



## ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-223>

© КАРТАШОВ М.Ю., КРИВОШЕИНА Е.И., КУРУШИНА В.Ю., МОШКИН А.Б., ХАНХАРЕЕВ С.С., БИЧЕ-ООЛ Ч.Р., ПЕЛЁВИНА О.Н., ПОПОВ Н.В., БОГОМАЗОВА О.Л., ТЕРНОВОЙ В.А., 2024

## Встречаемость и генетическое разнообразие вируса Алонгшан (*Flaviviridae*), выявленного в клещах на юге Восточной Сибири

Карташов М.Ю.<sup>1✉</sup>, Кривошеина Е.И.<sup>1</sup>, Курушина В.Ю.<sup>1</sup>, Мошкин А.Б.<sup>2</sup>, Ханхареев С.С.<sup>3</sup>, Биче-оол Ч.Р.<sup>4</sup>, Пелёвина О.Н.<sup>5</sup>, Попов Н.В.<sup>6</sup>, Богомазова О.Л.<sup>6</sup>, Терновой В.А.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора, Центр геномных исследований мирового уровня по обеспечению биологической безопасности и технологической независимости в рамках Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий, 630559, р.п. Кольцово, Россия;

<sup>2</sup>ФКУЗ «Читинская противочумная станция» Роспотребнадзора, 672014, г. Чита, Россия;

<sup>3</sup>Управление Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по Республике Бурятия, 670013, г. Улан-Удэ, Россия;

<sup>4</sup>ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Республике Тыва», 667010, г. Кызыл, Россия;

<sup>5</sup>ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Республике Хакасия», 655017, г. Абакан, Россия;

<sup>6</sup>ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Иркутской области», 664047, г. Иркутск, Россия

### Резюме

**Введение.** Инфекции, переносимые иксодовыми клещами, являются значимой проблемой для многих регионов России, в том числе и для Восточной Сибири. Неблагополучная эпидемиологическая ситуация может характеризоваться не только ростом встречаемости уже известных «клещевых» инфекций, но и выявлением новых нозологических форм и возбудителей, роль которых остается малоизученной или вообще неизученной. Сегментированные флавиподобные вирусы могут быть причиной инфекционных заболеваний человека и создавать угрозу для здоровья населения.

**Цель работы** – поиск и молекулярно-генетическая характеристика изолятов вируса Алонгшан (*Flaviviridae: Alongshan virus, ALSV*), переносимого клещами на юге Восточной Сибири.

**Материалы и методы.** Было собрано и исследовано 1060 клещей, отловленных на территории Республик Хакасия, Тыва, Бурятия, Иркутской области и Забайкальского края весенне-летний период 2023 г. Детекцию РНК ALSV выполняли с помощью метода полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией с последующим определением нуклеотидной последовательности и проведением филогенетического анализа для каждого из 4 сегментов генома.

**Результаты.** Инфицированность ALSV клещей *Ixodes persulcatus*, собранных в Республике Хакасия, составила 3,3% (95% ДИ 1,4–7,5), в Иркутской области – 1% (95% ДИ 0,3–3,7), в Республике Тыва – 0,9% (95% ДИ 0,3–3,4), в Забайкальском крае – 0,7% (95% ДИ 0,2–3,6). Генетические варианты ALSV, циркулирующие в клещах *I. persulcatus* на территории юга Восточной Сибири, по всем 4 сегментам группируются с последовательностями, обнаруженными в Китае, и кластеризуются в азиатскую подгруппу, переносимую таежным клещом. Уровень различия нуклеотидных последовательностей фрагментов генома среди выявленных генетических вариантов ALSV составил от 2 до 3%.

**Заключение.** Показано широкое распространение ALSV в клещах *I. persulcatus* на территории республик Хакасия и Тыва, Иркутской области и Забайкальского края. Эти данные актуализируют мониторинг за изменением ареала распространения флавиподобных вирусов, потенциально опасных для человека, и их переносчиков.

**Ключевые слова:** многокомпонентные флавиподобные вирусы; вирус Алонгшан; ALSV; иксодовые клещи; Восточная Сибирь

**Для цитирования:** Карташов М.Ю., Кривошеина Е.И., Курушина В.Ю., Мошкин А.Б., Ханхареев С.С., Биче-оол Ч.Р., Пелёвина О.Н., Попов Н.В., Богомазова О.Л., Терновой В.А. Встречаемость и генетическое разнообразие вируса Алонгшан (*Flaviviridae*), выявленного в клещах на юге Восточной Сибири. *Вопросы вирусологии*. 2024; 69(2): 151–161. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-223> EDN: <https://elibrary.ru/jwvfoe>

**Благодарности.** Авторы выражают благодарность руководству и сотрудникам ФКУЗ «Читинская ПЧС», ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Республике Бурятия», ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Республике Хакасия», ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Республике Тыва», ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Иркутской области» за помощь в проведении исследований.

**Финансирование.** Исследование выполнено при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (соглашение № 075-15-2019-1665).

**Конфликт интересов.** Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

## ORIGINAL STUDY ARTICLE

DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-223>

## Prevalence and genetic diversity of the *Alongshan virus* (*Flaviviridae*) circulating in ticks in the south of Eastern Siberia

Mikhail Yu. Kartashov<sup>1</sup>✉, Ekaterina I. Krivosheina<sup>1</sup>, Valentina Yu. Kurushina<sup>1</sup>, Alexander B. Moshkin<sup>2</sup>, Sergey S. Khankhareev<sup>3</sup>, Choigana R. Biche-ool<sup>4</sup>, Oksana N. Pelevina<sup>5</sup>, Nikita V. Popov<sup>6</sup>, Olga L. Bogomazova<sup>6</sup>, Vladimir A. Ternovoi<sup>1</sup>

<sup>1</sup>State Research Center of Virology and Biotechnology «Vector», 630559, Koltsovo, Novosibirsk region, Russia;

<sup>2</sup>Chita anti-plague station, 672014, Chita, Russia;

<sup>3</sup>Department of the Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare of the Republic of Buryatia, 670013, Ulan-Ude, Russia;

<sup>4</sup>Center of Hygiene and Epidemiology in the Republic of Tuva, 667010, Kyzyl, Russia;

<sup>5</sup>Center for Hygiene and Epidemiology in the Republic of Khakassia, 655017, Abakan, Russia;

<sup>6</sup>Center for Hygiene and Epidemiology in the Irkutsk region, 664047, Irkutsk, Russia

### Abstract

**Introduction.** Tick-borne infections are of great importance for many regions of Russia, including Eastern Siberia. This unfavorable epidemiological situation can be characterized not only by the circulation of well-known tick-borne infections, but also by the identification of new pathogens, the role of which remains little or generally unexplored. Multicomponent flavi-like viruses can cause infectious diseases in humans and pose a threat to public health.

**The purpose** of the study was the identification and molecular genetic characterization of the *Alongshan virus* (*Flaviviridae*, ALSV) isolates, transmitted by ticks in the south of Eastern Siberia.

**Materials and methods.** Total 1060 ticks were collected and analyzed from the territory of the Republics of Khakassia, Tuva, Buryatia, Irkutsk Region and Transbaikal Territory (Zabaykalsky Krai) in the spring-summer period 2023. ALSV RNA was detected by RT-PCR followed by nucleotide sequence determination and phylogenetic analysis for each segment of the genome.

**Results.** The ALSV infection rate in *Ixodes persulcatus* ticks collected in the Republic of Khakassia was 3.3% (95% CI: 1.4–7.5); in Irkutsk Oblast – 1.0% (95% CI: 0.3–3.7); in the Republic of Tuva – 0.9% (95% CI: 0.3–3.4) and in Transbaikal Krai – 0.7% (95% CI: 0.2–3.6). Sequences of all four segments of ALSV genetic variants circulating in *I. persulcatus* ticks in the south of Eastern Siberia are grouped with sequences found in China and clustered into the Asian subgroup transmitted by taiga ticks. The level of difference in the nucleotide sequences of genome fragments among the identified genetic variants of ALSV ranged from 2 to 3%.

**Conclusion.** The article shows the widespread distribution of ALSV in *I. persulcatus* ticks in the Republics of Khakassia and Tyva, Irkutsk Oblast and Transbaikal Territory. The obtained data actualize monitoring of changes in the area of distribution of potentially dangerous for humans flavi-like viruses and their vectors.

**Keywords:** *multicomponent flavi-like viruses; Alongshan virus; ALSV; ixodid ticks; Eastern Siberia*

**For citation:** Kartashov M.Yu., Krivosheina E.I., Kurushina V.Yu., Moshkin A.B., Khankhareev S.S., Biche-ool C.R., Pelevina O.N., Popov N.V., Bogomazova O.L., Ternovoi V.A. Prevalence and genetic diversity of the Alongshan virus (*Flaviviridae*) circulating in ticks in the south of Eastern Siberia. *Problems of Virology (Voprosy Virusologii)*. 2024; 69(2): 151–161. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-223> EDN: <https://elibrary.ru/jwvfoe>

**Funding.** This study was supported by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (agreement No. 075-15-2019-1665).

**Acknowledgement.** The authors express their gratitude to the management and staff of the Chita anti-plague station, Department of the Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare for the Republic of Buryatia, Center for Hygiene and Epidemiology in the Republic of Khakassia, Center for Hygiene and Epidemiology in the Republic of Tuva, Center for Hygiene and Epidemiology in the Irkutsk region for assistance in conducting these studies.

**Conflict of interest.** The authors declare no apparent or potential conflicts of interest related to the publication of this article.

### Введение

Флавивирусы, переносимые клещами, широко распространены по всему миру и представляют серьезную медицинскую проблему, вызывая значительное количество инфекционных заболеваний среди людей [1]. Среди флавивирусов, переносчиками которых являются клещи, на территории России встречаются вирус Повассан, вирус омской геморрагической лихорадки, вирус шотландского энцефаломиелита овец

(*Louping ill virus*) и вирус клещевого энцефалита [2–4]. Несмотря на достаточно большое видовое разнообразие, геном всех флавивирусов имеет типичное строение и представляет собой несегментированную оц(+)РНК длиной около 11 kb, кодирующую одну протяженную открытую рамку считывания, по краям которой находятся 5'- и 3'-нетранслируемые области [5]. Однако за последнее десятилетие были выделены флавиподобные вирусы, которые отличаются

ся от «классических» флавивирусов принципиально другим строением генома и представляют собой обособленную группу в семействе *Flaviviridae*. Такие вирусы обладают сегментированным одноцепочечным РНК-геномом положительной полярности, в структуре которого имеется гомология с РНК-зависимой РНК-полимеразой (NS5) и хеликазой (NS3) «классических» флавивирусов. В эту группу входят вирус Алонгшан (*Alongshan virus, ALSV*), вирус Джингмен (*Jingmen tick virus*), вирус Янгоу (*Yanggou tick virus*) и другие вирусы группы *Jingmenvirus*.

Геномы многокомпонентных флавиподобных вирусов включают от 4 (характерно для большинства вирусов, изолированных из клещей, летучих мышей, обезьян и человека) до 5 (встречается у вирусов, выделенных из комаров) сегментов [6]. Сегмент 1 кодирует неструктурный белок NS5-like, имеющий гомологию с белком NS5 (РНК-зависимая РНК-полимераза) классических флавивирусов. Сегмент 3 кодирует неструктурный белок, имеющий высокую степень гомологии с флавивирусным белком NS3. Белок NS3, наряду с NS5, играет центральную роль в репликации вируса и является одним из наиболее изученных неструктурных белков. N-концевой домен NS3 обладает протеазной активностью, а С-концевой домен выполняет функцию хеликазы. Протеиназная активность необходима для процессинга полипротеина, хеликазный домен участвует в кэппировании и синтезе вирусной

РНК. На сегодняшний день хорошо изучена структура белка NS3 у большинства несегментированных флавивирусов и показана высокая гомология не только в строении, но также в механизмах гидролиза АТФ, распознавания и раскручивания РНК [7]. Структурные белки VP1, VP2, VP3 закодированы в сегментах 2 и 4 и не имеют известных гомологов как среди семейства *Flaviviridae*, так и среди других известных на сегодняшний день вирусов. Сегмент 2 у ALSV кодирует предполагаемые гликопротеины VP1a и VP1b, а также маленький белок с тремя трансмембранными доменами, функция которого не известна. Белки VP2 (предполагаемый капсидный белок) и VP3 (предполагаемый вирусный мембранный белок) закодированы в сегменте 4 и имеют частично перекрывающиеся рамки трансляции.

Благодаря достижениям в области высокопроизводительного секвенирования и вирусной метагеномики варианты флавиподобных вирусов были обнаружены в различных образцах на территории 4 континентов: в Азии (Китай, Лаос, Япония, Турция), Европе (Финляндия, Италия, Косово, Румыния, Россия), Южной Америке (Бразилия, Тринидад и Тобаго, Колумбия) и Африке (Уганда, Кения и Гвинея) (табл. 1). На территории России также показано широкое распространение сегментированных флавиподобных вирусов (ALSV и вирус Янгоу). Так, генетический материал ALSV был обнаружен в образцах голодных кле-

**Таблица 1.** Распространение ALSV в мире

**Table 1.** Distribution of ALSV in the world

Вид хозяина Host species	Страна Country	Номер последовательности в GenBank GenBank accession number	Ссылка Reference
<i>I. persulcatus</i>	Китай China	MH158439–MH158440, MH678646–MH678648	[11]
<i>I. persulcatus</i>	Китай China	MT246198–MT246199, MT514916–MT514917, MT536950–MT536953	
<i>I. ricinus</i>	Финляндия Finland	MN107153–MN107160	[12]
<i>I. ricinus</i>	Франция France	MN095519–MN095522	[13]
<i>I. ricinus</i>	Сербия Serbia	MT822179–MT822180	[14]
<i>I. ricinus, D. reticulatus</i>	Германия Germany	MW094148–MW094151	[15]
<i>I. ricinus</i>	Швейцария Switzerland	OP921096–OP921099	[16]
<i>Haemaphysalis longicornis</i>	Китай China	MZ676705	
<i>I. persulcatus, D. nuttalli, Haemaphysalis concinna, I. ricinus, D. reticulatus</i>	Россия Russia	MN604229, MN648770–MN648777, MT210218–MT210225, MW525311, MW525312, MW525314–MW525321, MW52531–MW52533, MW525284–MW525310, MW556738–MW556741, MW584331	[8–10, 17]
<i>Culex tritaeniorhynchus</i>	Китай China	MK213942	
<i>Bos taurus</i>	Китай China	MK122718, MK122720, MN218594, MN218595	[18]
<i>Homo sapiens</i>	Китай China	MH158415–MH158438	[18]

щей *I. persulcatus*, *I. ricinus*, *Dermacentor reticulatus* и *D. nuttalli*, собранных в Калининградской, Ульяновской, Челябинской областях, а также в республиках Карелия, Татарстан, Горный Алтай и Тыва [8–10].

В настоящее время показана патогенность многокомпонентных флавиподобных вирусов для сельскохозяйственных животных и человека. Однако эти сведения носят фрагментарный и ограниченный характер. Не исключена вероятность того, что роль флавиподобных вирусов в инфекционной патологии домашних животных и человека может быть существенно более значимой, чем принято считать. Так, ALSV был выделен из крови пациента с лихорадкой на северо-востоке Китая [9]. У 86 из 384 пациентов с лихорадкой и 18 пациентов с укусами клещей в анамнезе был выявлен ALSV с помощью молекулярно-генетических и серологических диагностических тестов. Пациенты, инфицированные ALSV, в анамнезе имели лихорадку, головную боль и другие симптомы, которые напоминают проявления других инфекций, переносимых клещами. Близкородственный ALSV вирус Джингмен был обнаружен в крови приматов в Уганде, в крови крупного рогатого скота в Бразилии и в крови пациентов с диагнозом «геморрагическая лихорадка Крым-Конго» в Косово [19–21]. Эти результаты также указывают на то, что сегментированные флавиподобные вирусы могут являться причиной инфекционных заболеваний человека и создавать угрозу для здоровья населения.

Проблема инфекций, переносчиками которых являются иксодовые клещи, актуальна для многих регионов России, в том числе и для Восточной Сибири,

где отмечается беспрецедентный рост заболеваемости населения вирусным клещевым энцефалитом, иксодовым клещевым боррелиозом и клещевым риккетсиозом. Показано, что экосистемы юга Восточной Сибири и севера Монголии являются оптимальными для существования разнообразных переносчиков и возбудителей трансмиссивных инфекций, переносимых клещами [22]. Обширная территория юга Восточной Сибири граничит или территориально близка к внутренним районам Китая, где впервые и была обнаружена циркуляция ALSV. Тем не менее в литературе имеются данные лишь об единичной находке ALSV на территории Республики Тыва.

**Цель** данной работы – поиск и молекулярно-генетическая характеристика изолятов ALSV, переносимых клещами, на юге Восточной Сибири.

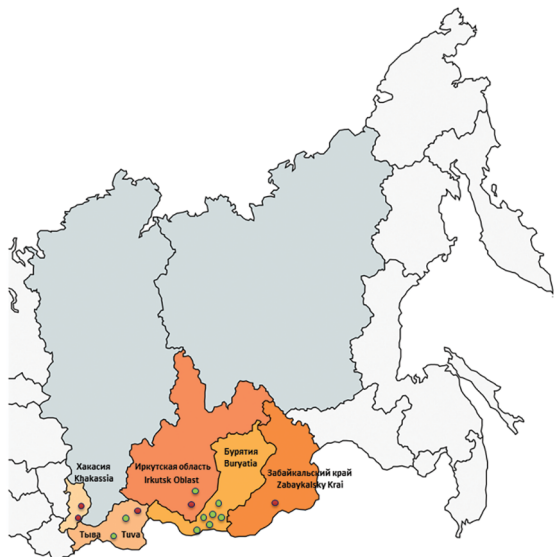
### Материалы и методы

Всего для исследования было проанализировано 1060 индивидуальных проб клещей, отловленных на территории республик Хакасия, Тыва, Бурятия, Иркутской области и Забайкальского края в весенне-летний период 2023 г. (рис. 1). Сбор образцов клещей производили с растительности методом «на флаг». Клещей дважды отмывали 70% этанолом для удаления внешних загрязнений и наружной микрофлоры, после чего хранили при температуре  $-80^{\circ}\text{C}$  до проведения дальнейших исследований. Видовую принадлежность клещей устанавливали по морфологическим характеристикам согласно определителю с последующей таксономической верификацией проб, положительных на наличие ALSV, путем определения нуклеотидной последовательности фрагмента гена цитохромоксидазы, локализованного в митохондриальном геноме клеща.

Гомогенизацию полученных образцов осуществляли с использованием лабораторного гомогенизатора TissueLyserLT (Qiagen, Германия) в 300 мкл стерильного физраствора. Выделение суммарной РНК из исследуемых образцов проводили методом фенол-хлороформной экстракции с использованием TRIzol Reagent.

Скрининг полученных образцов на наличие РНК флавиподобных вирусов выполняли с помощью метода полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР), используя праймеры Miass\_gly\_3F/Miass\_gly\_3R, комплементарные фрагменту генома сегмента 2 (табл. 2). Постановку ОТ-ПЦР производили на термоблокере T-1000 («Bio-Rad», США) в 25 мкл реакционной смеси. Для положительных образцов были получены ампликоны, частично перекрывающие все 4 сегмента генома ALSV. Для исключения возможной интеграции фрагментов вирусного генома ALSV в геном клеща [23] с положительными пробами параллельно была проведена ПЦР без этапа обратной транскрипции, в результате которой ни один ампликон наработан не был.

Детекцию полученных ампликонов проводили методом гель-электрофореза в 2% агарозном геле в трис-ацетатном буфере, содержащем 0,1% бромид-



**Рис. 1.** Места отлова исследуемых клещей.

Красным цветом отмечены локации, где в собранных клещах была выявлена РНК ALSV; зеленым – локации, где РНК ALSV не была обнаружена.

**Fig. 1.** Locations where the studied ticks were captured.

Locations where ticks positive for ALSV RNA were collected are marked in red; Locations where no ALSV RNA was detected are indicated in green.

**Таблица 2.** Используемые в работе праймеры**Table 2.** Primers used in this work

Мишень Target	Праймер Primer	Структура праймера (5'→3') Primer sequence (5'→3')	Длина Amplicon length (bp)	Т <sub>отжиг</sub> (°C) Annealing T (°C)	Ссылка Reference
<i>cox1</i>	IpCX_f	ATTAGGAGCACCTGATATAGCTTTCCC	660	60	[24]
	IpCX_r	GCTGTAAATAAGCTCGAGTGTGCGATAA			
Сегмент 2 Segment 2	Miass_gly_3F	TGGATCAGCTCACACCACAC	333	53	[25]
	Miass_gly_3R	TCACCGTCACAGTGAATGG			
Сегмент 1 Segment 1	MiassF	GGTACACGGACCTGGGATCCTATTG	825	50	[25]
	MiassR	TCTCTGACTCCTGTTCTAATC			
Сегмент 2 Segment 2	AL2_2F	CTTGCTACATCGGAATCATGCC	1091	56	
	AL2_2R	GATAAGCCCTCTCGATACCTC			
Сегмент 3 Segment 3	AL3_2F	TGCTGTCCATAGCAATCATAACC	865	56	Данная работа Current study
	AL3_2R	GTAGGACACGTCCTTTGCGA			
Сегмент 4 Segment 4	AL4_2F	GGAAGAGCTGGATACCGAACTG	1274	56	
	AL4_2R	TGCCAGATGTGTAGCTTCCC			

да этидия. Секвенирование по Сэнгеру осуществляли с использованием набора BigDye Terminator v.3.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems, США). Определение нуклеотидных последовательностей выполняли на основе капиллярного электрофореза с помощью автоматического секвенатора 3130xl Genetic Analyzer (Applied Biosystems, США). Анализ полученных нуклеотидных последовательностей проводили с использованием программного продукта UniproUGENE v. 1.48. Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей исследуемых фрагментов генома проводили методом максимального правдоподобия с использованием модели эволюции Tamura-Nei в программе MEGA X. Показатели статистической надежности узлов филогенетического дерева рассчитывали с помощью бутстреп-анализа с использованием 1000 случайных реплик; 95% доверительный интервал (ДИ) уровня инфицированности клещей изучаемыми патогенами рассчитывали с использованием онлайн-сервиса (<https://www.pedro.org.au/english/downloads/confidence-interval-calculator>).

### Результаты

Все образцы были протестированы методом ОТ-ПЦР с использованием скрининговых праймеров для сегмента 2 генома ALSV. Встречаемость РНК среди клещей *I. persulcatus*, собранных в Республике Хакасия, составила 3,3% (95% ДИ 1,4–7,5). Аналогичный показатель для Иркутской области составил 1% (95% ДИ 0,3–3,7), для Республики Тыва – 0,9% (95% ДИ 0,3–3,4) и для Забайкальского края – 0,7% (95% ДИ 0,2–3,6). Среди клещей *D. nuttalli*, отловленных на территории Республики Бурятия, РНК ALSV обнаружено не было, что, вероятно, связано с гораздо более низкой вирусофорностью данного вида клещей (табл. 3).

Выявленные в работе нуклеотидные последовательности были депонированы в базу данных GenBank под номерами OR620965–OR620974 для фрагмента

сегмента 1, OR620975–OR620984 для фрагмента сегмента 2, OR620985–OR620994 для фрагмента сегмента 3 и OR620995–OR621004 для фрагмента сегмента 4.

Филогенетические деревья демонстрируют, что генетические варианты ALSV, циркулирующие в клещах *I. persulcatus* на территории юга Восточной Сибири, по всем четырем сегментам группируются с последовательностями, обнаруженными в Китае (рис. 2).

Различия в нуклеотидных последовательностях между выявленными вариантами по определенным в работе фрагментам генома составили от 2 до 3%. Различия в выведенных аминокислотных последовательностях варьировали от 0,5 до 1,5% (рис. 3).

Генетическое сходство нуклеотидных последовательностей между полученными в настоящем исследовании вариантами ALSV и рядом прототипных изолятов флави- и флавиподобных вирусов приведено в табл. 4. Наиболее высокий уровень гомологии варианты ALSV из Восточной Сибири проявляли с китайским изолятом ALSV H3 (94–97%). Уровень гомологии изучаемых вариантов с прототипным изолятом ALSV Miass502, выделенным из клеща *I. persulcatus* на территории Челябинской области, составил 90–97%. Аналогичный показатель при сравнении с вариантами ALSV, выделенными из *I. ricinus* в Европе, колебался в пределах 90%. Гомология с последовательностями других флавиподобных вирусов (Джингмен, Янггоу, Тачен) составляла от 50 до 75% для разных сегментов генома. Гомология сегмента 1 (NS-5 like) и сегмента 3 (NS-3 like) при сравнении с геномом вирусом клещевого энцефалита составила 54 и 41%, соответственно.

### Обсуждение

Полученные в настоящей работе данные об уровне встречаемости ALSV на территории южных регионов Восточной Сибири в целом соответствуют ана-

Таблица 3. Встречаемость ALSV в исследуемых пробах клещей, обитающих на юге Восточной Сибири

Table 3. Detection rates of ALSV in the studied ticks living in the south of Eastern Siberia

Регион Region	Вид клещей Tick species	Район District	Географические координаты Latitude, Longitude	Число проанализи- рованных образцов Number of analysed ticks	Число положительных образцов Number of virus-positive
Забайкальский край Zabaykalsky Krai	<i>I. persulcatus</i>	Дульдургинский район, Национальный парк Алханай Duldurga district, Alkhanai National Park	50.873671, 113.398280	150	1
Республика Хакасия Republic of Khakassia	<i>I. persulcatus</i>	Бейский район, долина реки Табат Beysky district, Tabat river valley	52.947886, 90.721274	100	2
		г. Саяногорск, дачное общество Большой Карак Sayanogorsk, Bolshoi Karak	53.032989, 91.415743	50	3
Иркутская область Irkutsk region	<i>I. persulcatus</i>	Иркутский район, Байкальский тракт, 20 км Irkutsk district, Baikalsky tract, 20 km	52.189528, 104.489475	100	0
		Иркутский район, Байкальский тракт, 26 км Irkutsk district, Baikalsky tract, 26 km	52.162501, 104,524191	100	2
Республика Тыва Republic of Tyva	<i>I. persulcatus</i>	Каа-Хемский район, местечко Копту Kaa-Khem district, Koptu	51.757770, 95.418196	20	0
	<i>I. persulcatus</i>	Тоджинский район, перевал Тожу Todzhinsky district, Tozhu pass	52.701197, 96.802060	170	2
	<i>I. persulcatus</i>	Тандинский район, местечко Дургенский каньон Tandinsky district, Durgen Canyon	51.049461, 94.646579	20	0
Республика Бурятия Republic of Buryatia	<i>D. nuttalli</i>	Джидинский район, с. Гэгэтуй Dzhidinsky district, village Gegetui	50.683752, 105.181199	50	0
		Тарбагатайский район, с. Саратовка Tarbagatai district, village Saratovka	51.537704, 107.346951	50	0
		Тарбагатайский район, гора Спящий лев Tarbagatai district, Mount «Sleeping Lion»	51.537704, 107346951	50	0
		Тарбагатайский район, окрестности с. Саянтуй Tarbagatai district, village Sayantui	51,694972, 107.448139	50	0
		Иволгинский район, окрестности с. Ключи Ivolginsky district, village Kluchi	51.687606, 107.173963	50	0
		Селенгинский район, окрестности г. Гусиноозерск Selenginsky district, Gusinoozersk	50.632847, 105.382886	50	0
		Заиграевский район, окрестности с. Эрхирик, Онохой Zaigraevsky district, village Erhirik	51.898049, 108.006255	50	0

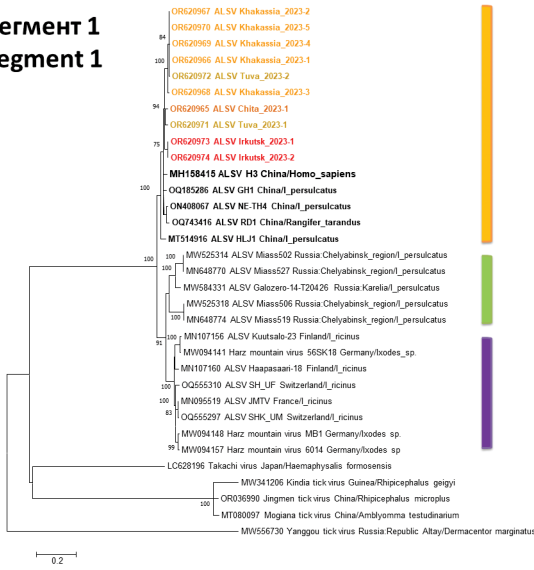
логичным данным, полученным для других регионов России. Наибольшая инфицированность клещей обнаружена в Хакасии (3,3%), что приближается к вирусофорности клещей из Челябинской области (4,3%) и Калининградской области (7,8%). Уровень инфицированности для других регионов Восточной Сибири (0,7–1%) соответствует ранее полученным показателям для Республики Тыва (0,6%), Республики Карелия (0,8%) и Республики Татарстан (1,4%) [8–10]. На основе полученных нами данных можно предположить наличие некоего градиента в возрастании

инфицированности клещей ALSV с востока на запад, однако это предположение следует подтвердить проведением более обширного мониторинга и увеличением исследуемых проб клещей.

Согласно данным литературы, при филогенетическом анализе сегмента 2, кодирующего поверхностные структурные вирусные белки, показано, что основными факторами эволюции ALSV являются вид основного переносчика и место изоляции вируса. Предположительно изоляты ALSV разделяются в соответствии с основным видом переносчи-



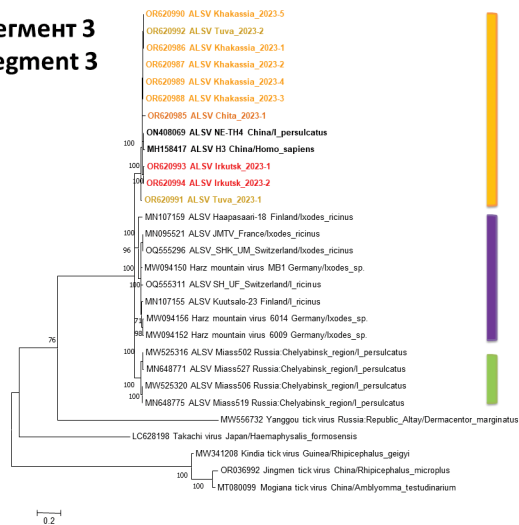
**Сегмент 1  
Segment 1**



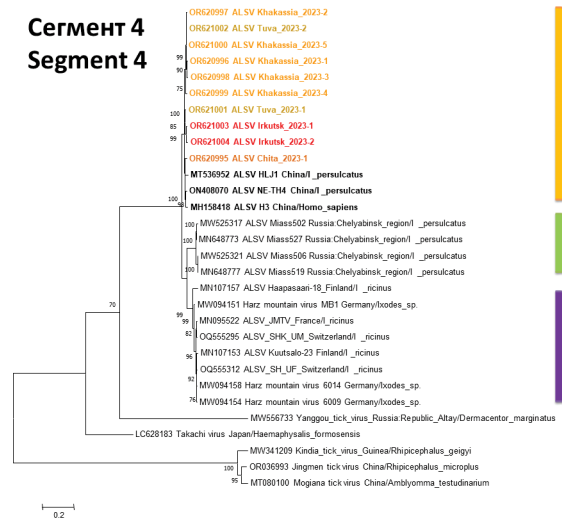
**Сегмент 2  
Segment 2**



**Сегмент 3  
Segment 3**



**Сегмент 4  
Segment 4**



группа «*I. persulcatus*», азиатская кланда  
group «*I. persulcatus*», Asian clade

группа «*I. persulcatus*», европейская кланда  
group «*I. persulcatus*», European clade

группа «*I. ricinus*»  
group «*I. ricinus*»

**Рис. 2.** Филогенетические деревья выявленных вариантов ALSV.

**Fig. 2.** Phylogenetic trees of identified ALSV variants.

ка на группы «*I. ricinus*» и «*I. persulcatus*». Группа «*I. persulcatus*» делится на две подгруппы: европейскую (республики Карелия и Алтай, Челябинская область) и азиатскую (Китай, республики Алтай, Тыва и Карелия, Челябинская и Ульяновская области и Алтайский край) [9]. Данное предположение нашло подтверждение в настоящем исследовании, т.е. все изоляты ALSV, циркулирующие на юге Восточной Сибири в клещах *I. persulcatus*, однозначно кластеризовались в азиатскую подгруппу соответствующего переносчика при анализе по каждому из сегментов генома.

В проведенной ранее работе было показано, что наибольший уровень внутривидового различия в нуклеотидных последовательностях ALSV характерен для сегмента 1, кодирующего аналог NS5 белка «классических» флавивирусов [23]. Это подтверждается на примере выявленных вариантов ALSV. Однако при анализе аминокислотных последовательностей видно, что аналоги белков NS5 и NS3 более консервативны по сравнению со структурными белками ALSV (рис. 3).

Можно предположить, что для вирусов с многокомпонентным геномом характерны события перегруппировки.

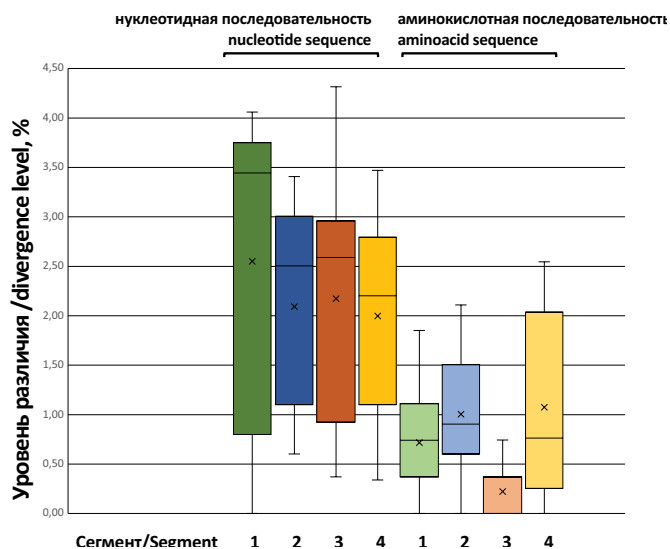
**Таблица 4.** Уровень гомологии нуклеотидной последовательности (%) ряда выявленных вариантов ALSV по сравнению с прототипными изолятами флави- и флавиподобных вирусов

**Table 4.** Level of nucleotide sequence similarity (%) of a number of identified ALSV variants in comparison with prototype isolates of flavi- and flavi-like viruses

Прототипные изоляты Prototype isolates		Варианты ALSV, полученные в работе ALSV variants identified in this study			
		Chita 2023-1	Khakassia 2023-1	Tuva 2023-1	Irkutsk 2023-1
ALSV H3	Cer. 1/Seg.1	96,3	95,8	96,2	96,1
	Cer. 2/Seg.2	93,9	94,4	93,9	93,8
	Cer. 3/Seg.3	96,3	97,1	96,4	96,3
	Cer. 4/Seg.4	97,3	96,5	97,3	96,5
ALSV Miass502	Cer. 1/Seg.1	89,7	89,8	89,5	89,4
	Cer. 2/Seg.2	98,0	97,4	98	97,2
	Cer. 3/Seg.3	90,9	90,4	91,4	89,9
	Cer. 4/Seg.4	90,2	90,2	91,1	90,3
ALSV Kuutsalo	Cer. 1/Seg.1	88,9	89,5	89,5	89,1
	Cer. 2/Seg.2	91,7	91,6	91,3	91,5
	Cer. 3/Seg.3	90,7	90,7	91,2	90,6
	Cer. 4/Seg.4	91,2	90,9	91,5	90,8
Jingmen tick virus isolate 21GZ1	Cer. 1/Seg.1	75,2	76,5	75,3	75,2
	Cer. 2/Seg.2	50,3	50,3	50,4	50,4
	Cer. 3/Seg.3	74,5	74,2	75,8	74,5
	Cer. 4/Seg.4	63,3	63,2	64,4	64,1
Yanggou tick virus isolate Republic Altay/997/2016	Cer. 1/Seg.1	73,4	73,2	74,2	73,7
	Cer. 2/Seg.2	61,9	61,9	62,1	61,9
	Cer. 3/Seg.3	76,2	76,5	76,4	75,7
	Cer. 4/Seg.4	70,2	70,4	70,3	69,8
Takachi virus isolate IM-OI110	Cer. 1/Seg.1	74,2	75,2	74,5	75,3
	Cer. 2/Seg.2	65,7	66,1	66,3	66,3
	Cer. 3/Seg.3	77,3	77,2	77,4	77,2
	Cer. 4/Seg.4	74,6	74,5	74,9	75,4
Tick-borne encephalitis virus strain Zausaev	Cer. 1/Seg.1	54,5	54,7	54,6	54,3
	Cer. 2/Seg.2	–	–	–	–
	Cer. 3/Seg.3	41,6	41,4	41,7	41,5
	Cer. 4/Seg.4	–	–	–	–

пировки/рекомбинации, которые могут вносить вклад в их генетическую изменчивость. Топология филогенетических деревьев, построенных для фрагментов всех 4 сегментов, как у выявленных генетических вариантов ALSV, так и у прототипных изолятов практически совпадает. Имеющиеся данные свидетельствуют о том, что геном флавиподобных вирусов чрезвычайно стабилен среди позвоночных и беспозвоночных. Этот факт позволяет предположить, что вирус уже хорошо адаптирован к обоим хозяевам.

Показано, что на территории Республики Тыва существуют сочетанные очаги флавивирусов (вирус клещевого энцефалита) и флавиподобных вирусов (ALSV и вирус Янгтоу) [9]. В связи с широким распространением вируса клещевого энцефалита в Восточной Сибири и обнаружением в клещах данного региона ALSV, наличие таких сочетанных очагов можно предположить и на других изучаемых территориях. Это поднимает вопрос о возможной коциркуляции этих вирусов, их взаимного влияния друг на друга и коинфицировании человека при укусе клеща.



**Рис. 3.** Уровень различия нуклеотидных и аминокислотных последовательностей выявленных вариантов ALSV на юге Восточной Сибири.

**Fig. 3.** Level of differences in nucleotide and amino acid sequences of identified ALSV variants in the south of Eastern Siberia.



### Заключение

Современная неблагополучная эпидемиологическая ситуация, сложившаяся в России в отношении инфекций, переносимых клещами, характеризуется не только ростом заболеваемости уже известными «клещевыми» инфекциями, но и выявлением новых нозологических форм и возбудителей, роль которых в региональной инфекционной патологии остается малоизученной или вообще неизученной. Данные о циркуляции флавиподобных вирусов, потенциально опасных для человека, могут служить основой для коррекции профилактических и противоэпидемических мероприятий. Для понимания актуальной обстановки, проведения регионально-ориентированной лабораторной диагностики и осуществления своевременных и адекватных профилактических мероприятий по отношению к инфекциям, переносимым клещами на территории Восточной Сибири, необходима достоверная информация о спектре циркулирующих на территории региона переносимых клещами патогенов и их генетической вариабельности. В работе показано широкое распространение вируса Алонгшан на территории республик Хакасия и Тыва, Иркутской области и Забайкальского края. Для выявленных вариантов вируса проведена молекулярно-генетическая характеристика и получены частичные нуклеотидные последовательности всех 4 сегментов генома. Эти данные актуализируют необходимость проведения мониторинга за изменением границ распространения флавиподобных вирусов, потенциально опасных для человека, и их переносчиков, что позволит спрогнозировать варианты распространения инфекции.


### ЛИТЕРАТУРА

- Pierson T.C., Diamond M.S. The continued threat of emerging flaviviruses. *Nat. Microbiol.* 2020; 5(6): 796–812. <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0714-0>
- Leonova G.N., Kondratov I.G., Ternovoi V.A., Romanova E.V., Protopopova E.V., Chausov E.V., et al. Characterization of Powassan viruses from Far Eastern Russia. *Arch. Virol.* 2009; 154(5): 811–20. <https://doi.org/10.1007/s00705-009-0376-y>
- Růžek D., Yakimenko V.V., Karan L.S., Tkachev S.E. Omsk haemorrhagic fever. *Lancet.* 2010; 376(9758): 2104–13. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(10\)61120-8](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(10)61120-8)
- Львов Д.К., Альховский С.В., Жирнов О.П. 130 лет вирусологии. *Вопросы вирусологии.* 2022; 67(5): 357–84. <https://doi.org/10.36233/0507-4088-140> <https://elibrary.ru/qhemb1>
- García-Blanco M.A., Vasudevan S.G., Bradrick S.S., Nicchitta C. Flavivirus RNA transactions from viral entry to genome replication. *Antiviral Res.* 2016; 134: 244–9. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2016.09.010>
- Colmant A.M.G., Charrel R.N., Coutard B. Jingmenviruses: Ubiquitous, understudied, segmented flavi-like viruses. *Front. Microbiol.* 2022; 13: 997058. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.997058>
- Gao X., Zhu K., Wojdyla J.A., Chen P., Qin B., Li Z., et al. Crystal structure of the NS3-like helicase from Alongshan virus. *IUCrJ.* 2020; 7(Pt. 3): 375–82. <https://doi.org/10.1107/S2052252520003632>
- Kholodilov I.S., Litov A.G., Klimentov A.S., Belova O.A., Polienko A.E., Nikitin N.A., et al. Isolation and characterisation of Alongshan virus in Russia. *Viruses.* 2020; 12(4): 362. <https://doi.org/10.3390/v12040362>
- Kholodilov I.S., Belova O.A., Morozkin E.S., Litov A.G., Ivannikova A.Y., Makenov M.T., et al. Geographical and tick-dependent distribution of flavi-like Alongshan and Yanggou tick viruses in Russia. *Viruses.* 2021; 13(3): 458. <https://doi.org/10.3390/v13030458>
- Kholodilov I.S., Belova O.A., Ivannikova A.Y., Gadzhikurbanov M.N., Makenov M.T., Yakovlev A.S., et al. Distribution and characterisation of tick-borne flavi-, flavi-like, and phenuiviruses in the Chelyabinsk region of Russia. *Viruses.* 2022; 14(12): 2699. <https://doi.org/10.3390/v14122699>
- Wang Z.D., Wang B., Wei F., Han S.Z., Zhang L., Yang Z.T., et al. A new segmented virus associated with human febrile illness in China. *N. Engl. J. Med.* 2019; 380(22): 2116–25. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa1805068>
- Kuivanen S., Levanov L., Kareinen L., Sironen T., Jääskeläinen A.J., Plyusnin I., et al. Detection of novel tick-borne pathogen, Alongshan virus, in Ixodes ricinus ticks, south-eastern Finland, 2019. *Euro Surveill.* 2019; 24(27): 1900394. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.27.1900394>
- Temmam S., Bigot T., Chrétien D., Gondard M., Pérot P., Pommelet V., et al. Insights into the host range, genetic diversity, and geographical distribution of Jingmenviruses. *mSphere.* 2019; 4(6): e00645–19. <https://doi.org/10.1128/mSphere.00645-19>
- Stanojević M., Li K., Stamenković G., Ilić B., Paunović M., Pešić B., et al. Depicting the RNA virome of hematophagous arthropods from Belgrade, Serbia. *Viruses.* 2020; 12(9): 975. <https://doi.org/10.3390/v12090975>
- Ebert C.L., Söder L., Kubinski M., Glanz J., Gregersen E., Dümmer K., et al. Detection and characterization of Alongshan virus in ticks and tick saliva from Lower Saxony, Germany with serological evidence for viral transmission to game and domestic animals. *Microorganisms.* 2023; 11(3): 543. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11030543>
- Stegmüller S., Fraefel C., Kubacki J. Genome Sequence of Alongshan virus from Ixodes ricinus ticks collected in Switzerland. *Microbiol. Resour. Announc.* 2023; 12(3): e0128722. <https://doi.org/10.1128/mra.01287-22>
- Bugmyrin S.V., Romanova L.A., Chernokhaeva L.L., et al. Pathogens in Ixodes persulcatus and Ixodes ricinus ticks (Acari, Ixodidae) in Karelia (Russia). *Ticks Tick Borne Dis.* 2022; 13(6): 102045. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2022.102045>
- Wang Z.D., Wang W., Wang N.N., Qiu K., Zhang X., Tana G., et al. Prevalence of the emerging novel Alongshan virus infection in sheep and cattle in Inner Mongolia, northeastern China. *Parasit Vectors.* 2019; 12(1): 450. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3707-1>
- Ladner J.T., Wiley M.R., Beitzel B., Auguste A.J., Dupuis A.P. 2<sup>nd</sup>, Lindquist M.E., et al. A multicomponent animal virus isolated from mosquitoes. *Cell Host Microbe.* 2016; 20(3): 357–67. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2016.07.011>
- Souza W.M., Fumagalli M.J., Torres Carrasco A.O., Romeiro M.F., Modha S., Seki M.C., et al. Viral diversity of Rhipicephalus microplus parasitizing cattle in southern Brazil. *Sci. Rep.* 2018; 8(1): 16315. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-34630-1>
- Emmerich P., Jakupi X., von Possel R., Berisha L., Halili B., Günther S., et al. Viral metagenomics, genetic and evolutionary characteristics of Crimean-Congo hemorrhagic fever orthonairovirus in humans, Kosovo. *Infect. Genet. Evol.* 2018; 65: 6–11. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2018.07.010>
- Данчинова Г.А., Хаснатинов М.А., Злобин В.И., Козлова И.В., Верхозина М.М., Сунцова О.В. и др. Иксодовые клещи юга Восточной Сибири и Монголии и их спонтанная зараженность возбудителями природно-очаговых трансмиссивных инфекций. *Бюллетень сибирской медицины.* 2006; 5(S1): 137–43. <https://doi.org/10.20538/1682-0363-2006--137-143> <https://elibrary.ru/rtnbop>
- Morozkin E.S., Makenov M.T., Zhurenkova O.B., Kholodilov I.S., Belova O.A., Radyuk E.V., et al. Integrated Jingmenvirus polymerase gene in Ixodes ricinus genome. *Viruses.* 2022; 14(9): 1908. <https://doi.org/10.3390/v14091908>
- Карташов М.Ю., Кривошеина Е.И., Свириной К.А., Тупота Н.Л., Терновой В.А., Локтев В.Б. Генотипирование возбудителей клещевых инфекций и определение видового состава клещей, нападающих на людей в Новосибирске и его пригородах. *Инфекция и иммунитет.* 2022; 12(6): 1103–12. <https://doi.org/10.15789/2220-7619-GOT-1979>
- Litov A.G., Okhezin E.V., Kholodilov I.S., Polienko A.E., Karganova G.G. Quantitative polymerase chain reaction system for Alongshan virus detection. *Methods Protoc.* 2023; 6(5): 79. <https://doi.org/10.3390/mps6050079>

## REFERENCES

- Pierson T.C., Diamond M.S. The continued threat of emerging flaviviruses. *Nat. Microbiol.* 2020; 5(6): 796–812. <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0714-0>
- Leonova G.N., Kondratov I.G., Ternovoi V.A., Romanova E.V., Protopopova E.V., Chaouf E.V., et al. Characterization of Powassan viruses from Far Eastern Russia. *Arch. Virol.* 2009; 154(5): 811–20. <https://doi.org/10.1007/s00705-009-0376-y>
- Růžek D., Yakimenko V.V., Karan L.S., Tkachev S.E. Omsk haemorrhagic fever. *Lancet.* 2010; 376(9758): 2104–13. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(10\)61120-8](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(10)61120-8)
- Lvov D.K., Al'khovskiy S.V., Zhirnov O.P. 130<sup>th</sup> anniversary of virology. *Voprosy virusologii.* 2022; 67(5): 357–84. <https://doi.org/10.36233/0507-4088-140> <https://elibrary.ru/qhemb1>
- Garcia-Blanco M.A., Vasudevan S.G., Bradrick S.S., Nicchitta C. Flavivirus RNA transactions from viral entry to genome replication. *Antiviral Res.* 2016; 134: 244–9. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2016.09.010>
- Colmant A.M.G., Charrel R.N., Coutard B. Jingmenviruses: Ubiquitous, understudied, segmented flavi-like viruses. *Front. Microbiol.* 2022; 13: 997058. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.997058>
- Gao X., Zhu K., Wojdyla J.A., Chen P., Qin B., Li Z., et al. Crystal structure of the NS3-like helicase from Alongshan virus. *IUCrJ.* 2020; 7(Pt. 3): 375–82. <https://doi.org/10.1107/S2052252520000362>
- Kholodilov I.S., Litov A.G., Klimentov A.S., Belova O.A., Polienko A.E., Nikitin N.A., et al. Isolation and characterisation of Alongshan virus in Russia. *Viruses.* 2020; 12(4): 362. <https://doi.org/10.3390/v12040362>
- Kholodilov I.S., Belova O.A., Morozkin E.S., Litov A.G., Ivannikova A.Y., Makenov M.T., et al. Geographical and tick-dependent distribution of flavi-like Alongshan and Yanggou tick viruses in Russia. *Viruses.* 2021; 13(3): 458. <https://doi.org/10.3390/v13030458>
- Kholodilov I.S., Belova O.A., Ivannikova A.Y., Gadzhikurbanov M.N., Makenov M.T., Yakovlev A.S., et al. Distribution and characterisation of tick-borne flavi-, flavi-like, and phenuiviruses in the Chelyabinsk region of Russia. *Viruses.* 2022; 14(12): 2699. <https://doi.org/10.3390/v14122699>
- Wang Z.D., Wang B., Wei F., Han S.Z., Zhang L., Yang Z.T., et al. A new segmented virus associated with human febrile illness in China. *N. Engl. J. Med.* 2019; 380(22): 2116–25. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa1805068>
- Kuivanen S., Levanov L., Kareinen L., Sironen T., Jääskeläinen A.J., Plyusnin I., et al. Detection of novel tick-borne pathogen, Alongshan virus, in Ixodes ricinus ticks, south-eastern Finland, 2019. *Euro Surveill.* 2019; 24(27): 1900394. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.27.1900394>
- Temmam S., Bigot T., Chrétien D., Gondard M., Pérot P., Pommelet V., et al. Insights into the host range, genetic diversity, and geographical distribution of Jingmenviruses. *mSphere.* 2019; 4(6): e00645–19. <https://doi.org/10.1128/mSphere.00645-19>
- Stanojević M., Li K., Stamenković G., Ilić B., Paunović M., Pešić B., et al. Depicting the RNA virome of hematophagous arthropods from Belgrade, Serbia. *Viruses.* 2020; 12(9): 975. <https://doi.org/10.3390/v12090975>
- Ebert C.L., Söder L., Kubinski M., Glanz J., Gregersen E., Dümmer K., et al. Detection and characterization of Alongshan virus in ticks and tick saliva from Lower Saxony, Germany with serological evidence for viral transmission to game and domestic animals. *Microorganisms.* 2023; 11(3): 543. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11030543>
- Stegmüller S., Fraefel C., Kubacki J. Genome Sequence of Alongshan virus from Ixodes ricinus ticks collected in Switzerland. *Microbiol. Resour. Announc.* 2023; 12(3): e0128722. <https://doi.org/10.1128/mra.01287-22>
- Bugmyrin S.V., Romanova L.Y., Belova O.A., Kholodilov I.S., Bespyatova L.A., Chernokhaeva L.L., et al. Pathogens in Ixodes persulcatus and Ixodes ricinus ticks (Acari, Ixodidae) in Karelia (Russia). *Ticks Tick Borne Dis.* 2022; 13(6): 102045. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2022.102045>
- Wang Z.D., Wang W., Wang N.N., Qiu K., Zhang X., Tana G., et al. Prevalence of the emerging novel Alongshan virus infection in sheep and cattle in Inner Mongolia, northeastern China. *Parasit Vectors.* 2019; 12(1): 450. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3707-1>
- Ladner J.T., Wiley M.R., Beitzel B., Auguste A.J., Dupuis A.P. 2<sup>nd</sup>, Lindquist M.E., et al. A multicomponent animal virus isolated from mosquitoes. *Cell Host Microbe.* 2016; 20(3): 357–67. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2016.07.011>
- Souza W.M., Fumagalli M.J., Torres Carrasco A.O., Romeiro M.F., Modha S., Seki M.C., et al. Viral diversity of Rhipicephalus microplus parasitizing cattle in southern Brazil. *Sci. Rep.* 2018; 8(1): 16315. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-34630-1>
- Emmerich P., Jakupi X., von Possel R., Berisha L., Halili B., Günther S., et al. Viral metagenomics, genetic and evolutionary characteristics of Crimean-Congo hemorrhagic fever orthonaviruses in humans, Kosovo. *Infect. Genet. Evol.* 2018; 65: 6–11. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2018.07.010>
- Danchinova G.A., Khasnatinov M.A., Zlobin V.I., Kozlova I.V., Verkhovzina M.M., Suntsova O.V., et al. Ixodid ticks in Southern part of Eastern Siberia and Mongolia and their spontaneous infectiveness by infectious agents. *Byulleten' sibirskoi meditsiny.* 2006; 5(S1): 137–43. <https://doi.org/10.20538/1682-0363-2006-137-143> <https://elibrary.ru/rtnbop> (in Russian)
- Morozkin E.S., Makenov M.T., Zhurenkova O.B., Kholodilov I.S., Belova O.A., Radyuk E.V., et al. Integrated Jingmenvirus polymerase gene in Ixodes ricinus genome. *Viruses.* 2022; 14(9): 1908. <https://doi.org/10.3390/v14091908>
- Kartashov M.Yu., Krivosheina E.I., Svirin K.A., Tupota N.L., Ternovoi V.A., Loktev V.B. Genotyping of tick-borne pathogens and determination of human attacking tick species in Novosibirsk and its suburbs. *Infektsiya i immunitet.* 2022; 12(6): 1103–12. <https://doi.org/10.15789/2220-7619-GOT-1979> (in Russian)
- Litov A.G., Okhezina E.V., Kholodilov I.S., Polienko A.E., Karganova G.G. Quantitative polymerase chain reaction system for Alongshan virus detection. *Methods Protoc.* 2023; 6(5): 79. <https://doi.org/10.3390/mps6050079>

## Информация об авторах:

**Карташов Михаил Юрьевич**  – канд. биол. наук, старший научный сотрудник отдела молекулярной вирусологии ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора, Кольцово, Россия. E-mail: mikkartash@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-7857-6822>

**Кривошеина Екатерина Ильинична** – научный сотрудник отдела молекулярной вирусологии ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора, Кольцово, Россия. E-mail: ktr962@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0001-5181-0415>

**Курушина Валентина Юрьевна** – стажер-исследователь отдела молекулярной вирусологии ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора, Кольцово, Россия. E-mail: kurushina.valenti@gmail.com; <https://orcid.org/0009-0005-8148-5242>

**Мошкин Александр Борисович** – директор ФКУЗ «Читинская ПЧС» Роспотребнадзора, Чита, Россия. E-mail: pchs.chita@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0007-8491-2363>

**Ханхареев Сергей Степанович** – канд. мед. наук, руководитель Управления Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по Республике Бурятия, Улан-Удэ, Россия. E-mail: org@03.rospotrebнадзор.ru; <https://orcid.org/0000-0002-4884-7919>

**Биче-оол Чойгана Романовна** – и.о. заведующей отдела обеспечения эпидемиологического надзора ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Республике Тыва», Кызыл, Россия. E-mail: priem@17cgie.ru; <https://orcid.org/0009-0002-1622-0553>

**Пелёвина Оксана Николаевна** – энтомолог отдела эпидемиологии ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Республике Хакасия», Абакан, Россия. E-mail: pelevina\_on@fbuz19.ru; <https://orcid.org/0009-0004-9507-4199>

**Попов Никита Викторович** – заведующий отделением энтомологии ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Иркутской области», Иркутск, Россия. E-mail: ento-molog@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0002-6276-2388>

**Богомазова Ольга Леонидовна** – энтомолог ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Иркутской области», Иркутск, Россия. E-mail: entomolog@sesoirk.irkutsk.ru; <https://orcid.org/0009-0009-6892-1125>

**Терновой Владимир Александрович** – канд. биол. наук, врио заведующего отделом молекулярной вирусологии ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора, Кольцово, Россия. E-mail: tern@vector.nsc.ru; <https://orcid.org/0000-0003-1275-171X>

**Участие авторов:** Карташов М.Ю. – концепция и дизайн исследования, проведение исследований, написание текста статьи; Кривошеина Е.И., Курушина В.Ю. – проведение лабораторных исследований; Мошкин А.Б., Ханхареєв С.С., Биче-оол Ч.Р., Пелёвина О.Н., Попов Н.В., Богомазова О.Л. – сбор и доставка проб биологического материала; Терновой В.А. – общее руководство, научное редактирование.

Поступила 01.02.2024

Принята в печать 28.03.2024

Опубликована 27.04.2024

#### Information about the authors:

**Mikhail Yu. Kartashov** – Ph.D. (Biol.), Senior Researcher, State Research Center of Virology and Biotechnology «Vector», Koltsovo, Novosibirsk Region, Russia. E-mail: mikkartash@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-7857-6822>

**Ekaterina I. Krivosheina** – Researcher, State Research Center of Virology and Biotechnology «Vector», Koltsovo, Novosibirsk Region, Russia. E-mail: katr962@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0001-5181-0415>

**Valentina Yu. Kurushina** – Junior Researcher, State Research Center of Virology and Biotechnology «Vector», Koltsovo, Novosibirsk Region, Russia. E-mail: kurushina.valenti@gmail.com; <https://orcid.org/0009-0005-8148-5242>

**Alexander B. Moshkin** – Director, «Chita anti-plague station», Chita, Russia. E-mail: pchs.chita@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0007-8491-2363>

**Sergey S. Khankhareev** – Ph.D. (Med.), Director, Department of the Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare for the Republic of Buryatia, Ulan-Ude, Russia. E-mail: org@03.rospotrebnadzor.ru; <https://orcid.org/0000-0002-4884-7919>

**Choigana R. Biche-ool** – Head of the Epidemiological Surveillance Department, Center of Hygiene and Epidemiology in the Republic of Tuva, Kyzyl, Russia. E-mail: priem@17cgie.ru; <https://orcid.org/0009-0002-1622-0553>

**Oksana N. Pelevina** – Entomologist, Center for Hygiene and Epidemiology in the Republic of Khakassia, Abakan, Russia. E-mail: pelevina\_on@fbuz19.ru; <https://orcid.org/0009-0004-9507-4199>

**Nikita V. Popov** – Head of Department-Entomologist, Center for Hygiene and Epidemiology in the Irkutsk region, Irkutsk, Russia. E-mail: entomolog@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0002-6276-2388>

**Olga L. Bogomazova** – Entomologist, Center for Hygiene and Epidemiology in the Irkutsk region, Irkutsk, Russia. E-mail: entomolog@sesoirk.irkutsk.ru; <https://orcid.org/0009-0009-6892-1125>

**Vladimir A. Ternovoi** – Ph.D. (Biol.), Head of Department, State Research Center of Virology and Biotechnology «Vector», Koltsovo, Novosibirsk Region, Russia. E-mail: tern@vector.nsc.ru; <https://orcid.org/0000-0003-1275-171X>

**Contribution:** Kartashov M.Yu. – concept and design of the study, conducting research, writing the text of the article; Krivosheina E.I., Kurushina V.Yu. – performing the experiments; Moshkin A.B., Khankhareev S.S., Biche-ool C.R., Pelevina O.N., Popov N.V., Bogomazova O.L. – collection and delivery of samples of biological material; Ternovoi V.A. – research management.

Received 01 February 2024

Accepted 28 March 2024

Published 27 April 2024