature of dermanysiosis. Traditional methods of mite identification, such as morphological and microscopic, have significant limitations: they are labor-intensive, subjective, insensitive, and require highly qualified specialists. Molecular genetic diagnostic methods are of the greatest practical significance, the most important of which are polymerase chain reaction (PCR), loop-mediated isothermal amplification (LAMP), recombinase polymerase amplification (RPA), and next-generation sequencing (NGS) – high-throughput nucleotide sequencing of nucleic acids which enables the identification of dermanysiosis pathogens with the highest sensitivity and specificity. These methods enable gene analysis, drug resistance detection, and rapid monitoring of large poultry populations with simultaneous differential diagnosis of arachnoses. For the first time in Belarus, NGS sequencing of a COX1 gene fragment was conducted on seven tick samples. Using nucleotide sequences of the COX1 gene fragment from *Ornithonyssus sylviarum* and *Dermanyssus gallinae* ticks available in databases, a primer set was developed for sequencing the conserved fragment. A consensus sequence of the COX1 gene fragment was determined. All samples studied belonged to *Dermanyssus gallinae*. The studies showed that identifying species-specific polymorphic loci is not possible due to the almost complete identity of the obtained sequences.

Key words: *Ornithonyssus sylviarum*, *Dermanyssus gallinae*, COX1 gene, sequencing, interspecies polymorphism.

Введение

Кровососущие эктопаразиты представляют собой серьезную проблему в птицеводстве, оказывая прямое и косвенное воздействие на здоровье и продуктивность домашних птиц. Среди них особое значение имеют два вида клещей – *Dermanyssus gallinae* (красный куриный клещ, (Poultry red mite, PRM), вызывающий дерманиссиоз), и *Ornithonyssus sylviarum* (Northern fowl mite, NFM). Оба паразита являются облигатными гематофагами, способными вызывать выраженные патологические изменения у птицы и значительные экономические потери в отрасли. Кроме того, данные паразиты рассмат-

риваются как потенциальные переносчики возбудителей различных инфекций, что усиливает их ветеринарное и эпизоотологическое значение [1, 2, 5].

Несмотря на различия в биологии, оба вида имеют схожие морфологические признаки, что затрудняет их надежную идентификацию в условиях лабораторной и ветеринарной практики. Традиционная диагностика на основе морфологических характеристик требует высокой квалификации специалиста и зачастую сопровождается ошибками. Учитывая значимость точной диагностики для выбора эффективных стратегий борьбы, возникает необходимость разработки надежных и воспроизводимых методов определения видовой принадлежности этих клещей [1, 4, 5, 6].

Ornithonyssus sylviarum (NFM) является облигатным гематофагом и считается довольно распространенным эктопаразитом домашней птицы. Его активное распространение оказывает негативное влияние на отрасль птицеводства, вызывая значительные экономические потери. Первоначально перенос паразита связывают с дикими птицами, а именно воробьями, гнездящимися рядом с курятниками. Однако он также возможен посредством людей, оборудования и грызунов [1, 4, 5, 6, 7, 8].

Ornithonyssus sylviarum по своим морфологическим признакам напоминает *Dermanyssus gallinae*. Тем не менее между видами существуют характерные различия, позволяющие провести разделение. Размер имаго *Ornithonyssus sylviarum* обычно меньше (около 0,6 мм), чем *Dermanyssus gallinae* (около 1,5 мм). Одним из ключевых признаков является форма анальной пластинки: у *Ornithonyssus sylviarum* она имеет каплевидную форму, тогда как у *Dermanyssus gallinae* – имеет более квадратную или клиновидную форму. Дополнительное различие наблюдается в строении хелицер: у *Ornithonyssus sylviarum* они клешнеобразные, тогда как у *Dermanyssus gallinae* имеют вытянутую, хлыстовидную форму [1, 6].

Ornithonyssus sylviarum представляет собой гаплодиплоидный организм с выраженным преобладанием самок (примерно 4:1) и обладает арренотокией (неоплодотворенные самки могут откладывать яйца, из которых развиваются самцы). После откладывания яиц самки спариваются со своими сыновьями, чтобы производить оплодотворенные яйца и новых самок. Таким образом, даже одна неоплодотворенная самка, пусть даже незрелая, может начать заражение нового хозяина [1, 4, 6].

При заражении кур яйца NFM откладываются преимущественно на перья в области клоаки и паразит проводит весь жизненный цикл на хозяине. Эта зона, расположенная перед клоакой, обладает оптимальной структурой перьев и микроклиматом, благоприятным для клещей. Иногда клещи занимают и область позади клоаки, поскольку температура кожи там ниже, чем под крыльями, а влажность выше. Толщина перьевого слоя составляет примерно 3–6 см, и клещи способны терморегулироваться, перемещаясь на несколько сантиметров внутри этой области [1, 4, 6, 7].

Из яиц *Ornithonyssus sylviarum* вылупляются неподвижные шестиногие личинки с неразвитыми элементами ротового аппарата. Стадия личинки длится около суток и далее сменяется активной стадией протонимфы, у которой ротовые органы хорошо приспособлены к кровососанию. Далее следует стадия дейтонимфы – переходная стадия, не питающаяся кровью, у которой стеральная и вентральная пластинки слиты. После прохождения всех стадий происходит линька во взрослую кровососущую особь. Весь жизненный цикл занимает примерно 5–12 дней. Клещи могут выживать вне хозяина от 1 до 3 недель, по данным ряда авторов и более года [1, 4, 6, 7, 8].

После внедрения *Ornithonyssus sylviarum* быстро распространяется среди кур, содержащихся в клетках, легко перемещаясь по металлическим прутьям и конструкциям батарей. При сильном уровне поражения клещи могут вызывать до 6 % потери крови в день на одну курицу. Популяции клещей значительно варьируются между птицами одного возраста и породы, и часть этой вариативности обусловлена генетически [1, 2, 3, 9, 10].

В процессе своей жизнедеятельности клещи оказывают негативное воздействие на домашнюю птицу. Они вызывают активацию иммунной системы (например, воспаление кожи), анемию, раздражение и зуд, а в редких случаях (когда численность популяции клещей достаточно велика) – даже смерть. У зараженной птицы отмечают снижение продуктивности: уменьшается яйценоскость и ухудшается эффективность конверсии корма – то есть возрастает количество корма, необходимого для набора единицы массы. Стандартные показатели качества яиц, такие как единицы Хо (Haugh units), концентрация альбумина, масса яйца и удельный вес яйца снижается по мере роста популяции клещей. Экономический ущерб от инвазирования *Ornithonyssus sylviarum* в системах производства яиц довольно значителен и приводит к снижению яйценоскости на 2,1–4 %, снижению массы яиц, а также неэффективной конверсии корма, что влечет за собой значительный экономический ущерб. Имеются данные, что NFM может быть механическим переносчиком патогенов между поколениями птиц и другими видами животных – особенно если клещи проглатываются при груминге [1, 2, 3].

Вероятность укуса человека *Ornithonyssus sylviarum* довольно низкая, однако при таком контакте может появиться раздражение и даже транзиторный дерматит. При высокой плотности популяции клещи часто обнаруживаются на яйцах, оборудовании и работниках птицефабрик [1, 2, 3, 6, 7].

В качестве оперативного метода оценки степени заражения был предложен визуальный мониторинг количества клещей на поверхности яиц. Этот подход отличается простотой и доступностью, однако его достоверность, чувствительность и специфичность уступает прямому осмотру птиц, особенно при низкой интенсивности инвазии [1, 2, 3].

В настоящее время *Ornithonyssus sylviarum* контролируют с помощью химических субстанций, которые распыляют под высоким давлением снизу-вверх, направляя струю на птиц, находящихся в клетках-батарейх. Акарициды наиболее эффективны, когда они попадают на перья в области клоаки, где концентрируются клещи. Ранее для борьбы с клещами применялись органофосфаты и пиретроиды, однако в настоящее время NFM развили к ним устойчивость. Для успешного контроля потребуются интеграция нескольких методов борьбы, чтобы предотвратить экономический ущерб от *Ornithonyssus sylviarum*. Природные альтернативы синтетическим субстанциям могут быть полезны в органическом производстве. Среди них растительные продукты, такие как чеснок, азадирахтин – вещество, способное отпугивать клещей от питания, диатомитовая земля, каолин, сера, энтомопатогенные грибы (например, р. *Beauveria*) и др. [1, 2, 3, 6].

Хотя северный куриный клещ (NFM) широко распространен, он не является серьезной проблемой для коммерческого птицеводства во всем мире, его распространение не сопоставимо с масштабами проблемы, вызванной клещом *Dermanyssus gallinae* [1, 2].

Dermanyssus gallinae, красный куриный клещ (PRM) также является кровососущим эктопаразитом домашних и диких птиц. Как и *Ornithonyssus sylviarum*, PRM преимущественно питается на птицах, однако он демонстрирует низкую избирательность в выборе хозяина и также способен питаться на млекопитающих (например, грызунах, лошадях и людях) [1, 2, 3].

PRM представляет собой переносчика ряда опасных патогенов, в том числе зоонозных инфекций. Установлена передача между курами таких возбудителей, как *Borrelia anserina*, вируса оспы птиц и вируса восточного энцефалита лошадей. Кроме того, выявлена способность клеща переносить бактерии рода *Salmonella*, включая трансовариальную передачу, что делает его потенциальным резервуаром зоонозного сальмонеллеза. Несмотря на общее снижение заболеваемости сальмонеллезом среди людей, в птицеводстве сохраняется потребность в более безопасной и эффективной вакцинации. *Dermanyssus gallinae* нередко нападает на людей и рассматривается как профессиональный риск для работников птицефабрик. За пределами птицеводства случаи заражения были зафиксированы в частных домах, больницах и офисах вследствие заражения синантропными птицами [1, 2, 3].

Патологические проявления PRM у зараженных птиц варьируются в зависимости от степени заражения. Среди наиболее выраженных симптомов отмечают: общее ухудшение состояния птицы, вызванное недостатком сна (из-за необходимости усиленного ухода за перьями), повышение склонности к саморасклеву, понижение иммунитета, а также акты каннибализма и анемии при тяжелых формах заражения. Как и *Ornithonyssus sylviarum*, PRM вызывает снижение яйценоскости и ухудшение качества яиц. При сублетальном уровне заражения питание клещей может вызывать значительный стресс у кур, сопровождающийся повышением уровня кортикостерона и адреналина в крови и снижением уровня β - и γ -глобулинов. При заражении смертность птицы может возрастать в 10 раз (от тяжелой анемии и потери крови) [1, 2].

В отличие от *Ornithonyssus sylviarum*, большую часть жизненного цикла *Dermanyssus gallinae* проводит вне тела хозяина, прячась в укромных местах (например, в щелях, где клещи собираются группами в ответ на механические стимулы и феромонные сигналы) и, попав на хозяина, питается короткими периодами – до одного часа, обычно каждые 2–4 дня, преимущественно в темное время суток. Личинки не питаются, а взрослые самцы, хотя и могут питаться, делают это лишь эпизодически. Полный цикл развития PRM занимает примерно 14 дней и включает одну личиночную и две нимфальные стадии. *Dermanyssus gallinae* может существовать более 8 месяцев без питания в экстремальных условиях [1–4, 6, 7].

Для борьбы с *Dermanyssus gallinae* часто применяют химические акарициды, кремнеземные порошки, новые акарициды (такие как, биопестициды и препараты растительного происхождения), вакцинацию и иммунизацию рекомбинантными белками. Однако имеются данные о развитии устойчивости PRM к акарицидам, содержащим амитраз, карбарил и перметрин. Также PRM демонстрирует высокую генетическую вариативность, возникшую в следствие отбора, вызванного применением пестицидов. Из-за быстрой адаптации к селективным факторам среды, имеется острая необходимость срочных исследований для разработки более специфических стратегий контроля этих клещей [1–4, 6, 9, 10].

Традиционные методы идентификации клещей, такие как морфологический и микроскопический, обладают существенными ограничениями: они трудоемки, субъективны, малочувствительны и требуют высокой квалификации специалиста. Наибольшую практическую значимость имеют молекулярно-генетические методы диагностики, важнейшими из которых выступают полимеразная цепная реакция ПЦР – (*Polymerase Chain Reaction PCR*), изотермическая амплификация (*Loop-mediated isothermal amplification LAMP*) – петлевая изотермическая амплификация, рекомбиназная полимеразная амплификация РПА (*Recombinase Polymerase Amplification RPA*) и секвенирование нового поколения – (*Next-Generation Sequencing NGS*) высокопроизводительное определение последовательности нуклеотидов нуклеиновых кислот, что позволяет идентифицировать представителей дерманиссиозов с высочайшей чувствительностью и специфичностью. Одновременно эти методы позволяют проводить исследование генов, устанавливать лекарственную устойчивость, а также осуществлять в кратчайшие сроки мониторинг популяций птицы с одновременной дифференциальной диагностикой арахнозов [1, 2, 3, 7, 9, 10].

Таким образом, актуальность исследования обусловлена высокой распространенностью *Ornithonyssus sylviarum* и *Dermanyssus gallinae*, их значительным экономическим и эпизоотологическим ущербом, а также трудностями в идентификации на основе морфологии и микроскопии. Разработка молекулярных методов диагностики позволит обеспечить экспресс-идентификацию клещей, что станет основой для оптимизации программ мониторинга и контроля паразитов в птицеводстве [1, 3, 6, 9, 10, 11, 12, 13, 14].

Цель работы – провести секвенирование фрагмента гена COX1 клещей видов *Ornithonyssus sylviarum* и *Dermanyssus gallinae* и определить видоспецифические локусы.

Основная часть

Объектом исследований служили 7 изолятов клещей. Использовались молекулярно-генетические методы, а именно секвенирование фрагмента гена COX1 клещей, определение видоспецифических полиморфных локусов биоинформатическими методами.

1. Выделение ДНК – измельчение биологического материала проводили в ступках с жидким азотом, после чего переносили в пробирки типа Eppendorf. Выделение ДНК осуществляли с помощью набора «АртДНК» (производство АртБиоТех), согласно инструкции производителя. Измерение концентрации, полученной ДНК проводили спектрофотометрически (NanoDrop).

Таблица 1. Результаты измерения концентрации ДНК

Образец	Концентрация, нг/мкл	260/230	260/280
1	113,9	1,08	1,65
2	36,82	1,01	1,72
3	51,88	0,96	1,7
4	43,8	1,02	1,9
5	33,87	1,03	1,87
6	81	0,76	1,57
7	61,07	0,77	1,63

2. Полимеразная цепная реакция.

Для постановки полимеразной цепной использовали следующие реактивы:

Праймеры (разведены до 5 пмоль/мкл) – по 1 мкл;

Буфер А для ДНК-полимеразы – 1,5 мкл;

dNTP (10x) – 1,5 мкл;

MgCl₂ (50 mM) – 0,5 мкл;

ДНК-полимераза – 0,25 мкл;

ДНК – 2 мкл;

Вода до 15 мкл.

Режим проведения ПЦР:

95° 3 минуты	} 35 циклов
95° 35 секунд	
58° 35 секунд	
72° 40 секунд	
72° 5 минут	

Проверку результатов прохождения ПЦР проводили путем электрофоретического разделения продуктов в 1,5 % агарозном геле. Очистку продуктов ПЦР проводили путем добавления 0,3 мкл экзо-

нуклеазы I и 0,9 мкл щелочной фосфатазы в каждый образец с последующим инкубированием при 37°C в течение 20 минут, затем при 80 °C в течение 15 минут.

3. Секвенирование

Определение нуклеотидной последовательности осуществляли по методу Сэнгера с использованием набора BrilliantDye™ Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (Nimagen). Состав премикса:

Bril buf. – 0,88 мкл;

Bril dye – 0,25 мкл;

Праймер (5 пмоль/мкл) – 0,25 мкл;

Вода – 3,13 мкл;

ДНК 0,3 мкл.

Режим:

96° 45 секунд

96° 10 секунд

50° 10 секунд

60° 2 минуты

30 циклов

Очистка:

1. К продукту сиквенсовой реакции добавляли 2 мкл ацетата аммония (5 М) и 15 мкл 96 % этилового спирта, перемешивали, после чего инкубировали при -20 °C в течение 20 минут.

2. Центрифугировали 10 минут при 12 тыс. об/мин, удаляли с помощью дозатора весь спирт.

3. Добавляли 150 мкл 70 % этилового спирта, перемешивали, после чего центрифугировали 10 минут при 12 тыс. об/мин

4. Отобирали спирт с помощью дозатора и высушивали при 50 °C до полного испарения спирта.

Секвенирование осуществлялось на генетическом анализаторе 3500 Applied Biosystems после добавления к каждому из образцов по 10–12 мкл формамида.

По результатам поиска в базе данных NCBI были отобраны 28 последовательностей фрагментов гена COX1 (15 для *D. gallinae* и 13 для *O. sylviarum*). Номера последовательностей в базе данных: PP847200.1, PP847199.1, PV545526.1, PV545529.1, PV654521.1, PV654514.1, OR616243.1, PP111387.1, PP111383.1, OR133644.1, OR133643.1, OQ888167.1, OL547440.1, OL547439.1, LC710639.1, LC710638.1 для *D. gallinae* и MZ031301.1, MT812943.1, MK993375.1, KF218584.1, KF218582, FN646536.1, MF917769.1, MN347986.1, MN352946.1, KR103486.1, FN646530.1, FN646529.1, MT812940.1 для *O. sylviarum*.

Также из базы данных NCBI было получено две полные последовательности митохондриального генома *D. gallinae* (NC_054303.1 и MW044618.1). После этого было проведено множественное выравнивание полученных последовательностей (рис. 1).

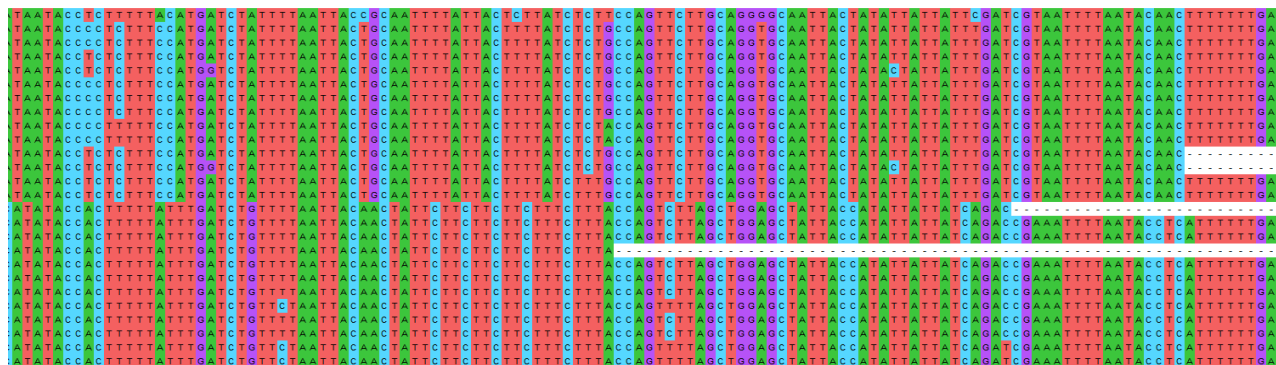


Рис. 1. Фрагмент множественного выравнивания участков гена COX1

Как видно по рисунку, все фрагменты разделились на 2 группы, соответствующие 2 видам.

По результатам выравнивания были отобраны два локуса с наибольшей гомологией между двумя группами, к которым были подобраны праймеры (табл. 2).

Таблица 2. Последовательности праймеров

№	Тип	Последовательность
1	Orni_F	CCCACGATTAATAATATAAGATTTTG
2	Orni_R	CCAATTCTAGTATAGCATAAATTATAC
3	Derm_F	CCCTCGACTTATAATATAAGATTTTG
4	Derm_R	CCAATTGTTATATTGCATAGATTATTC

С помощью подобранных праймеров проведена ПЦР, нуклеотидные последовательности продуктов определены с помощью секвенирования по Сэнгеру. При этом секвенирование продуктов амплификации с помощью первой пары праймеров (Orni_F и Orni_R) просеквенировать не удалось. Все результаты секвенирования с помощью второй пары были идентичны за исключением одного образца (№7), у которого была выявлена вставка одного нуклеотида С (рис. 2) и отличались только длиной.

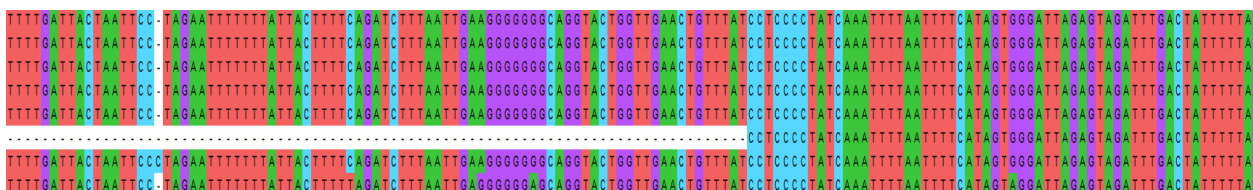


Рис. 2. Фрагмент выравнивания полученных последовательностей.
Нижняя последовательность – референсный митохондриальный геном *D. Gallinae*

При этом все полученные последовательности незначительно отличались от референсного митохондриального генома *D. gallinae*, это свидетельствует о том, что все исследованные образцы принадлежали к этому виду.

Заключение

Таким образом, в рамках выполнения научно-исследовательской работы на основании доступных в базах данных нуклеотидных последовательностей фрагмента гена COX1 клещей видов *Ornithonyssus sylviarum* и *Dermanyssus gallinae* был разработан набор праймеров для секвенирования. Впервые в Беларуси проведено NGS-секвенирование фрагмента гена COX1 семи образцов биологического материала клещей. Определена консенсусная последовательность фрагмента гена COX1 для каждого из образцов. Сделан вывод о том, что все исследованные образцы относились к виду *Dermanyssus gallinae*. Определение видоспецифических полиморфных локусов не представляется возможным ввиду практически полной идентичности полученных последовательностей.

ЛИТЕРАТУРА

1. Распространение красного куриного клеща и особенности инвазионного процесса в составе арахноэнтомологических паразитоценозов у кур-несушек / А. Н. Притыченко [и др.] // Животноводство и ветеринарная медицина. – 2024. – №2(53). – С. 63–68.
2. Притыченко, А. Н. Красный куриный клещ – проблема промышленного птицеводства (обзор) / А. Н. Притыченко // Экология и животный мир. – 2024. – №2. – С. 16–21.
3. Молекулярно-генетические методы диагностики дерманиссиоза / А. Н. Притыченко [и др.] // Сельское хозяйство – проблемы и перспективы: сборник научных трудов / Гродненский государственный аграрный университет. – Гродно: ГГАУ, 2025. – Т. 68: Ветеринария. – С. 113–121.
4. Understanding the biology and control of the poultry red mite *Dermanyssus gallinae*: a review / J. Pritchard [et al.] // Avian Pathology. – 2015. – Vol. 44, № 3. – P. 143–153.
5. Murillo, A. C. A review of the biology, ecology, and control of the northern fowl mite, *Ornithonyssus sylviarum* (Acari: Macronyssidae) / A. C. Murillo, B.A. Mullens // Veterinary Parasitology. – 2017. – Vol. 246 – P. 30–37.
6. Murillo, A. C. Collecting and Monitoring for Northern Fowl Mite (Acari: Macronyssidae) and Poultry Red Mite (Acari: Dermanyssidae) in Poultry Systems / A. C. Murillo, B. A. Mullens // Journal of Insect Science. – 2020. – Vol. 20, № 6. – P. 12.
7. Significance and Control of the Poultry Red Mite, *Dermanyssus gallinae* / O.A.E. Sparagano [et al.] // Annu. Rev. Entomol. – 2014. – Vol. 59, № 1. – P. 447–466.
8. Vezzoli, G. The effect of northern fowl mite (*Ornithonyssus sylviarum*) infestation on hen physiology, physical condition, and egg quality / G. Vezzoli, A.J. King, J.A. Mench // Poultry Science. – 2016. – Vol. 95, № 5. – P. 1042–1049.
9. Molecular characterization and genetic diversity of *Ornithonyssus sylviarum* in chickens (*Gallus gallus*) from Hainan Island, China / B. Bhowmick [et al.] // Parasites Vectors. – 2019. – Vol. 12, № 1. – P. 553.
10. Profiling of *Dermanyssus gallinae* genes involved in acaricide resistance / A. Schiavone [et al.] // Veterinary Parasitology. – 2023. – Vol. 319 – P. 109957.
11. Integrated DNA Technologies. OligoAnalyzer Tool [Электронный ресурс]. — Режим доступа: <https://www.idtdna.com/pages/tools/oligoanalyzer> (дата обращения: 15.02.2026).
12. National Center for Biotechnology Information (NCBI). GenBank: Genetic Sequence Database [Электронный ресурс]. — Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/> (дата обращения: 10.02.2026).
13. Urban emergence of *Dermanyssus gallinae* lineage L1 and *Ornithonyssus sylviarum* in Hungary: phylogenetic differentiation between the roles of migrating vs transported synanthropic birds / S. Hornok [et al.] // Parasites Vectors. – 2021. – Vol. 14, № 1. – P. 147.
14. Waap, H. Occurrence of *Ornithonyssus sylviarum* in pet birds from the district of Setúbal, Portugal / H. Waap, D. Paulino, R. Cardoso // Parasitol Res. – 2017. – Vol. 116, № 7. – P. 2041–2046.