
ОБЗОРЫ

НАУЧНЫЙ ОБЗОРDOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-306>

© ВЕЛИКЖАНИНА Е.И., САШИНА Т.А., НОВИКОВА Н.А., 2025



Реассортантные штаммы *Rotavirus A* (Sedoreoviridae: *Rotavirus: Rotavirus A*): роль ротавирусов животных в возникновении новых вариантов ротавируса человека

Великжанина Е.И.^{1,2✉}, Сашина Т.А.¹, Новикова Н.А.¹

¹ФБУН «Нижегородский НИИ эпидемиологии и микробиологии им. академика И.Н. Блохиной» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека (Роспотребнадзор), 603950, г. Нижний Новгород, Россия;

²Национальный исследовательский Нижегородский государственный университет им. Н.И. Лобачевского, 603022, г. Нижний Новгород, Россия

Резюме

Ротавирусы (RV) животных играют важную роль в формировании новых вариантов эпидемически значимых штаммов *Rotavirus A* (РВА) человека. В настоящее время на территории Российской Федерации преобладает реассортантный вариант генотипа G3P[8], происхождение которого связано с RV лошадей и крупного рогатого скота. Помимо этого, в мире долгое время спорадически выявляются реассортантные варианты РВА генотипов G3P[3], G3P[9], G6P[9], подобные RV кошек и собак. Учитывая актуальность данной темы, подробное изучение AU-1-подобной геногруппы РВА, представители которой тесно связаны с RV кошек и собак, представляет научно-практический интерес.

Цель настоящего обзора – анализ опубликованных научных данных о RV человека, кошек и собак, входящих в состав AU-1-подобной геногруппы и изученных на основе полного генотипа.

Ключевые слова: обзор; ротавирус A; полногеномная классификация; AU-1-подобная геногруппа; ротавирусы кошек и собак

Для цитирования: Великжанина Е.И., Сашина Т.А., Новикова Н.А. Реассортантные штаммы *Rotavirus A* (Sedoreoviridae: *Rotavirus: Rotavirus A*): роль ротавирусов животных в возникновении новых вариантов ротавируса человека. *Вопросы вирусологии*. 2025; 70(2): 105–116. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-306>
EDN: <https://elibrary.ru/pfcbaz>

Финансирование. Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования при проведении исследования.

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

REVIEWDOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-306>

Reassortant strains of *Rotavirus A* (Sedoreoviridae: *Rotavirus: Rotavirus A*): the role of animal rotaviruses in the emergence of new human rotavirus variants.

Elena I. Velikzhanina^{1,2✉}, Tatiana A. Sashina¹, Nadezhda A. Novikova¹

¹Academician I.N. Blokhina Nizhny Novgorod Scientific Research Institute of Epidemiology and Microbiology of the Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare (Rosпотребнадзор), 603950, Nizhny Novgorod, Russia;

²Lobachevsky State University of Nizhny Novgorod, 603022, Nizhny Novgorod, Russia

Abstract

Animal rotaviruses (RV) play a significant role in the formation of new variants of epidemiologically significant human group A rotavirus (RVA) strains. A reassortant variant of genotype G3P[8] which has been shown to originate from RV in horses and cattle currently dominates on the territory of the Russian Federation. In addition, reassortant

RV variants of genotypes G3P[3], G3P[9], G6P[9], similar to RV of cats and dogs, have been sporadically identified in the world for a long time. Given the relevance of this topic, a detailed study of the AU-1-like genetic group of RVAs, whose representatives are closely related to animal RVs, particularly those found in cats and dogs, is of scientific and practical interest.

The aim of this review is to analyze published scientific data on human, feline and canine RV that belong to the AU-1-like genetic group and have been studied based on their complete genotypes.

Keywords: review; rotavirus A; whole-genome classification; AU-1-like genetic group; feline and canine rotaviruses

For citation: Velikzhanina E.I., Sashina T.A., Novikova N.A. Reassortant strains of *Rotavirus A* (Sedoreoviridae: *Rotavirus: Rotavirus A*): the role of animal rotaviruses in the emergence of new human rotavirus variants. *Problems of Virology (Voprosy Virusologii)*. 2025; 70(2): 105–116 (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-306> EDN: <https://elibrary.ru/pfcbaz>

Funding. This study was not supported by any external sources of funding.

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

Введение

Ротавирус (РВ) вида *Rotavirus A* (РВА, род *Rotavirus*, семейство Sedoreoviridae, порядок Reovirales, класс Resentoviricetes, тип Duplornaviricota) является важным кишечным патогеном, вызывающим острый гастроэнтерит у детей первых лет жизни и молодняка животных. Вирион вируса представляет собой безоболочечную трехслойную частицу размером приблизительно 100 нм, геном состоит из 11 сегментов двунитевой РНК (днРНК). Сегментированный геном обуславливает способность РВ к реассортации. При одновременном инфицировании клетки двумя или более штаммами РВ гены с разной специфичностью могут группироваться независимо друг от друга, обеспечивая генетическое разнообразие потомства [1].

Долгое время естественный резервуар РВ в природе оставался неизвестным. Однако к настоящему времени имеется информация об обнаружении у людей штаммов РВ животных, и наоборот, что может быть связано как с прямой межвидовой передачей, так и/или обменом сегментами днРНК посредством реассортации [2].

С учетом накопленных данных о серотиповом и генетическом разнообразии РВА, для их характеристики было предложено несколько систем классификации. Исторически первая, бинарная, классификация учитывает особенности двух генов, кодирующих белки наружного капсида вириона VP7 и VP4, на основе которых определяют G (гликопротеин) и P (протеазочувствительный) генотипы соответственно [1]. На сегодняшний день известно 42 G- и 58 P-генотипов, а также описано не менее 73 G[P]-комбинаций у РВА, инфицирующих людей [3]. Во всем мире чаще всего встречаются 6 G[P] типов РВА: G1P[8], G2P[4], G3P[8], G4P[8], G9P[8] и G12P[8] [4]. К менее распространенным относят G9P[4], G9P[9], G8P[8], G2P[8], G6P[9], G4P[4], G3P[9] и др., на долю которых приходится примерно 5% всех случаев инфекции [5].

Некоторые G- и P-генотипы непосредственно связаны с РВ животных. Например, штаммы РВА со специфичностью G6 редко обнаруживаются у людей, но данный генотип наиболее распространен у РВ крупного рогатого скота [6]. РВА генотипа G3, поми-

мо человека, может быть обнаружен у нескольких видов хозяев, включая кроликов, обезьян, свиней, птиц, кошек, собак, лошадей, мышей, коров и ягнят [1, 7]. Генотипы P[3] и P[9] считаются типичными для штаммов РВА кошек и собак [8, 9].

Изучение эволюционной связи между РВА человека и животных стало возможно после введения полногеномной классификации. В отличие от бинарной, она охватывает все 11 генов вируса и позволяет отнести каждый сегмент к определенному генотипу. Для описания полного генотипа используют акроним Gx-P[x]-Ix-Rx-Cx-Mx-Ax-Nx-Tx-Ex-Hx для генов, кодирующих белки VP7-VP4-VP6-VP1-VP2-VP3-NSP1-NSP2-NSP3-NSP4-NSP5/NSP6 соответственно, где x указывает номера соответствующих генотипов [10].

Помимо идентификации генотипов для каждого гена РВ, эта комплексная система классификации позволила провести полное сравнение данных генома штаммов разных генотипов. На первых этапах изучения разнообразия РВ геномные исследования в комплексе с серологической характеристикой на основе гена VP6 [11] позволили разделить РВА на 3 генетически не связанные между собой геногруппы: Wa-, DS-1- и AU-1-подобную [13].

Наиболее распространенные в мире генотипы G1, G3, G4, G9, G12 и P[8] обычно ассоциируются с первой или Wa-подобной геногруппой (G1/G3/G4/G9-P[8]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E1-H1). Они имеют общие гены VP1-VP3 и NSP1-NSP5 со штаммами РВ свиней. Гены VP4, VP7 и VP6 Wa-подобных штаммов РВА человека в основном обладают генотипами G1, G3, G4 или G9 в комбинации с P[8]-I1, тогда как для РВ свиней характерны генотипы G5 или G11 в комбинации с P[7]-I5. РВ со специфичностью G1, G3, G4, G5, G9, G12 и G5, G11 заражают как свиней, так и людей. Тот факт, что гены VP4, VP7 и VP6 частично различаются между Wa-подобными штаммами РВА человека и штаммами РВ свиней, может быть объяснено различным селективным давлением у разных видов хозяев. В совокупности эти данные свидетельствуют об общем происхождении Wa-подобных штаммов человека и РВ свиней [14].

Штаммы генотипа G2P[4], в свою очередь, относятся ко второй, или DS-1-подобной геногруппе

(G2-P[4]-I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2). Они разделяют большинство своих генов, а именно *VP6*, *VP1*, *VP2*, *VP3*, *NSP2* и *NSP4*, со штаммами РВ крупного рогатого скота. У DS-1-подобных РВА человека для генов *VP7* и *VP4* характерны генотипы G2 и P[4]. У РВ крупного рогатого скота обычно встречаются G6, G8 и G10 и P[5] и P[11]. Такие различия также могут быть обусловлены различным селективным давлением у этих двух видов хозяев. Для генов *NSP1*, *NSP3* и *NSP5/6* штаммов РВ человека и крупного рогатого скота показан видовой диморфизм – A2 и A3, T2 и T6/T7, H2 и H3 соответственно. Тесная эволюционная связь между DS-1-подобными РВА человека и РВ крупного рогатого скота была описана для генов *NSP2*, *NSP4* и *VP3* [14, 15].

Эти две основные геногруппы включают большинство РВ человека, являющихся основой для формирования межгрупповых реассортантных вариантов, которые могут приобретать новые гены от РВ животных. РВ животных играют важную роль в формировании эпидемически значимых штаммов РВА человека. Сообщалось о распространении в Японии G1P[8], в Таиланде G3P[8] и G2P[8] DS-1 подобных межгрупповых реассортантных штаммов. Полногеномные исследования показали, что некоторые штаммы являются мультиреассортантами и несут ряд генов РВ лошадей и крупного рогатого скота [16]. В настоящее время для доминирующего на территории Российской Федерации варианта G3P[8] также показано происхождение от РВ животных. Этот вариант несет в своем составе гены DS-1-подобных РВА человека генотипа, а также гены РВ лошадей и крупного рогатого скота [17].

Третья, AU-1-подобная геногруппа, является минорной и включает РВ генотипов G3P[3], G3P[9] и G6P[9]. Она привлекает внимание происхождением входящих в нее штаммов, которые тесно связаны с РВ животных, в частности с РВ кошек и собак [18].

Целью обзора является анализ опубликованных научных данных о реассортантных РВА человека и животных, входящих в состав AU-1-подобной геногруппы и изученных на основе полного генотипа.

Обнаружение AU-1-подобных штаммов РВА

В 1982 г. в Японии от младенца с острой диареей был выделен штамм (82A001) генотипа G3P[9], получивший название AU-1. В ходе изучения генома методом электрофореза в полиакриламидном геле (ПААГ) для него были установлены генетические особенности. Изолят AU-1 имел «длинный» профиль миграции сегментов РНК в ПААГ (ЭФ-тип РНК), но по серологическим характеристикам относился к подгруппе SI [9]. Результат был неожиданным, поскольку РВА человека, характеризующиеся «длинным» ЭФ-типом РНК (быстро мигрирующие сегменты 10–11), относились к подгруппе SII и серотипам 1, 3 или 4, в то время как РВА, относящиеся к подгруппе SI, имели серотип 2 и «короткий» ЭФ-тип РНК (медленно мигрирующие 10–11 сегменты) [19, 20]. Результаты РНК-РНК-гибридизации показа-

ли, что основная масса генов *AU-1* не имела близкого родства с генами других РВА человека, кроме гена *VP7*. Это исключило вероятность того, что штамм AU-1 является реассортантом между представителями Wa- и DS-1-подобных геногрупп [21]. Было высказано предположение, что штамм AU-1 является РВ животных, который заразил человека, что предполагало способность РВ преодолевать межвидовые барьеры [19, 21].

В 1986 г. путем генетической реассортации двух РВ с разными серологическими и генетическими характеристиками (HN126 – подгруппа SI, серотип 2 и Wa – подгруппа SII, серотип 1) в лабораторных условиях были созданы два новых варианта вируса. Один из них имел «длинный» ЭФ-тип РНК и относился к подгруппе SI, серотипу 1, напоминая штамм AU-1. Второй вариант показал «короткий» ЭФ-тип РНК, принадлежал к подгруппе SII, серотипу 2. Эти результаты позволили предположить возможность реассортации генов РВА в естественных условиях при коинфекциях [22].

Позднее, в 1987 г., в Японии был обнаружен еще один изолят РВА генотипа G3P[9] – AU228 (87Y0228). Он был похож на AU-1, поскольку обладал «длинным» ЭФ-типом РНК и принадлежал к подгруппе SI и серотипу 3. Этот серотип является общим для РВ, выделенных от разных видов, включая обезьян, лошадей, собак, кошек и людей. Штамм AU228 стал еще одним кандидатом на роль РВ животных, заразившим ребенка, помимо AU-1 [23].

В 1989 г. выяснилось, что AU228 был выделен от ребенка, имевшего контакт с кошкой. Изолят был исследован методом РНК-РНК-гибридизации в сравнении с РВ кошек FRV-1 генотипа G3P[9], а также со штаммом AU-1. Он имел высокую гомологию с AU-1, и они оба были тесно связаны с РВ кошек FRV-1. Ранее такое наблюдалось только среди РВ, поражающих хозяев одного вида. Штаммы AU-1 и AU228 стали первым доказательством того, что РВ в природе могут преодолевать межвидовой барьер [18].

Помимо этого, AU-1 и AU228 не были схожи ни с вирусами Wa-подобной, ни DS-1-подобной геногрупп, что указывало на существование среди РВ человека третьей геногруппы, которая получила название AU-1-подобная, по обозначению первого идентифицированного штамма-прототипа. К этой геногруппе впоследствии были отнесены все РВА, имеющие высокую степень гомологии со штаммом AU-1 [12].

Выделение разнородных подгрупп внутри AU-1-подобной геногруппы

В 1990 г. в Израиле был выделен штамм РВА Ro1845 с генотипом G3P[3]. По своим характеристикам (подгруппа SI, серотип 3, «длинный» ЭФ-тип РНК) он был похож на штамм AU-1. С помощью метода РНК-РНК-гибридизации авторы сравнили Ro1845 со всеми известными на тот момент AU-1-подобными РВ человека, но он не показал гомологии ни с одним из них [12].

Изучив генетическую связь штамма Ro1845 с другими РВ человека (Wa, KUN, P, ST3, 69M, WI61),

а также с тремя штаммами РВ кошек (FRV-1, Cat2, Cat97), ученые установили, что Ro1845 имел гомологию нуклеотидной последовательности сегментов РНК только с Cat97. Это объясняло отсутствие какой-либо связи с AU-1-подобными РВА, близкими к другому РВ кошек FRV-1. Было выдвинуто предположение о наличии среди AU-1-подобных РВА двух подгрупп: одна связана со штаммами AU-1/FRV-1, другая – с Ro1845/Cat97 [18].

Одновременно с исследованием РВ человека изучали вирусы кошек и собак. В 1993–1994 гг. в Японии обнаружили три штамма РВ кошек с P[9]-специфичностью (FRV317, FRV381, FRV384). Их сравнивали с РВ человека (AU-1, AU125, AU242, AU387, AU785, AU938 генотипа G3P[9]; PA151 генотипа G6P[9]) [24] и животных (РВ кошек FRV-1 генотипа G3P[9]; РВ крупного рогатого скота 0510 генотипа G6P[5]) [18]. Оказалось, что эти штаммы принадлежат к AU-1-подобной геногруппе, что свидетельствует о циркуляции AU-1-подобных РВ как среди людей, так и кошек. Такие редкие случаи принадлежности РВ разных видов хозяев к одной геногруппе еще раз указывают на возможность межвидовой передачи [25].

После внедрения полногеномной классификации РВА многие AU-1-подобные штаммы стали исследовать повторно. В 2008 г. полный генотип был установлен для штамма AU-1, а позднее для FRV-1. Внутренние гены обоих РВ имели 3-й генотип (табл. 1) [26].

В 2009 г. были проанализированы геномы штаммов генотипа G3P[3]: два штамма РВА человека (Ro1845 и HCR3A), три штамма РВ собак (CU-1, K9 и A79-10) и штамм Cat97 РВ кошек. Все эти вирусы обладали вы-

сококонсервативной геномной констелляцией, отличной от таковой у AU-1/FRV-1 (табл. 1) [27].

Генетические исследования совместно с анализом РНК-РНК-гибридизации подтвердили существование двух подгрупп среди AU-1-подобных РВА. Первая подгруппа (AU-1) включает штамм РВА человека AU-1 и РВ кошек FRV-1. Вторая подгруппа (Cat97) содержит штамм РВ кошек Cat97, штаммы РВ собак CU-1, K9 и A79-10, а также штаммы РВА людей Ro1845 и HCR3A [27, 28].

В 2010 г. были описаны два штамма генотипа G3P[9]: PAH136/96 и PAI58/96, обнаруженные в 1996 г. у детей в Италии. Чтобы понять эволюцию и происхождение этих вирусов были изучены их полные генотипы (табл. 1). Эти штаммы отличались от представителей подгрупп AU-1 и Cat97 и оказались мультиреассортантами, содержащими гены от вирусов кошек, жвачных и редких РВ человека с генотипами G6/G8P[14] [29].

В 2011 г. был изучен штамм BA222, выделенный в 2005 г. у домашней кошки в Италии (табл. 1). Он оказался генетически связан с итальянскими РВА PAI58/96 и PAH136/96. Мультиреассортантная природа этих штаммов может быть объяснена длительным процессом одомашнивания кошек, которые могли стать резервуаром для генерации реассортантных РВ [6]. Генетическое отличие штаммов BA222, PAI58/96 и PAH136/96 генотипа G3P[9] от представителей подгрупп AU-1 и Cat97 показало существование третьей подгруппы AU-1-подобных РВА – BA222 [30].

Штамм РВ кошек Cat2 не был однозначно отнесен ни к одной из трех вышеописанных групп (табл. 1). Филогенетический анализ показал, что Cat2 может быть естественным реассортантом между РВ, при-

Таблица 1. Штаммы-прототипы подгрупп AU-1, Cat97 и BA222

Table 1. Prototype strains of subgroups AU-1, Cat97 and BA222

Штаммы / Strains	Полный генотип / Full genotype										
	VP7	VP4	VP6	VP1	VP2	VP3	NSP1	NSP2	NSP3	NSP4	NSP5
Подгруппа AU-1 / Subgroup AU-1											
Human-tc/JPN/AU-1/1982	G3	P[9]	I3	R3	C3	M3	A3	N3	T3	E3	H3
Cat-wt/JPN/FRV-1/1985	G3	P[9]	I3	R3	C3	M3	A3	N3	T3	E3	H3
Подгруппа Cat97 / Subgroup Cat97											
Human-tc/ISR/Ro1845/1985	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Human-tc/USA/HCR3A/1984	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Dog-tc/USA/CU-1/1982	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Dog-tc/AUS/K9/1981	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Dog-tc/USA/A79-10/1979	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Cat-wt/AUS/Cat97/1984	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Подгруппа BA222 / Subgroup BA222											
Cat-wt/ITA/BA222/2005	G3	P[9]	I2	R2	C2	M2	A3	N1	T3	E2	H3
Human-tc/ITA/PAH136/1996	G3	P[9]	I2	R2	C2	M2	A3	N1	T6	E2	H3
Human-tc/ITA/PAI58/1996	G3	P[9]	I2	R2	C2	M2	A3	N2	T6	E2	H3
Реассортант между Cat97 и BA222 / Reassortant between Cat97 and BA222											
Cat-tc/AUS/Cat2/1984	G3	P[9]	I3	R3	C2	M3	A3	N1	T6	E3	H3

надлежащими к подгруппам Cat97 и BA222, хотя нельзя исключать и дополнительные события реассортации [30].

Разнообразие современных AU-1-подобных штаммов

Подгруппа AU-1. В состав подгруппы AU-1 входят РВА человека с генотипом G3P[9]. Это довольно редкая комбинация, которая также выявляется у РВ кошек. Представители этой подгруппы не отличаются широким геномным разнообразием. После обнаружения штамма AU-1 долгое время не было сообщений о РВ, обладающих генотипом 3 всех внутренних генов [10]. Позже были выявлены РВА, принадлежащие подгруппе AU-1, но их генотипы не были идентичны штамму AU-1 (табл. 2).

В 2013 г. были представлены первые отчеты об анализе изолятов РВА человека генотипа G3P[9] на основе полного генотипа в Китае (L621 и E2451) и Таиланде (CU365). Китайские штаммы L621 и E2451 были выявлены в 2006 и 2011 гг., а РВА CU365 из Таиланда – в 2008 г. Все штаммы принадлежали подгруппе AU-1, однако продемонстрировали констелляцию полных генотипов, отличающуюся от AU-1 геном NSP5/6, который имел новый генотип H6 (табл. 2). Филогенетический анализ по гену NSP5/6 показал, что ближайшими родственниками для этих штаммов стали РВ человека и животных генотипа G3P[3], выявленные за пределами Китая и Таиланда [31, 32].

В 2016 г. полный генотип одного штамма – CAU14-1-262 РВА со специфичностью G3P[9], был изучен в Южной Корее. Он был выделен в 2014 г. и демонстрировал новую констелляцию генотипов (табл. 2). CAU14-1-262 имел новый генотип T1 для гена NSP3, а также H6 для NSP5/6. По гену NSP3 штамм был связан с представителями Wa-подобной геногруппы, тогда как ген NSP5/6 был общим с AU-1-подобными штаммами РВА человека с комбинацией G3P[9]-H6 [33].

На примере штаммов, относящихся к подгруппе AU-1, была доказана близкая связь штаммов РВА людей и кошек. Так, в Японии в 2015 г. от 2-летней девочки, ежедневно контактировавшей с кошками, был

выделен штамм R11-035. Он был схож с AU-1, за исключением генов NSP3 (T1) и NSP5/6 (H6), и имел гомологичную комбинацию генов с корейским штаммом CAU-14-1-262 (табл. 2). Филогенетический анализ показал, что R11-035 был тесно связан со штаммами РВА человека и кошек, а ген NSP3 (T1) оказался ближе штаммам РВ свиней [34].

Подгруппа Cat97. Для представителей РВА человека подгруппы Cat97 характерен генотип G3P[3]. РВ, несущие специфичность G3P[3], обычно встречаются у животных: собак, кошек, коз, летучих мышей, крупного рогатого скота и обезьян. Все штаммы РВА собак имеют генотип G3P[3], тогда как РВА кошек могут обладать генотипами G3P[9] и G3P[3] [6, 35, 36].

В 2007 г. в Италии был исследован штамм РВА RA260-97, выделенный в 1997 г. у 2-летнего ребенка с гастроэнтеритом. Он отличался от прототипных штаммов подгруппы Cat97 генами VP2 и NSP1, которые имели генотипы C3 и A15, соответственно (табл. 3). RA260-97 разделял ген VP2 со штаммом AU-1. По гену NSP1 RA26097 стал единственным представителем генотипа A15, образовав отдельную ветвь на филогенетическом дереве [37].

В период 2012–2018 гг. изоляты с генотипом G3P[3] выявлялись в разных частях мира у людей, собак, лошадей и летучих мышей. Так, в 2013 г. в Аргентине был изучен штамм РВ лошади E3198. От прототипных штаммов он отличался генами VP2 и NSP2, которые имели генотипы C3 и N3 соответственно (табл. 3). По гену VP2 E3198 был наиболее тесно связан со штаммом RRV РВ обезьян генотипа G3P[3], выделенным в 1975 г. в США (91,9%). По гену NSP2 E3198 имел отдаленное родство с РВА подгруппы AU-1 [38].

Также в 2013 г. в Таиланде на основе полного генотипа был охарактеризован штамм MSLH14, выделенный в 2012 г. от летучей мыши (табл. 3). Он имел дивергентные гены VP2 (C3), VP6 (I8) и NSP2 (N3). По гену VP2 MSLH14 имел отдаленное родство (86–88%) с РВА человека, лошадей и кроликов генотипов G3P[3], G3P[14], G3P3[9], включая штамм E3198 из Аргентины. Ген VP6 имел редкий генотип I8

Таблица 2. Констелляции полных генотипов представителей подгруппы AU-1

Table 2. Constellations of full genotypes of representatives of the AU-1 subgroup

Штаммы / Strains	Полный генотип / Full genotype										
	VP7	VP4	VP6	VP1	VP2	VP3	NSP1	NSP2	NSP3	NSP4	NSP5
Референтные штаммы / Reference strains											
Human-tc/JPN/AU-1/1982	G3	P[9]	I3	R3	C3	M3	A3	N3	T3	E3	H3
Cat-wt/JPN/FRV-1/1985	G3	P[9]	I3	R3	C3	M3	A3	N3	T3	E3	H3
Штаммы, обладающие новыми комбинациями / Strains with new combinations											
Human-tc/CHN/L621/2006	G3	P[9]	I3	R3	C3	M3	A3	N3	T3	E3	H6
Human-tc/THA/CU-365/2008	G3	P[9]	I3	R3	C3	M3	A3	N3	T3	E3	H6
Human-wt/CHN/E2451/2011	G3	P[9]	I3	R3	C3	M3	A3	N3	T3	E3	H6
Human-tc/KOR/CAU14-1-262/2014	G3	P[9]	I3	R3	C3	M3	A3	N3	T1	E3	H6
Human-wt/JPN/R11-035/2015	G3	P[9]	I3	R3	C3	M3	A3	N3	T1	E3	H6

Таблица 3. Конstellации полных генотипов представителей подгруппы Cat97

Table 3. Constellations of full genotypes of representatives of the Cat97 subgroup

Штаммы / Strains	Полный генотип / Full genotype										
	VP7	VP4	VP6	VP1	VP2	VP3	NSP1	NSP2	NSP3	NSP4	NSP5
Референтные штаммы / Reference strains											
Dog-tc/USA/A79-10/1979	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Dog-tc/AUS/K9/1981	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Dog-tc/USA/CU-1/1982	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Cat-wt/AUS/Cat97/1984	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Human-tc/USA/HCR3A/1984	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Human-tc/ISR/Ro1845/1985	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Штаммы, обладающие новыми комбинациями / Strains with new combinations											
Cat-tc/JPN/FRV-348/1990	G3	P[3]	I3	R3	C3	M3	A15	N2	T3	E3	H6
Human-tc/ITA/PA260-97/1997	G3	P[3]	I3	R3	C3	M3	A15	N2	T3	E3	H6
Horse-wt/ARG/E3198/2008	G3	P[3]	I3	R3	C3	M3	A9	N3	T3	E3	H6
Dog-wc/HUN/135/2012	G3	P[3]	I3	R3	C3	M3	A15	N2	T3	E3	H6
Bat-tc/THA/MSLH14/2012	G3	P[3]	I8	R3	C3	M3	A9	N3	T3	E3	H6
Bat-wt/ZMB/LUS12-14/2012	G3	P[3]	I3	R2	C2	M3	A9	N2	T3	E2	H3
Human-wt/CHN/M2-102/2014	G3	P[3]	I3	R3	C3	M3	A9	N3	T3	E3	H6
Human-wt/JPN/12638/2014	G3	P[3]	I3	R3	C3	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Dog-wc/BRA/IAL-M202/2017	G3	P[3]	I2	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Dog-wc/BRA/IAL-M214/2017	G3	P[3]	I2	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Dog-wc/BRA/IAL-M414/2017	G3	P[3]	I2	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Dog-wc/THA/CU126/2020	G3	P[3]	I2	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Dog-wc/THA/CU128/2020	G3	P[3]	I3	R3	C3	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Dog-wc/THA/CU132/2020	G3	P[3]	I3	R3	C3	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Dog-wc/THA/CU20139/2020	G3	P[3]	I3	R3	C3	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Dog-wc/THA/CU23379/2020	G3	P[3]	I3	R3	C3	M3	A9	N2	T3	E3	H6
Cat-wc/THA/CU25045/2024	G3	P[3]	I8	R3	C3	M3	A9	N3	T3	E3	H6

и был наиболее тесно связан с таковым у штамма РВА человека генотипа G3P[3] CMH079 (87%), выделенным в 2005 г. в Таиланде и изученным по генам *VP7*, *VP4*, *VP6*, *NSP4* и *NSP5/6*. На момент 2013 г. эти два штамма были единственными представителя РВА человека генотипа G3P[3] со специфичностью I8. По гену *NSP2* MSLH14 был наиболее тесно связан (93%) со штаммом E3198 РВ лошади из Аргентины, а также с двумя РВА человека генотипа G3P[9] из Китая: L621 и E2451 (91%). [39].

В Венгрии в 2015 г. была опубликована характеристика штамма 135 РВА собак с дивергентными генами *VP2* (C3) и *NSP1* (A15) (табл. 3). Подобная комбинация ранее выявлялась у РВА людей (PA260-97), но у РВА собак была обнаружена впервые. По обоим генам штамм был близок с итальянским РВА человека генотипа G3P[3] PA260-97. На момент 2015 г. эти два штамма являлись единственными РВА, несущими необычный генотип A15 гена *NSP1* [40].

В Китае в 2016 г. был изучен штамм M2-102 РВА человека. Он был выделен в 2014 г. и имел аналогичную

конstellацию генотипов штамма РВ лошадей E3198 из Аргентины (табл. 3). Филогенетический анализ показал, что дивергентные гены *VP2* (C2) и *NSP2* (N3) штамма M2-102 были тесно связаны с таковыми у РВ летучих мышей. Ребенок, инфицированный M2-102, был родом из сельской местности, что могло обеспечить естественную среду для реассортации между РВА животных и человека [41].

В Замбии в 2016 г. штамм РВА летучей мыши LUS12-14 генотипа G3P[3] был изучен на основе полного генотипа. Гены *VP1* (R2) и *NSP4* (E2) LUS12-14 оказались общими с РВА людей и крупного рогатого скота, а *NSP5/6* (H3) был общим с AU-1 (табл. 3). Это указывает на межвидовую передачу РВ между летучими мышами и другими млекопитающими с возможными множественными событиями реассортации [42].

В Японии в 2018 г. был исследован штамм РВА человека 12638 генотипа G3P[3], выделенный в 2014 г. (табл. 3). Он отличался от прототипных штаммов подгруппы Cat97 геном *VP2*, который обладал генотипом

С3 и имел наибольшее сходство (96,1%) с представителями подгруппы AU-1 [43].

В 2018 г. был изучен японский штамм FRV348 РВ кошек, выявленный в 1990-х гг. (табл. 3). Он принадлежал подгруппе Cat97 и имел новую для РВА кошек констелляцию генотипов, аналогичную РВА собак 135 и РВА человека PA260-97. Генотип A15 гена *NSP1* является редким, и только штаммы PA260-97 и 135 до 2018 г. были зарегистрированы как носители этого генотипа. Идентичность нуклеотидной последовательности гена *NSP1* между FRV348, 135 и PA260-97 составила порядка 96% [44].

На момент 2020 г. в базе данных GenBank было доступно только 7 полных геномов РВА собак генотипа G3P[3] (штамм; RS15, RV198-95, VR52-96, A79-10, CU-1, K9 и HUN135). В Таиланде в 2020 г. было проведено исследование еще 5 РВ собак генотипа G3P[3] (CU126, CU128, CU132, CU20139 и CU23379). Все они имели совокупность генотипов, которая никогда ранее не регистрировалась у РВ собак, но регистрировалась в 2014 г. у РВА человека 12638 из Японии (табл. 3) [45].

В Бразилии в 2023 г. исследовали 3 штамма РВА собак, выявленные в 2017 г. Они имели генетическую комбинацию, которая никогда не встречалась у РВА собак, кошек и людей генотипа G3P[3] с геном *VP6* генотипа I2 (табл. 3) [46].

В Таиланде в 2024 г. был выявлен штамм РВ кошек генотипа G3P[3] CU25045, с комбинацией генов, которая никогда не регистрировалась у кошек, но была выявлена у РВ летучей мыши MSLH14 в Таиланде в 2013 г. (табл. 3). Оба штамма имели другие генотипы генов *VP1* (I8), *VP2* (С3) и *NSP2* (Т3), отличные от прототипов подгруппы Cat97 [47].

Подгруппа BA222. К подгруппе BA222 относятся штаммы РВА человека генотипов G3P[9] и G6P[9]. РВ со специфичностью G6 спорадически выявлялись у людей на протяжении долгих лет. Так, штаммы ге-

нотипов G6P[8] и G6P[9] (например, Hun7, BP108, BG76 и BG1506) были выявлены в 1990–2010 гг. в Венгрии и Болгарии [48]. В 2010 г. РВА генотипа G6P[6] (например, BA346, ES298, 265-BF и BF98) выявлялись у детей в африканских странах, включая Камерун и Буркина-Фасо [49, 50]. Поскольку ген *VP7* с генотипом G6 обычно обнаруживался у РВ крупного рогатого скота, предполагалось их соответствующее происхождение, но полные генотипы данных штаммов не изучались.

В 2008 г. в Тунисе у 8-месячного ребенка был выделен штамм 17237. В 2013 г. он был изучен и охарактеризован на основе полного генотипа (табл. 4). В ходе анализа было установлено, что геномная констелляция штамма 17237 была похожа на таковую у референтного PAH136, за исключением гена *VP7*, который имел генотип G6. Ближайшими родственниками по гену *VP7* стали РВА человека генотипа G6P[9] из Италии и Японии [51].

Позднее, в 2015–2016 гг., полные генотипы РВА со специфичностью G3P[9] были изучены в США (12US1134) и Южной Корее (CAU12-2-51). Все они демонстрировали новые констелляции генотипов с генами *NSP3* и *NSP4* генотипов T1 и E3 соответственно (табл. 4) [52, 53].

Чтобы понять генетические связи между существующими РВ кошек с эволюционной точки зрения в 2015–2018 гг. вернулись к архивным кошачьим штаммам. Все они имели генотип, идентичный либо штамму AU-1, либо Cat97 [27, 44]. Однако в 2021 г. в Таиланде от 2-летней сиамской кошки был получен штамм Meesuk с генотипом G3P[9] (табл. 4). Генетически наиболее близким РВ для него стал штамм BA222. Meesuk был схож с корейским РВА CAU12-2-51 и отличался от BA222-подобных РВ генотипом E3 для *NSP4*. Гены *VP4*, *VP7*, *NSP1*, *NSP3*, *NSP4* и *NSP5* были связаны с таковыми у AU-1-подобных штаммов РВ человек и кошек, в то время как остальные гены

Таблица 4. Констелляции полных генотипов представителей подгруппы BA222

Table 4. Constellations of full genotypes of representatives of the BA222 subgroup

Штаммы / Strains	Полный генотип / Full genotype										
	VP7	VP4	VP6	VP1	VP2	VP3	NSP1	NSP2	NSP3	NSP4	NSP5
Референтные штаммы / Reference strains											
Cat-wt/ITA/BA222/2005	G3	P[9]	I2	R2	C2	M2	A3	N1	T3	E2	H3
Human-tc/ITA/PAH136/1996	G3	P[9]	I2	R2	C2	M2	A3	N1	T6	E2	H3
Human-tc/ITA/PAI58/1996	G3	P[9]	I2	R2	C2	M2	A3	N2	T6	E2	H3
Штаммы, обладающие новыми комбинациями / Strains with new combinations											
Human-wt/TUN/17237/2008	G6	P[9]	I2	R2	C2	M2	A3	N1	T6	E2	H3
Human-wt/USA/12US1134/2012	G3	P[9]	I2	R2	C2	M2	A3	N2	T1	E2	H3
Cat-wt/JPN/Mie20120017f/2012	G6	P[9]	I2	R2	C2	M2	A3	N2	T3	E3	H3
Cat-wt/JPN/Mie20120022f/2012	G6	P[9]	I2	R2	C2	M2	A3	N2	T3	E3	H3
Human-tc/KOR/CAU12-2-51/2014	G3	P[9]	I2	R2	C2	M2	A3	N2	T3	E3	H3
Human-wt/DEU/GER29-14/2014	G6	P[9]	I2	R2	C2	M2	A3	N2	T3	E2	H3
Cat-wt/THA/Meesuk/2021	G3	P[9]	I2	R2	C2	M2	A3	N2	T3	E3	H3

были похожи на гены DS-1-подобных штаммов РВ человека и крупного рогатого скота [54].

В 2024 г. были определены полные нуклеотидные последовательности генома штаммов РВ генотипа G6P[9] Mie20120017f и Mie20120022f, выделенных в 2012 г. в Японии. Это были первые полученные полные геномы штамма генотипа G6P[9] РВ кошек (табл. 3) Они принадлежали подгруппе ВА222 и отличались генами *VP7* (G6) и *NSP4* (E3) [55].

Позже был изучен штамм GER29-14, обнаруженный у 8-летнего ребенка с острым гастроэнтеритом в Германии в 2014 г. Он имел высокую нуклеотидную идентичность с японскими РВ кошек. Несмотря на отсутствие каких-либо явных контактов с животными в истории болезни этого ребенка, эти результаты свидетельствуют о том, что он был заражен РВ кошек [56]. Таким образом, РВ кошек генотипа G6 могут инфицировать людей во всем мире [55].

Выявление РВА AU-1-подобной геногруппы в России

Штаммы, относящиеся к AU-1-подобной геногруппе, спорадически выявляются на территории Российской Федерации. По данным государственного доклада 2017 г., циркуляция штаммов генотипа G3P[9] отмечалась в разных регионах России в период 2011–2014 и 2015–2016 гг. [57]. В Москве в период 2009–2014 гг. доля РВ генотипа G3P[9] составила 0,5%. В то время как следующие 5 лет, с 2015 по 2020 г., штаммы с генотипом G3P[9] отсутствовали в московской популяции РВ. О циркуляции штаммов генотипов G3P[3] и G6P[9] на территории Москвы не упоминалось [58]. В Западной Сибири (Новосибирск, Омск) в 2007–2011 гг. в отдельных случаях были обнаружены штаммы генотипа G3P[9] [59]. Однако в этих исследованиях изучение AU-1-подобных РВ в рамках полного генотипа не проводилось.

В Нижнем Новгороде первые упоминания о выявлении AU-1-подобных РВА датируются 1992 г. Первое исследование штаммов РВА человека, подобных РВ кошек, на основе полного генотипа было проведено в 2023 г. Были изучены 3 штамма (два – G3P[9], один – G6P[9]), выявленные в период 2016–2018 гг., с нехарактерными для Wa- и DS-1-подобных геногрупп, «широкими», ЭФ-типами РНК. Они имели медленно мигрирующий 5-й сегмент, быстро мигрирующие 6-й и 11-й сегменты геномной РНК. Штаммы были изучены с помощью частичного нуклеотидного секвенирования всех генов (табл. 5) [60].

По результатам филогенетического анализа исследуемые изоляты оказались наиболее близки итальянскому кошачьему РВА ВА222. Каждый штамм имел по 10 общих генов с представителями подгруппы ВА222 и отличался по генам *VP7* и/или *NSP4*, в зависимости от генотипа. Дивергентные гены *NSP4* (G3P[9], G6P[9]) и *VP7* (G6P[9]) нижегородских изолятов РВА имели другие генотипы. Ген *NSP4* штаммов генотипов G3P[9] и G6P[9] обладал генотипом E3 и был сходен с таковым у других нижегородских РВ генотипов G6P[9] и G3P[9], выявленных ранее в 2015 и 2016 гг.,

но не изученных на основе полного генотипа, а также у штаммов из Японии. Ген *VP7* штамма G6P[9] показал родство с РВ генотипа G6 из Нижнего Новгород (2015 г.), Италии (2011 г.) и Туниса (2008 г.) [60].

Конstellация нижегородского РВА генотипа G6P[9] была гомологична таковой у РВ кошек Mie20120017f и Mie20120022f, исследованных в 2024 г. в Японии [55].

Позднее, в 2024 г., в ходе изучения ротавирусной популяции Нижнего Новгорода в период 2021–2022 гг. было обнаружено еще 4 штамма генотипа G3P[9] и два – G2P[4]. Они имели такие же необычные ЭФ-типы, как и РВ 2016–2018 гг. Для них были установлены полные геномные конstellации (табл. 5). По итогам филогенетического анализа 4 штамма генотипа G3P[9] 2021–2022 гг. на 99,7–100,0% были сходны по всем генам с изолятами G3P[9] 2016–2018 гг. Они разделяли 10 генов (*VP1–VP4*, *VP6*, *VP7*, *NSP1*, *NSP2*, *NSP3*, *NSP5/6*) с прототипными РВА подгруппы ВА222. Дивергентный ген *NSP4* имел генотип E3 [61].

Подобная конstellация генотипов выявлялась у РВ человека CAU-12-2-51 в Южной Корее в 2015–2016 гг., а также у РВ кошек Meesuk, выявленного в Таиланде в 2021 г. [54].

Помимо штаммов со специфичностью G3P[9] и G6P[9], на территории Нижнего Новгорода были выявлены РВ генотипа G2P[4], имеющие родство с РВА кошек (табл. 5). Гены *VP1–VP3*, *VP6*, *NSP1–NSP5/6* у одного из них и *VP1–VP3*, *VP6*, *NSP1–NSP3* у второго были общими с прототипными РВА подгруппы ВА222. Остальные гены (а именно *VP4*, *VP7* и в случае одного штамма *NSP4* и *NSP5/6*) обладали другими генотипами (G2, P[4], E3 и H3). В России и в мире сообщений о выявлении аналогичных AU-1-подобных штаммов генотипа G2P[4] ранее не было отмечено. По всем генам, как по ВА222-, так и по DS-1-подобным, данные штаммы имели ближайших родственников из Нижнего Новгорода, что позволяет предположить их локальное происхождение [61].

Таким образом, на территории Нижнего Новгорода спорадически циркулируют AU-1-подобные штаммы, в основном генотипа G3P[9], реже – G6P[9]. Выявленные за период 2016–2022 гг. нижегородские РВ генотипа G3P[9] (6 штаммов) и G6P[9] (1 штамм) принадлежали к подгруппе ВА222. Помимо этого, в процессе 6-летней циркуляции нижегородские представители подгруппы ВА222, вероятно, стали участниками событий реассортации внутри популяции РВ. Это привело к появлению AU-1-подобных штаммов генотипа G2P[4].

Заключение

Накопленная за многие годы информация о генетических и серологических особенностях штаммов внутри AU-1-подобной геногруппы РВА, позволила разделить ее на 3 разнородные подгруппы в соответствии с референтными штаммами AU-1, Cat97 и ВА222. Широкое геномное разнообразие внутри подгрупп отражает генетическую изменчивость AU-1-подобных РВ и их потенциал для широкого распространения в популяции людей.

Во всем мире AU-1-подобные РВА активно изучаются на основе полного гено типа. Однако на территории Российской Федерации подобные исследования не распространены. В Нижнем Новгороде были изучены AU-1-подобные РВ генотипов G2P[4], G3P[9], G6P[9], выявленные в 2016–2022 гг. Было показано, что они являлись представителями подгруппы ВА222. Других исследований AU-1-подобных РВ на основе полного гено типа в России не отмечено.

Тот факт, что штаммы РВА кошек и собак вместе с РВА человека входят в состав третьей гено группы, говорит об их активной межвидовой передаче. Из-за длительного процесса одомашнивания кошки и собаки могли стать резервуаром для генерации реассортантных РВ. Изучение таких вирусов имеет значение для ответа на вопрос о происхождении новых штаммов РВ человека, что актуально в контексте широкого применения ротавирусных вакцин в мире.

ЛИТЕРАТУРА

- Estes M.K., Kapikian A.Z. Rotaviruses. In: Fields B.N., Knipe D.M., Howley P.M., eds. *Fields Virology*. Philadelphia: Wolters Kluwer Health/Lippincott Williams & Wilkins; 2007: 1917–73.
- Palombo E.A. Genetic analysis of Group A rotaviruses: evidence for interspecies transmission of rotavirus genes. *Virus Genes*. 2002; 24(1): 11–20. <https://doi.org/10.1023/a:1014073618253>
- KU Leuven. Rotavirus classification working group: RCWG; 2024. Available at: <https://rega.kuleuven.be/cev/viralmetagenomics/virus-classification/rcwg>
- Matthijnssens J., Heylen E., Zeller M., Rahman M., Lemey P., Van Ranst M. Phylogenetic analyses of rotavirus genotypes G9 and G12 underscore their potential for swift global spread. *Mol. Biol. Evol.* 2010; 27(10): 2431–6. <https://doi.org/10.1093/molbev/msq137>
- Sashina T.A., Morozova O.V., Epifanova N.V., Novikova N.A. Predominance of new G9P[8] rotaviruses closely related to Turkish strains in Nizhny Novgorod (Russia). *Arch. Virol.* 2017; 162(8): 2387–92. <https://doi.org/10.1007/s00705-017-3364-7>
- Martella V., Bányai K., Matthijnssens J., Buonavoglia C., Ciarlet M. Zoonotic aspects of rotaviruses. *Vet. Microbiol.* 2010; 140(3–4): 246–55. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2009.08.028>
- Martella V., Ciarlet M., Camarda A., Pratelli A., Tempesta M., Greco G., et al. Molecular characterization of the VP4, VP6, VP7, and NSP4 genes of lapine rotaviruses identified in Italy: emergence of a novel VP4 genotype. *Virology*. 2003; 314(1): 358–70. [https://doi.org/10.1016/s0042-6822\(03\)00418-5](https://doi.org/10.1016/s0042-6822(03)00418-5)
- Wang Y.H., Pang B.B., Zhou X., Ghosh S., Tang W.F., Peng J.S. et al. Complex evolutionary patterns of two rare human G3P[9] rotavirus strains possessing a feline/canine-like H6 genotype on an AU-1-like genotype constellation. *Infect. Genet. Evol.* 2013; 16: 103–12. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2013.01.016>
- Nakagomi O., Nakagomi T., Oyamada H., Suto T. Relative frequency of human rotavirus subgroups 1 and 2 in Japanese children with acute gastroenteritis. *J. Med. Virol.* 1985; 17(1): 29–34. <https://doi.org/10.1002/jmv.1890170105>
- Matthijnssens J., Ciarlet M., Rahman M., Attoui H., Bányai K., Estes M.K., et al. Recommendations for the classification of group A rotaviruses using all 11 genomic RNA segments. *Arch. Virol.* 2008; 153(8): 1621–9. <https://doi.org/10.1007/s00705-008-0155-1>
- Iturriza Gómara M., Wong C., Blome S., Desselberger U., Gray J. Molecular characterization of VP6 genes of human rotavirus isolates: correlation of genogroups with subgroups and evidence of independent segregation. *J. Virol.* 2002; 76(13): 6596–601. <https://doi.org/10.1128/jvi.76.13.6596-601.2002>
- Nakagomi O., Nakagomi T., Akatani K., Ikegami N. Identification of rotavirus genogroups by RNA-RNA hybridization. *Mol. Cell. Probes*. 1989; 3(3): 251–61. [https://doi.org/10.1016/0890-8508\(89\)90006-6](https://doi.org/10.1016/0890-8508(89)90006-6)
- Heiman E.M., McDonald S.M., Barro M., Taraporewala Z.F., Bar-Magen T., Patton J.T. Group A human rotavirus genomics: evidence that gene constellations are influenced by viral protein interactions. *J. Virol.* 2008; 82(22): 11106–16. <https://doi.org/10.1128/JVI.01402-08>
- Uprety T., Wang D., Li F. Recent advances in rotavirus reverse genetics and its utilization in basic research and vaccine development. *Arch. Virol.* 2021; 166(9): 2369–86. <https://doi.org/10.1007/s00705-021-05142-7>
- Новикова Н.А., Пономарева Н.В., Новиков Д.В., Прилипов А.Г., Епифанова Н.В., Голицына Л.Н. Анализ нуклеотидных последовательностей гена NSP4 ротавирусов группы А, изолированных в Нижнем Новгороде. *Вопросы вирусологии*. 2008; 53(6): 35–9. <https://elibrary.ru/kaxfub>
- Komoto S., Tacharoenuang R., Guntapong R., Ide T., Tsuji T., Yoshikawa T., et al. Reassortment of human and animal rotavirus gene segments in emerging DS-1-Like G1P[8] rotavirus strains. *PLoS One*. 2016; 11(2): e0148416. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0148416>
- Morozova O.V., Sashina T.A., Epifanova N.V., Velikzhanina E.I., Novikova N.A. Phylogenetic characteristics of reassortant DS-1-like G3P[8]-strains of rotavirus type A isolated in Nizhny Novgorod (Russia). *Braz. J. Microbiol.* 2023; 54(4): 2867–77. <https://doi.org/10.1007/s42770-023-01155-3>
- Nakagomi T., Nakagomi O. RNA-RNA hybridization identifies a human rotavirus that is genetically related to feline rotavirus. *J. Virol.* 1989; 63(3): 1431–4. <https://doi.org/10.1128/JVI.63.3.1431-1434.1989>
- Flores J., Perez-Schael I., Boeggeman E., White L., Perez M., Purcell R., et al. Genetic relatedness among human rotaviruses. *J. Med. Virol.* 1985; 17(2): 135–43. <https://doi.org/10.1002/jmv.1890170206>
- Espejo R.T., Calderón E., González N., Salomon A., Martuscelli A., Romero P. Presence of two distinct types of rotavirus in infants and young children hospitalized with acute gastroenteritis in Mexico City, 1977. *J. Infect. Dis.* 1979; 139(4): 474–7. <https://doi.org/10.1093/infdis/139.4.474>
- Greenberg H., McAuliffe V., Valdesuso J., Wyatt R., Flores J., Kalica A., et al. Serological analysis of the subgroup protein of rotavirus, using monoclonal antibodies. *Infect. Immun.* 1983; 39(1): 91–9. <https://doi.org/10.1128/iai.39.1.91-99.1983>
- Urasawa S., Urasawa T., Taniguchi K. Genetic reassortment between two human rotaviruses having different serotype and subgroup specificities. *J. Gen. Virol.* 1986; 67(Pt. 8): 1551–9. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-67-8-1551>
- Nakagomi T., Katsushima N., Nakagomi O. Relative frequency of human rotavirus subgroups I and II in relation to “short” and “long” electrophoretotypes of viral RNA. *Ann. Inst. Pasteur Virol.* 1988; 139(3): 295–300. [https://doi.org/10.1016/s0769-2617\(88\)80043-1](https://doi.org/10.1016/s0769-2617(88)80043-1)
- Nakagomi O., Isegawa Y., Ueda S., Gerna G., Sarasini A., Kaga E., et al. Nucleotide sequence comparison of the VP8* gene of rotaviruses possessing the AU-1 gene 4 allele. *J. Gen. Virol.* 1993; 74(Pt. 8): 1709–13. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-74-8-1709>
- Nakagomi O., Nakagomi T. Genetic diversity and similarity among mammalian rotaviruses in relation to interspecies transmission of rotavirus. *Arch. Virol.* 1991; 120(1–2): 43–55. <https://doi.org/10.1007/BF01310948>
- Matthijnssens J., Van Ranst M. Genotype constellation and evolution of group A rotaviruses infecting humans. *Curr. Opin. Virol.* 2012; 2(4): 426–33. <https://doi.org/10.1016/j.coviro.2012.04.007>
- Gauchan P., Sasaki E., Nakagomi T., Do L.P., Doan Y.H., Mochizuki M., et al. Whole genotype constellation of prototype feline rotavirus strains FRV-1 and FRV64 and their phylogenetic relationships with feline-like human rotavirus strains. *J. Gen. Virol.* 2015; 96(Pt. 2): 338–50. <https://doi.org/10.1099/vir.0.070771-0>
- Mochizuki M., Nakagomi O., Shibata S. Hemagglutinin activity of two distinct genogroups of feline and canine rotavirus strains. *Arch. Virol.* 1992; 122(3–4): 373–81. <https://doi.org/10.1007/BF01317199>
- De Grazia S., Giammanco G.M., Potgieter C.A., Matthijnssens J., Banyai K., Platia M.A., et al. Unusual assortment of segments in 2 rare human rotavirus genomes. *Emerg. Infect. Dis.* 2010; 16(5): 859–62. <https://doi.org/10.3201/eid1605.091826>
- Martella V.A., Potgieter C., Lorusso E., De Grazia S., Giammanco G.M., Matthijnssens J., et al. A feline rotavirus G3P[9] carries traces of multiple reassortment events and resembles rare human G3P[9] rotaviruses. *J. Gen. Virol.* 2011; 92(Pt. 5): 1214–21. <https://doi.org/10.1099/vir.0.027425-0>
- Wang Y.H., Pang B.B., Zhou X., Ghosh S., Tang W.F., Peng J.S., et al. Complex evolutionary patterns of two rare human G3P[9] rotavirus strains possessing a feline/canine-like H6 genotype on an AU-1-like genotype constellation. *Infect. Genet. Evol.* 2013; 16: 103–12. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2013.01.016>
- Theamboonlers A., Maiklang O., Thongmee T., Chieochansin T., Vuthitanachot V., Poovorawan Y. Complete genome analysis of a

- rare human G3P[9] rotavirus posing as an AU-1 like strain. *Springerplus*. 2013; 2: 569. <https://doi.org/10.1186/2193-1801-2-569>
33. Nguyen T.H., Than V.T., Thanh H.D., Kim W. Evidence of multiple reassortment events of feline-to-human rotaviruses based on a rare human G3P[9] rotavirus isolated from a patient with acute gastroenteritis. *Comp. Immunol. Microbiol. Infect. Dis.* 2016; 46: 53–9. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2016.04.003>
 34. Fukuda Y., Kaoru A., Megumi H., Yuji Y., Shuhe A., Saho H., et al. Sequence analysis of a feline- and porcine-origin G3P[9] rotavirus A strain in a child with acute gastroenteritis in Japan. *Arch. Virol.* 2023; 168(2): 45. <https://doi.org/10.1007/s00705-022-05685-3>
 35. Martella V., Pratelli A., Greco G., Gentile M., Fiorente P., Tempesta M., et al. Nucleotide sequence variation of the VP7 gene of two G3-type rotaviruses isolated from dogs. *Virus Res.* 2001; 74(1-2): 17–25. [https://doi.org/10.1016/s0168-1702\(00\)00230-6](https://doi.org/10.1016/s0168-1702(00)00230-6)
 36. Lee J.B., Youn S.J., Nakagomi T., Park S.Y., Kim T.J., Song C.S., et al. Isolation, serologic and molecular characterization of the first G3 caprine rotavirus. *Arch. Virol.* 2003; 148(4): 643–57. <https://doi.org/10.1007/s00705-002-0963-7>
 37. Matthijnssens J., De Grazia S., Piessens J., Heylen E., Zeller M., Giammanco G.M., et al. Multiple reassortment and interspecies transmission events contribute to the diversity of feline, canine and feline/canine-like human group A rotavirus strains. *Infect. Genet. Evol.* 2011; 11(6): 1396–406. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2011.05.007>
 38. Miño S., Matthijnssens J., Badaracco A., Garaicoechea L., Zeller M., Heylen E., et al. Equine G3P[3] rotavirus strain E3198 related to simian RRV and feline/canine-like rotaviruses based on complete genome analyses. *Vet. Microbiol.* 2013; 161(3-4): 239–46. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2012.07.033>
 39. He B., Yang F., Yang W., Zhang Y., Feng Y., Zhou J., et al. Characterization of a novel G3P[3] rotavirus isolated from a lesser horseshoe bat: a distant relative of feline/canine rotaviruses. *J. Virol.* 2013; 87(22): 12357–66. <https://doi.org/10.1128/JVI.02013-13>
 40. Papp H., Mihalov-Kovács E., Dóro R., Marton S., Farkas S.L., Giammanco G.M., et al. Full-genome sequencing of a Hungarian canine G3P[3] Rotavirus A strain reveals high genetic relatedness with a historic Italian human strain. *Virus Genes.* 2015; 50(2): 310–5. <https://doi.org/10.1007/s11262-014-1163-8>
 41. Dong H., Qian Y., Nong Y., Zhang Y., Mo Z., Li R. Genomic characterization of an unusual human G3P[3] rotavirus with multiple cross-species reassortment. *Bing Du Xue Bao.* 2016; 32(2): 129–40. (in Chinese)
 42. Sasaki M., Orba Y., Sasaki S., Gonzalez G., Ishii A., Hang'ombe B.M., et al. Multi-reassortant G3P[3] group A rotavirus in a horseshoe bat in Zambia. *J. Gen. Virol.* 2016; 97(10): 2488–93. <https://doi.org/10.1099/jgv.0.000591>
 43. Okitsu S., Hikita T., Thongprachum A., Khamrin P., Takanashi S., Hayakawa S., et al. Detection and molecular characterization of two rare G8P[14] and G3P[3] rotavirus strains collected from children with acute gastroenteritis in Japan. *Infect. Genet. Evol.* 2018; 62: 95–108. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2018.04.011>
 44. Nakagomi T., Agbemabiese C.A., Nakagomi O. Full genotype constellations of six feline Rotavirus A strains isolated in Japan in the 1990s including a rare A15 NSP1 genotype. *Arch. Virol.* 2018; 163(8): 2257–60. <https://doi.org/10.1007/s00705-018-3835-5>
 45. Charoenkul K., Janetanakit T., Bunpapong N., Boonyapitsopa S., Tangwangvivat R., Suwannakarn K., et al. Molecular characterization identifies intra-host recombination and zoonotic potential of canine rotavirus among dogs from Thailand. *Transbound. Emerg. Dis.* 2021; 68(3): 1240–52. <https://doi.org/10.1111/tbed.13778>
 46. Azevedo L.S., Costa F.F., Ghani M.B.A., Viana E., França Y., Medeiros R.S., et al. Full genotype characterization of Brazilian canine G3P[3] strains during a 10-year survey (2012–2021) of rotavirus infection in domestic dogs and cats. *Arch. Virol.* 2023; 168(7): 176. <https://doi.org/10.1007/s00705-023-05807-5>
 47. Chamsai E., Charoenkul K., Udom K., Jirak W., Chaiyawong S., Amonsin A. Genetic characterization and evidence for multiple reassortments of rotavirus A G3P[3] in dogs and cats in Thailand. *Front. Vet. Sci.* 2024; 11: 1415771. <https://doi.org/10.3389/fvets.2024.1415771>
 48. Bányai K., Martella V., Molnár P., Mihály I., Van Ranst M., Matthijnssens J. Genetic heterogeneity in human G6P[14] rotavirus strains detected in Hungary suggests independent zoonotic origin. *J. Infect.* 2009; 59(3): 213–5. <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2009.06.009>
 49. Nordgren J., Nitiema L.W., Sharma S., Ouermi D., Traore A.S., Simpre J., et al. Emergence of unusual G6P[6] rotaviruses in children, Burkina Faso, 2009–2010. *Emerg. Infect. Dis.* 2012; 18(4): 589–97. <https://doi.org/10.3201/eid1804.110973>
 50. Ndze V.N., Esona M.D., Achidi E.A., Gonsu K.H., Doru R., Marton S., et al. Full genome characterization of human Rotavirus A strains isolated in Cameroon, 2010–2011: diverse combinations of the G and P genes and lack of reassortment of the backbone genes. *Infect. Genet. Evol.* 2014; 28: 537–60. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2014.10.009>
 51. Ben Hadj Fredj M., Heylen E., Zeller M., Fodha I., Benhamida-Rebai M., Van Ranst M., et al. Feline origin of rotavirus strain, Tunisia, 2008. *Emerg. Infect. Dis.* 2013; 19(4): 630–4. <https://doi.org/10.3201/eid1904.121383>
 52. Mijatovic-Rustempasic S., Roy S., Sturgeon M., Rungsisuriyachai K., Esona M.D., Degroot D., et al. Full-genome sequence of a rare human G3P[9] rotavirus strain. *Genome Announc.* 2014; 2(2): e00143-14. <https://doi.org/10.1128/genomeA.00143-14>
 53. Jeong S., Than V.T., Lim I., Kim W. Whole-genome analysis of a rare human Korean G3P[9] rotavirus strain suggests a complex evolutionary origin potentially in evolving reassortment events between feline and bovine rotaviruses. *PLoS One.* 2014; 9(5): e97127. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0097127>
 54. Lestari F.B., Chandranoi K., Chuchaona W., Vongpunsawad S., Poovorawan Y. A G3P[9] rotavirus strain with an unusual genome constellation in a diarrheic cat in Thailand. *Arch. Virol.* 2023; 168(1): 24. <https://doi.org/10.1007/s00705-022-05641-1>
 55. Fukuda Y., Kusuhara H., Takai-Todaka R., Haga K., Katayama K., Tsugawa T. Human transmission and outbreaks of feline-like G6 rotavirus revealed with whole-genome analysis of G6P[9] feline rotavirus. *J. Med. Virol.* 2024; 96(4): e29565. <https://doi.org/10.1002/jmv.29565>
 56. Pietsch C., Liebert U.G. Evidence for presumable feline origin of sporadic G6P[9] rotaviruses in humans. *Infect. Genet. Evol.* 2018; 63: 180–94. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2018.05.030>
 57. Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2017 году». М.; 2018.
 58. Kiseleva V., Faizuloev E., Meskina E., Marova A., Oksanich A., Samartseva T., et al. Molecular-genetic characterization of human rotavirus A strains circulating in Moscow, Russia (2009–2014). *Virol. Sin.* 2018; 33(4): 304–13. <https://doi.org/10.1007/s12250-018-0043-0>
 59. Жираковская Е.В., Аксанова Р.Х., Горбунова М.Г., Тикуннов А.Ю., Курильщикова А.М., Соколов С.Н. и др. Генетическое разнообразие изолятов ротавирусов группы А, выявленных в Западной Сибири в 2007–2011 гг. *Молекулярная генетика, микробиология и вирусология.* 2012; (4): 33–41. <https://elibrary.ru/rbgqib>
 60. Sashina T.A., Velikzhanina E.I., Morozova O.V., Epifanova N.V., Novikova N.A. Detection and full-genotype characterization of rare and reassortant rotavirus A strains in Nizhny Novgorod, European part of Russia. *Arch. Virol.* 2023; 168(8): 215. <https://doi.org/10.1007/s00705-023-05838-y>
 61. Великжанина Е.И., Сашина Т.А., Морозова О.В., Епифанова Н.В., Новикова Н.А. Варибельность генов неструктурных белков ротавируса А (Reoviridae: Rotavirus: Rotavirus А) генотипа G9P[8] в период доминирования на территории Нижнего Новгорода (центральная часть России) (2011–2020). *Вопросы вирусологии.* 2022; 67(6): 475–86. <https://doi.org/10.36233/0507-4088-143> <https://elibrary.ru/oeuvma>

REFERENCES

1. Estes M.K., Kapikian A.Z. Rotaviruses. In: Fields B.N., Knipe D.M., Howley P.M., eds. *Fields' Virology*. Philadelphia: Wolters Kluwer Health/Lippincott Williams & Wilkins; 2007: 1917–73.
2. Palombo E.A. Genetic analysis of Group A rotaviruses: evidence for interspecies transmission of rotavirus genes. *Virus Genes.* 2002; 24(1): 11–20. <https://doi.org/10.1023/a:1014073618253>
3. KU Leuven. Rotavirus classification working group: RCWG; 2024. Available at: <https://rega.kuleuven.be/cev/viralmetagenomics/virus-classification/rcwg>
4. Matthijnssens J., Heylen E., Zeller M., Rahman M., Lemey P., Van Ranst M. Phylodynamic analyses of rotavirus genotypes G9 and G12 underscore their potential for swift global spread. *Mol. Biol. Evol.* 2010; 27(10): 2431–6. <https://doi.org/10.1093/molbev/msq137>
5. Sashina T.A., Morozova O.V., Epifanova N.V., Novikova N.A. Predominance of new G9P[8] rotaviruses closely related to Turkish strains in Nizhny Novgorod (Russia). *Arch. Virol.* 2017; 162(8): 2387–92. <https://doi.org/10.1007/s00705-017-3364-7>
6. Martella V., Bányai K., Matthijnssens J., Buonavoglia C., Ciarlet M. Zoonotic aspects of rotaviruses. *Vet. Microbiol.* 2010; 140(3-4): 246–55. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2009.08.028>

7. Martella V., Ciarlet M., Camarda A., Pratelli A., Tempesta M., Greco G., et al. Molecular characterization of the VP4, VP6, VP7, and NSP4 genes of lapine rotaviruses identified in Italy: emergence of a novel VP4 genotype. *Virology*. 2003; 314(1): 358–70. [https://doi.org/10.1016/s0042-6822\(03\)00418-5](https://doi.org/10.1016/s0042-6822(03)00418-5)
8. Wang Y.H., Pang B.B., Zhou X., Ghosh S., Tang W.F., Peng J.S. et al. Complex evolutionary patterns of two rare human G3P[9] rotavirus strains possessing a feline/canine-like H6 genotype on an AU-1-like genotype constellation. *Infect. Genet. Evol.* 2013; 16: 103–12. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2013.01.016>
9. Nakagomi O., Nakagomi T., Oyamada H., Suto T. Relative frequency of human rotavirus subgroups 1 and 2 in Japanese children with acute gastroenteritis. *J. Med. Virol.* 1985; 17(1): 29–34. <https://doi.org/10.1002/jmv.1890170105>
10. Matthijnsens J., Ciarlet M., Rahman M., Attoui H., Bányai K., Estes M.K., et al. Recommendations for the classification of group A rotaviruses using all 11 genomic RNA segments. *Arch. Virol.* 2008; 153(8): 1621–9. <https://doi.org/10.1007/s00705-008-0155-1>
11. Iturriza Gómara M., Wong C., Blome S., Desselberger U., Gray J. Molecular characterization of VP6 genes of human rotavirus isolates: correlation of genogroups with subgroups and evidence of independent segregation. *J. Virol.* 2002; 76(13): 6596–601. <https://doi.org/10.1128/jvi.76.13.6596-6601.2002>
12. Nakagomi O., Nakagomi T., Akatani K., Ikegami N. Identification of rotavirus genogroups by RNA-RNA hybridization. *Mol. Cell. Probes*. 1989; 3(3): 251–61. [https://doi.org/10.1016/0890-8508\(89\)90006-6](https://doi.org/10.1016/0890-8508(89)90006-6)
13. Heiman E.M., McDonald S.M., Barro M., Taraporewala Z.F., Bar-Magen T., Patton J.T. Group A human rotavirus genomics: evidence that gene constellations are influenced by viral protein interactions. *J. Virol.* 2008; 82(22): 11106–16. <https://doi.org/10.1128/JVI.01402-08>
14. Uprety T., Wang D., Li F. Recent advances in rotavirus reverse genetics and its utilization in basic research and vaccine development. *Arch. Virol.* 2021; 166(9): 2369–86. <https://doi.org/10.1007/s00705-021-05142-7>
15. Novikova N.A., Ponomareva N.V., Novikov D.V., Prilipov A.G., Yepifanova N.V., Golitsyna L.N. Nucleotide sequence analysis of the NSP4 gene from group A rotavirus-es isolated in Nizhny Novgorod. *Voprosy virusologii*. 2008; 53(6): 35–9. <https://elibrary.ru/kaxfub> (In Russian)
16. Komoto S., Tacharoenmuang R., Guntapong R., Ide T., Tsuji T., Yoshikawa T., et al. Reassortment of human and animal rotavirus gene segments in emerging DS-1-Like G1P[8] rotavirus strains. *PLoS One*. 2016; 11(2): e0148416. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0148416>
17. Morozova O.V., Sashina T.A., Epifanova N.V., Velikzhanina E.I., Novikova N.A. Phylodynamic characteristics of reassortant DS-1-like G3P[8]-strains of rotavirus type A isolated in Nizhny Novgorod (Russia). *Braz. J. Microbiol.* 2023; 54(4): 2867–77. <https://doi.org/10.1007/s42770-023-01155-3>
18. Nakagomi T., Nakagomi O. RNA-RNA hybridization identifies a human rotavirus that is genetically related to feline rotavirus. *J. Virol.* 1989; 63(3): 1431–4. <https://doi.org/10.1128/JVI.63.3.1431-1434.1989>
19. Flores J., Perez-Schael I., Boeggeman E., White L., Perez M., Purcell R., et al. Genetic relatedness among human rotaviruses. *J. Med. Virol.* 1985; 17(2): 135–43. <https://doi.org/10.1002/jmv.1890170206>
20. Espejo R.T., Calderón E., González N., Salomon A., Martuscelli A., Romero P. Presence of two distinct types of rotavirus in infants and young children hospitalized with acute gastroenteritis in Mexico City, 1977. *J. Infect. Dis.* 1979; 139(4): 474–7. <https://doi.org/10.1093/infdis/139.4.474>
21. Greenberg H., McAuliffe V., Valdesuso J., Wyatt R., Flores J., Kalica A., et al. Serological analysis of the subgroup protein of rotavirus, using monoclonal antibodies. *Infect. Immun.* 1983; 39(1): 91–9. <https://doi.org/10.1128/iai.39.1.91-99.1983>
22. Urasawa S., Urasawa T., Taniguchi K. Genetic reassortment between two human rotaviruses having different serotype and subgroup specificities. *J. Gen. Virol.* 1986; 67(Pt. 8): 1551–9. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-67-8-1551>
23. Nakagomi T., Katsushima N., Nakagomi O. Relative frequency of human rotavirus subgroups I and II in relation to “short” and “long” electropherotypes of viral RNA. *Ann. Inst. Pasteur Virol.* 1988; 139(3): 295–300. [https://doi.org/10.1016/s0769-2617\(88\)80043-1](https://doi.org/10.1016/s0769-2617(88)80043-1)
24. Nakagomi O., Isegawa Y., Ueda S., Gerna G., Sarasini A., Kaga E., et al. Nucleotide sequence comparison of the VP8* gene of rotaviruses possessing the AU-1 gene 4 allele. *J. Gen. Virol.* 1993; 74(Pt. 8): 1709–13. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-74-8-1709>
25. Nakagomi O., Nakagomi T. Genetic diversity and similarity among mammalian rotaviruses in relation to interspecies transmission of rotavirus. *Arch. Virol.* 1991; 120(1-2): 43–55. <https://doi.org/10.1007/BF01310948>
26. Matthijnsens J., Van Ranst M. Genotype constellation and evolution of group A rotaviruses infecting humans. *Curr. Opin. Virol.* 2012; 2(4): 426–33. <https://doi.org/10.1016/j.coviro.2012.04.007>
27. Gauchan P., Sasaki E., Nakagomi T., Do L.P., Doan Y.H., Mochizuki M., et al. Whole genotype constellation of prototype feline rotavirus strains FRV-1 and FRV64 and their phylogenetic relationships with feline-like human rotavirus strains. *J. Gen. Virol.* 2015; 96(Pt. 2): 338–50. <https://doi.org/10.1099/vir.0.070771-0>
28. Mochizuki M., Nakagomi O., Shibata S. Hemagglutinin activity of two distinct genogroups of feline and canine rotavirus strains. *Arch. Virol.* 1992; 122(3-4): 373–81. <https://doi.org/10.1007/BF01317199>
29. De Grazia S., Giammanco G.M., Potgieter C.A., Matthijnsens J., Banyai K., Platia M.A., et al. Unusual assortment of segments in 2 rare human rotavirus genomes. *Emerg. Infect. Dis.* 2010; 16(5): 859–62. <https://doi.org/10.3201/eid1605.091826>
30. Martella V.A., Potgieter C., Lorusso E., De Grazia S., Giammanco G.M., Matthijnsens J., et al. A feline rotavirus G3P[9] carries traces of multiple reassortment events and resembles rare human G3P[9] rotaviruses. *J. Gen. Virol.* 2011; 92(Pt. 5): 1214–21. <https://doi.org/10.1099/vir.0.027425-0>
31. Wang Y.H., Pang B.B., Zhou X., Ghosh S., Tang W.F., Peng J.S., et al. Complex evolutionary patterns of two rare human G3P[9] rotavirus strains possessing a feline/canine-like H6 genotype on an AU-1-like genotype constellation. *Infect. Genet. Evol.* 2013; 16: 103–12. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2013.01.016>
32. Theamboonlers A., Maiklang O., Thongmee T., Chieochansin T., Vuthitanachot V., Poovorawan Y. Complete genome analysis of a rare human G3P[9] rotavirus posing as an AU-1 like strain. *Springerplus*. 2013; 2: 569. <https://doi.org/10.1186/2193-1801-2-569>
33. Nguyen T.H., Than V.T., Thanh H.D., Kim W. Evidence of multiple reassortment events of feline-to-human rotaviruses based on a rare human G3P[9] rotavirus isolated from a patient with acute gastroenteritis. *Comp. Immunol. Microbiol. Infect. Dis.* 2016; 46: 53–9. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2016.04.003>
34. Fukuda Y., Kaoru A., Megumi H., Yuji Y., Shuhei A., Saho H., et al. Sequence analysis of a feline- and porcine-origin G3P[9] rotavirus A strain in a child with acute gastroenteritis in Japan. *Arch. Virol.* 2023; 168(2): 45. <https://doi.org/10.1007/s00705-022-05685-3>
35. Martella V., Pratelli A., Greco G., Gentile M., Fiorente P., Tempesta M., et al. Nucleotide sequence variation of the VP7 gene of two G3-type rotaviruses isolated from dogs. *Virus Res.* 2001; 74(1-2): 17–25. [https://doi.org/10.1016/s0168-1702\(00\)00230-6](https://doi.org/10.1016/s0168-1702(00)00230-6)
36. Lee J.B., Youn S.J., Nakagomi T., Park S.Y., Kim T.J., Song C.S., et al. Isolation, serologic and molecular characterization of the first G3 caprine rotavirus. *Arch. Virol.* 2003; 148(4): 643–57. <https://doi.org/10.1007/s00705-002-0963-7>
37. Matthijnsens J., De Grazia S., Piessens J., Heylen E., Zeller M., Giammanco G.M., et al. Multiple reassortment and interspecies transmission events contribute to the diversity of feline, canine and feline/canine-like human group A rotavirus strains. *Infect. Genet. Evol.* 2011; 11(6): 1396–406. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2011.05.007>
38. Miño S., Matthijnsens J., Badaracco A., Garaicoechea L., Zeller M., Heylen E., et al. Equine G3P[3] rotavirus strain E3198 related to simian RRV and feline/canine-like rotaviruses based on complete genome analyses. *Vet. Microbiol.* 2013; 161(3-4): 239–46. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2012.07.033>
39. He B., Yang F., Yang W., Zhang Y., Feng Y., Zhou J., et al. Characterization of a novel G3P[3] rotavirus isolated from a lesser horseshoe bat: a distant relative of feline/canine rotaviruses. *J. Virol.* 2013; 87(22): 12357–66. <https://doi.org/10.1128/JVI.02013-13>
40. Papp H., Mihalov-Kovács E., Dóró R., Marton S., Farkas S.L., Giammanco G.M., et al. Full-genome sequencing of a Hungarian canine G3P[3] Rotavirus A strain reveals high genetic relatedness with a historic Italian human strain. *Virus Genes*. 2015; 50(2): 310–5. <https://doi.org/10.1007/s11262-014-1163-8>
41. Dong H., Qian Y., Nong Y., Zhang Y., Mo Z., Li R. Genomic characterization of an unusual human G3P[3] rotavirus with multiple cross-species reassortment. *Bing Du Xue Bao*. 2016; 32(2): 129–40. (in Chinese)
42. Sasaki M., Orba Y., Sasaki S., Gonzalez G., Ishii A., Hang’ombe B.M., et al. Multi-reassortant G3P[3] group A rotavirus in a horseshoe bat in Zambia. *J. Gen. Virol.* 2016; 97(10): 2488–93. <https://doi.org/10.1099/jgv.0.000591>
43. Okitsu S., Hikita T., Thongprachum A., Khamrin P., Takanashi S.,

- Hayakawa S., et al. Detection and molecular characterization of two rare G8P[14] and G3P[3] rotavirus strains collected from children with acute gastroenteritis in Japan. *Infect. Genet. Evol.* 2018; 62: 95–108. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2018.04.011>
44. Nakagomi T., Agbemabiese C.A., Nakagomi O. Full genotype constellations of six feline Rotavirus A strains isolated in Japan in the 1990s including a rare A15 NSP1 genotype. *Arch. Virol.* 2018; 163(8): 2257–60. <https://doi.org/10.1007/s00705-018-3835-5>
 45. Charoenkul K., Janetanakit T., Bunpapong N., Boonyapisitsopa S., Bangwangvivat R., Suwannakarn K., et al. Molecular characterization identifies intra-host recombination and zoonotic potential of canine rotavirus among dogs from Thailand. *Transbound. Emerg. Dis.* 2021; 68(3): 1240–52. <https://doi.org/10.1111/tbed.13778>
 46. Azevedo L.S., Costa F.F., Ghani M.B.A., Viana E., França Y., Medeiros R.S., et al. Full genotype characterization of Brazilian canine G3P[3] strains during a 10-year survey (2012–2021) of rotavirus infection in domestic dogs and cats. *Arch. Virol.* 2023; 168(7): 176. <https://doi.org/10.1007/s00705-023-05807-5>
 47. Chamsai E., Charoenkul K., Udom K., Jairak W., Chaiyawong S., Amonsai A. Genetic characterization and evidence for multiple reassortments of rotavirus AG3P[3] in dogs and cats in Thailand. *Front. Vet. Sci.* 2024; 11: 1415771. <https://doi.org/10.3389/fvets.2024.1415771>
 48. Bányai K., Martella V., Molnár P., Mihály I., Van Ranst M., Matthijns J. Genetic heterogeneity in human G6P[14] rotavirus strains detected in Hungary suggests independent zoonotic origin. *J. Infect.* 2009; 59(3): 213–5. <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2009.06.009>
 49. Nordgren J., Nitiema L.W., Sharma S., Ouermi D., Traore A.S., Simpore J., et al. Emergence of unusual G6P[6] rotaviruses in children, Burkina Faso, 2009–2010. *Emerg. Infect. Dis.* 2012; 18(4): 589–97. <https://doi.org/10.3201/eid1804.110973>
 50. Ndze V.N., Esona M.D., Achidi E.A., Gonsu K.H., Doro R., Marton S., et al. Full genome characterization of human Rotavirus A strains isolated in Cameroon, 2010–2011: diverse combinations of the G and P genes and lack of reassortment of the backbone genes. *Infect. Genet. Evol.* 2014; 28: 537–60. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2014.10.009>
 51. Ben Hadj Fredj M., Heylen E., Zeller M., Fodha I., Benhamida-Rebai M., Van Ranst M., et al. Feline origin of rotavirus strain, Tunisia, 2008. *Emerg. Infect. Dis.* 2013; 19(4): 630–4. <https://doi.org/10.3201/eid1904.121383>
 52. Mijatovic-Rustempasic S., Roy S., Sturgeon M., Rungsriruyachai K., Esona M.D., Degroot D., et al. Full-genome sequence of a rare human G3P[9] rotavirus strain. *Genome Announc.* 2014; 2(2): e00143-14. <https://doi.org/10.1128/genomeA.00143-14>
 53. Jeong S., Than V.T., Lim I., Kim W. Whole-genome analysis of a rare human Korean G3P[9] rotavirus strain suggests a complex evolutionary origin potentially in evolving reassortment events between feline and bovine rotaviruses. *PLoS One.* 2014; 9(5): e97127. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0097127>
 54. Lestari F.B., Chandranoi K., Chuchaona W., Vongpunsawad S., Poovorawan Y. A G3P[9] rotavirus strain with an unusual genome constellation in a diarrheic cat in Thailand. *Arch. Virol.* 2023; 168(1): 24. <https://doi.org/10.1007/s00705-022-05641-1>
 55. Fukuda Y., Kusuhara H., Takai-Todaka R., Haga K., Katayama K., Tsugawa T. Human transmission and outbreaks of feline-like G6 rotavirus revealed with whole-genome analysis of G6P[9] feline rotavirus. *J. Med. Virol.* 2024; 96(4): e29565. <https://doi.org/10.1002/jmv.29565>
 56. Pietsch C., Liebert U.G. Evidence for presumable feline origin of sporadic G6P[9] rotaviruses in humans. *Infect. Genet. Evol.* 2018; 63: 180–94. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2018.05.030>
 57. State report «On the state of sanitary and epidemiological welfare of the population in the Russian Federation in 2017». Moscow; 2018. (in Russian)
 58. Kiseleva V., Faizuloev E., Meskina E., Marova A., Oksanich A., Samartseva T., et al. Molecular-genetic characterization of human rotavirus A strains circulating in Moscow, Russia (2009–2014). *Virol. Sin.* 2018; 33(4): 304–13. <https://doi.org/10.1007/s12250-018-0043-0>
 59. Zhirakovskaya E.V., Tikunov A.Y., Kurilshchikov A.M., Tikunova N.V., Aksanova R.K., Sokolov S.N., et al. Genetic diversity of group A rotavirus isolates found in Western Siberia in 2007–2011. *Molekulyarnaya genetika, mikrobiologiya i virusologiya.* 2012; 27(4): 174–83. <https://doi.org/10.3103/S0891416812040076> <https://elibrary.ru/rgcgdz>
 60. Sashina T.A., Velikzhanina E.I., Morozova O.V., Epifanova N.V., Novikova N.A. Detection and full-genotype characterization of rare and reassortant rotavirus A strains in Nizhny Novgorod, European part of Russia. *Arch. Virol.* 2023; 168(8): 215. <https://doi.org/10.1007/s00705-023-05838-y>
 61. Velikzhanina E.I., Sashina T.A., Morozova O.V., Epifanova N.V., Novikova N.A. Variability of genes encoding nonstructural proteins of rotavirus A (Reoviridae: Rotavirus: Rotavirus A) genotype G9P[8] during the period of dominance in the territory of Nizhny Novgorod (central part of Russia) (2011–2020). *Voprosy virusologii.* 2022; 67(6): 475–86. <https://doi.org/10.36233/0507-4088-143> <https://elibrary.ru/oeuvma> (in Russian)

Информация об авторах:

Великжанина Елена Игоревна ✉ – младший научный сотрудник лаборатории молекулярной эпидемиологии вирусных инфекций Нижегородского НИИ эпидемиологии и микробиологии им. академика И.Н. Блохиной, Нижний Новгород, Россия. E-mail: www.e_velikzhanina@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0003-4069-1427>

Сашина Татьяна Александровна – канд. биол. наук, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной эпидемиологии вирусных инфекций Нижегородского НИИ эпидемиологии и микробиологии им. академика И.Н. Блохиной, Нижний Новгород, Россия. E-mail: tatyana.sashina@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0003-3203-7863>

Новикова Надежда Алексеевна – д-р биол. наук, профессор, ведущий научный сотрудник, заведующая лабораторией молекулярной эпидемиологии вирусных инфекций Нижегородского НИИ эпидемиологии и микробиологии им. академика И.Н. Блохиной, Нижний Новгород, Россия. E-mail: novikova_na@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-3710-6648>

Участие авторов: Великжанина Е.И. – сбор и анализ данных, подготовка и научное редактирование текста; Сашина Т.А. – научное редактирование текста; Новикова Н.А. – научное редактирование текста, утверждение окончательной версии статьи для публикации.

Поступила 13.03.2025
Принята в печать 24.04.2025
Опубликована 30.04.2025

Information about the authors:

Elena I. Velikzhanina ✉ – Junior Researcher, laboratory of molecular epidemiology of viral infections I.N. Blokhina Nizhny Novgorod Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Nizhny Novgorod, Russia. E-mail: www.e_velikzhanina@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0003-4069-1427>

Tatiana A. Sashina – PhD, Senior Researcher, laboratory of molecular epidemiology of viral infections I.N. Blokhina Nizhny Novgorod Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Nizhny Novgorod, Russia. E-mail: tatyana.sashina@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0003-3203-7863>

Nadezhda A. Novikova – Dr. Sci., Professor, Leading Researcher, Head of the laboratory of molecular epidemiology of viral infections I.N. Blokhina Nizhny Novgorod Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Nizhny Novgorod, Russia. E-mail: novikova_na@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-3710-6648>

Contribution: Velikzhanina E.I. – collection and analysis of the data, preparing and editing of the text; Sashina T.A. – editing of the text; Novikova N.A. – editing of the text, approval of the final version of the article for publication.

Received 13 March 2025
Accepted 24 April 2025
Published 30 April 2025