

Альховский С.В., Львов Д.К., Щелканов М.Ю., Щетинин А.М., Дерябин П.Г., Гительман А.К., Ботиков А.Г., Самохвалов Е.И., Закарян В.А.

Таксономия вируса Арташат (ARTSV – Artashat virus) (*Bunyaviridae*, *Nairovirus*), изолированного из клещей *Ornithodoros alactagalis* Issaakjan, 1936 и *O. verrucosus* Olenov, Sassuchin et Fenuk, 1934 (*Argasidae* Koch, 1844), собранных в Закавказье

ФГБУ «НИИ вирусологии им. Д.И. Ивановского» Минздрава России, 123098, Москва

Вирус Арташат (ARTSV – Artashat virus) выделен от клещей *Ornithodoros alactagalis* Issaakjan, 1936 (*Argasidae* Koch, 1844), собранных в норе малого тушканчика (*Allactaga elater* Lichtenstein, 1825) в Армении в 1972 г. Позднее ARTSV был изолирован от *O. verrucosus* Olenov, Sassuchin et Fenuk, 1934 из нор персидской песчанки (*Meriones persicus* Blanford, 1875) в Азербайджане. На основании морфологии вириона ARTSV отнесен к группе неклассифицированных буньявирусов сем. *Bunyaviridae*. В настоящей работе геном ARTSV (GenBank ID: KF801650) частично секвенирован. Уровень гомологии ARTSV с известными наиrowирусами составляет от 42% (с вирусом Иссик-Куль) до 58% (с вирусом Раза, группа Хьюз) по нуклеотидной последовательности каталитического центра РНК-зависимой РНК-полимеразы (RdRp). Гомология с наиrowирусами по аминокислотной последовательности ARTSV в среднем 65–70%. Низкий уровень гомологии ARTSV и его равноудаленное положение от остальных наиrowирусов позволяют классифицировать ARTSV как новый прототипный вид в составе рода *Nairovirus*, который образует самостоятельную антигенную и филогенетическую группу.

Ключевые слова: *Bunyaviridae*; *Nairovirus*; вирус Арташат – ARTSV; норовоубежищные биоценозы; *Argasidae*; *Ornithodoros alactagalis*; *Ornithodoros verrucosus*; тушканчики; песчанки; Закавказье; Армения; Азербайджан; метагеномный анализ.

Taxonomic status of the Artashat virus (ARTSV) (*Bunyaviridae*, *Nairovirus*) isolated from the ticks *Ornithodoros alactagalis* Issaakjan, 1936 and *O. verrucosus* Olenov, Sassuchin et Fenuk, 1934 (*Argasidae* Koch, 1844) collected in Transcaucasia

Alkhovsky S.V., Lvov D.K., Shchelkanov M.Yu., Shchetinin A.M., Deryabin P.G., Gitelman A.K., Botikov A.G., Samokhvalov E.I., Zakaryan V.A.

D.I. Ivanovsky Institute of Virology of Ministry of Health of the Russian Federation, 123098, Moscow, Russia

The Artashat virus (ARTSV) was originally isolated from the *Ornithodoros alactagalis* Issaakjan, 1936 (*Argasidae* Koch, 1844), which were collected in the burrow of small five-toed jerboa (*Allactaga elater* Lichtenstein, 1825) in Armenia in 1972. Later, the ARTSV was isolated from the *O. verrucosus* Olenov, Sassuchin et Fenuk, 1934 collected in the burrows of Persian gerbil (*Meriones persicus* Blanford, 1875) in Azerbaijan. Based on the virion morphology, the ARTSV was assigned to the *Bunyaviridae* viruses. In this work, the ARTSV genome was partially sequenced (GenBank ID: KF801650) and it was shown that the ARTSV is a new member of the *Nairovirus* genus. ARTSV has from 42% (Issyk-Kul virus) to 58% (Raza virus, Hughes group) similarity with the *nairovirus* for nucleotide sequence of part of RNA-dependent RNA-polymerase (RdRp). The similarity on the amino acid level is 65–70%. Low level of homology and the equidistant position of the ARTSV on phylogenetic tree indicate that the ARTSV is a new prototype species of the *Nairovirus* genus (*Bunyaviridae*) forming a separate phylogenetic branch.

Key words: *Bunyaviridae*; *Nairovirus*; Artashat virus (ARTSV); burrow-shelter biocenoses; *Argasidae*; *Ornithodoros alactagalis*; *Ornithodoros verrucosus*; jerboa; sandpiper; Transcaucasia; Armenia; Azerbaijan; metagenomic analysis.

Прототипный штамм LEIV-2366Ag вируса Арташат (ARTSV¹ – Artashat virus) (депонент в Государственной коллекции вирусов РФ № ГКВ 747; авторы: Львов Д.К., Закарян В.А., Громашевский В.Л., Скворцова Т.М.) выделен от клещей *Ornithodoros alactagalis* Issaakjan, 1936 (*Argasidae* Koch, 1844), собранных в октябре 1972 г. в норе малого тушканчика (*Allactaga elater* Lichtenstein, 1825) в окрестностях села Аревшат (40°02' с.ш., 44°32' в.д.) (Армения, Арташатский район) [2]. В 1983 г. там же и из того же источника был изолирован второй штамм ARTSV. В 1984–1985 гг. 10 штаммов ARTSV (топотип-

ный штамм LEIV-9000Az – депонент № ГКВ 688; авторы: Львов Д.К., Громашевский В.Л., Елкина Н.Ю., Скворцова Т.М.) выделены от клещей *O. verrucosus* Olenov, Sassuchin et Fenuk, 1934 из нор персидской песчанки (*Meriones persicus* Blanford, 1875) в Азербайджане (табл. 1) [3–8].

По данным электронной микроскопии ARTSV относится к сем. *Bunyaviridae*. На основании отсутствия положительных антигенных связей с другими буньявирусами, изолированными на территории бывшего СССР [1, 10, 11], ARTSV получил статус неклассифицированного представителя этого семейства [1, 3–6]. До последнего времени ARTSV не был классифицирован даже до уровня рода. Данные по изоляции известных штаммов ARTSV представлены в табл. 1.

¹Во избежание недоразумений следует иметь в виду, что похожая аббревиатура относится к другому буньявирусу – Артыбаш (ARTV – Artybash) – из рода *Hantavirus* [1].

Семейство *Bunyaviridae* объединяет оболочечные вирусы с сегментированным (L-, M- и S-сегмент) геномом негативной (или с элементами амбисенс-стратегии) полярности. Семейство включает четыре рода вирусов животных (*Hantavirus*, *Phlebovirus*, *Orthobunyavirus*, *Nairovirus*) и один род вирусов растений (*Tospovirus*). Около 40 буньявирусов животных, подобно ARTSV, отнесены к неклассифицированным буньявирусам, поскольку не имеют выраженных антигенных связей с другими буньявирусами. К буньявирусам принадлежат многие возбудители опасных заболеваний человека, таких как Крымская-Конго геморрагическая лихорадка, геморрагическая лихорадка с почечным синдромом, москитные лихорадки и др. За исключением вирусов рода *Hantavirus*, буньявирусы животных являются арбовирусами, и их эволюция тесно связана с экологией их членистоногих переносчиков (клещи, комары, мошки) [1].

Используя метод полногеномного секвенирования, мы определили частичную последовательность генома ARTSV. На основании проведенного филогенетического анализа установили, что ARTSV является новым, самостоятельным членом рода *Nairovirus*. ARTSV обладает низким уровнем генетической гомологии с другими найровирусами и является прототипным вирусом новой антигенной и филогенетической группы.

Материалы и методы

Прототипный штамм вируса Аргашат (LEIV-2366Ag) получен из Государственной Коллекции вирусов РФ ФГБУ НИИ вирусологии им. Д.И. Ивановского Минздрава России в виде лиофилизированной мозговой суспензии. Восстановленной суспензией (0,2 мл) проводили интрацеребральное заражение новорожденных беспородных белых мышей. После развития симптомов поражения ЦНС (2–4–е сутки) мышей забивали в соответствии с правилами этичного содержания и использования лабораторных животных.

Выделение РНК. Фрагменты мозга (около 30 мг) помещали в 700 мкл лизирующего буфера RLT (QIAGEN, Германия) и гомогенизировали в гомогенизаторе TissueLyser LT (QIAGEN, Германия). Далее РНК выделяли набором “RNeasy mini kit” (QIAGEN, Германия) на автоматической станции QIAcube (QIAGEN, Германия) из 350 мкл буфера в соответствии с инструкцией. Концентрацию РНК измеряли с помощью флюориметра Qubit (Invitrogen, США).

Подготовка библиотек и секвенирование. Для деплеции рибосомальной РНК использовали набор GenRead rRNA depletion Kit (QIAGEN, Германия) в соответствии с инструкцией. Для получения кДНК 50 нг деплецированной РНК фрагментировали в 15 мкл реакционной смеси для обратной транскриптазы с гексапраймером при 85°C в течение 5 мин, после чего помещали в лед. К фрагментированной РНК добавляли 200 ед. фермента RevertAid Premium (Thermo Scientific, США) и 20 ед. ингибитора РНаз RNasin (Promega, США). Инкубировали при 25°C 10 мин, далее при 42°C 60 мин. Реакцию останавливали прогреванием при 70°C 10 мин. Синтез второй цепи кДНК проводили с помощью набора “NEBNext® mRNA Second Strand Synthesis Module” (NEB, США) в соответствии с инструкцией. Полученную дцДНК очищали с использованием набора “MinElute PCR Purification Kit” (QIAGEN, Германия) на автоматической станции QIAcube.

Для получения ДНК-библиотек из дцДНК использовали набор “TruSeq DNA Sample Prep Kits v2” (Illumina, США) в соответствии с инструкцией. Полученные библиотеки визуализировали на станции автоматического электрофореза “QIAxcel Advanced System” (QIAGEN,

Германия). Молярность полученных библиотек измеряли методом полимеразно-цепной реакции в реальном времени (2x SsoFast EvaGreen Supermix (Bio-Rad, США; прибор Bio-Rad CFX1000) согласно рекомендациям, изложенным в руководстве “Sequencing Library qPCR Quantification Guide” (Illumina, США). Секвенирование ДНК-библиотек осуществляли на приборе MiSeq (Illumina, США), используя набор “MiSeq Reagent Kits V2 (300PE)” в соответствии с инструкцией производителя.

Биоинформационный анализ. Обработку данных полногеномного секвенирования, сборку контигов и картирование ридов проводили с помощью программы “CLC Genomics Workbench 5.5” (CLC bio, США). Предварительный поиск гомологичных последовательностей проводили с применением сервиса BLASTX (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>). Для подбора праймеров, множественного выравнивания, анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей использовали пакет программ “Lasergene Core Suite” (DNASTar, США). Последовательности выравнивали по алгоритму ClustalW. Определение генетической дистанции проведено по модели p-distance с попарным удалением гэпов. Филогенетический анализ и построение дендрограмм осуществляли с использованием программы MEGA5 по методу максимального правдоподобия (maximum likelihood) с 1000-кратным бутстреп-тестированием.

Результаты и обсуждение

Данные полногеномного секвенирования тотальной, рибодеплецированной РНК из мозга зараженных ARTSV мышей проанализировали, используя сервис BLASTX. С помощью данного сервиса провели поиск гомологичных последовательностей в базе данных GenBank с ограничением по таксону “Viruses, taxid:10239”. Оказалось, что полученные последовательности генома ARTSV (ID GenBank KF801650) обладают гомологией (50–60%) только с вирусами Крымской-Конго геморрагической лихорадки (CCHFV – Crimean-Congo hemor-

Таблица 1

Изоляция штаммов вируса Аргашат (ARTSV) в Закавказье

Район сбора материала	Источник изоляции	Время сбора материала	Количество штаммов
Армения, Аргашатский район	<i>Ornithodoros alactagalis</i> из нор малого тушканчика (<i>Allactaga elater</i>)	Октябрь 1972 г.	1
Азербайджан, Ждановский район	<i>Ornithodoros alactagalis</i> из нор малого тушканчика (<i>Allactaga elater</i>)	Июнь 1983 г.	1
Азербайджан, Ордубадский район	<i>Ornithodoros verrucosus</i> из нор персидской песчанки (<i>Meriones persicus</i>)	Сентябрь 1984 г.	2
Азербайджан, южный Кобыстан	<i>Ornithodoros verrucosus</i> из нор персидской песчанки (<i>Meriones persicus</i>)	Сентябрь 1984 г.	1
Азербайджан, Косум-Измайловский район	<i>Ornithodoros verrucosus</i> из нор персидской песчанки (<i>Meriones persicus</i>)	Сентябрь 1985 г.	6
Азербайджан, Евлахский район, окрестности города Мингечаур	<i>Ornithodoros verrucosus</i> из нор персидской песчанки (<i>Meriones persicus</i>)	Сентябрь 1985 г.	1

Генетическая дистанция (p-distance) между наирирусами, рассчитанная на основе нуклеотидной (верхняя правая часть) и аминокислотной (левая нижняя часть) последовательности каталитического центра RdRp

Вирус		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
Artashat virus	1		0,58	0,46	0,53	0,56	0,49	0,48	0,45	0,44	0,42	0,48	0,56	0,49	0,47
Issyk-Kul virus	2	0,37		0,57	0,46	0,45	0,45	0,55	0,58	0,54	0,52	0,46	0,60	0,58	0,57
Caspiy virus	3	0,34	0,44		0,45	0,48	0,45	0,42	0,36	0,35	0,35	0,45	0,55	0,51	0,53
Bandia virus	4	0,37	0,30	0,37		0,27	0,38	0,45	0,48	0,47	0,47	0,44	0,53	0,56	0,54
Qalyub virus	5	0,36	0,30	0,39	0,06		0,43	0,43	0,48	0,47	0,49	0,42	0,48	0,57	0,49
Abu Hammad virus	6	0,34	0,35	0,34	0,27	0,27		0,32	0,44	0,41	0,43	0,49	0,49	0,51	0,52
Abu Mina virus	7	0,32	0,36	0,30	0,29	0,27	0,12		0,50	0,38	0,41	0,46	0,46	0,44	0,48
Punta Salinas virus	8	0,31	0,43	0,21	0,32	0,34	0,30	0,31		0,28	0,25	0,50	0,47	0,54	0,50
Farallon virus	9	0,34	0,39	0,19	0,34	0,35	0,28	0,28	0,09		0,17	0,49	0,52	0,47	0,51
Raza virus	10	0,35	0,40	0,18	0,34	0,37	0,30	0,28	0,09	0,03		0,48	0,54	0,45	0,48
Tillamook virus	11	0,27	0,29	0,26	0,30	0,30	0,31	0,29	0,34	0,30	0,30		0,50	0,49	0,50
Erve virus	12	0,37	0,42	0,45	0,40	0,43	0,40	0,39	0,35	0,37	0,37	0,37		0,44	0,43
Dugbe virus	13	0,30	0,42	0,41	0,39	0,42	0,36	0,35	0,36	0,36	0,37	0,32	0,30		0,37
Crimean-Congo virus	14	0,35	0,40	0,41	0,37	0,38	0,36	0,37	0,35	0,30	0,34	0,29	0,29	0,14	

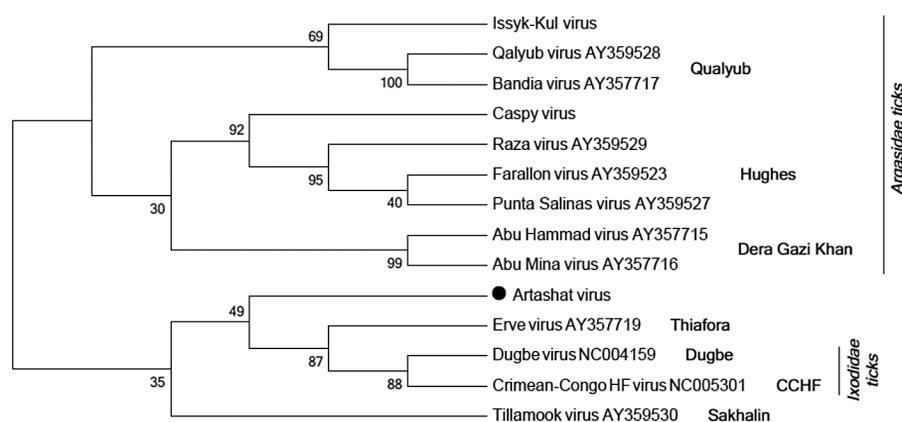
rhagic fever virus), Дугбе (DUGV – Dugbe virus), болезни овец Найроби (NSDV – Nairobi sheep disease virus) и Эрве (ERVEV – Erve virus), для которых известны полные нуклеотидные последовательности генома. Таким образом, на основании полученных данных установили, что ARTSV относится к роду *Nairovirus* (сем. *Bunyaviridae*) (GenBank ID: KF801650).

В род *Nairovirus* входят около 35 вирусов, которые на основе перекрестных антигенных связей объединены в семь групп: CCHF (CCHFV и Hazara virus), NSD (Nairobi sheep disease virus, DUGV), Hughes (Hughes virus, Punta Salinas virus, Farallon virus, RAZV – Raza virus), Тиафора (ERVEV), Dera Gaza Khan (Abu Mina virus, Abu Hammad virus), Sakhalin (Sakhalin virus, Paramushir virus, Tillamook virus) и Qalyub (Qalyub virus, Bandia virus) [14]. Разделение наирирусов на группы в целом соответствует их географическому распространению и экологическим особенностям, связанных в первую очередь с их основными переносчиками – иксодовыми (*Ixodidae*) или аргасовыми (*Argasidae*) клещами. В настоящее время полные последовательности генома известны только для вирусов групп CCHF и NSD (связаны с иксодовыми клещами), а также ERVEV (группа TFAV), переносчик которого не известен. Отметим, что филогенетически ERVEV, хотя его переносчик ERVEV точно не определен, ближе к наирирусам, связанным с иксодовыми клещами (см. рисунок) [15].

Также в предыдущих исследованиях мы определили последовательности геномов двух новых наирирусов Иссык-Куль (ISKV) и Каспий (CASV), экология которых в основном связана с аргасовыми клещами. Филогения наирирусов изучена ранее на основе консервативного участка РНК-зависимой РНК-полимеразы (RdRp), включающего каталитический домен [16]. Данный участок является наиболее консервативным у вирусов с РНК-геномом негативной полярности. Гомология белковых последовательностей данного участка у наирирусов составляет 65–75%. ARTSV по данному

участку RdRp практически равноудален от других наирирусов (табл. 2). Гомология ARTSV с наирирусами составляет от 42 (с ISKV) до 58% (с RAZV, группа Хьюз) по нуклеотидной последовательности. Гомология по аминокислотной последовательности ARTSV в среднем 65–70% (см. табл. 2). Низкий уровень гомологии ARTSV и его равноудаленное положение от остальных наирирусов позволяют классифицировать ARTSV как новый прототипный вид в составе рода *Nairovirus*, который образует самостоятельную антигенную и филогенетическую группу.

Филогенетический анализ ARTSV провели методом максимального правдоподобия (maximum likelihood) на основе указанного участка RdRp. На дендрограмме (см. рисунок) видно, что наирирусы можно разделить на две филогенетические группы. В первую входят вирусы передаваемые иксодидами: серогруппа CCHF (CCHFV и Hazara virus – преимущественно *Hyalomma* и *Haemaphysalis*, а также *Dermacentor*, *Rhipicephalus*, *Ixodes*); серогруппа NSD, Dugbe virus – преимущественно *Amblyomma*, а также *Hyalomma*, *Rhipicephalus*, *Haemaphysalis*; серогруппа Sakhalin (Sakhalin virus, Tillamook virus, Paramushir virus – преимущественно *Ixodes*). Сюда же входит группа Тиафора (ERVEV), переносчик которой точно не известен. Другая филогенетическая ветвь



Филогенетическое древо наирирусов.

объединяет наировирусы групп Хьюз, Дера-Гhazi-Хан и Кальюб, переносчиками которых являются преимущественно аргасиды: *Argas sp.* и *Ornithodoros (Carios) spp.* К данной филогенетической линии также относятся новые наировирусы ISKV и CASV.

На представленной дендрограмме видно, что ARTSV филогенетически относится к наировирусам, передаваемым иксодовыми клещами, хотя все изоляции ARTSV были получены из аргасовых клещей *Ornithodoros alactagalis* и *Ornithodoros verrucosus* (*Argasidae*) (см. табл. 1). При этом эволюционное расхождение ARTSV с CSHV, NSV и ERVEV произошло позднее отделения от них вирусов группы Сахалин (см. рисунок). Объяснить этот факт трудно. Однако можно предположить, что адаптация ARTSV к аргасидам является вторичной и произошла в результате занятия предковой, связанной с иксодовыми клещами формой ARTSV узкой, специфической ниши, связанной с аргасидами подродов *Theriodoros Pospelova-Shtrom*, 1950 и *Pavlovskyella Pospelova-Strom*, 1950. Аналогичный процесс, по-видимому, происходил с европейским наировирусом ERVEV, членистоногой переносчик которого в настоящее время не установлен. Хотя ERVEV так же, как и ARTSV, филогенетически близок к наировирусам, передаваемым иксодовыми клещами, на эндемичных территориях (юг Европы) связи ERVEV с клещами *Ixodes spp.* не установлено [17]. Прототипный штамм ERVER изолирован от землеройки *Crocidura russula* [18].

Адаптация ряда вирусов к аргасовым клещам (*Argasidae* Koch, 1844) облегчает возможность переживания вирусных популяций в зимнее время при низких температурах и в засушливый период. Способность аргасид к длительному голоданию (до 9 лет и более), потенциальная длительность жизненного цикла (до 20–25 лет), их полифагия, экологическая пластичность как подстерегающих убежищных гематофагов определяют устойчивость природных очагов арбовирусов, передаваемых аргасовыми клещами [12, 13]. Такие очаги приурочены главным образом к аридным районам южной части умеренного пояса и субтропикам [5–7, 11]. Северная граница ареала аргасовых клещей совпадает с изолиниями длительности безморозного периода 150–180 сут в году и среднесуточной температурой выше 20°C не менее 90–100 сут в году [9, 13].

Виды аргасид из подрода *Theriodoros Pospelova-Shtrom*, 1950 – *O. alactagalis Issaakjan*, 1936, *O. nereensis Pavlovskiy*, 1941 – и подрода *Pavlovskyella Pospelova-Strom*, 1950 – *O. papillipes* Birula, 1895, *O. verrucosus* Olenev, Sassuchin et Fenuk, 1934, *O. cholodkovskiy Pavlovskiy*, 1930, *O. tartakovskiy* Olenev, 1931 – связаны главным образом с норами грызунов в отличие от видов подрода *Alectorobius* Росоко, 1907 [9, 13]. Экологические особенности сужают возможности распространения и эволюции вирусов, адаптированных к аргасидам подродов *Theriodoros* и *Pavlovskyella* [9]. В полной мере это относится и к ARTSV, распространенному в Закавказье.

Зондирование территории Закавказья проводили в рамках программы по биобезопасности и изучения биоразнообразия в различных экосистемах Северной Евразии, а также для пополнения Государственной коллекции вирусов Российской Федерации [7, 10–12].

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ, проект № 13-04-01749 а.

ЛИТЕРАТУРА

1. Львов Д.К., Альховский С.В., Щетинин А.М., Щелканов М.Ю. Буниавирусы (Bunyaviridae). В кн.: Львов Д.К., ред. Руководство по вирусологии. *Вирусы и вирусные инфекции человека и животных*. М.: МИА; 2013: 279–98.

2. Львов Д.К., Тимофеева А.А., Громашевский В.Л. Новые арбовирусы, изолированные в СССР в 1969–1977 гг. В кн.: *Материалы 18-й научной сессии Института полиомиелита и вирусных энцефалитов АМН СССР*. М.; 1975: 322–4.
3. Lvov D.K. Arboviral zoonoses of Northern Eurasia (Eastern Europe and the Commonwealth of Independent States). In: *Beran G.W., ed. Handbook of zoonoses. Section B: Viral*. Boca Raton, London, Tokyo: CRC Press; 1994: 237–60.
4. Lvov D.K. Arboviruses in the USSR. In: *Vesjenjak-Hirjan J., ed. Arboviruses in the Mediterranean Countries*. Stuttgart, New York: Gustav Fischer Verlag.; Zbl. Bakt. 1980; (S 9): 35–48.
5. Lvov D.K. Natural foci of arboviruses in the USSR. In: *Sov. Med. Rev. Virol.* UK: Harwood Ac. Publ. GmbH; 1987; vol. 1: 153–96.
6. Львов Д.К. Арбовирусные инфекции в субтропиках и на юге умеренного пояса в СССР. В кн.: *Львов Д.К., Клименко С.М., Гайданович С.Я., ред. Арбовирусы и арбовирусные инфекции*. М.: Медицина; 1989: 235–49.
7. Lvov D.K. Ecological sounding of the USSR territory for natural foci of arboviruses. In: *Sov. Med. Rev. Ser. E: Virology Reviews*. USA: Harwood Ac. Publ. GmbH; 1993; 5: 1–47.
8. Шахназаров С.А., Оганесян А.С., Манукян Д.В., Алексанян Ю.Т., Иванидзе Э.А., Мачавариани Р.З., Бариабишвили М.О. Выделение арбовирусов на территории Республики Армения. В кн.: *Львов Д.К., ред. Итоги науки и техники. Серия: Вирусология. Арбовирусы и арбовирусные инфекции*. М.: АН СССР; 1992; т. 27, ч. 1: 57–60.
9. Львов Д.К. Природные очаги связанных с птицами арбовирусов СССР. В кн.: *Львов Д.К., Ильичев В.Д., ред. Миграции птиц и перенос возбудителей инфекции*. М.: Наука; 1979: 37–101.
10. Львов Д.К., Дерябин П.Г., Аристов В.А., Бутенко А.М., Галкина И.В., Громашевский В.Л. и др. *Атлас распространения возбудителей природно-очаговых вирусных инфекций на территории Российской Федерации*. М.: МЗ РФ; 2001.
11. Щелканов М.Ю., Громашевский В.Л., Львов Д.К. Роль эколого-вирусологического районирования в прогнозировании влияния климатических изменений на ареалы арбовирусов. *Вестник РАМН*. 2006; 2: 22–5.
12. Львов Д.К., ред. *Организация эколого-эпидемиологического мониторинга территории Российской Федерации с целью противоэпидемической защиты населения и войск: Методические рекомендации*. М.: МЗ РФ, Федеральное Управление медико-биологических и экстремальных проблем, НИИ вирусологии им. Д.И. Ивановского РАМН; 1993.
13. Филиппова Н.А. *Аргасовые клещи (Argasidae)*. Фауна СССР. М., Л.: АН СССР; 1966: т. 4, вып. 3: Паукообразные.
14. Plyusnin A., Beaty B. J., Elliot R.M., Goldbach R., Kormelink R., Lundkvist A. et al. Family Bunyaviridae. In: *King A.M., Adams M.J., Carstens E.B., Lefkowitz E.J., eds. Virus taxonomy: 9th Report of the International committee of taxonomy of viruses*. London: Elsevier; 2012: 725–41.
15. Dilcher M., Koch A., Hasib L., Dobler G., Hufert F.T., Weidmann M. Genetic characterization of Erve virus, a European Nairovirus distantly related to Crimean-Congo hemorrhagic fever virus. *Virus Genes*. 2012; 45 (3): 426–32.
16. Honig J.E., Osborne J.C., Nichol S.T. The high genetic variation of viruses of the genus Nairovirus reflects the diversity of their predominant tick hosts. *Virology*. 2004; 318 (1): 10–6.
17. Woessner R., Grauer M. T., Langenbach J., Dobler G., Kroeger J., Mielke H. G. et al. *The Erve virus: possible mode of transmission and reservoir*. *Infection*. 2000; 28 (3): 164–6.
18. Chastel C., Main A. J., Richard P., Le Lay G., Legrand-Quillien M.C., Beaucourm J.C. Erve virus, a probable member of Bunyaviridae family isolated from shrews (*Crocidura russula*) in France. *Acta Virol.* 1989; 33 (3): 270–80.

REFERENCES

1. Lvov D.K., Alkhovsky S.V., Shchetinin A.M., Shchelkanov M.Yu. Bunyaviridae. In: *Lvov D.K., ed. Handbook of Virology. Viruses and viral infection of human and animals*. Moscow: Med. Inf. Agency; 2013: 279–98. (in Russian)
2. Lvov D.K., Timofeeva A.A., Gromashevsky V.L. The new arboviruses, isolated in USSR in 1969–1975. In: *Proceeding of 18th session of the Institute of Poliomyelitis and Viral Encephalitis of AMS USSR*. Moscow; 1975: 322–4. (in Russian)
3. Lvov D.K. Arboviral zoonoses of Northern Eurasia (Eastern Europe and the Commonwealth of Independent States). In: *Beran G.W., ed. Handbook of zoonoses. Section B: Viral*. Boca Raton, London, Tokyo: CRC Press; 1994: 237–60.
4. Lvov D.K. Arboviruses in the USSR. In: *Vesjenjak-Hirjan J., ed. Arboviruses in the Mediterranean Countries*. Stuttgart, New York: Gustav Fischer Verlag.; Zbl. Bakt. 1980; (Suppl. 9): 35–48.
5. Lvov D.K. Natural foci of arboviruses in the USSR. In: *Sov. Med. Rev. Virol.* UK: Harwood Ac. Publ. GmbH; 1987; vol. 1: 153–96.
6. Lvov D.K. Arboviral infections in subtropics and on south of tem-

- perate zone in USSR. In: Lvov D.K., Klimenko S.M., Gaydamovich S.Ya., eds. *Arboviruses and arboviral infections*. Moscow: Meditsina; 1989: 235–49. (in Russian)
7. Lvov D.K. Ecological sounding of the USSR territory for natural foci of arboviruses. In: *Sov. Med. Rev. Ser. E: Virology Reviews*. USA: Harwood Ac. Publ. GmbH; 1993; vol. 5: 1–47.
 8. Shahazaryan S.A., Oganesyanyan A.S., Manukyan D.V., Aleksanyan U.T., Ivanidze E.A., Machavariani R.Z., Bariabishvili N.O. Isolation of arboviruses in Armyan SSR. In: Lvov D.K., ed. *Itogi nauki i tekhniki. Seriya: Virology. Arboviruses and arboviral infection*. Moscow: Academy of Science of USSR; 1992; vol. 27 (1): 57–60. (in Russian)
 9. Lvov D.K. Natural foci of arboviruses, related with the birds in USSR. In: Lvov D.K., Ilyichev V.D., eds. *Migration of the birds and transduction of contagium*. Moscow: Nauka; 1979: 37–101. (in Russian)
 10. Lvov D.K., Deryabin P.G., Aristova V.A., Butenko A.M., Galkina I.V., Gromashevsky V.L. et al. *Atlas of distribution of natural-focal viruses infection on the territory of Russian Federation*. Moscow: Minzdrav RF; 2001. (in Russian)
 11. Schelkanov M.Yu., Gromashevsky V.L., Lvov D.K. The role of ecovirological zoning in prediction of the influence of climatic changes on arbovirus habitats. *Vestnik Ross. Acad. Med. Nauk*. 2006; 2: 22–5. (in Russian)
 12. Lvov D.K., ed. *Organization of ecological-epidemiological monitoring in Russian Federation for anti-epidemic defense of the civilians and army*. Moscow: Minzdrav RF, The Federal Office of Biomedical and Extreme Problems, The D.I. Ivanovsky Institute of Virology; 1993. (in Russian)
 13. Filippova N.A. *Fauna of USSR*. Moscow, Leningrad: AS USSR; 1966: vol. 4 (3): *Arachnida. Argas ticks (Argasidae)*. (in Russian)
 14. Plyusnin A., Beaty B. J., Elliot R. M., Goldbach R., Kormelink R., Lundkvist A. et al. Family Bunyaviridae. In: King A.M., Adams M.J., Carstens E.B., Lefkowitz E.J., eds. *Virus Taxonomy: 9th Report of the International Committee of Taxonomy of Viruses*. London: Elsevier; 2012: 725–41.
 15. Dilcher M., Koch A., Hasib L., Dobler G., Hufert F. T., Weidmann M. Genetic characterization of Erve virus, a European Nairovirus distantly related to Crimean-Congo hemorrhagic fever virus. *Virus Genes*. 2012; 45 (3): 426–32.
 16. Honig J.E., Osborne J.C., Nichol S.T. The high genetic variation of viruses of the genus Nairovirus reflects the diversity of their predominant tick hosts. *Virology*. 2004; 318 (1): 10–6.
 17. Woessner R., Grauer M.T., Langenbach J., Dobler G., Kroeger J., Mielke H.G. et al. *The Erve virus: possible mode of transmission and reservoir*. *Infection*. 2000; 28 (3): 164–6.
 18. Chastel C., Main A. J., Richard P., Le Lay G., Legrand-Quillien M. C., Beaucourou J. C. Erve virus, a probable member of Bunyaviridae family isolated from shrews (*Crocidura russula*) in France. *Acta Virol.* 1989; 33 (3): 270–80.

Поступила 26.09.13
Received 26.09.13

© КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2014
УДК 578.833.4.083.2

Щелканов М.Ю.¹, Львов Д.К.¹, Колобухина Л.В.¹, Альховский С.В.¹, Щетинин А.М.¹, Сайфуллин М.А.², Кружкова И.С.¹, Аристова В.А.¹, Морозова Т.В.¹, Самохвалов Е.И.¹, Гущина Е.А.¹, Клименко С.М.¹, Арсеньева Т.В.², Амброси О.Е.², Базарова М.В.², Малышев Н.А.²

Изоляция вируса Чикунгунья в Москве от приезжего из Индонезии (сентябрь 2013 г.)

¹ФГБУ «НИИ вирусологии им. Д.И. Ивановского» Минздрава России, 123098, Москва; ²ГКУЗ «Инфекционная клиническая больница № 1» Департамента здравоохранения г. Москвы, 125367, Москва

В работе представлены результаты вирусологической расшифровки случая лихорадки Чикунгунья, который был идентифицирован в Москве в сентябре 2013 г. у приезжего из Индонезии. Обсуждаются данные клинических электронно-микроскопических и молекулярно-генетических исследований. Штамм вируса Чикунгунья (CHIKV – Chikungunya virus) CHIKV/LEIV-Moscow/1/2013 азиатского генотипа (ID GenBank KF872195) депонирован в Государственную коллекцию вирусов РФ (ГКВ 1239 от 18.11.2013).

Ключевые слова: вирус Чикунгунья – CHIKV; лихорадка Чикунгунья; генотипы; завозные случаи.

Isolation of the Chikungunya virus in Moscow from the Indonesian visitor (September, 2013)

Shchelkanov M.Yu.¹, Lvov D.K.¹, Kolobukhina L.V.¹, Alkhovskiy S.V.¹, Shchetinin A.M.¹, Saifullin M.A.², Kruzhkova I.S.¹, Aristova V.A.¹, Morozova T.V.¹, Samokhvalov E.I.¹, Gushchina E.A.¹, Klimenko S.M.¹, Arsenieva T.V.², Ambrosi O.E.², Bazarova M.V.², Malyshev N.A.²

¹D.I. Ivanovsky Institute of Virology of Ministry of Health of the Russian Federation, 123098, Moscow, Russia; ²Clinical Hospital for Infectious Diseases No. 1, Moscow Department of Healthcare, 125367, Moscow, Russia

The results of the virological identification of the Chikungunya fever case in Moscow (September, 2013) in an Indonesian visitor are presented. The clinic, electron microscopy, and molecular genetic data are discussed. The Chikungunya virus (CHIKV) strain CHIKV/LEIV-Moscow/1/2013 belonging to the Asian genotype (ID GenBank KF872195) was deposited into the Russian State Collection of viruses (GKV 1239; 18.11.2013).

Key words: *Chikungunya virus (CHIKV); Chikungunya fever; genotypes; delivered cases.*

Вирус Чикунгунья (CHIKV – Chikungunya virus) (*Togaviridae, Alphavirus*, группа Леса Семлики) является этиологическим агентом смертельно опасной для человека одноименной лихорадки, которая обычно сопровождается сильными суставными и мышечными болями (вплоть до полного обездвиживания больного)¹, двух-

волновым течением с появлением макулопапулезной сыпи на второй волне [1].

Впервые CHIKV был изолирован R. Ross из сыворотки лихорадящего больного в ходе расшифровки эпидемической вспышки в танзанийской провинции Ньювала в феврале–марте 1953 г. [2–4]. В 1957 г. J. Casals и

¹Этимология названия “Чикунгунья” восходит к chee-kungunya, что в переводе с языка маконде – народа группы банту, компактно проживающего на юге Танзании от реки Лукуледи до пограничной реки Рувума, а также частично на северо-востоке Мозамбика, – означает “то, что искривляет кости, связывает, обездвиживает”.

Для корреспонденции: Львов Дмитрий Константинович, д-р мед. наук, проф., акад. РАН, dk_lvov@mail.ru