



ОРИГИНАЛЬНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ

DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-358>

© КАРТАШОВ М.Ю., КУРУШИНА В.Ю., ЖЕЛЕЗНОВА А.С., СВИРИН К.А., МАТЕРИКИНА Е.И., ТЕРНОВОЙ В.А., 2026

## Выявление циркуляции *Yezo virus* (*Nairoviridae*, *Orthonairovirus*, *Orthonairovirus yezoense*) в клещах *Ixodes persulcatus* на территории Амурской области

Карташов М.Ю.✉, Курушина В.Ю., Железнова А.С., Свиринов К.А., Материкина Е.И., Терновой В.А.

ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека (Роспотребнадзор), 630559, р.п. Кольцово, Новосибирская область, Россия

### Резюме

**Введение.** Неблагополучная эпидемиологическая ситуация с вирусными инфекциями, переносимыми клещами (ИПК), может характеризоваться не только ростом встречаемости уже известных заболеваний, но и выявлением новых возбудителей, роль которых пока остается малоизученной. К группе недавно открытых наировирусов, переносимых клещами, относится *Yezo virus* (YEZV). Циркуляция YEZV характерна для Японии, Китая и ряда регионов России (Приморский, Хабаровский, Забайкальский края, Томская область).

**Цель работы** состояла в доказательстве циркуляции на территории Амурской области недавно открытого наировируса - YEZV, а также его молекулярно-генетической характеристике путем определения полногеномной нуклеотидной последовательности выявленного генетического варианта YEZV.

**Материалы и методы.** В исследовании на наличие РНК YEZV проанализированы 704 индивидуальные пробы клещей (463 клеща вида *Ixodes persulcatus* и 241 клещ вида *Haemaphysalis concinna*), отловленных с растительности в 15 локациях, расположенных в 5 районах Амурской области. Проведено секвенирование полногеномной геномной последовательности выявленного генетического варианта YEZV путем предварительного обогащения кДНК YEZV методом мультиплексной полимеразной цепной реакции с использованием разработанной нами панели праймеров.

**Результаты.** Уровень инфицированности YEZV в исследуемой выборке клещей *I. persulcatus* составил 0,2% (1/463; 95% ДИ 0, 1–1,2).

**Заключение.** Полученные данные расширяют представления о распространении YEZV на территории России. Актуальная информация о циркуляции и генетическом разнообразии наировирусов, представляющих потенциальную опасность для человека и животных, способствует регулированию и корректировке профилактических и противоэпидемических мероприятий, а также проведению адекватной регионально-ориентированной лабораторной диагностики ИПК на территории Дальнего Востока, и прежде всего в приграничных с Китаем областях.

**Ключевые слова:** наировирусы; вирус Йезо; YEZV; иксодовые клещи; Амурская область

**Для цитирования:** Карташов М.Ю., Курушина В.Ю., Железнова А.С., Свиринов К.А., Материкина Е.И., Терновой В.А. Выявление циркуляции *Yezo virus* (*Nairoviridae*, *Orthonairovirus*, *Orthonairovirus yezoense*) в клещах *Ixodes persulcatus* на территории Амурской области. *Вопросы вирусологии*. 2026; 71(1): 53–61. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-358> EDN: <https://elibrary.ru/dsmlna>

**Финансирование.** Исследование было выполнено при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (соглашение № 075-15-2025-526).

**Благодарности.** Авторы выражают благодарность руководству и сотрудникам ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Амурской области», любезно предоставившим полевой материал для проведения лабораторных исследований.

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

## ORIGINAL STUDY ARTICLE

DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-358>

## Detection of Yezo virus (*Nairoviridae*, *Orthonairovirus*, *Orthonairovirus yezoense*) circulation in *Ixodes persulcatus* ticks in the Amur Region, Russia

Mikhail Yu. Kartashov✉, Valentina Yu. Kurushina, Alina S. Zheleznova, Kirill A. Svirin, Ekaterina I. Materikina, Vladimir A. Ternovoi

State Research Center of Virology and Biotechnology «Vector», 630559, Koltsovo, Novosibirsk region, Russia

### Abstract

**Introduction.** The unfavorable epidemiological situation with viral tick-borne infections can be characterized not only by an increase in the incidence of «classical», well-known diseases, but also by the discovery of new pathogens, the role of which remains poorly understood. *Yezo virus* (YEZV) belongs to the group of recently discovered tick-borne nairoviruses. YEZV circulation is characteristic of Japan, China, and a number of regions in Russia (Primorsky, Khabarovsk, and Zabaykalsky Krai; Tomsk Oblast).

The **aim** of the study was to screen and characterize the molecular genetics of YEZV isolated from ticks in the Amur region.

**Materials and methods.** In the study, 704 individual tick samples (463 *I. persulcatus* ticks and 241 *H. concinna* ticks) collected from vegetation in 15 locations in 5 districts of the Amur Region were analyzed for the presence of YEZV RNA. Full-length genomic sequencing of the identified YEZV genetic variant was performed by preliminary enrichment of YEZV cDNA using multiplex PCR with a primer panel developed by us.

**Results.** The YEZV infection rate in the studied sample of *I. persulcatus* ticks was 0.2% (1/463; 95% CI: 0.1–1.2).

**Conclusion.** The results of this study expand our understanding of the spread of YEZV in Russia. Up-to-date information on the circulation and genetic diversity of nairoviruses that pose a potential threat to humans and animals contributes to the regulation and adjustment of preventive and anti-epidemic measures, as well as the implementation of adequate region-oriented laboratory diagnostics of IPK in the Far East, and especially in areas bordering China.

**Keywords:** *Orthonairovirus*; *Yezo virus*; YEZV; ixodid ticks; Amur Region

**For citation:** Kartashov M.Yu., Kurushina V.Yu., Zheleznova A.S., Svirin K.A., Materikina E.I., Ternovoi V.A.

Detection of Yezo virus (*Orthonairovirus*, *Orthonairovirus yezoense*) circulation in *Ixodes persulcatus* ticks in the Amur Region, Russia. *Problems of Virology (Voprosy Virusologii)*. 2026; 71(1): 53–61.

DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-358> EDN: <https://elibrary.ru/dsmlna>

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

**Acknowledgement.** The authors would like to express their gratitude to the management and staff of the Federal Budgetary Healthcare Center for Hygiene and Epidemiology in the Amur Region, who kindly provided ixodid tick specimens for laboratory testing.

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

### Введение

Инфекции, переносимые клещами (ИПК), остаются одной из наиболее значимых проблем инфекционной патологии на значительной части территории Российской Федерации. Согласно данным официальной статистики, количество обращений населения за медицинской помощью в РФ по поводу присасывания клещей в 2024 г. составило 314,86 на 100 тыс. населения (что в абсолютном значении достигает примерно 500 тыс. случаев). Также следует отметить, что далеко не все пострадавшие обращаются в учреждения здравоохранения по поводу укуса клеща и подлежат учету статистики, в связи с чем реальное число таких случаев может быть значительно больше.

Эпидемиологическая значимость ИПК определяется не только высоким уровнем заболеваемости хорошо известными нозологическими формами (к которым прежде всего следует отнести вирусный клещевой энцефалит, иксодовый клещевой боррелиоз, клещевые риккетсиозы), но и постоянным пополнением списка новых возбудителей (прежде всего вирусной природы), роль которых в инфекционной патологии пока остается малоизученной. Подходы метагеномного анализа, основанные на современных методах массового параллельного секвенирования, позволили выявить множество новых вирусов, переносимых клещами и вызывающих заболевания у человека. К числу таких недавно открытых вирусов можно отнести представителей сегментированных флавиопо-

добных вирусов (*Jingmen tick virus*, *Alongshan tick virus*, *Yanggou tick virus* и др.), *Bourbon virus*, *Dabie bandavirus* (ранее известный как SFTS virus) [1–3]. Значительное число вирусов, переносимых клещами и способных вызывать заболевания у человека и млекопитающих с широким диапазоном клинических проявлений, относятся к роду *Orthonairovirus* семейства *Nairoviridae* [4]. Представителями данной таксономической группы являются как хорошо известные патогены (вирус Крымской-Конго геморрагической лихорадки, вирус болезни овец Найроби, вирус Дугбе), так и недавно открытые вирусы (*Tacheng tick borne 1 virus*, *Songling virus*, *Beiji nairovirus* и др.). К группе недавно открытых наировирусов, переносимых клещами, можно отнести и *Yezo virus* (YEZV). Впервые YEZV был обнаружен в Японии (на о. Хоккайдо) у двух пациентов с лихорадкой, лейкопенией и тромбоцитопенией, появившихся после укуса клеща. Проведенные ретроспективные исследования образцов сывороток 248 пациентов, проживающих на о. Хоккайдо и имеющих в анамнезе лихорадку неясного генеза, развившуюся после укуса клеща, выявили РНК YEZV еще у 5 человек [5]. Исследования клещей, обитающих на о. Хоккайдо, обнаружили генетический материал YEZV в клещах трех видов: *Ixodes persulcatus*, *I. ovatus* и *Haemaphysalis megaspinosus* с уровнем встречаемости в диапазоне 1,3–3,7%. Серологические исследования продемонстрировали, что инфицирование YEZV распространено также среди диких животных. Так, на о. Хоккайдо антитела к YEZV были выявлены в образцах сывороток енотов (*Procyon lotor*) и енотовидных собак (*Nyctereutes procyonoides albus*) [5].

РНК YEZV была обнаружена в обширном исследовании клещей, собранных на северо-восточной территории Китая (провинции Inner Mongolia, Heilongjiang и Jilin), где уровень инфицированности клещей *I. persulcatus* составил 0,4–0,5%. Также в Китае фиксируется заболеваемость YEZV-инфекцией. Исследование, проведенное с участием 402 пациентов с укусами клещей в анамнезе, выявило РНК YEZV у одного обследуемого [6].

На территории России генетический материал YEZV был выявлен в клещах *I. persulcatus*, собранных в Приморском, Хабаровском и Забайкальском краях [7], а также в клещах *I. pavlovskiy*, обитающих в Томской области [8].

Амурская область, являющаяся одним из ключевых промышленных и сельскохозяйственных регионов Дальнего Востока, характеризуется высокой обращаемостью населения по поводу укусов клещей и нарастанием интенсивности эпидемического процесса по ИПК, фиксируемой за последние несколько лет [9]. На сегодняшний день в Амурской области официально регистрируются только три нозологические формы ИПК: вирусный клещевой энцефалит, иксодовый клещевой боррелиоз и клещевой риккетсиоз. Однако, как уже было сказано выше, напряженная эпидемиологическая ситуация по ИПК может определяться не только ростом встречаемости уже известных зоологических форм, но и обнаружением новых возбу-

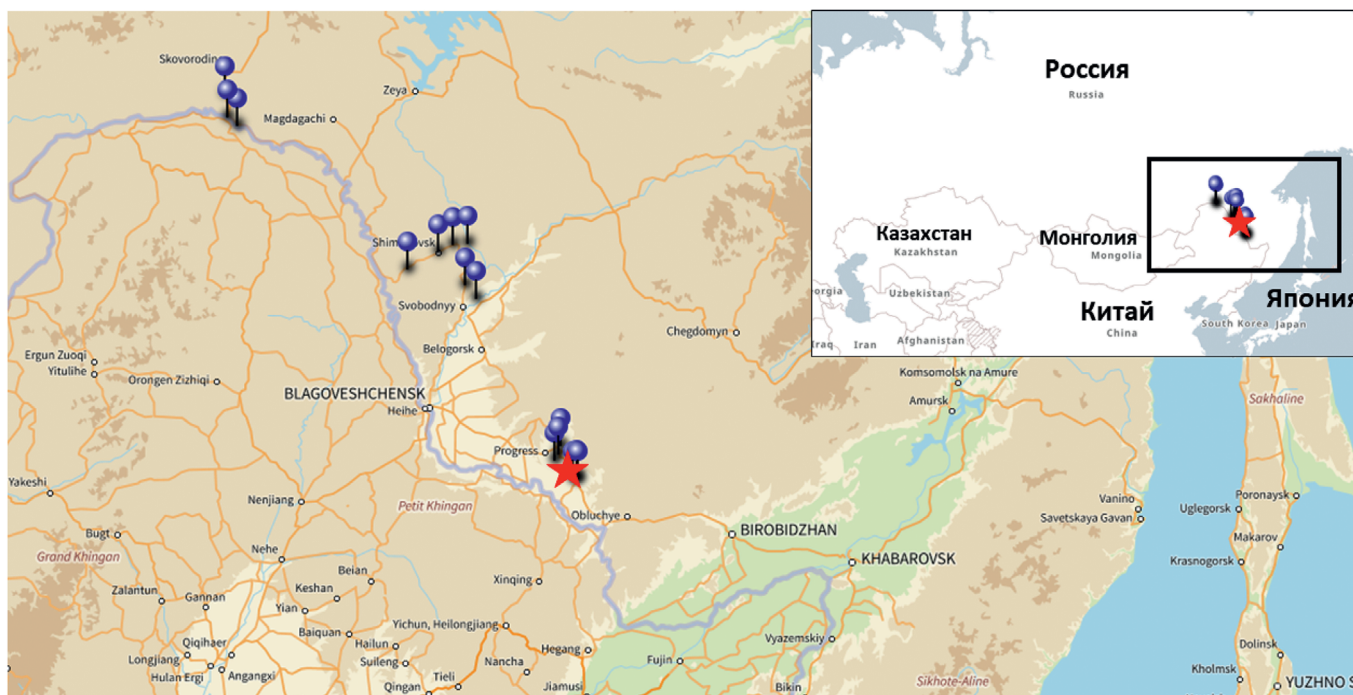
дителей и вызываемых ими инфекций, роль которых в региональной инфекционной патологии остается мало- или практически неизученной. Географическая близость Амурской области с внутренними районами Китая, где в ряде современных исследований вирома клещей обнаружено большое разнообразие патогенных вирусов [10, 11], в том числе и YEZV, а также широкое распространение самих членистоногих переносчиков и постоянное расширение территорий, подвергающихся антропогенному воздействию, актуализируют проведения мониторинга за всем известным спектром патогенов, переносимых клещами, на данной территории.

**Целью** данной работы являлось доказательство циркуляции в клещах на территории Амурской области недавно открытого наировируса - YEZV, а также его молекулярно-генетическая характеристика путем определения полногеномной нуклеотидной последовательности.

### Материалы и методы

Всего в исследовании были собраны и проанализированы 463 индивидуальные пробы клещей *I. persulcatus* (250 самок и 213 самцов) и 241 индивидуальная проба клещей *H. concinna* (132 самки и 109 самцов). Отлов клещей проводили с растительности методом «на флаг» в 15 локациях, расположенных в 5 районах Амурской области (Архаринский, Бурейский, Свободненский, Сковородинский и Шимановский) (рис. 1). Данный этап работы осуществляли с соблюдением правил биобезопасности, регламентированных в МУ 1.3.2569-09 и СанПиН 3.3686-21. Отметки координатных точек мест отлова клещей производили с использованием GPS-навигатора Garmin GPSMAP 65s (США). Создание карты, отражающей места сбора клещей, выполняли с использованием онлайн-сервиса uMap (<https://umap.openstreetmap.fr/ru/>) и свободного картографического слоя из OpenStreetMap (<https://www.openstreetmap.org/>) (рис. 1). Перед началом проведения молекулярно-генетических исследований клещей дважды отмывали 70% этанолом для удаления внешних загрязнений и наружной микрофлоры.

Образцы исследуемых клещей подвергали механической гомогенизации в 300 мкл стерильного фосфатно-солевого буфера на гомогенизаторе TissueLyser LT (Qiagen, Германия). Экстракцию суммарных нуклеиновых кислот осуществляли методом фенол-хлороформной экстракции с использованием набора реагентов «ЛИРА+» («Биолабмикс», Россия). Синтез первой цепи комплементарной ДНК (кДНК) осуществляли в реакции обратной транскрипции с использованием ревертазы MMLV и случайных декануклеотидных праймеров («Евроген», Россия). Тестирование полученных образцов на наличие РНК YEZV проводили с помощью полимеразной цепной реакции (ПЦР) в режиме реального времени с использованием пары праймеров (YEZV\_F: CACCAGGCATTTACCTCTACTT и YEZV\_R: TGGAGTCAAGGGCTGTTATG)



**Рис. 1.** Места отлова исследуемых клещей (отмечены синими метками).

Красным отмечена локация, где в собранных клещах была выявлена РНК YEZV.

**Fig. 1.** Locations where the studied ticks were collected (marked with blue markers).

The location where YEZV RNA was detected in the collected ticks is marked in red.

и флуоресцентно меченного зонда (YEZV\_Z: CY5-TGCCAGGGCTACTGTGATGCATAA-BQ2), комплементарных фрагменту сегмента М. Постановку и детекцию результатов ПЦР в режиме реального времени проводили на термоциклере BioRad CFX-96 (Bio-Rad, США) в 25 мкл реакционной смеси, приготовленной на основе набора «БиоМастер HS-qPCR» (2×) («Биолабмикс», Россия). Учет результатов ПЦР в режиме реального времени выполняли согласно стандартной методике по наличию или отсутствию пересечения кривой флуоресценции с установленной пороговой линией. Кривые накопления флуоресцентного сигнала анализировали с помощью программного обеспечения BioRad CFX-96; критерием положительного образца на этапе скринингового исследования являлись типичная сигмовидная форма кривой накопления сигнала и значение  $C_t$ , не превышающее 35.

Для выявления генетических маркеров других возбудителей ИПК (вируса клещевого энцефалита, *Borrelia burgdorferi* s.l., *B. miyamotoi*, *Ehrlichia chaffeensis*, *E. muris*, *Anaplasma phagocytophilum*) использовали коммерческие наборы «АмплиСенс ТВЕV, *B. burgdorferi* s.l., *A. phagocytophilum*, *E. chaffeensis*/*E. muris*-FL. Выявление возбудителей инфекций, передающихся иксодовыми клещами» (РУ: ФСР 2010/09026) и «АмплиСенс *Borrelia miyamotoi*-FL. Выявление *Borrelia miyamotoi*» (РУ: РЗН 2018/7316) («АмплиСенс», Россия). Для детекции ДНК риккетсий использовали пару праймеров PrF\_gltA: GGCTTCGGTCATCGTGT и PrR\_gltA: TTGCTATTTGTAAGAGCGGATG, а также олигонуклеотидный зонд Z(ROX)\_gltA: ROX-

CCACGTGCCGCAGTACTTAAAGAAAC-BHQ2' [12]. Постановку ПЦР в режиме реального времени осуществляли на термоциклере BioRad CFX-96 (Bio-Rad, США) согласно инструкциям производителя или рекомендованному режиму для статейных праймеров.

Для выполнения секвенирования полноразмерной геномной последовательности выявленного генетического варианта YEZV предварительно проводили обогащение кДНК методом мультиплексной ПЦР с использованием разработанной нами панели праймеров, позволяющих амплифицировать перекрывающиеся фрагменты со средней длиной порядка 1000 нуклеотидов (длина области перекрывания фрагментов около 150 нуклеотидов) [7]. Подбор праймеров, входящих в данную панель, проводили с использованием программы PerlPrimer v. 1.1.21 [13] на основе вырожденных консенсусных последовательностей, полученных при выравнивании доступных полноразмерных последовательностей сегментов S, М и L YEZV. Оптимальную температуру отжига олигонуклеотидов и вероятность специфических взаимодействий между праймерами определяли с помощью сервиса OligoCalc [14]. Мультиплексное обогащение выполняли в 4 реакционных смесях с использованием набора «БиоМастер HS-Tag ПЦР» («Биолабмикс», Россия) с последующей оценкой эффективности обогащения путем проведения электрофореза в 2% агарозном геле и измерением концентрации двухцепочечной ДНК на приборе Qubit 2.0 с использованием набора Qubit dsDNA HS Assay Kit (Thermo Fisher Scientific, США).

Подготовку библиотеки для высокопроизводительного секвенирования осуществляли с использованием набора NEBNext Ultra II FS DNA Library Prep Kit for Illumina (NEB, Великобритания), процесс подготовки включал фрагментацию, репарацию концов и добавление dA-концевого фрагмента, а также лигирование адаптеров с помощью одной смеси ферментов. Секвенирование проводили на платформе Illumina MiSeq (Illumina, США). Для удаления адаптеров, коротких последовательностей и последовательностей низкого качества (quality score менее 20 и длина менее 30 нуклеотидов) файлы FASTQ обрабатывали с помощью fastp v. 0.20.1 (<https://github.com/OpenGene/fastp/>) [15]. Предварительно обработанные прочтения выравнивали с референсным геномом YEZV (LC790676, LC790675, LC790674), полученным из базы данных NCBI GenBank, с помощью BWA MEM v. 0.7.18 (<https://github.com/lh3/bwa>) [16]. Обработку и анализ файлов SAM/BAM выполняли с помощью программы Samtools v. 1.11 [17]. Для извлечения консенсусной последовательности из файлов BAM использовали программу iVar v. 1.2.2 [18].

Построение филогенетических деревьев проводили в программе MEGA 11 [19] методом максимального правдоподобия с использованием эволюционной модели Тамуры–Нея (TN93). Статистическую значимость топологии филогенетических деревьев оценивали методом Bootstrap-анализа при проведении 1000 псевдovyборок. Визуализацию выполняли с применением программы iTOL [20].

При проведении статистического анализа данных и расчета 95% доверительного интервала (ДИ) использовали оценку Уилсона без поправки на непрерывность (<https://pedro.org.au/wp-content/uploads/CIcalculator.xls>).

### Результаты

При скрининге 463 проб клещей *I. persulcatus* на наличие РНК YEZV был выявлен один образец, содержащий генетический материал YEZV (Ct = 24,3). Уровень инфицированности YEZV в исследуемой выборке клещей *I. persulcatus* составил 0,2% (1/463; 95% ДИ 0,1–1,2). Клещ, инфицированный YEZV, был отловлен на территории Архаринского района вблизи федеральной трассы «Амур» (географические координаты: 49,468778; 130,158701). РНК YEZV среди исследуемой выборки клещей *H. concinna* выявлено не было. Для выявленного генетического варианта YEZV были определены полно-размерные последовательности всех трех сегментов генома, которые были депонированы в базу данных GenBank под номерами PX353463 для сегмента S, PX353464 для сегмента M, PX353465 для сегмента L.

Филогенетический анализ не показал четкой кластеризации известных изолятов YEZV по географической привязке (прототипные варианты, выделенные на территории Китая и Японии) или от источника выделения (прототипные варианты, выделенные из клещей или от человека).

Филогенетические деревья демонстрируют, что генетический вариант YEZV, обнаруженный в клеще

*I. persulcatus* на территории Амурской области, при анализе по всем трем сегментам отчетливо кластеризуется с прототипными последовательностями YEZV, обнаруженными ранее в Китае (наибольший уровень гомологии при сравнении по сегментам S и M демонстрирует с вариантом YBQG1712, обнаруженным в клеще из китайской провинции Yanbian, и при сравнении по сегменту L с китайскими вариантами MDJ003, MDJ014, MDJ025, выделенными от больных в китайской провинции Heilongjiang). Интересно отметить, что не наблюдается однозначной кластеризации генетического варианта YEZV из Амурской области с другими вариантами, циркулирующими на территории России. В целом при анализе всех трех сегментов наиболее близкий к выявленному варианту из российских изолятов является YEZV, обнаруженный в Хабаровском крае (рис. 2).

Генетическое сходство нуклеотидных и выведенных аминокислотных последовательностей между обнаруженным в Амурской области вариантом YEZV и рядом прототипных изолятов YEZV, циркулирующих в России, Китае и Японии, приведено в таблице. Ожидается, что при сравнении с известными прототипами наиболее консервативным как по нуклеотидной, так и по аминокислотной последовательности является сегмент L, кодирующий РНК-зависимую РНК-полимеразу.

Наибольший уровень внутривидового различия в нуклеотидных последовательностях генетических вариантов YEZV, обнаруженных на территории России (анализ проведен для выявленного генетического варианта и ранее обнаруженных Primorye-2024-1, Primorye-2024-2, Primorye-2024-3, Chita-2024-1 и Khabarovsk-2024-1), характерен для сегмента S (среднее значение различий при сравнении полноразмерных последовательностей составляет 2,8%). Различия нуклеотидных последовательностей для M- и L-сегментов составляет 1,7%. Аналогичный показатель, получаемый при сравнении выведенных аминокислотных последовательностей, колеблется от 0,3% (для L-сегмента) до 0,5% (для S- и M-сегментов) (рис. 3).

### Обсуждение

Наличие природных очагов различных ИПК, постоянное расширение территорий, подвергающихся антропогенному воздействию, а также существование профессионального контингента, работающего на территории природных очагов, определяют сохранение риска заражения различными возбудителями ИПК человека в Амурской области. Согласно данным официальной статистики, с 2014 по 2020 г. в Амурской области регистрировалась тенденция к снижению уровня заболеваемости ИПК, однако с 2021 г. фиксируется тренд к нарастанию интенсивности эпидемического процесса с 0,26 до 2,08‰<sub>0000</sub> в 2023 г. [9]. Ключевым результатом данного исследования является первое обнаружение РНК YEZV в клещах *I. persulcatus* на территории Амурской области. Факт обнаружения в клещах Амурской области генетического материала YEZV может свидетельствовать о том, что, помимо официально регистрируемых нозологических форм,

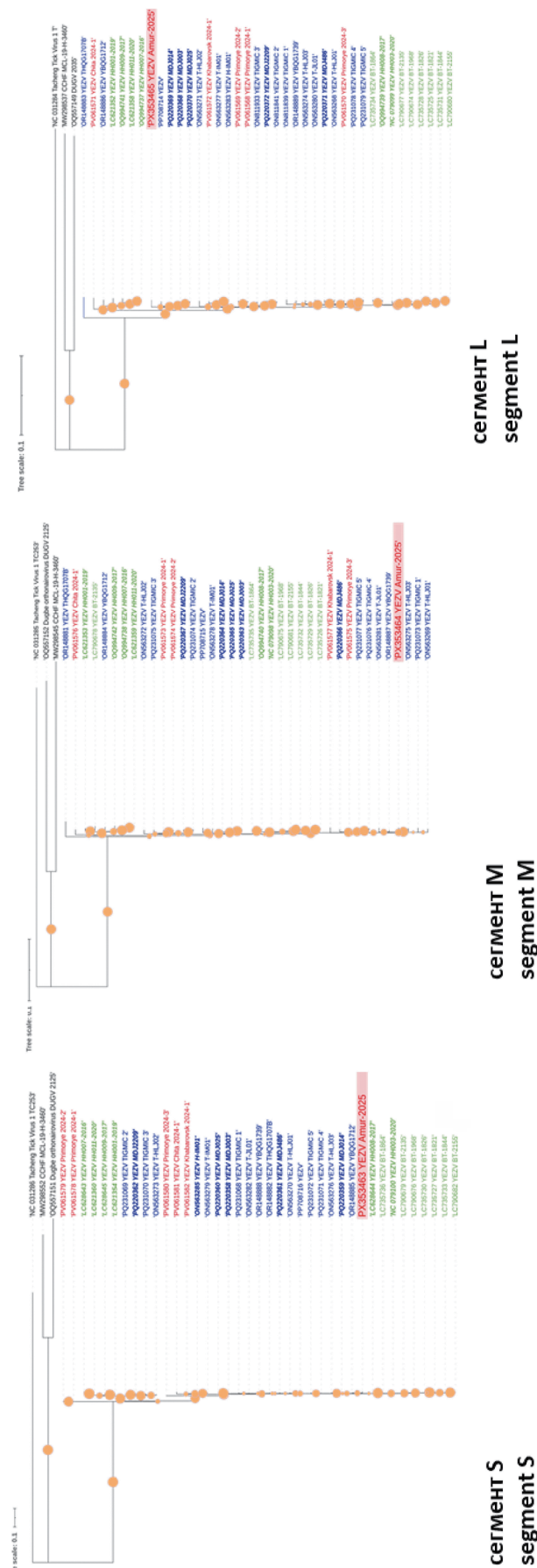


Рис. 2. Филогенетические деревья, построенные при анализе полноразмерных последовательностей сегментов Yezv. Красным шрифтом выделены варианты, обнаруженные в России; синим цветом выделены варианты, обнаруженные в Китае; зеленым цветом выделены варианты, обнаруженные в Японии.

Fig. 2. Phylogenetic trees constructed by analyzing full-length sequences of Yezv segments.

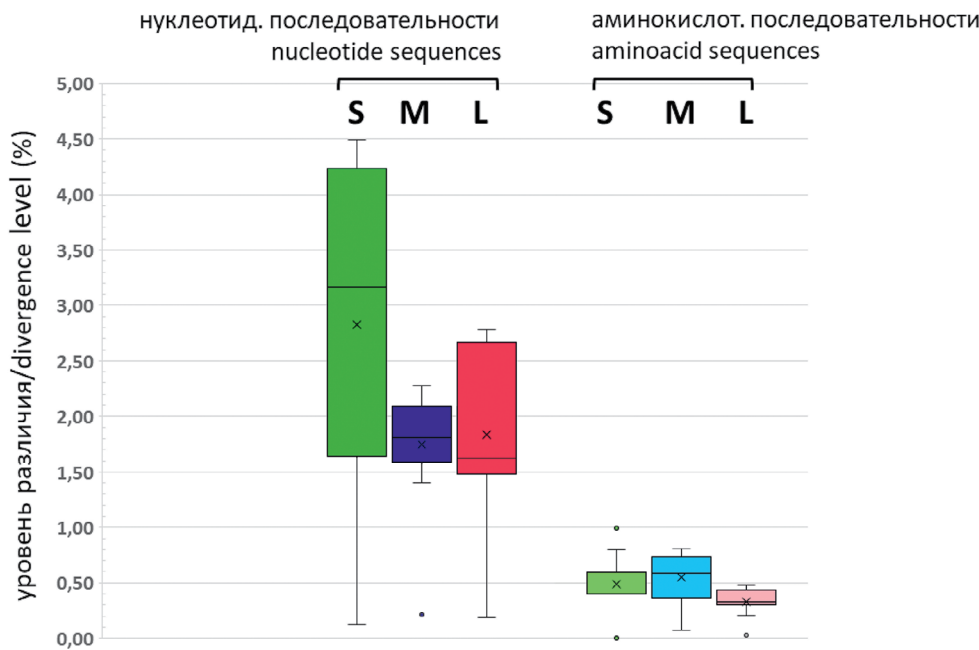
Isolates circulating in Russia are highlighted in red; isolates circulating in China are highlighted in blue; isolates circulating in Japan are highlighted in green.

реальный спектр ИПК на данной территории может быть гораздо шире. При этом следует обратить особое внимание на приграничные с Китаем районы и территории, подвергшиеся мощному антропогенному воздействию, а также на удаленные от областного центра районы с более низким уровнем доступности оказания медицинской помощи, включая лабораторную диагностику. Интерес представляет изучение иммунной прослойки к Yezv у населения, проживающего на данной территории, а также определение молекулярно-генетических и серологических маркеров Yezv среди различных млекопитающих, являющихся потенциальными резервуарами вируса.

Важным аспектом изучения многообразия и эволюции вирусов является исследование генетической стабильности их геномов. Известно, что для вирусов с сегментированным геномом достаточно часто наблюдаются события перегруппировки/рекомбинации, вносящие весомый вклад в их генетическую изменчивость. Однако топология филогенетических деревьев для известных генетических вариантов Yezv, построенных по всем трем сегментам, фактически совпадает, что позволяет предположить высокую степень адаптации данного вируса как к беспозвоночным переносчикам, так и к позвоночным хозяевам.

Для исключения возможной интеграции фрагментов вирусного генома Yezv в геном клеща [21, 22] с положительной пробой параллельно проводили постановку ПЦР без этапа обратной транскрипции, в результате которой ампликоны не нарабатывались.

Природные очаги многих ИПК ввиду общих переносчиков и резервуаров инфекции, как правило, являются сочетанными, что актуализирует вопрос развития микст-инфекций. В настоящей работе все пробы исследуемых клещей дополнительно были проанализированы методом ПЦР на наличие генетических маркеров вируса клещевого энцефалита, риккетсий, *B. burgdorferi* s.l., *B. miyamotoi*, *A. phagocytophilum*. Среди выборки исследуемых клещей *I. persulcatus* РНК вируса клещевого энцефалита не обнаружена, а инфицированность *B. burgdorferi* s.l. составила 7,6% (35/463; 95% ДИ 5,5–10,3), *B. miyamotoi* – 4,1% (19/463; 95% ДИ 2,6–6,3), *A. phagocytophilum* – 1,9% (9/463; 95% ДИ 1,1–3,6). Наибольший уровень инфицированности был характерен для риккетсий, которые обнаружены у 82,3% исследуемых клещей *I. persulcatus* (381/463; 95% ДИ 78,5–85,5). Также ДНК риккетсий была выявлена у 10,4% клещей вида *H. concinna* (25/241; 95% ДИ 7,1–14,8). В образце клеща, положительного на РНК Yezv, также была обнаружена ДНК риккетсий, что свидетельствует о возможности реализации микст-инфицирования двумя этими ИПК.



**Рис 3.** Уровень различия нуклеотидных и аминокислотных последовательностей генетических вариантов Yezv, циркулирующих на территории России.

**Fig. 3.** Divergence between Yezv genetic variants circulating in Russia at nucleotide and amino acid level.

**Таблица.** Уровень сходства нуклеотидной и аминокислотной последовательностей (%) выявленного в Амурской области варианта Yezv по сравнению с прототипными изолятами

**Table.** Level of identity of nucleotide and amino acid sequences (%) of Yezv isolates detected in the Amur Region compared to prototype isolates

Прототипный вариант (место и источник обнаружения) Prototype isolate (location and source of isolation)	Сегмент S Segment S		Сегмент M Segment M		Сегмент L Segment L	
	nuc	aa	nuc	aa	nuc	aa
Primorye-2024-1 (Россия, Приморский край) (Russia, Primorsky Krai, tick) PV061578, PV061573, PV061568	95,51	99,40	98,12	99,48	98,37	99,67
Primorye-2024-2 (Россия, Приморский край) (Russia, Primorsky Krai, tick) PV061579, PV061574, PV061569	95,64	99,40	98,15	99,41	98,34	99,70
Primorye-2024-3 (Россия, Приморский край) (Russia, Primorsky Krai, tick) PV061580, PV061575, PV061570	97,98	99,40	98,60	99,71	98,23	99,75
Chita-2024-1 (Россия, Забайкальский край) (Russia, Transbaikal Region, tick) PV061581, PV061576, PV061571	97,98	99,00	97,77	99,19	98,51	99,60
Khabarovsk-2024-1 (Россия, Хабаровский край) (Russia, Khabarovsk Krai, tick) PV061582, PV061577, PV061572	98,36	99,40	98,41	99,49	98,50	99,79
YBQC1712 (Китай, Yanbian, клещ) (China, Yanbian, tick) OR148885, OR148884, OR148886	98,55	99,40	97,41	99,34	97,41	99,75
THQC1707B (Китай, Tonghua, клещ) (China, Tonghua, tick) OR148882, OR148881, OR148883	98,29	99,20	96,06	98,75	96,28	99,32
MDJ014 (Китай, Heilongjiang, человек) (China, Heilongjiang, human) PQ220359, PQ220364, PQ220369	98,48	99,60	98,29	99,71	98,58	99,80
MDJ486 (Китай, Jilin, человек) (China, Jilin, human) PQ220361, PQ220366, PQ220371	98,17	99,40	98,62	99,63	98,14	99,60
BT-2155 (Япония, клещ) (Japan, tick) LC790682, LC790681, LC790680	98,42	99,40	98,57	99,62	98,24	99,62
HN011-2020 (Япония, человек) (Japan, tick) LC621360, LC621359, LC621358	93,68	100,00	97,15	99,26	97,34	99,62

### Заключение

В проведенном исследовании впервые для территории Амурской области показана циркуляция недавно открытого наиовируса – YEZV, а также определена полногеномная нуклеотидная последовательность выявленного генетического варианта YEZV. Полученные данные вносят вклад в понимание генетического разнообразия и филогеографии данного патогена на территории России и имеют непосредственное практическое значение для системы эпидемиологического надзора. Актуальная информация о циркуляции и генетическом разнообразии наиовирусов, представляющих потенциальную опасность для человека и животных, способствует регулированию и корректировке профилактических и противоэпидемических мероприятий, а также проведению адекватной регионально-ориентированной лабораторной диагностики ИПК. Обнаружение циркуляции YEZV в клещах *I. persulcatus* на территории Амурской области подтверждает необходимость дальнейшего мониторинга распространения YEZV в природных очагах ИПК на территории Дальнего Востока, и прежде всего в приграничных с Китаем областях.

Высокая частота встречаемости возбудителей ИПК в иксодовых клещах диктует необходимость проведения комплексной лабораторной диагностики этих заболеваний у лиц, обратившихся по поводу присасывания клеща, принимая во внимание детекцию не только известных, но и недавно выявленных возбудителей на очаговых территориях. Это, в свою очередь, актуализирует разработку диагностических тест-систем, обладающих высокой чувствительностью и специфичностью, для выявления недавно открытых патогенов, а также активное внедрение этих диагностикомов в практическое здравоохранение.

### ЛИТЕРАТУРА

- Georgakopoulou V.E., Taskou C., Sarantaki A., Spandidos D.A., Gourouti K., Chaniotis D., et al. Vector-borne infectious diseases in pregnancy in the era of climate change: a focus on mosquito- and tick-borne pathogens (review). *Exp. Ther. Med.* 2025; 30(3): 174. <https://doi.org/10.3892/etm.2025.12924>
- Ren M., Pang Z., Tu Y., Wang A., Xu T., Yu X., et al. Alongshan virus: an emerging arboviral challenge in regional health security. *Virulence.* 2025; 16(1): 2492360. <https://doi.org/10.1080/21505594.2025.2492360>
- Sun H., Hu Q., Lu S., Yang Y., Zhang L., Long J., et al. Current status of severe fever with thrombocytopenia syndrome in China (review). *Int. J. Mol. Med.* 2025; 56(5): 169. <https://doi.org/10.3892/ijmm.2025.5610>
- Hawman D.W., Feldmann H. Crimean-Congo haemorrhagic fever virus. *Nat. Rev. Microbiol.* 2023; 21(7): 463–77. <https://doi.org/10.1038/s41579-023-00871-9>
- Ito M., Minamikawa M., Kovba A., Numata H., Itoh T., Ariizumi T., et al. Environmental and host factors underlying tick-borne virus infection in wild animals: Investigation of the emerging Yezo virus in Hokkaido, Japan. *Ticks Tick Borne Dis.* 2024; 15(6): 102419. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2024.102419>
- Lv X., Liu Z., Li L., Xu W., Yuan Y., Liang X., et al. Yezo virus infection in tick-bitten patient and ticks, northeastern China. *Emerg. Infect. Dis.* 2023; 29(4): 797–800. <https://doi.org/10.3201/eid2904.220885>
- Kartashov M., Svirin K., Zheleznova A., Yanshin A., Radchenko N., Kurushina V., et al. First report of the Yezo virus isolates detection in Russia. *Viruses.* 2025; 17(8): 1125. <https://doi.org/10.3390/v17081125>
- Apanasevich M., Dubovitskiy N., Derko A., Khozyainova A., Tarasov A., Kokhanenko A., et al. Genomic characteristics of a novel Yezo virus identified in the virome of ixodes pavlovskiyi Ticks from Tomsk, Russia (2024). *MDPI.* 2025. Preprint. <https://doi.org/10.20944/preprints202509.0525.v1>

- Бурдинская Е.Н., Натыкан Ю.А., Курганова О.П., Пшеничная Н.Ю., Драгомерецкая А.Г., Троценко О.Е. Основные проявления клещевых трансмиссивных инфекций на территории Амурской области в 2014–2023 гг. *Здоровье населения и среда обитания – ЗНУСО.* 2024; 32(4): 65–80. <https://doi.org/10.35627/2219-5238/2023-32-4-65-74> <https://elibrary.ru/hgolri>
- Ma J., Lv X.L., Zhang X., Han S.Z., Wang Z.D., Li L., et al. Identification of a new orthonairovirus associated with human febrile illness in China. *Nat. Med.* 2021; 27(3): 434–9. <https://doi.org/10.1038/s41591-020-01228-y>
- Liu Z., Li L., Xu W., Yuan Y., Liang X., Zhang L., et al. Extensive diversity of RNA viruses in ticks revealed by metagenomics in northeastern China. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2022; 16(12): e0011017. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0011017>
- Карташов М.Ю., Микрюкова Т.П., Терновой В.А., Москвитина Н.С., Локтев В.Б. Высокоэффективная детекция ДНК риккетсии методом ПЦР в реальном времени. *Клиническая лабораторная диагностика.* 2015; 60(12): 39–43. <https://elibrary.ru/vhthvt>
- Marshall O.J. PerlPrimer: cross-platform, graphical primer design for standard, bisulphite and real-time PCR. *Bioinformatics.* 2004; 20(15): 2471–2. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bth254>
- Kibbe W.A. OligoCalc: an online oligonucleotide properties calculator. *Nucleic Acids Res.* 2007; 35(Web Server Issue): W43–6. <https://doi.org/10.1093/nar/gkm234>
- Chen S., Zhou Y., Chen Y., Gu J. fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor. *Bioinformatics.* 2018; 34(17): i884–90. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty560>
- Li H., Durbin R. Fast and accurate short read alignment with Burrows–Wheeler transform. *Bioinformatics.* 2009; 25(14): 1754–60. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp324>
- Danecek P., Bonfield J. K., Liddle J., Marshall J., Ohan V., Pollard M.O., et al. Twelve years of SAMtools and BCFtools. *GigaScience.* 2021; 10(2): giab008. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giab008>
- Grubaugh N.D., Gangavarapu K., Quick J., Matteson N.L., De Jesus J.G., Main B.J., et al. An amplicon-based sequencing framework for accurately measuring intrahost virus diversity using PrimalSeq and iVar. *Genome Biol.* 2019; 20(1): 8. <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1618-7>
- Tamura K., Stecher G., Kumar S. MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Mol. Biol. Evol.* 2021; 38(7): 3022–7. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- Letunic I., Bork P. Interactive Tree of Life (iTOL) v6: recent updates to the phylogenetic tree display and annotation tool. *Nucleic Acids Res.* 2024; 52(W1): W78–82. <https://doi.org/10.1093/nar/gkae268>
- Nag D.K., Brecher M., Kramer L.D. DNA forms of arboviral RNA genomes are generated following infection in mosquito cell cultures. *Virology.* 2016; 498: 164–71. <https://doi.org/10.1016/j.virol.2016.08.022>
- Ballinger M.J., Taylor D.J. Evolutionary persistence of insect bunyavirus infection despite host acquisition and expression of the viral nucleoprotein gene. *Virus Evol.* 2019; 5(2): vez017. <https://doi.org/10.1093/ve/vez017>

### REFERENCES

- Georgakopoulou V.E., Taskou C., Sarantaki A., Spandidos D.A., Gourouti K., Chaniotis D., et al. Vector-borne infectious diseases in pregnancy in the era of climate change: a focus on mosquito- and tick-borne pathogens (review). *Exp. Ther. Med.* 2025; 30(3): 174. <https://doi.org/10.3892/etm.2025.12924>
- Ren M., Pang Z., Tu Y., Wang A., Xu T., Yu X., et al. Alongshan virus: an emerging arboviral challenge in regional health security. *Virulence.* 2025; 16(1): 2492360. <https://doi.org/10.1080/21505594.2025.2492360>
- Sun H., Hu Q., Lu S., Yang Y., Zhang L., Long J., et al. Current status of severe fever with thrombocytopenia syndrome in China (review). *Int. J. Mol. Med.* 2025; 56(5): 169. <https://doi.org/10.3892/ijmm.2025.5610>
- Hawman D.W., Feldmann H. Crimean-Congo haemorrhagic fever virus. *Nat. Rev. Microbiol.* 2023; 21(7): 463–77. <https://doi.org/10.1038/s41579-023-00871-9>
- Ito M., Minamikawa M., Kovba A., Numata H., Itoh T., Ariizumi T., et al. Environmental and host factors underlying tick-borne virus infection in wild animals: Investigation of the emerging Yezo virus in Hokkaido, Japan. *Ticks Tick Borne Dis.* 2024; 15(6): 102419. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2024.102419>
- Lv X., Liu Z., Li L., Xu W., Yuan Y., Liang X., et al. Yezo virus infection in tick-bitten patient and ticks, northeastern China. *Emerg. Infect. Dis.* 2023; 29(4): 797–800. <https://doi.org/10.3201/eid2904.220885>
- Kartashov M., Svirin K., Zheleznova A., Yanshin A., Radchenko N., Kurushina V., et al. First report of the Yezo virus isolates detection in Russia. *Viruses.* 2025; 17(8): 1125. <https://doi.org/10.3390/v17081125>

8. Apanasevich M., Dubovitskiy N., Derko A., Khozyainova A., Tarasov A., Kokhanenko A., et al. Genomic characteristics of a novel Yezo virus identified in the virome of ixodes pavlovskiyi Ticks from Tomsk, Russia (2024). *MDPI*. 2025. Preprint. <https://doi.org/10.20944/preprints202509.0525.v1>
9. Burdinskaya E.N., Nattykan Yu.A., Kurganova O.P., Pshenichnaya N.Yu., Dragomereckaya A.G., Trotsenko O.E. The main manifestations of tick-borne infections in the Amur region in 2014–2023. *Zdorov'e naseleniya i sreda obitaniya – ZNiSO*. 2024; 32(4): 65–80. <https://doi.org/10.35627/2219-5238/2023-32-4-65-74> <https://elibrary.ru/hgolri> (in Russian)
10. Ma J., Lv X.L., Zhang X., Han S.Z., Wang Z.D., Li L., et al. Identification of a new orthonairovirus associated with human febrile illness in China. *Nat. Med.* 2021; 27(3): 434–9. <https://doi.org/10.1038/s41591-020-01228-y>
11. Liu Z., Li L., Xu W., Yuan Y., Liang X., Zhang L., et al. Extensive diversity of RNA viruses in ticks revealed by metagenomics in northeastern China. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2022; 16(12): e0111017. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0011017>
12. Kartashov M.Yu., Mikryukova T.P., Ternovoi V.A., Moskvitina N.S., Loktev V.B. The highly effective detection of DNA Rk-ketsia using technique of polymerase chain reaction in real-time. *Klinicheskaya laboratornaya diagnostika*. 2015; 60(12): 39–43. <https://elibrary.ru/vhthvt> (in Russian)
13. Marshall O.J. PerlPrimer: cross-platform, graphical primer design for standard, bisulphite and real-time PCR. *Bioinformatics*. 2004; 20(15): 2471–2. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bth254>
14. Kibbe W.A. OligoCalc: an online oligonucleotide properties calculator. *Nucleic Acids Res.* 2007; 35(Web Server Issue): W43–6. <https://doi.org/10.1093/nar/gkm234>
15. Chen S., Zhou Y., Chen Y., Gu J. fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor. *Bioinformatics*. 2018; 34(17): i884–90. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty560>
16. Li H., Durbin R. Fast and accurate short read alignment with Burrows–Wheeler transform. *Bioinformatics*. 2009; 25(14): 1754–60. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp324>
17. Danecek P., Bonfield J. K., Liddle J., Marshall J., Ohan V., Pollard M.O., et al. Twelve years of SAMtools and BCFtools. *GigaScience*. 2021; 10(2): giab008. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giab008>
18. Grubaugh N.D., Gangavarapu K., Quick J., Matteson N.L., De Jesus J.G., Main B.J., et al. An amplicon-based sequencing framework for accurately measuring intrahost virus diversity using PrimalSeq and iVar. *Genome Biol.* 2019; 20(1): 8. <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1618-7>
19. Tamura K., Stecher G., Kumar S. MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Mol. Biol. Evol.* 2021; 38(7): 3022–7. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
20. Letunic I., Bork P. Interactive Tree of Life (iTOL) v6: recent updates to the phylogenetic tree display and annotation tool. *Nucleic Acids Res.* 2024; 52(W1): W78–82. <https://doi.org/10.1093/nar/gkae268>
21. Nag D.K., Brecher M., Kramer L.D. DNA forms of arboviral RNA genomes are generated following infection in mosquito cell cultures. *Virology*. 2016; 498: 164–71. <https://doi.org/10.1016/j.virol.2016.08.022>
22. Ballinger M.J., Taylor D.J. Evolutionary persistence of insect bunyavirus infection despite host acquisition and expression of the viral nucleoprotein gene. *Virus Evol.* 2019; 5(2): vez017. <https://doi.org/10.1093/ve/vez017>

#### Информация об авторах:

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

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

**Железнова Алина Сергеевна** – стажер-исследователь отдела молекулярной вирусологии ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора, р.п. Кольцово, Россия. E-mail: zheleznova\_as@vector.nsc.ru; <https://orcid.org/0009-0006-1252-9616>

**Свирин Кирилл Андреевич** – младший научный сотрудник отдела молекулярной вирусологии ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора, р.п. Кольцово, Россия. E-mail: svirin\_ka@vector.nsc.ru; <https://orcid.org/0000-0001-9083-1649>

**Матеркина Екатерина Ильинична** – научный сотрудник отдела молекулярной вирусологии ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора, р.п. Кольцово, Россия. E-mail: katr962@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0001-5181-0415>

**Терновой Владимир Александрович** – канд. биол. наук, ведущий научный сотрудник отдела молекулярной вирусологии, заведующий лабораторией молекулярной эпидемиологии ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора, р.п. Кольцово, Россия. E-mail: tern@vector.nsc.ru; <https://orcid.org/0000-0003-1275-171X>

**Участие авторов:** Карташов М.Ю. – концепция и дизайн исследования, проведение лабораторных исследований, написание текста статьи; Курушина В.Ю., Железнова А.С., Свирин К.А., Матеркина Е.И. – проведение лабораторных исследований; Терновой В.А. – общее руководство, научное редактирование.

Поступила 29.11.2025  
Принята в печать 30.01.2026  
Опубликована 28.02.2026

#### Information about the authors:

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

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

**Alina S. Zheleznova** – Junior Researcher, Department of Molecular Virology State Research Center of Virology and Biotechnology «Vector», Koltsovo, Novosibirsk Region, Russia. E-mail: zheleznova\_as@vector.nsc.ru; <https://orcid.org/0009-0006-1252-9616>

**Kirill A. Svirin** – Junior Researcher, Department of Molecular Virology State Research Center of Virology and Biotechnology «Vector», Koltsovo, Novosibirsk Region, Russia. E-mail: svirin\_ka@vector.nsc.ru; <https://orcid.org/0000-0001-9083-1649>

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

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

**Contribution:** Kartashov M.Yu. – concept and design of the study, conducting research, writing the text of the article; Kurushina V.Yu., Zheleznova A.S., Svirin K.A., Materikina E.I. – performing the experiments; Ternovoi V.A. – research management.

Received 29 November 2025  
Accepted 30 January 2026  
Published 28 February 2026