НАУЧНЫЙ ОБЗОР
DOI: https://doi.org/10.36233/0507-4088-310
© СИЗИКОВА Т.Е., ЛЕБЕДЕВ В.Н., БОРИСЕВИЧ С.В., 2025

Вирус Бомбали (Filoviridae: *Orthoebolavirus: Orthoebolavirus bombaliense*)

Сизикова Т.Е.✉, Лебедев В.Н., Борисевич С.В.

ФГБУ «48 Центральный научно-исследовательский институт» Минобороны России, 141306, г. Сергиев Посад, Россия

Резюме

Актуальность. Представители рода *Orthoebolavirus* семейства Filoviridae вызывают у человека геморрагическую лихорадку с летальностью до 90%. Первые эпидемические вспышки заболевания, вызываемого представителями этого рода, были зарегистрированы в 1976 г. в Заире и Судане. Подобные вспышки регулярно возникают в Африке. Крупнейшая за всю историю наблюдений вспышка геморрагической лихорадки произошла в 2013–2016 гг. в Гвинее, Сьерра-Леоне и Либерии, в ходе которой были зарегистрированы случаи завоза заболевания в неэндемичные регионы. Очаги циркуляции представителей рода *Orthoebolavirus* (за исключением вируса Рестон) располагаются в зоне влажных тропических лесов Центральной и Западной Африки. Природным резервуаром филовирусов являются представители отряда рукокрылых (летучие мыши и крыланы). Последовательности геномной РНК вируса Эбола выделены у различных видов рукокрылых *(Hypsignathus monstrosus*, *Epomops franqueti*, *Myonycteris tarquata)*, причем в последнее время обнаружены новые представители семейства Filoviridae.

Цель обзора. Провести анализ свойств нового представителя рода *Orthoebolavirus* семейства Filoviridae – вируса Бомбали (*Orthoebolavirus bombaliense*).

Материалы и методы. Материалом служили англоязычные научные издания, размещенные в базах цитирования RSCI, PubMed. Метод исследования – аналитический. Проведен анализ литературы за период с 2005 по 2023 г.

Результаты. Вирус Бомбали впервые был выделен в Гвинее в августе 2018 г. от летучих мышей *Mops condylurus*. При сравнении концентрации вируса Бомбали в органах инфицированных летучих мышей наибольший уровень накопления выявлен в легких, что косвенно свидетельствует о возможности аэрозольного инфицирования *Mops condylurus.* В дальнейшем РНК вируса Бомбали была выявлена с помощью полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией у летучих мышей *Chaerephon pumilus* в Сьерра-Леоне, но не в других видах насекомоядных и фруктоядных летучих мышей. Нуклеотидная последовательность геномной РНК вируса Бомбали в образцах, собранных в Гвинее, на 99,3% идентична таковой в образцах, собранных в Сьерра-Леоне, и на 98,3% в образцах, собранных в Кении. С учетом того, что летучие мыши *Mops condylurus*, как и большинство других видов насекомоядных летучих мышей, не могут перемещаться на значительные расстояния, это является косвенным свидетельством широкого распространения вируса Бомбали на Африканском континенте. Несмотря на то что случаи заболевания человека, вызванные вирусом Бомбали, до настоящего времени не выявлены, гликопротеин этого вируса (как и гликопротеины патогенных для человека филовирусов) имеет сродство с рецептором С1 белка Ниманна–Пика клеток человека.

Заключение. Изучение молекулярно-биологических характеристик вируса Бомбали, так же как и других недавно открытых новых представителей семейства Filoviridae, может дать ценную информацию для определения молекулярных маркеров патогенности для человека.

Ключевые слова: *вирус Бомбали; род Orthoebolavirus; семейство Filoviridae; летучие мыши; геномная РНК; патогенность для человека; обзор*

Для цитирования: Сизикова Т.Е., Лебедев В.Н., Борисевич С.В. Вирус Бомбали (Filoviridae: *Orthoebolavirus: Orthoebolavirus bombaliense*). *Вопросы вирусологии*. 2025; 70(3): 217–223.
DOI: https://doi.org/10.36233/0507-4088-310 EDN: https://elibrary.ru/ikngkj

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.

REVIEW
DOI: https://doi.org/10.36233/0507-4088-310

Bombali virus (Filoviridae: *Orthoebolavirus: Orthoebolavirus bombaliense*)

Tatiana E. Sizikova✉, Vitaliy N. Lebedev, Sergey V. Borisevich

48 Central Scientific Research Institute of the Ministry of Defense of the Russian Federation, 141306, Sergiev Posad, Russia

Abstract

Introduction. Members of genus *Orthoebolavirus* of family Filoviridae cause severe hemorrhagic fever in humans with high fatality rates (up to 90%). The first outbreaks of disease caused by the members of genus *Orthoebolavirus* were registered in 1976 in Zaire and Sudan. The outbreaks of disease caused by the members of genus Orthoebolavirus occur regularly in Africa. The largest outbreak (for all history of monitoring) happened in Guinea, Liberia, Sierra-Leone in 2013–2016. During this outbreak, the cases of disease importation in non-endemic regions were registered. The foci of circulation of the members of genus *Orthoebolavirus* (with exception for Reston virus) are situated in moist tropical forests of Central and West Africa. The bats are natural reservoirs for filoviruses, the genomic RNA sequences of the members of genus *Orthoebolavirus* were isolated from various bat species *(Hypsignathus monstrosus*, *Epomops franqueti*, *Myonycteris tarquata)*. Recently, the new members of Filoviridae family were isolated from several bat species.

Aims. The purpose of the presented article is analysis of the properties of the new member of genus *Orthoebolavirus* of family Filoviridae – Bombali virus **(***Orthoebolavirus bombaliense*).

Material and methods. The paper presents analysis of data published in English language scientific publications in citation databases RSCI, PubMed.The research method is analytical. The literature for the period from 2005 to 2023 was analyzed.

Results. Bombali virus was first isolated in Guinea in August 2018 from bats *Mops condylurus*. When comparing the concentration of the Bombali virus in the organs of infected bats, the highest level of accumulation was detected in the lungs which indirectly indicates the possibility of aerosol infection of *Mops condylurus.* Later RNA of Bombali virus was identified by reverse transcription-polymerase chain reaction in bats *Chaerephon pumilus* in Sierra-Leone, but not in other species of fruit-eating and insectivores bats. Nucleotide sequence of genomic RNA of Bombali virus from samples collected in Guinea had 99.3% homology to that from samples collected in Sierra-Leone, and 98.3% homology to that from samples collected in Kenya. Considering that bats *Mops condylurus* as many other species of insectivores bats cannot travel long distances, this is indirect evidence for the wide distribution of the Bombali virus on the African continent. Despite the fact that cases of human disease caused by Bombali virus have not been identified to date, glycoprotein of this virus (as glycoprotein of filoviruses pathogenic for humans) has affinity to the C1 receptor of Neumann–Pieck protein of human cells.

Conclusion. The study of the molecular biological characteristics of the Bombali virus, as well as other recently discovered new representatives of family Filoviridae can give valuable information for identification of molecular markers of pathogenicity for humans.

Keywords: *Orthoebolavirus bombaliense virus; Orthoebolavirus genus; Filoviridae family; bats; genomic RNA; human pathogenicity, review*

For citation: Sizikova T.E., Lebedev V.N., Borisevich S.V. Bombali virus (Filoviridae: *Orthoebolavirus: Orthoebolavirus bombaliense*). *Problems of Virology* (*Voprosy Virusologii*). 2025; 70(3): 217–223 (In Russ.).
DOI: https://doi.org/10.36233/0507-4088-310 EDN: https://elibrary.ru/ikngkj

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

Возникновение и быстрое распространение возбудителя COVID-19, вируса SARS-CoV-2, указывает на потенциальную опасность появления новых эмерджентных вирусных заболеваний, резервуаром которых являются представители отряда рукокрылых. К таким вирусам относятся и представители семейства Filoviridae, включая патогенные для человека вирусы Эбола и Марбург [1–3].

Представители рода *Orthoebolavirus* – вирусы Заир (*Orthoebolavirus zairense*), Судан (*Orthoebolavirus sudanense*) и Bundibudgio (*Orthoebolavirus bundibudgiense*), способны вызывать масштабные эпидемии, последний из перечисленных возбудителей был агентом крупнейшей за всю историю наблюдений вспышки заболевания, вызываемого вирусом Эбола, в Западной Африке в 2013–2016 гг. и постоянно возникающих вспышек в Демократической Республике Конго [4–7].

Хотя естественный резервуар представителей рода *Orthoebolavirus* еще точно не определен, имеются свидетельства того, что в естественной циркуляции вируса в природе (по аналогии с вирусом Марбург) важное значение имеют рукокрылые (летучие мыши и крыланы) [5, 8–11].

У рукокрылых установлена репродукция представителей рода *Orthoebolavirus* с последующим формированием иммунного ответа, при этом признаков заболевания выявлено не было. Таким образом, представители отряда рукокрылых были идентифицированы как первичный природный резервуар представителей рода *Orthoebolavirus* [12, 13].

Опубликованы сообщения об обнаружении антител к вирусу Эбола и его РНК у трех видов плодоядных летучих мышей: *Hypsignathus monstrosus*, *Epomops franqueti*, *Myonycteris tarquata*. У данных видов животных в образцах печени и селезенки (но не в других тканях) была обнаружена вирусная РНК [14]. Выявление РНК вируса Эбола в пробах от здоровых летучих мышей является прямым доказательством того, что они могут служить природным резервуаров возбудителя.

Виды рукокрылых, являющиеся естественными хозяевами вирусов, относящихся к роду *Orthoebolavirus*, представлены в **табл. 1**.

Свободнохвостые летучие мыши являются наиболее вероятным зоонозным источником эпидемии болезни, вызываемой вирусом Эбола, в Западной Африке в 2013–2016 гг. Нуклеотидные последовательности вируса Эбола ранее были обнаружены у летучих мышей *Hypsignathus monstrosus*, *Epomops franqueti*и, *Myonycteris torquata* [14, 19].

Цель обзора – провести анализ свойств нового представителя рода Orthoebolavirus семейства Filoviridae – вируса Бомбали (*Orthoebolavirus bombaliense*).

Экология и распространение эболавирусов

Использование при проведении эпизоотологических исследований молекулярно-биологических и молекулярно-генетических методов, поиск новых представителей семейства Filoviridae, естественным резервуаром которых являются рукокрылые, привели к выявлению четырех новых родов вирусов этого семейства: Cuevavirus – представитель вирус Ллови [20]; Dianlovirus – представитель вирус Менгла [21]; Striavirus – представитель вирус Ксиланг; Thamnovirus – представитель вирус Хунгджиао [22, 23].

Таблица 1. Данные выявления РНК представителей рода *Orthoebolavirus* и антител к ним в пробах от рукокрылых мышей
Table 1. Data on detection of RNA of genus *Orthoebolavirus* and antibodies against these viruses in samples from bats

Вирус Virus	Вид рукокрылых Bat species	Выявляемый аналит The identified analyte	Источник Reference
Заир Zaire	*Eidolon holvum*	Антитела Antibodies	[12–18]
	Epomops franqueti	Антитела, РНК Antibodies, RNA	
	Epomorhorus gambianus	Антитела Antibodies	
	Hypsignathus monstrosus	Антитела, РНК Antibodies, RNA	
	Micropteropus pusillus	Антитела Antibodies	
	Tadarida condylurus	Антитела Antibodies	
	Myonycteris tarquata	Антитела, РНК Antibodies, RNA	
	Ronsettus aegyptiacus	Антитела Antibodies	
	Ronsettus leschenaultii	Антитела Antibodies	
Судан Sudan	*Micropteropus pusillus*	Антитела Antibodies	[15, 16]
	Tadarida condylurus		
Bundibudgio	*Ronsettus aegyptiacus*	Антитела Antibodies	[15]
	Ronsettus leschenaultii		
Tai Forest	*Ronsettus aegyptiacus*	Антитела Antibodies	[15]
Рестон Reston	*Cynopterus sphinx*	Антитела Antibodies	[14]
	Hypposideros Pomona		
	Miniopterus schreiberzii		
	Myotis pilosus		
	Pipistrellus pipistrellus		

Геномная РНК представителей трех последних из перечисленных родов семейства Filoviridae была выявлена в Китае у фруктоядных летучих мышей *Eonycteris spelaea, Rousettus leschenaultii* и *Rousettus* spp. [22].

Потенциально наиболее важное значение имеет выявление новых возбудителей, относящихся к роду *Orthoebolavirus*, который до недавнего времени включал 5 отдельных вирусов: Эбола-Заир, Эбола-Судан, Эбола-Bundibudgio, Эбола-Tai Forest и Эбола-Рестон [3, 24, 25]. При этом все указанные возбудители (за исключением вируса Рестон) являются эндемичными только для Африканского континента [4].

Поиск новых представителей семейства Filoviridae, естественным резервуаром которых являются рукокрылые, проведенный экологической некоммерческой группой EcoHealth Alliance совместно с учеными из Калифорнийского университета в Дэвисе и Колумбийского университета, привел к обнаружению нового, 6-го вида рода *Ebolavirus* – вируса Бомбали [26, 27].

Патогенный потенциал вируса Бомбали

Вирус Бомбали впервые был выделен в августе 2018 г. в мазках изо рта и фекалий свободнохвостых насекомоядных видов летучих мышей *Mops condylurus* и *Chaerephon pumilus* (семейство Molossidae) в Сьерра-Леоне [28, 29].

РНК вируса Бомбали была выявлена с помощью полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР) в образцах печени и легких летучих мышей *Mops condylurus*, собранных в Гвинее и Либерии в течение 2018–2019 гг. При этом анализ образцов крови, кишечника и головного мозга на наличие вирусной РНК дал отрицательный результат [30].

K.M. Forbes и соавт. [29] установили присутствие вируса Бомбали в тканях и экскретах ангольских складчатогубых летучих мышей *Mops condylurus*, пойманных в юго-восточной Кении, т.е. на расстоянии более 5500 км от места первичного выделения вируса Бомбали в Сьерра-Леоне. Вирус Бомбали был выявлен у одной самки взрослой летучей мыши с помощью ОТ-ПЦР с последующим секвенированием. Эта летучая мышь была единственной из 15 пойманных особей, у которой был обнаружен вирус.

РНК вируса Бомбали была выявлена в легких, селезенке, печени, сердце, кишечнике, носоглоточных смывах, но отсутствовала в головном мозге, почках, моче. Самый высокий уровень концентрации вируса был зафиксирован в легких. Данные по накоплению вируса Бомбали в органах и биологических пробах летучей мыши *Mops condylurus* представлены в **табл. 2**.

Полученные результаты подтверждают, что вирус Бомбали инфицирует этот вид насекомоядных летучих мышей, а наибольший уровень накопления наблюдается в легких, что косвенно свидетельствует о возможности аэрозольного инфицирования летучих мышей *Mops condylurus*. При этом в легких летучих мышей других видов, в том числе насекомоядных летучих мышах *Herephon acinanana,* фруктоядных летучих мышах *Myonycteris torquata, Myonycteris angolensis, Micropteropus pusillus, Epomophorus gambianus*, РНК вируса Бомбали не выявлена [29].

Насекомоядные свободнохвостые летучие мыши *Mops condylurus* являются основным резервуаром представителей рода *Orthoebolavirus*. Обнаружение вируса Бомбали дополнительно подтверждает их роль в качестве носителей эболавирусов. Однако возникает вопрос, являются ли они истинными резервуарами или промежуточными хозяевами? Исследования проведенные K.M. Forbes и соавт. [29] дают отрицательный ответ, поскольку, несмотря на то что в одной из положительных на РНК вируса Бомбали проб (мазок из полости рта ангольской летучей мыши *Mops condylurus*) и были обнаружены последовательности митохондриальной ДНК двух разных членистоногих (*Eupleao core* и *Fujientomon dicestum*), данные последовательности отсутствовали в ректальном мазке, взятом у той же летучей мыши. При этом концентрация РНК вируса Бомбали (10×10^4 копий генома в пробе) была в этом мазке ниже, по сравнению с мазком из полости рта ($2{,}8 \times 10^3$ копий генома в пробе). Отсутствие корреляции между наличием ДНК насекомых и РНК вируса Бомбали свидетельствует о том, что насекомые не являются естественным резервуаром вируса.

Поскольку *Mops condylurus* обитают рядом с местами проживания людей и обычно гнездятся в крышах домов, контакты с ними человека более вероятны, чем с другими видами рукокрылых [5]. Таким образом, естественно возникает вопрос о возможности трансмиссии данным видом летучих мышей вируса Бомбали в человеческую популяцию.

K.M. Forbes и соавт. [29] провели скрининг на наличие маркеров инфицирования человека BOMV путем изучения образцов сыворотки крови, взятых у лихорадящих пациентов, которые обращались за лечением в клиники, расположенные в радиусе 15 км от места сбора зараженных вирусом Бомбали летучих мышей. На наличие РНК вируса Бомбали методом ОТ-ПЦР исследована 81 сыворотка крови, на наличие антител к вирусу Бомбали методом иммунофлуоресцентного анализа с использованием в качестве антигена клеток Vero E6, трансфицированных РНК (ген структурного белка VP40 вируса Эбола Заир) – 250 сывороток крови. Ряд проб (проверены в ОТ-ПЦР) были взяты у пациентов, которые сообщили о контакте с летучими мышами. Ни в одной из исследуемых проб аналит (маркеры филовирусной инфекции) выявлен не был, таким образом, патогенность вируса Бомбали для человека не установлена.

В ранее опубликованной работе T. Goldstein и соавт. [28] также не получены свидетельства возможности инфицирования людей (в том числе и контактирующих с летучими мышами) вирусом Бомбали.

Филогенетический анализ генома вируса Бомбали, выделенного в Кении, показал высокий уровень идентичности по сравнению с прототипным штаммом из Сьерра-Леоне (последовательность в GenBank № MK 340750).

Последовательность геномной РНК вируса Бомбали, выделенная от летучих мышей в Гвинее, показа-

Таблица 2. Накопление вируса Бомбали в органах и биологических пробах летучей мыши *Mops condylurus* [29]
Table 2. The accumulation of Bombali virus in organs and biological samples of *Mops condylurus* [29]

Образец Sample	Количество циклов в ПЦР-РВ, среднее значение Real-time PCR threshold cycle, mean value	Количество копий вирусной РНК в 500 нг тотальной РНК Amount of viral RNA copies per 500 ng total RNA
Легкие Lung	16,74	27 950 000
Селезенка Spleen	32,76	414
Печень Liver	33,95	181
Кишечник Intestines	32,76	413
Сердце Heart	29,82	3173
Почки Kidney	> 40	0
Ротовые смывы Oral swabs	24	НД
Фекалии Feces	29,14	5121
Моча Urine	> 40	0

ла 99,3% идентичность с таковой в образцах из Сьерра-Леоне и 98,3% идентичность по сравнению с РНК, выделенной из образцов летучих мышей, взятых в Кении [30].

Исходя из высокого уровня идентичности изолятов вируса Бомбали из Кении и Сьерра-Леоне, а также того, что *Mops condylurus*, подобно большинству насекомоядных летучих мышей, могут перемещаться только на небольшие расстояния, сделано предположение о том, что вирус Бомбали широко распространен на Африканском континенте. Однако для подтверждения данной гипотезы требуется мониторинг *Mops condylurus* и других видов рукокрылых [29].

Получение постоянных культур клеток летучих мышей [31], в том числе и клеток летучей мыши *Ronsettus aegyptiacus* (одного из наиболее вероятных кандидатов в природные резервуары филовирусов) [32], сделало возможным изучение молекулярных механизмов внедрения вирусов в клетки хозяев и размножения в них, что впоследствии позволило сделать прогноз о возможной патогенности новых филовирусов для человека и вероятных механизмах ее приобретения входе естественной эволюции вирусов.

Хотя случаи заболевания человека, вызванные вирусом Бомбали, не установлены, его гликопротеин (как и гликопротеины других филовирусов) имеет сродство с рецептором C1 белка Ниманна–Пика клеток человека [33, 34].

T. Goldstein и соавт. [28] установили возможность инфицирования рекомбинантным вирусом везикулярного стоматита, содержащего ген гликопротеина вируса Бомбали, клеток человека (293FT) и клеток Vero. Полученные результаты свидетельствуют о том, что гликопротеин вируса Бомбали является полностью компетентным для обеспечения процесса проникновения вируса в чувствительные клетки. Анализ аминокислотных последовательностей эпитопов гликопротеина, ответственных за связывание с клеткой, по сравнению с другими представителями рода *Ebolavirus*, позволил выявить только две уникальные мутации (*P146S* и *A148E*), не влияющие на распознавание гликопротеина белком Ниманна–Пика.

Необходимо отметить, что возможность связывания вируса с клеткой не является единственным фактором, определяющим восприимчивость макроорганизма. Более того, даже если вирус Бомбали способен вызывать продуктивную инфекцию в культуре клеток человека *in vitro*, то, по аналогии с вирусом Эбола-Рестон, это еще не говорит о его способности вызывать заболевание. Тем не менее возможность связывания вируса с чувствительной клеткой представляет собой критический этап процесса репродукции возбудителя в макроорганизме.

При изучении ключевых мотивов структурных белков VP35 и VP24 установлено, что некоторые из них являются схожими с вирусом Эбола-Заир, в то время как другие – с вирусом Эбола-Рестон [35–38]. Два эпитопа, расположенные на белке VP40 вируса Бомбали, показали высокий уровень сродства с клетками главного комплекса гистосовместимости (MHC класса I), а в клетках MHC класса II были обнаружены три перспективных эпитопа для распознавания вируса Бомбали [39].

Таким образом, вопрос об отсутствии патогенности вируса Бомбали для человека нельзя считать закрытым только на основании отсутствия случаев заболевания в эндемичном регионе. Не исключено, что нескольких мутаций генома вируса в ходе естественной эволюции может быть достаточно для приобретения патогенности для человека.

Проведенный филогенетический анализ показал, что вирус Бомбали представляет отдельный вирус, входящий в род *Orthoebolavirus*. Уровень генетической идентичности вируса Бомбали (при сравнении с вирусами Эбола-Заир, Эбола-Судан, Эбола-Tai Forest) составляет 55–59% при анализе нуклеотидной и 64–72% при анализе расчетной аминокислотной последовательности при существенно большем уровне различий по отношению к вирусам Марбург и Ллови. Проведенный анализ показал наличие как высококонсервативных, так и вариабельных участков генома, при этом признаков рекомбинации не наблюдалось [28, 40].

Заключение

Изучение представителей семейства рукокрылых как потенциального резервуара опасных и особо опасных вирусных инфекционных заболеваний постоянно приводит к установлению новых возбудителей. Потенциально важное значение имеет выявление новых возбудителей, относящихся к роду *Orthoebolavirus*, ввиду тяжести вызываемого ими заболевания.

В статье представлены данные по выявлению и распространению в Западной Африке нового представителя рода *Orthoebolavirus* семейства Filoviridae – вируса Бомбали (*Orthoebolavirus bombaliense*).

Вирус Бомбали впервые был выделен в Гвинее в августе 2018 г. от летучих мышей *Mops condylurus*. При сравнении концентрации вируса Бомбали в органах инфицированных летучих мышей наибольший уровень накопления выявлен в легких, что косвенно свидетельствует о возможности аэрозольного инфицирования *Mops condylurus.* В дальнейшем РНК вируса Бомбали была выявлена с помощью ОТ-ПЦР в летучих мышах *Chaerephon pumilu* в Сьерра-Леоне, но не в других видах насекомоядных и фруктоядных летучих мышей.

Нуклеотидная последовательность геномной РНК вируса Бомбали в образцах, собранных в Гвинее, на 99,3% идентична таковой в образцах, собранных в Сьерра-Леоне, и на 98,3% в образцах, собранных в Кении. С учетом того, что летучие мыши *Mops condylurus*, как и большинство других видов насекомоядных летучих мышей, не могут перемещаться на значительные расстояния, это является косвенным свидетельством широкого распространения вируса Бомбали на Африканском континенте.

Несмотря на то что случаи заболевания человека, вызванные вирусом Бомбали, до настоящего времени не выявлены, гликопротеин этого вируса (как и гликопротеины патогенных для человека филовирусов) имеет сродство с рецептором С1 белка Ниманна–Пика клеток человека. Это позволяет считать установленной способность вируса Бомбали инфицировать клетки человека, что свидетельствует о его патогенном потенциале, который может быть приобретен в ходе естественной эволюции вируса.

Изучение молекулярно-биологических свойств вируса Бомбали, как и других недавно открытых представителей семейства Filoviridae, может дать ценную информацию для определения молекулярных маркеров патогенности филовирусов для человека.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Sanchez A., Geisbert T.W., Feldmann H. Filoviridae: Marburg and Ebola viruses. In: Knipe D.M., Howley P.M., eds. *Fields Virology.* Philadelphia: Lippincott William & Wilkins, a Wolters Kluwer Business; 2007: 1409–48.
2. Radoshitzky S.R., Bavari S., Jahrling P.B., Cuhn J.H. Filoviruses. In: Bozue J., Cote C.K., Glass P.J., eds. *Medical Aspects of Biological Warfare*. Houston; 2018: 569–614.
3. Biedenkopf N., Bukreyev A., Chandran K., Di Paola N., Formenty P.B.H., Griffiths A., et al. Renaming of genera Ebolavirus and Marburgvirus to Orthoebolavirus and Orthomarburgvirus, respectively, and introduction of binomial species names within family Filoviridae. *Arch. Virol.* 2023; 168(8): 220. https://doi.org/10.1007/s00705-023-05834-2
4. Piot P., Muyembe J.J., Edmunds W.J. Ebola in West Africa: from disease outbreak to humanitarian crisis. *Lancet Infect. Dis.* 2014; 14(11): 1034–5. https://doi.org/10.1016/S1473-3099(14)70956-9.
5. Olival K.J., Hayman D.T.S. Filoviruses in bats: current knowledge and future directions. *Viruses.* 2014; 6(4): 1759–88. https://doi.org/10.3390/v6041759
6. Nikegasong J.N., Onyebujoh P. Response to the Ebola virus disease outbreak in Democratic Republic of the Congo. *Lancet.* 2018; 391(10138): 2395–8. https://doi.org/10.1016/S0140-6736(18)31326-6
7. Agua-Agum J., Allegranzi B., Ariyarajah A., Aylward R., Blake I.M., Barboza P., et al. After Ebola in West Africa – unpredictable risks, preventable epidemics. *N. Engl. J. Med.* 2016; 375(6): 587–96. https://doi.org/10.1056/nejmsr1513109
8. Towner J.S., Amman B.R., Sealy T.K., Carroll S.A.R., Comer J.A., Kemp A., et al. Isolation of genetically diverse Marburg viruses from Egyptian fruit bats. *PLoS Pathog.* 2009; 5(7): e1000536. https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1000536
9. Leroy E.M., Kumulungui B., Pourrut X., Rouquet P., Hassanin A., Yaba P., et al. Fruit bats as reservoirs of Ebola virus. *Nature*. 2005; 438(7068): 575–6. https://doi.org/10.1038/438575a
10. Kunz T.H., Braun de Torrez E., Bauer D., Lobova T., Fleming T.H. Ecosystem services provided by bats. *Ann. N.Y. Acad. Sci.* 2011; 1223: 1–38. https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2011.06004.x
11. Schuh A.J., Amman B.R., Towner J.S. Filoviruses and bats. *Microbiol. Aust.* 2017; 38(1): 12–6. https://doi.org/10.1071/ma17005
12. Hayman D.T.S., Emmerich P., Yu M., Wang L.F., Suu-Ire R., Fooks A.R., et al. Long-term survival of an urban fruit bat seropositive for Ebola and Lagos bat viruses. *PLoS One.* 2010; 5(8): e11978. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0011978
13. Hayman D.T.S., McCrea R., Restif O., Suu-Ire R., Fooks A.R., Wood J.L.N., et al. Demography of straw-colored fruit bats in Ghana. *J. Mammal.* 2012; 93(5): 1393–404. https://doi.org/10.1644/11-mamm-a-270.1
14. Hayman D.T.S., Yu M., Crameri G., Wang L.F., Suu-Ire R., Wood J.L.N., et al. Ebola virus antibodies in fruit bats, Ghana, West Africa. *Emerg. Infect. Dis.* 2012; 18(7): 1207–9. https://doi.org/10.3201/eid1807.111654
15. Olival K.J., Islam A., Yu M., Anthony S.J., Epstein J.H., Khan S.A., et al. Ebola virus antibodies in fruit bats, Bangladesh. *Emerg. Infect. Dis.* 2013; 19(2): 270–3. https://doi.org/10.3201/eid1902.120524
16. Pourrut X., Kumulungui B., Wittmann T., Moussavou G., Delicat A., Yaba P., et al. The natural history of Ebola virus in Africa. *Microbes Infect.* 2005; 7(7-8): 1005–14. https://doi.org/10.1016/j.micinf.2005.04.006
17. Pourrut X., Delicat A., Rollin P.E., Ksiazek T.G., Gonzalez J.P., Leroy E.M. Spatial and temporal patterns of Zaire ebolavirus antibody prevalence in the possible reservoir bat species. *J. Infect. Dis.* 2007; 196(Suppl. 2): S176-83. https://doi.org/10.1086/520541
18. Pourrut X., Souris M., Towner J.S., Rollin P.E., Nichol S.T., Gonzalez J.P., et al. Large serological survey showing cocirculation of Ebola and Marburg viruses in Gabonese bat populations, and a high seroprevalence of both viruses in Rousettus aegyptiacus. *BMC Infect. Dis.* 2009; 9: 159. https://doi.org/10.1186/1471-2334-9-159
19. Towner J.S., Khristova M.L., Sealy T.K., Vincent M.J., Erickson B.R., Bawiec D.A., et al. Marburgvirus genomics and association with a large hemorrhagic fever outbreak in Angola. *J. Virol.* 2006; 80(13): 6497–516. https://doi.org/10.1128/jvi.00069-06
20. Negredo A., Palacios G., Vázquez-Morón S., González F., Dopazo H., Molero F., et al. Discovery of an ebolavirus-like filovirus

in Europe. *PLoS Pathog.* 2011; 7(10): e1002304. https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1002304
21. Yang X.L., Tan C.W., Anderson D.E., Jiang R.D., Li B., Zhang W., et al. Characterization of a filovirus (Měnglà virus) from Rousettus bats in China. *Nat. Microbiol.* 2019; 4(3): 390–5. https://doi.org/10.1038/s41564-018-0328-y
22. He B., Feng Y., Zhang H., Xu L., Yang W., Zhang Y., et al. Filovirus RNA in fruit bats, China. *Emerg. Infect. Dis.* 2015; 21(9): 1675–7. https://doi.org/10.3201/eid2109.150260
23. Maes P., Amarasinghe G.K., Ayllón M.A., Basler C.F., Bavari S., Blasdell K.R., et al. Taxonomy of the order Mononegavirales: second update 2018. *Arch. Virol.* 2019; 164(4): 1233–44. https://doi.org/10.1007/s00705-018-04126-4
24. Towner J.S., Sealy T.K., Khristova M.L., Albarino C.G., Conlan S., Reeder S.A., et al. Newly discovered Ebola virus associated with hemorrhagic fever outbreak in Uganda. *PLoS Pathog.* 2008; 4(11): e1000212. https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1000212
25. Biedenkopf N, Bukreyev A, Chandran K, et al. Renaming of genera Ebolavirus and Marburgvirus to Orthoebolavirus and Orthomarburgvirus, respectively, and introduction of binomial species names within family Filoviridae. *Arch Virol*. 2023;168(8):220. Published 2023 Aug 3. doi:10.1007/s00705-023-05834-2
26. Newsweek. Touchberry R. Scientists warn New Ebola strain found in West Africa has potential to infect humans; 2018. Available at: https://newsweek.com/scientists-warn-new-ebola-strain-found-west-africa-has-potential-infect-1046701
27. Kuhn J.H., Adkins S., Alioto D., Alkhovsky S.V., Amarasinghe G.K., Anthony S.J., et al. 2020 taxonomic update for phylum Negarnaviricota (Riboviria: Orthornavirae), including the large orders Bunyavirales and Mononegavirales. *Arch. Virol.* 2020; 165(12): 3023–72. https://doi.org/10.1007/s00705-020-04731-2
28. Goldstein T., Anthony S.J., Gbakima A., Bird B.H., Bangura J., Tremeau-Bravard A., et al. The discovery of Bombali virus adds further support for bats as hosts of ebolaviruses. *Nat. Microbiol.* 2018; 3(10): 1084–9. https://doi.org/10.1038/s41564-018-0227-2
29. Forbes K.M., Webala P.W., Jääskeläinen A.J., Abdurahman S., Ogola J., Masika M.M., et al. Bombali virus in Mops condylurus bat, Kenya. *Emerg. Infect. Dis.* 2019; 25(5): 955–7. https://doi.org/10.3201/eid2505.181666
30. Karan L.S., Makenov M.T., Korneev M.G., Sacko N., Boumbaly S., Yakovlev S.A., et al. Bombali Virus in Mops condylurus Bats, Guinea. *Emerg. Infect. Dis.* 2019; 25(9): 1774–5. https://doi.org/10.3201/eid2509.190581
31. Crameri G., Todd S., Grimley S., McEachern J.A., Marsh G.A., Smith C., et al. Establishment, immortalisation and characterisation of pteropid bat cell lines. *PLoS One.* 2009; 4(12): e8266. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0008266
32. Jordan I., Munster V.J., Sandig V. Authentication of the R06E fruit bat cell line. *Viruses.* 2012; 4(5): 889–900. https://doi.org/10.3390/v4050889
33. Hofmann-Winkler H., Kaup F., Pohlman S. Host cell factors in filovirus entry; novel players, new insights. *Viruses*. 2012; 4(12): 3336–62. https://doi.org/10.3390/v4123336
34. Muller E.H., Obernoster G., Raaben M., Herbert A.S., Deffieu M.S., Krishnan A., et al. Ebola virus entry requires the host-programmed recognition of an intracellular recognition of an intracellular receptor. *EMBO J.* 2012; 31(8): 1947–60. https://doi.org/10.1038/emboj.2012.53
35. He F., Melen K., Maljanen S., Lundberg R., Jiang M., Osterlund P., et al. Ebolavirus protein VP24 interferes with innate immune responses by inhibiting interferon-λ1 gene expression. *Virology.* 2017; 509: 23–34. https://doi.org/10.1016/j.virol.2017.06.002
36. Guito J.C., Albarino C.G., Chakrabarti A.K., Towner J.S. Novel activities by ebolavirus and marburgvirus interferon antagonists revealed using a standardized in vitro reporter system. *Virology*. 2017; 501: 147–65. https://doi.org/10.1016/j.virol.2016.11.015
37. Feagins A.R., Basler C.F. Lloviu virus VP24 and VP35 proteins function as innate immune antagonists in human and bat cells. *Virology*. 2015; 485: 145–52. https://doi.org/10.1016/j.virol.2015.07.010
38. Woolsey C., Menicucci A.R., Cross R.W., Luthra P., Agans K.N., Borisevich V., et al. A VP35 mutant Ebola virus lacks virulence but can elicit protective immunity to wild-type virus challenge. *Cell Rep.* 2019; 28(12): 3032–46.e6. https://doi.org/10.1016/j.celrep.2019.08.047
39. Mustafa M.I., Shantier S.W., Abdelmageed M.I., Makhawi A.M. Epitope-based peptide vaccine against Bombali Ebolavirus viral protein 40: An immunoinformatics combined with molecular docking studies. *Inform. Med. Unlocked.* 2021; 25: 1–10. https://doi.org/10.1016/j.imu.2021.100694
40. Chen S., Dick J., Owen A.B. Consistency of Markov chain quasi-Monte Carlo on continuous state spaces. *Ann. Stat.* 2011; 39(2): 673–701. https://doi.org/10.1214/10-AOS831

Информация об авторах:

Сизикова Татьяна Евгеньевна✉ – канд. биол. наук, старший научный сотрудник ФГБУ «48 ЦНИИ» Минобороны России, Сергиев Посад-6, Россия. E-mail: 48cnii@mil.ru; https://orcid.org/0000-0002-1817-0126

Лебедев Виталий Николаевич – д-р биол. наук, профессор, ведущий научный сотрудник ФГБУ «48 ЦНИИ» Минобороны России, Сергиев Посад-6, Россия. E-mail: 48cnii@mil.ru; https://orcid.org/0000-0002-6552-4599

Борисевич Сергей Владимирович – д-р биол. наук, профессор, академик РАН, начальник института ФГБУ «48 ЦНИИ» Минобороны России, Сергиев Посад-6, Россия. E-mail: 48cnii@mil.ru; https://orcid.org/0000-0002-6742-3919

Участие авторов: Сизикова Т.Е., Лебедев В.Н. – написание статьи; Борисевич С.В. – написание статьи, рецензирование и научное редактирование.

Поступила 13.04.2025
Принята в печать 09.06.2025
Опубликована 30.06.2025

Information about authors:

Tatiana E. Sizikova✉ – PhD, senior researcher, 48 Central Scientific Research Institute of the Ministry of Defence of the Russian Federation, Sergiev Posad, Russia. E-mail: 48cnii@mil.ru; https://orcid.org/0000-0002-1817-0126

Vitaliy N. Lebedev – DSc, professor, leading researcher, 48 Central Scientific Research Institute of the Ministry of Defence of the Russian Federation, Sergiev Posad, Russia. E-mail: 48cnii@mil.ru; https://orcid.org/0000-0002-6552-4599

Sergey V. Borisevich – DSc, professor, academician of RAS, head of the institute, 48 Central Scientific Research Institute of the Ministry of Defence of the Russian Federation, Sergiev Posad, Russia. E-mail: 48cnii@mil.ru; https://orcid.org/0000-0002-6742-3919

Contribution: Sizikova T.E., Lebedev V.N. – writing the article; Borisevich S.V. – writing the article, reviewing and editing.

Received 13 April 2025
Accepted 09 June 2025
Published 30 June 2025