



ОБЗОРЫ

НАУЧНЫЙ ОБЗОР

DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-356>

© СИЗИКОВА Т.Е., ЛЕБЕДЕВ В.Н., БОРИСЕВИЧ С.В., 2026



Вирус Менгла (*Filoviridae: Dianlovirus*)

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

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

Резюме

Введение. Филовирусы, ассоциированные с различными видами крыланов (*Chiroptera: Pteropodidae*), традиционно рассматриваются как потенциальные возбудители геморрагических лихорадок с эпидемическим потенциалом. Возбудители лихорадок Эбола и Марбург периодически вызывают спорадические случаи и эпидемические вспышки в странах Африки. Открытие в последние годы новых филовирусов, связанных с рукокрылыми в Южной и Юго-Восточной Азии, обуславливает необходимость изучения их генетического разнообразия и патогенного потенциала.

Цель работы. Изучение генетического разнообразия и патогенного потенциала новых филовирусов, ассоциированных с рукокрылыми, на основе данных литературы.

Материалы и методы. Обзор основан на анализе публикаций, посвященных выявлению и молекулярной характеристике новых филовирусов, обнаруженных в разных географических регионах, с акцентом на филовирусы, ассоциированные с крыланами, в Южной и Юго-Восточной Азии. Проанализированы сведения об обнаружении вирусов, организации их геномов, таксономической классификации и экспериментальной оценке биологических свойств.

Результаты. В последние годы выявлен ряд новых филовирусов в тканях крыланов, отловленных в разных регионах Южной и Юго-Восточной Азии. Вирус Менгла был обнаружен в тканях печени летучих собак (*Rousettus* spp.), отловленных в округе Менгла провинции Юньнань Китайской Народной Республики. В связи с высоким уровнем генетической дивергенции вирус Менгла отнесен к новому роду *Dianlovirus* в составе семейства *Filoviridae*. Несмотря на отсутствие выделенного живого изолята, экспериментальные исследования с использованием химерных минигеномных систем и вирусоподобных частиц указывают на возможный тропизм вируса Менгла к тканям различных позвоночных животных, включая человека. Заключение. Представители семейства *Filoviridae* широко распространены в пределах ареала их природного резервуара крыланов (семейство *Pteropodidae*) и, возможно, летучих мышей на территории Южной и Юго-Восточной Азии, включая вирусы, эволюционно родственные вирусам Эбола и Марбург. Несмотря на отсутствие документированных случаев заболеваний человека, вызванных вирусом Менгла и другими недавно выявленными филовирусами, сохраняется вероятность межвидовой передачи и возникновения новых филовирусных инфекций в эндемичных регионах.

Ключевые слова: вирус Менгла; филовирус; секвенирование нуклеиновых кислот; последовательность генома; рукокрылые; резервуар филовирусов

Для цитирования: Сизикова Т.Е., Лебедев В.Н., Борисевич С.В. Вирус Менгла (*Filoviridae: Dianlovirus*). *Вопросы вирусологии*. 2026; 71(1): 7–12. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-356> EDN: <https://elibrary.ru/agykbe>

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/10.36233/0507-4088-356>

The Mengla virus (*Filoviridae: Dianlovirus*)

Tatyana 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. Filoviruses associated with various species of pteropodid bats (*Chiroptera: Pteropodidae*) are traditionally regarded as potential causative agents of hemorrhagic fevers with epidemic potential. The known agents of Ebola and Marburg fevers periodically cause sporadic cases and epidemic outbreaks in African countries. Recent discoveries of novel filoviruses associated with pteropodid bats in South and Southeast Asia highlight the necessity to investigate their genetic diversity and pathogenic potential.

The **aim** of this study was to investigate the genetic diversity and pathogenic potential of new filoviruses associated with bats, based on literature data.

Materials and methods. This review is based on an analysis of published literature describing the detection and molecular characterization of novel filoviruses identified in different geographic regions, with a particular focus on filoviruses associated with pteropodid bats in South and Southeast Asia. The analyzed studies include data on virus discovery, genome organization, taxonomic classification, and experimental assessment of biological properties.

Results. Several novel filoviruses have been identified by metagenomic RNA sequencing of tissues from pteropodid bats captured in South and Southeast Asia. Among them, Mengla virus was detected in tissues of pteropodid bats (*Rousettus* spp.) captured in Mengla County, Yunnan Province, People's Republic of China. Owing to a high level of genetic divergence, Mengla virus was classified as a representative of a new genus, *Dianlovirus*, within the family *Filoviridae*. Although a live isolate of Mengla virus has not yet been obtained, experimental studies using chimeric minigenome systems and virus-like particles suggest that the virus may exhibit tropism for tissues of various vertebrate hosts, including humans.

Conclusion. Members of the family *Filoviridae* are widely distributed within the geographic range of their natural reservoir—pteropodid bats—across South and Southeast Asia, including viruses evolutionarily related to Ebola and Marburg viruses. Although human disease caused by Mengla virus and other recently discovered filoviruses has not been documented, the potential for cross-species transmission and the emergence of novel filovirus infections in endemic regions remains.

Keywords: *Mengla virus; filoviruses; sequencing of nucleic acids; sequence of genome; bats; natural reservoir of filoviruses*

For citation: Sizikova T.E., Lebedev V.N., Borisevich S.V. The Mengla virus (*Filoviridae: Dianlovirus*). *Problems of Virology (Voprosy Virusologii)*. 2026; 71(1): 7–12. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-356> EDN: <https://elibrary.ru/agykbe>

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

Заболевания, ассоциированные с филовирусами Марбург и Эбола (семейство *Filoviridae*), представляют серьезную угрозу для здравоохранения вследствие высокой летальности и способности вызывать эпидемические вспышки [1, 2]. С момента открытия вируса Марбург в 1967 г. и вируса Эбола в 1976 г. неоднократно регистрировались вспышки геморрагических лихорадок, главным образом на территории Африканского континента, со случаями завоза вируса больными медицинскими работниками в Европу и США [1–3].

Семейство *Filoviridae* изначально было организовано на основе объединения родов, соответствующих вирусам Марбург (*Marburgvirus*) и Эбола (*Ebolavirus*), на основе общих морфологических характеристик и типа и структуры генома (однонитевая РНК отрицательной полярности – ss(–)RNA).

На основе этих же геномных характеристик семейство вошло в отряд *Mononegavirales* – один из четырех отрядов (Order, таксон выше семейства), существовавших в то время. В настоящее время, в связи с развитием молекулярно-генетических и эволюционных подходов, таксономия семейства была значительно расширена, уточнена и имеет следующее положение: *Riboviria: Orthornavirae: Negarnaviricota: Monjiviricetes: Mononegavirales: Filoviridae*. Род *Orthomarburgvirus* (ранее *Marburgvirus*) включает два вида, род *Orthoebolavirus* (ранее *Ebolavirus*), сегодня включает шесть видов (табл. 1). Большинство марбургских эболавирусов экологически, по-видимому, связаны с фруктоядными крыланами разных видов (*Chiroptera: Pteropodidae*), обитающих в Африке и Азиатском регионе. Исключением является вирус Бомбали (*Orthoebolavirus bombaliense, Bombalivirus*), РНК которого была обнаружена у бульдоговых ле-

тучих мышей (*Mopscondylurus*) в Сьерра-Леоне в 2018 г. Позднее к семейству *Filoviridae* был отнесен новый род *Cuevavirus*, представленный вирусом Ллови (*Lloviivirus*), который был обнаружен в материалах из колонии павших в 2002 г. особей длиннокрыла обыкновенного (*Miniopterus schreibersii*) в Испании [3–7]. Таким образом, филловирусы могут быть экологически связаны не только с разными видами крыланов (фруктоядные летучие лисицы или летучие собаки), но в их циркуляции, вероятно, также могут принимать участие определенные виды летучих мышей.

В настоящее время в состав семейства *Filoviridae* входит 9 родов вирусов, обнаруженных в Африке и Азии, из которых только эболаи марбургвирусы изолированы от человека. РНК различных филловирусов была выявлена у 8 видов рукокрылых, обитающих в разных регионах Африки, Азии и Европы (табл. 1) [3, 6, 8–10]. Кроме этого, еще у 8 различных видов крыланов были обнаружены вирусспецифические антитела [9–15]. В то же время от этих животных был выделен только один живой изолят филловирусов (вируса Марбург, ассоциированного со вспышкой геморрагической лихорадки среди шахтеров в Уганде в 2007 г.) [16]. В этой связи вопрос о природном резервуаре филловирусов в природе требует дальнейших исследований.

Цель обзора – изучение генетического разнообразия и патогенного потенциала новых филловирусов, ассоциированных с рукокрылыми, на основе данных литературы.

Филловирусы в Южной и Юго-Восточной Азии

В Азии циркуляция филловирусов была впервые описана на основе выявления антител к нуклеопротеинам (NP) и гликопротеинам (GP) вируса Эбола у ночных крыланов (летучие собаки, *Rousettus amplexicaudatus*) на Филиппинах в 2010 г., тогда как образцы 5 других исследованных видов крыланов и 10 видов летучих мышей были отрицательны [13]. Антитела к вирусу Рестон и его РНК также были выявлены у крыланов, свиней и работников ферм в Бангладеш [10]. В Китайской Народной Республике (КНР) антитела, реагирующие с антигеном вируса Эбола, были обнаружены у нескольких видов рукокрылых в 2012 г. [17].

Работы по выявлению филловирусов в различных видах крыланов, проведенные с использованием метагеномного секвенирования или универсальных праймеров в КНР, привели к описанию ранее неизвестных филловирусов, обладающих значительной дивергенцией с известными видами и родами, циркулирующими в Африке. Выявленные вирусы были полногеномно описаны и сформировали три новых рода внутри семейства *Filoviridae*: *Dianlovirus*, *Striavirus* и *Thamnovirus*, прототипными представителями которых являются вирусы Менгла, Ксиланг и Хунгджиао соответственно (табл. 2) [3].

Вирус Менгла: выявление и молекулярно-генетическая характеристика

Вирус Менгла был обнаружен при проведении скрининговых исследований образцов органов (кишечник,

Таблица 1. Современная таксономия семейства *Filoviridae*
Table 1. The modern taxonomy of the family *Filoviridae*

Род Genus	Вид Species	Прототипный вирус Prototype virus
<i>Cuevavirus</i>	<i>Cuevavirus lloviuense</i>	Lloviivirus [LLOV]
<i>Dianlovirus</i>	<i>Dianlovirus dehongense</i>	Déhongvirus [DEHV]
	<i>Dianlovirus menglaense</i>	Menglavirus [MLAV]
<i>Loebivirus</i>	<i>Loebivirus percae</i>	Lötschbergvirus [LTBV]
<i>Oblavirus</i>	<i>Oblavirus percae</i>	Oberlandvirus [OBLV]
<i>Orthoebolavirus</i>	<i>Orthoebolavirus bombaliense</i>	Bombalivirus [BOMV]
	<i>Orthoebolavirus bundibugyoense</i>	Bundibugyovirus [BDBV]
	<i>Orthoebolavirus restonense</i>	Restonvirus [RESTV]
	<i>Orthoebolavirus sudanense</i>	Sudanvirus [SUDV]
	<i>Orthoebolavirus taiense</i>	Tai Forestvirus [TAFV]
<i>Orthoebolavirus</i>	<i>Orthoebolavirus zaireense</i>	Ebolavirus [EBOV]
	<i>Orthomarburgvirus marburgense</i>	Marburgvirus [MARV] и Ravnvirus [RAVV]
<i>Striavirus</i>	<i>Striavirus antennarii</i>	Xilangvirus [XILV]
<i>Tapjovirus</i>	<i>Tapjovirus bothropis</i>	Tapajövirus [TAPV]
<i>Thamnovirus</i>	<i>Thamnovirus kanderense</i>	Kandervirus [KNDV]
	<i>Thamnovirus percae</i>	Fiwivirus [FIWIV]
	<i>Thamnovirus thamnaconi</i>	Huángjiāovirus [HUJV]

легкие и мозг), полученных от крыланов *Rousettus leschenaultii* (*Chiroptera: Pteropodidae*), отловленных в провинции Юньнань КНР в 2013 г. Вирус был обнаружен методом метагеномного анализа, а также с использованием родоспецифических универсальных праймеров к консервативным участкам генома [19]. Полученные частичные геномные последовательности имели сходство с различными генами вируса Ллови, вируса Судан, леса Тай¹. Попытки выделения биологически активного вируса в клетках Vero E6 оказались безуспешными. В итоге геном нового вируса был амплифицирован и практически полностью секвенирован. Результаты генетического анализа (32–54% схожести при сравнении полных геномов) позволили выделить вирус Менгла в самостоятельный род, получивший название *Dianlovirus*, в составе семейства *Filoviridae*. На дендрограммах, построенных на основе различных белков или полных геномов, вирус Менгла (род *Dianlovirus*) формирует отдельную ветвь, расположенную между вирусами родов *Orthomarburgvirus* и *Orthoebolavirus* [18–20].

¹Доступно по: <http://wwwnc.cdc.gov/EID/article/21/9/15-0260-Techapp1.pdf>

Таблица 2. Год, место и источник выделения или обнаружения различных филовирусов

Table 2. Time, place and source of isolation or detection of different filoviruses

Род Genus	Вирус Virus	Год выявления Year of detection	Страна, в которой впервые был обнаружен возбудитель Country of first isolation of pathogen	Источник выделения возбудителя Isolation source of pathogen
<i>Orthomarburgvirus</i>	Марбург Marburg	1967	Германия* Germany	
	Ravn	2007	Уганда Uganda	Человек Human
	Эбола-Заир Zaire	1976	Заир (ДР Конго) Zaire (DRC)	
<i>Orthoebolavirus</i>	Эбола-Судан Sudan	1976	Судан Sudan	
	Эбола-Рестон Reston	1989	США* USA	Низшие приматы Monkeys
	Леса Таи Tai Forest	1994	Уганда Uganda	Человек Human
	Бундибюго Bundibugyo	2007	Уганда Uganda	
	Бомбали Bombali	2018	Сьерра-Леоне Sierra Leone	
<i>Cuevavirus</i>	Ллови Lloviu	2003	Испания Spain	
<i>Dianlovirus</i>	Менгла Mengla	2015		Рукокрылые Bats
<i>Striavirus</i>	Ксиланг Xilang	2017	КНР China	
<i>Thamnovirus</i>	Хунгджиао Huangjiao	2017		

Примечание. Эболавирусы и марбургвирусы, вызывающие геморрагические лихорадки человека, выделены полужирным шрифтом [18]; * – завозные случаи в эндемичных по возбудителю регионах.

Note. Ebolaviruses and Marburgviruses causing hemorrhagic fever in humans are highlighted in bold [18]; * – imported cases in regions where the pathogen is not endemic.

Структура генома вируса Менгла является характерной для филовирусов. РНК-геном отрицательной полярности (ss(-)RNA) с типичным для филовирусов расположением и составом генов *NP-VP35-VP40-GP-VP30-VP24-L*. Вместе с тем вирус Менгла имеет специфические отличия в числе перекрывающихся генов и дивергентной структуре транскрипционной терминальной последовательности. В отличие от вирусов Эбола и Ллови, ген *GP* вируса Менгла кодирует только один GP [18].

Несмотря на отсутствие живого изолята, было показано, что вирус Менгла репликативно компетентен в минигеномных системах, содержащих лидерные и трейлерные последовательности вирусов Эбола и Марбург [20]. GP вируса Менгла способен обеспечивать трансдукцию в клетках человека, приматов, собак, хомяков и рукокрылых, что указывает на широкий клеточный тропизм и потенциальную возможность межвидовой передачи [21]. Как и другие филовирусы, вирус Менгла использует белок Неймана-Пика (NPC1) в качестве ключевого рецептора для проникновения в клетку [20, 22, 23].

Дальнейшие мониторинговые исследования материалов, собранных от различных видов рукокрылых в 2009 и 2015 гг., показали широкое распространение выявленных филовирусов на территории КНР (образцы собраны в локациях, разделенных

более чем 200 км). В образцах от крыланов видов *Eonycteris spelaea* и *Rousettus* sp. с помощью количественной полимеразной цепной реакции (ПЦР) был определен тканевой тропизм этой группы филовирусов. Чаще всего и в наибольшем титре вирус Менгла и родственные ему вирусы обнаруживали в образцах тканей легких. Вирусную РНК определяли также в пробах крови (2 образца) и в других органах и тканях животных. При этом титр вируса (на основе ПЦР) был на 1–3 порядка выше, чем в других органах (печень, почки, селезенка, кишечник, сердце, кровь). Полученные результаты свидетельствуют о том, что предпочтительным органом-мишенью для вируса Менгла являются именно легкие (табл. 3).

Заключение

Таким образом, данные, полученные в последние годы, свидетельствуют о значительном генетическом разнообразии и широком распространении филовирусов среди крыланов (*Chiroptera: Pteropodidae*) в разных регионах мира, включая регионы Южной и Юго-Восточной Азии. Выявление новых родов семейства *Filoviridae*, включая *Orthodianlovirus*, подчеркивает необходимость дальнейших исследований биологических свойств и эволюционных связей этих вирусов. Хотя резервуаром филовирусов в природе являются крыла-

Таблица 3. Результаты выявления РНК и антигена филовирюсов у различных видов рукокрылых, пойманных в провинции Юньнань, КНР в 2009 и 2015 гг. с помощью различных модификаций ПЦР, иммуноферментного анализа (ИФА) и иммуноблота [17, 21]

Table 3. The results of detection of RNA and filovirus antigens in bats of different species captured in Province Yunnan, China in 2009 and 2015 by different modifications of PCR, ELISA and immunoblot analysis [17, 21]

Год, месяц выявления Time of detection (year, month)	Место отлова летучих мышей Place of bat capture	Вид рукокрылых Bat species	Выявление РНК филовирюсов Detection of filovirus RNA		Выявление специфических антител к вирусу Эбола (частота выявления в пробах) Reveal of specific antibodies against Ebola virus (Frequency of reveal)			
			ОТ-ПЦР-РВ RT-qPCR	qПЦР qPCR	ИФА ELISA		Иммуноблот Immunoblot	
					Заир Zaire	Рестон Reston	Заир Zaire	Рестон Reston
2009 Ноябрь November	г. Джинхонг, округ Сишунаньбанна Jinhong, Xishuanbanna County	<i>Myotis ricketti</i> <i>Eonycteris spelaea</i> and <i>Rousettus</i> sp.	0/27		1/27			
			10/43	5/43	6/43		2/43	
2015 Декабрь December	Округ Менгла Mengla County	<i>Asellus stoliczkanus</i> <i>Eonycteris spelaea</i> and <i>Rousettus</i> sp.	5/42	10/42	0/15			
					14/25	7/25	11/25	4/25

Примечание. qПЦР – количественная полимеразная цепная реакция; ОТ-ПЦР-РВ – полимеразная цепная реакция с обратной транскрипцией в режиме реального времени.

Note. qPCR – quantitative polymerase chain reaction; RT-qPCR – real-time reverse transcription polymerase chain reaction.


ны и, возможно, некоторые виды летучих мышей, эта группа вирусов обладает высоким потенциалом межвидовой передачи другим видам млекопитающих, включая человека. Вирус Менгла демонстрирует тропизм и возможность накопления в тканях легких крыланов, что способствует возникновению вариантов, способных передаваться респираторным путем. Обследованные в КНР виды крыланов являются фруктоядными и потенциально также могут участвовать в контаминации фруктов и приводить к инфицированию контактирующих с ними животных и человека. В этой связи особое значение имеет проведение мониторинга филовирюсов в регионах, географически близких к Российской Федерации, с учетом миграционной активности рукокрылых и потенциальной способности новых филовирюсов к межвидовой передаче другим видам млекопитающих.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

- Radoshitzky S.R., Bavari S., Jahrling P.B., Cuhn J.H. Filoviruses. In: Carr J.H., ed. *Medical Aspects of Biological Warfare*. Fort Sam Houston: Border Institute; 2018: 569–614.
- 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.
- Barrette R.W., Metwally S.A., Rowland J.M., Xu L., Zaki S.R., Nichol S.T., et al. Discovery of swine as a host for the Reston ebolavirus. *Science*. 2009; 325(5937): 204–6. <https://doi.org/10.1126/science.1172705>
- 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>
- Jayme S.I., Field H.E., de Jong C., Olival K.J., Marsh G., Tagtag A.M., et al. Molecular evidence of Ebola Reston virus infection in Philippine bats. *Virology*. 2015; 12: 107. <https://doi.org/10.1186/s12985-015-0331-3>
- Kuhn J.H., Becker S., Ebihara H., Geisbert T.W., Johnson K.M., Kawaoka Y., et al. Proposal for a revised taxonomy of the family Filoviridae: classification, names of taxa and viruses, and virus abbreviations. *Arch. Virol.* 2010; 155(12): 2083–103. <https://doi.org/10.1007/s00705-010-0814-x>
- Negredo A., Palacios G., Vazquez-Moron S., Gonzalez 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>
- 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>
- Kuzmin I.V., Niezgodna M., Franka R., Agwanda B., Markotter W., Breiman R.F., et al. Marburg virus in fruit bat, Kenya. *Emerg. Infect. Dis.* 2010; 16(2): 352–4. <https://doi.org/10.3201/eid1602.091269>
- 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>
- 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>
- Swanepoel R., Smit S.B., Rollin P.E., Formenty P., Leman P.A., Kemp A., et al. International scientific and technical committee for marburg hemorrhagic fever control in the democratic Republic of Congo. Studies of reservoir hosts for Marburg virus. *Emerg. Infect. Dis.* 2007; 13(12): 1847–51. <https://doi.org/10.3201/eid1312.071115>
- Taniguchi S., Watanabe S., Masangkay J.S., Omatsu T., Ikegami T., Alviola P., et al. Reston Ebolavirus antibodies in bats, the Philippines. *Emerg. Infect. Dis.* 2011; 17(8): 1559–60. <https://doi.org/10.3201/eid1708.101693>
- Towner J.S., Pourrut X., Albarino C.G., Nkogue C.N., Bird B.H., Grard G., et al. Marburg virus infection detected in a common African bat. *PLoS One*. 2007; 2(8): e764. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000764>
- 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>
- Olival K.J., Hayman D.T. Filoviruses in bats: current knowledge and future directions. *Viruses*. 2014; 6(4): 1759–88. <https://doi.org/10.3390/v6041759>
- Amman B.R., Carroll S.A., Reed Z.D., Sealy T.K., Balinandi S., Swanepoel R., et al. Seasonal pulses of Marburg virus circulation in juvenile *Rousettus aegyptiacus* bats coincide with periods of increased risk of human infection. *PLoS Pathog.* 2012; 8(10): e1002877. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1002877>

18. Yuan J., Zhang Y., Li J., Zhang Y., Wang L.F., Shi Z. Serological evidence of ebolavirus infection in bats, China. *Virology*. 2012; 9: 236. <https://doi.org/10.1186/1743-422x-9-236>
19. Yang X.L., Zhang Y.Z., Jiang R.D., Guo H., Zhang W., Li B., et al. Genetically Diverse Filoviruses in Rousettus and Eonycteris spp. Bats, China, 2009 and 2015. *Emerg. Infect. Dis.* 2017; 23(3): 482–6. <https://doi.org/10.3201/eid2303.161119>
20. Yang X.L., Tan C.W., Anderson D.E., Jiang R.D., Li B., Zhang W., et al. Characterization of filovirus (Menglavirus) from Rousettus bats in China. *Nat. Microbiol.* 2019; 4(3): 390–5. <https://doi.org/10.1038/s41564-018-0328-y>
21. Wang L., Shi Z., Yang X.L., Kuhn J.H. One new genus including one new species in the mononegaviral family Filoviridae. *ICTV*. 2019; 2019.011M. <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.17179.11045/1>
22. Hofmann-Winkler H., Kaup F., Pöhlman S. Host cell factors in filovirus entry; novel players, new insights. *Viruses*. 2012; 4(12): 3336–62. <https://doi.org/10.3390/v4123336>
23. Miller E.H., Obernosterer 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>

Информация об авторах:

Сизикова Татьяна Евгеньевна  – канд. биол. наук, старший научный сотрудник ФГБУ «48 ЦНИИ» Минобороны России, Сергиев Посад, 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, 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, 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 06.11.2025
Принята в печать 09.01.2026
Опубликована 28.02.2026

Information about the authors:

Tatyana 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, academican 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 06 November 2025
Accepted 09 January 2026
Published 28 February 2026