



ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-365>

© КОРОТКОВА И.А., ЧЕРНЫШЕВА А.Е., МУХАЧЕВ И.С., МАМОНТОВ О.И., КИЛЬДЯШОВ М.А., МАРКАРЯН А.Ю., СЕМЕНОВ А.В., 2026

Генетическая характеристика аденовирусов (*Adenoviridae: Mastadenovirus*), циркулирующих среди больных респираторными инфекциями военнослужащих в эпидемиологический сезон 2023–2024 годов в Свердловской области

Короткова И.А.^{1✉}, Чернышева А.Е.¹, Мухачев И.С.², Мамонтов О.И.², Кильдяшов М.А.², Маркарян А.Ю.¹, Семенов А.В.¹

¹ФБУН «Федеральный научно-исследовательский институт вирусных инфекции «Виром» Роспотребнадзора, 620030, г. Екатеринбург, Россия;

²ФГКУ «1026 Центр государственного санитарно-эпидемиологического надзора» Минобороны России, 620144, г. Екатеринбург, Россия

Резюме

Актуальность проведенного исследования определяется высокой эпидемиологической значимостью аденовируса в структуре острых респираторных вирусных инфекций (ОРВИ), особенно среди военнослужащих. Установлено, что в 90% случаев у госпитализированных из организованных военных коллективов пациентов с внебольничной пневмонией идентифицировался аденовирус, вызывающий большой объем поражения легких, различные инвалидизирующие осложнения, возможные летальные исходы.

Цель исследования: изучение генетического разнообразия аденовирусов, обнаруженных у больных респираторными инфекциями военнослужащих в эпидемиологический сезон гриппа и ОРВИ 2023–2024 гг. в Свердловской области.

Материалы и методы. Проведено исследование 79 образцов клинического материала (назофарингеальные мазки), положительного на наличие аденовируса, с помощью метода фрагментного секвенирования по Сэнгеру. Материал был собран от военнослужащих с симптомами ОРВИ, находящихся на лечении в военно-медицинских организациях Свердловской области в период эпидсезона гриппа и ОРВИ 2023–2024 гг. (октябрь–февраль).

Результаты. Выявлено 6 геновариантов аденовируса: В3, В7, В14, В55, С2 и С5, при этом в большей степени определялся генотип В55, вызывающий тяжелое и средней степени тяжести течение болезни.

Заключение. Проведенное исследование дает представление о генетическом разнообразии аденовирусов, циркулирующих среди военнослужащих на территории Свердловской области в эпидсезоне 2023–2024 гг. Изучение генетических вариантов циркулирующих аденовирусов необходимо для разработки средств специфической профилактики заболевания, совершенствования методов неспецифической профилактики, поиска оптимальных препаратов для этиотропной терапии.

Ключевые слова: аденовирус; военнослужащие; геноварианты; пневмония; В55

Для цитирования: Короткова И.А., Чернышева А.Е., Мухачев И.С., Мамонтов О.И., Кильдяшов М.А., Маркарян А.Ю., Семенов А.В. Генетическая характеристика аденовирусов (*Adenoviridae: Mastadenovirus*), циркулирующих среди больных респираторными инфекциями военнослужащих в эпидемиологический сезон 2023–2024 годов в Свердловской области. *Вопросы вирусологии*. 2026; 71(2): 175–181.

DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-365> EDN: <https://elibrary.ru/mygumw>

Финансирование. Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования при проведении исследования. Исследование выполнено за счет государственного бюджета в рамках федерального проекта «Санитарный щит – безопасность для здоровья (предупреждение, выявление, реагирование)», а также в рамках выполнения научно-исследовательской работы «Интегрированный подход к изучению эпидемиологических и молекулярно-генетических особенностей гриппа и ОРВИ при тяжелых клинических формах в период массовой вакцинопрофилактики» (рег. № 12104150044–2).

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

Этическое утверждение. Исследование проводилось при добровольном информированном согласии пациентов. Протокол исследования одобрен этическим комитетом ФБУН ФНИИВИ «Виром» Роспотребнадзора (Протокол № 4 от 08.09.2022).

ORIGINAL STUDY ARTICLE

DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-365>

Genetic characteristics of adenoviruses (*Adenoviridae: Mastadenovirus*) circulating among military personnel with respiratory infections during the 2023–2024 season in the Sverdlovsk Region

Inna A. Korotkova^{1✉}, Anna E. Chernysheva¹, Ivan S. Mukhachev², Oleg I. Mamontov², Maksim A. Kildyashov², Alexandr Yu. Markaryan¹, Alexandr V. Semenov¹

¹FSRIVI «Virome» Rospotrebnadzor; 620030, Ekaterinburg, Russia;

²1026 Center for State Sanitary and Epidemiological Surveillance, 620144, Ekaterinburg, Russia

Abstract

The relevance of the conducted study is determined by the high epidemiological significance of adenovirus in the structure of acute respiratory viral infections (ARVI), particularly among military personnel. Previously, adenovirus was identified in 90% of cases of patients with community-acquired pneumonia hospitalised from organised military groups, leading to significant lung damage, various disabling complications, and possible fatal outcomes.

The aim of this study was to investigate the genetic diversity of adenoviruses detected in patients with respiratory infections among military personnel during the 2023–2024 influenza and ARVI epidemic season in the Sverdlovsk Region.

Materials and methods. Sanger sequencing was performed for 79 clinical samples (nasopharyngeal swabs) that tested positive for adenovirus. The samples were collected from military personnel exhibiting symptoms of ARVI who were receiving treatment in military medical institutions in the Sverdlovsk Region during the 2023–2024 influenza and ARVI epidemic season (October to February).

Results. Six genetic variants of adenovirus were identified: B3, B7, B14, B55, C2, and C5, with genotype B55 being predominant and associated with severe and moderately severe disease.

Conclusion. The study provides insight into the genetic diversity of adenoviruses circulating among military personnel in the Sverdlovsk Region during the 2023–2024 epidemic season. Genetic surveillance of circulating adenoviruses is essential for developing specific preventive measures, improving non-specific prevention methods, and identifying optimal drugs for aetiologic therapy.

Keywords: adenovirus; military personnel; genovariants; pneumonia; B55

For citation: Korotkova I.A., Chernysheva A.E., Mukhachev I.S., Mamontov O.I., Kildyashov M.A., Markaryan A.Yu., Semenov A.V. Genetic characteristics of adenoviruses (*Adenoviridae: Mastadenovirus*) circulating among military personnel with respiratory infections during the 2023–2024 season in the Sverdlovsk Region. *Problems of Virology (Voprosy Virusologii)*. 2026; 71(2): 175–181. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-365>
EDN: <https://elibrary.ru/mygumw>

Funding. This study was not supported by any external sources of funding. The research was funded by the State budget as part of the federal project «Sanitary shield – health safety (prevention, detection, and response)», as well as as part of the research project «An integrated approach to studying the epidemiological and molecular-genetic characteristics of Influenza and ARVI in severe clinical forms during the period of mass vaccination» (No. 12104150044–2).

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

Ethics approval. The study was conducted with the informed consent of the patients. The research protocol was approved by the Ethics Committee of the FSRIVI «Virome» Rospotrebnadzor (Protocol No. 4 from August 9, 2022).

Введение

Несмотря на достижения в диагностике и терапии острых респираторных вирусных инфекций (ОРВИ), аденовирусная инфекция сохраняет социально-экономическую, медицинскую и эпидемиологическую актуальность для Вооруженных Сил Российской Федерации. Это связано с отсутствием средств специфической профилактики, большой долей аденовирусной инфекции (64,6%) в этиологической структуре ОРВИ среди военнослужащих, склонностью к затяжному и рецидивирующему течению заболевания, частым развитием бронхолегочных осложнений [1–3].

Аденовирусы человека рода *Mastadenovirus* отнесены к семи группам А–G по степени гомологии ДНК и содержанию в ней GC-пар оснований [4]. Разные серотипы обладают различной тканевой тропностью, которая коррелирует с клиническими проявлениями инфекции [5]. В настоящее время насчитываются 51 серотип и 113 генотипов аденовирусов [6]. К респираторным патогенам относят группы В (B3, B7, B14, B16, B21 и B55), С (C1, C2, C5, C6 и C57), Е (E4). Ранее проведенные лабораторные исследования по генотипированию клинического материала от больных аденовирусной инфекцией военнослужащих разных стран установили циркуляцию геновариантов E4 [4], B4 и B7 [7–9], B14 [9, 10], В (P14H11F14) [11], B55 [4, 12–15].

В последние годы с помощью филогенетического анализа все чаще выявляются новые серотипы или подвиды, которые возникают в результате рекомбинации генома между гексоном, фибером и пентоном [16]. Так, геноварианты, появившиеся после 52-го варианта в группах А, В и С, почти все являются рекомбинантами [17]. Наиболее ярким представителем данной группы является аденовирус В55. Полный геномный анализ показал, что геновариант В55 является «тройным» конем, который содержит рекомбинантный геном как почечного патогена В11, обеспечивающего антигенный эпитоп, так и респираторного патогена В14, определяющего клеточный тропизм, биологические и патогенные свойства [18, 19]. Этот вирус, вероятно, возник в результате вспышки острой респираторной инфекции на военной учебной базе (Испания, 1969 г.) [20], а впоследствии периодически появлялся в Турции (2004 г.), Сингапуре (2005 г.), в Китае впервые вызвал заболевание в провинции Шаньси в 2006 г. и был ошибочно идентифицирован как тип 11а [12, 14, 18, 19]. В период с мая по июнь 2014 г. в военном учебном центре Китая в провинции Шаньдун была зарегистрирована вспышка респираторной инфекции, этиологическим агентом которой явился аденовирус типа В (P14N11F14), филогенетически очень похожий на аденовирус В55, выделенный от гражданского населения Китая. Аденовирус В (P14N11F14) характеризовался как менее вирулентный по сравнению с В55 и вызывал легкое течение заболевания [11]. Однако регистрировались лишь единичные случаи данного геноварианта, на смену ему пришел аденовирус В55. Корейские ученые по результатам исследования установили, что крупная вспышка аденовирусной инфекции, начавшаяся в 2014 г., в настоящее время продолжается в рядах вооруженных сил Кореи, и геновариант В55 является преобладающим штаммом [12, 13].

По данным литературы, геновариант аденовируса В55 на сегодняшний день распространился по многим странам, обходя коллективный иммунитет, вызывает тяжелое течение болезни, а также приводит к вспышечной заболеваемости [10, 12–14, 16, 19, 21].

Целью данного исследования явилось изучение генетического разнообразия аденовирусов, обнаруженных у больных респираторными инфекциями военнослужащих в эпидемиологический сезон гриппа и ОРВИ 2023–2024 гг. в Свердловской области.

Материалы и методы

Проведено исследование 397 образцов клинического материала (назофарингеальные мазки) от военнослужащих с симптомами ОРВИ, находящихся на лечении в военно-медицинских организациях Свердловской области. Материал отобран в период эпидсезона гриппа и ОРВИ 2023–2024 гг. (октябрь–февраль).

Исследование проводилось при добровольном информированном согласии пациентов. Протокол исследования одобрен этическим комитетом ФБУН ФНИИВИ «Виром» Роспотребнадзора (Протокол № 4 от 08.09.2022).

Исследование осуществляли с помощью метода полимеразной цепной реакции (ПЦР) с использованием тест-системы «АмплиСенс ОРВИ-скрин-FL» (ЦНИИЭ, Россия) и Real-time CFX96 Touch (Bio-Rad Laboratories, США). Анализ генетических вариаций обнаруженных аденовирусов выполняли с помощью Applied Biosystems 3500 series genetic Analyzer (ThermoFisherScientific, США) методом фрагментного секвенирования гена hexon, для этого использовали праймеры, разработанные X. Wu и соавт. [17]. Для биоинформационной обработки сиквенсов использовали программу Unipro UGENE. Полученные данные были размещены на информационной платформе VGARus. Статистическую оценку результатов исследования проводили с помощью программ Microsoft Excel 2010 и Past 4.10. Качественные признаки представлены в виде долей. Для характеристики коэффициента точности показателей (доли, интенсивный показатель) использовали ошибку репрезентативности ($\pm m$), различия считали достоверными при 95% доверительном интервале ($p < 0,05$) [22].

Результаты

При исследовании методом ПЦР 397 проб клинического материала от больных с симптомами ОРВИ средней и тяжелой степени тяжести выявлено 156 (39,3%) проб с положительным результатом на наличие респираторных вирусов. В $53,2 \pm 6,6\%$ положительных проб обнаружены аденовирусы (83 образца), в меньшей доле представлены риновирусы (41%) и сезонные коронавирусы (12,8%), в единичных пробах выявлены вирусы парагриппа (5,1%) и респираторно-синцитиальные вирусы (0,6%) (**рис. 1**).

У 42 (50,6%) пациентов с пневмонией в назофарингеальных мазках был обнаружен аденовирус, что позволяет предполагать его этиологическую роль или участие в качестве кофактора в развитии заболева-

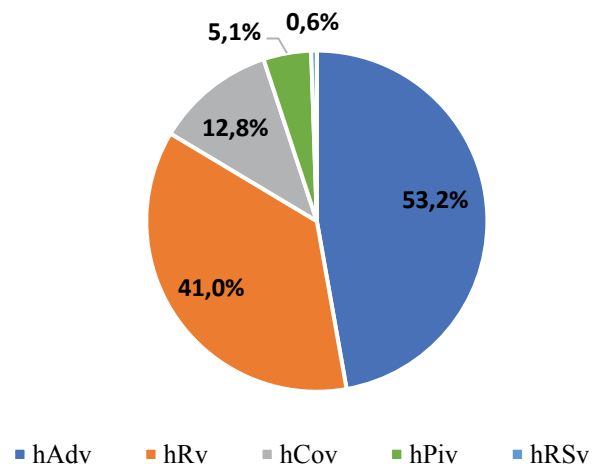


Рис. 1. Этиологическая структура ОРВИ у военнослужащих в эпидсезон 2023–2024 гг.

Fig. 1. The etiological structure of ARVI in military personnel in the 2023–2024 epidemic season.

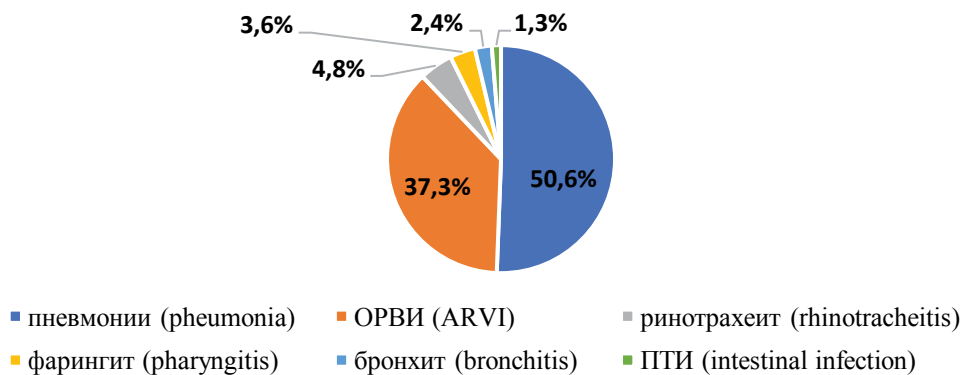


Рис. 2. Структура клинических форм аденовирусной инфекции у военнослужащих в эпидсезон 2023–2024 гг.
Fig. 2. Structure of clinical forms of adenovirus infection in military personnel in the 2023–2024 epidemic season.



Рис. 3. Разнообразие аденовирусов у военнослужащих по результатам фрагментного секвенирования гена *hexon* (2023–2024 гг.).
Fig. 3. Adenovirus diversity in military personnel based on fragmentary sequencing of *hexon* gene (2023–2024).

ния. Для окончательного подтверждения этиологии необходимы исследования материала из нижних дыхательных путей и исключение бактериальных патогенов. Аденовирус также детектировался у больных ОРВИ – 31 случай (37,3%), ринотрахеитом – в 4 (4,8%), фарингитом – 3 (3,6%), бронхитом – 2 (2,4%), пищевой токсикоинфекцией (ПТИ) – 1 (1,3%) случай (рис. 2).

В 20 (24%) случаях заболевания аденовирусная инфекция сопровождалась как минимум еще одним респираторным патогеном. Чаще всего регистрировалось сочетание аденовируса с риновирусом (14 положительных проб), с сезонным коронавирусом (6), с сезонным коронавирусом и парагриппом (1). При этом сочетание аденовируса с риновирусом вызывало развитие более легких форм заболевания (ОРВИ, фарингит, ринотрахеит), в то же время конфекция с сезонным коронавирусом приводила к развитию пневмонии.

Необходимо отметить, что отсутствие бактериологических исследований и материала из нижних дыхательных путей не позволяет в полной мере дифференцировать вирусные и вирусно-бактериальные пневмонии.

Из 83 положительных в ПЦР на аденовирус проб успешно генотипированы методом фрагментного секвенирования гена *hexon* 79 проб, в результате установлено 6 геновариантов аденовируса: B3, B7, B14, B55, C2 и C5. Чаще всего регистрировались ва-

рианты B55 (39 проб; 49,4%) и B3 (26; 32,9%), реже – C2 (9; 11,4%), B7 (2; 2,5%), C5 (2; 2,5%), B14 (1; 1,3) (рис. 3).

Отмечено, что основным этиологическим агентом пневмонии был определен геновариант B55, ОРВИ – B3 и B55, ринотрахеита – C2, фарингита – C2 и B3, острого бронхита – B3, ПТИ – B14 (рис. 4).

Установлено, что в начале эпидемиологического сезона гриппа и ОРВИ 2023–2024 гг. (октябрь, ноябрь) циркулировали в основном геноварианты B3 и B55, в меньшей степени – C2, C5, в январе, феврале в материале от больных определялся аденовирус B55.

По данным филогенетического анализа, определенные аденовирусы были наиболее близки к штаммам из США (45,6%), Китая (43%) и Японии (11,4%) (рис. 5).

Обсуждение

Аденовирус является одним из ключевых этиологических агентов ОРВИ у военнослужащих. Ранее проведенные единичные молекулярно-генетические исследования геновариантов аденовирусов, циркулирующих среди военнослужащих на территории РФ, не дают полного представления о генетическом разнообразии данного вируса. Настоящее исследование позволило выявить циркуляцию на территории Свердловской области эпидемиологически значимого геноварианта аденовируса – B55,

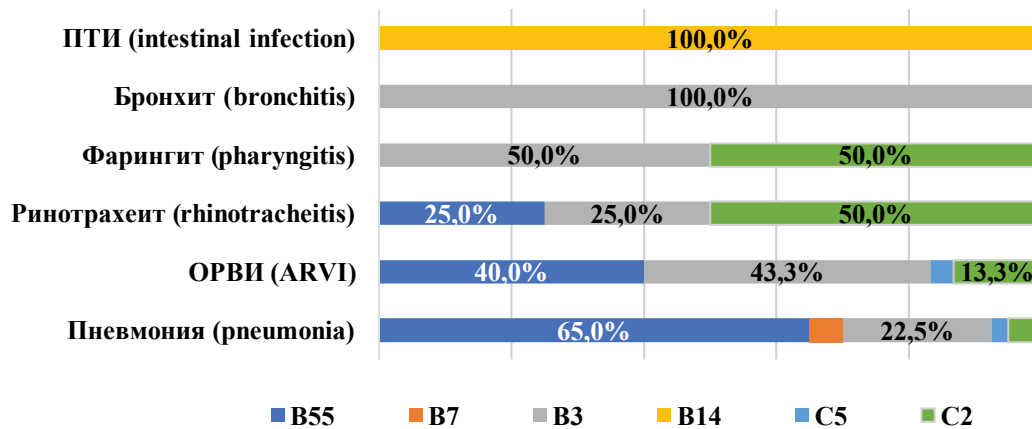


Рис. 4. Роль геновариантов в развитии клинических форм аденовирусной инфекции у военнослужащих (2023–2024 гг.).

Fig. 4. The role of gene variants in the development of clinical forms of adenovirus infection in military personnel (2023–2024).

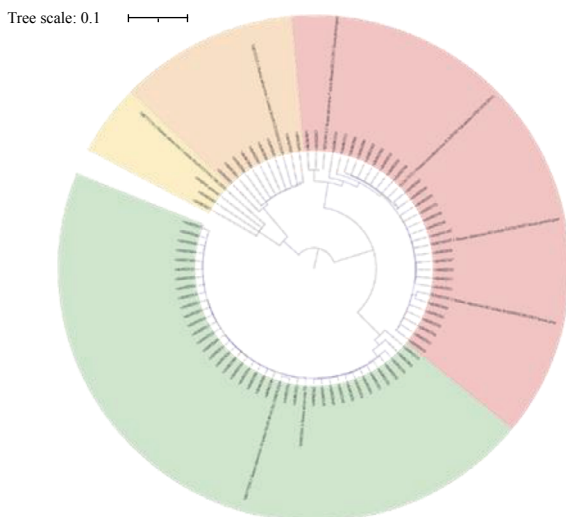


Рис. 5. Филогенетическое дерево по гену hexon аденовируса человека.

Fig. 5. Hexon gene phylogenetic tree of human adenovirus.

поражающего нижние дыхательные пути и вызывающего тяжелое течение заболевания. Данный генотип вируса превалировал среди других и вызывал развитие внебольничных аденовирусных пневмоний. Филогенетический анализ показал высокую степень сходства со штаммами, циркулирующими в США и в Китае, что не исключает трансграничное распространение инфекции или эволюционную изменчивость вируса. Исследования зарубежных ученых показывают, что среди военнослужащих часто регистрируется групповая заболеваемость аденовирусной инфекцией, вызываемой преимущественно аденовирусами B55 и B7, что наносит большой экономический ущерб и снижает боеспособность армии [12–14, 16]. Для профилактики заболевания, снижения числа госпитализаций и летальности армейского контингента в США в 1971 г. была разработана и применялась пероральная вакцина против аденовирусов B4 и B7, которая позво-

ляла сдерживать развитие вспышек аденовирусной инфекции среди новобранцев, однако в 1996 г. выпуск этой вакцины был прекращен [9]. В настоящее время разрабатывается несколько мультивалентных вакцин, нацеленных на аденовирус B55 [23, 24].

Заключение

В работе приведены результаты геномного разнообразия аденовирусов, выявленных у больных ОРВИ военнослужащих в эпидемиологический сезон 2023–2024 гг. на территории Свердловской области. Учитывая эпидемиологическую значимость геноварианта B55, необходимо продолжить дальнейшее молекулярно-генетическое изучение аденовирусов, циркулирующих среди военнослужащих на территории РФ. Принимая во внимание то, что аденовирус B55 приводит к возникновению вспышечного характера заболевания среди определенных воинских контингентов, обуславливает тяжелое течение болезни, необходима разработка поливалентных аденовирусных вакцин.

ЛИТЕРАТУРА

- Харитонов М.А., Салухов В.В., Крюков Е.В., Паценко М.Б., Рудаков Ю.В., Богомолов А.Б. и др. Вирусные пневмонии: новый взгляд на старую проблему (обзор литературы). *Медицинский совет*. 2021; (16): 60–77. <https://doi.org/10.21518/2079-701X-2021-16-60-77> <https://elibrary.ru/axladp>
- Potter R.N., Cantrell J.A., Mallak C.T., Gaydos J.C. Adenovirus-associated deaths in US military during postvaccination period, 1999–2010. *Emerg. Infect. Dis.* 2012; 18(3): 507–9. <https://doi.org/10.3201/eid1803.111238>
- Львов Н.И. *Аденовирусная инфекция у военнослужащих: клиника, диагностика и лечение*: Автореф. дисс. ... д-ра мед. наук. СПб.; 2016. <https://elibrary.ru/zqfulr>
- Амосова И.В., Тимошичева Т.А., Егорова А.А., Мусаева Т.Д., Писарева М.М., Едер В.А. и др. Генетическое разнообразие аденовирусов, циркулирующих среди военнослужащих Северо-Западного региона. *Вопросы вирусологии*. 2017; 62(6): 283–7. <https://doi.org/10.18821/0507-4088-2017-62-6-283-287> <https://elibrary.ru/zuqevn>
- Kajon A.E., Lamson D.M., George K.S. Characterization of human adenoviruses of medical importance: isolation of infectious virus from clinical specimens and molecular typing. *Curr. Protoc.* 2023; 3(11): e916. <https://doi.org/10.1002/cpz1.916>
- Ukuli Q.A., Erima B., Mubiru A., Atim G., Tugume T., Kibuuka H., et al. Molecular characterisation of human adenoviruses associat-

- ed with respiratory infections in Uganda. *BMC Infect. Dis.* 2023; 23(1): 435. <https://doi.org/10.1186/s12879-023-08403-9>
7. Ялышина С.Б., Агеева М.Р., Воробьева Н.С., Валдохина А.В., Елькина М.А., Горелов А.В. и др. Аденовирусы в этиологической структуре острых респираторных вирусных инфекций в Москве в 2004–2014 гг. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунологии.* 2015; 92(5): 50–7. <https://elibrary.ru/zqjyel>
 8. Yu P., Ma C., Nawaz M., Han L., Zhang J., Du Q., et al. Outbreak of acute respiratory disease caused by human adenovirus type 7 in a military training camp in Shaanxi, China. *Microbiol. Immunol.* 2013; 57(8): 553–60. <https://doi.org/10.1111/1348-0421.12074>
 9. Potter R.N., Cantrell J.A., Mallak C.T., Gaydos J.C. Adenovirus-associated deaths in US military during postvaccination period, 1999–2010. *Emerg. Infect. Dis.* 2012; 18(3): 507–9. <https://doi.org/10.3201/eid1803.111238>
 10. Zhang Q., Seto D., Zhao S., Zhu L., Zhao W., Wan C. Genome sequence of the first human adenovirus type 14 isolated in China. *J. Virol.* 2012; 86(12): 7019–20. <https://doi.org/10.1128/jvi.00814-12>
 11. Dongliu Y., Guoliang Y., Haocheng X., Shuaijia Q., Li B., Yanglei J. Outbreak of acute febrile respiratory illness caused by human adenovirus B P14H11F14 in a military training camp in Shandong China. *Arch. Virol.* 2016; 161(9): 2481–9. <https://doi.org/10.1007/s00705-016-2949-x>
 12. Ko J.H., Woo H.T., Oh H.S., Moon S.M., Choi J.Y., Lim J.U., et al. Ongoing outbreak of human adenovirus-associated acute respiratory illness in the Republic of Korea military, 2013 to 2018. *Korean J. Intern. Med.* 2021; 36(1): 205–13. <https://doi.org/10.3904/kjim.2019.092>
 13. Kim D., Lee E., Eom J., Kim Y., Kwon S.H., Oh H.S., et al. Prevalence and burden of human adenovirus-associated acute respiratory illness in the Republic of Korea military, 2013 to 2022. *J. Korean Med. Sci.* 2024; 39(4): e38. <https://doi.org/10.3346/jkms.2024.39.e38>
 14. Chen S.Y., Liu W., Xu Y., Qiu S., Chen Y., Tian X., et al. Epidemiology and genetic variabilities of human adenovirus type 55 reveal relative genome stability across time and geographic space in China. *Front. Microbiol.* 2020; 11: 606195. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.606195>
 15. Lu G., Peng X., Li R., Liu Y., Wu Z., Wang X., et al. An outbreak of acute respiratory infection at a training base in Beijing, China due to human adenovirus type B55. *BMC Infect. Dis.* 2020; 20(1): 537. <https://doi.org/10.1186/s12879-020-05258-2>
 16. Liu M.C., Xu Q., Li T.T., Wang T., Jiang B.G., Lv C.L., et al. Prevalence of human infection with respiratory adenovirus in China: A systematic review and meta-analysis. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2023; 17(2): e0011151. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0011151>
 17. Wu X., Zhang J., Lan W., Quan L., Ou J., Zhao W., et al. Molecular typing and rapid identification of human adenoviruses associated with respiratory diseases using universal PCR and sequencing primers for the three major capsid genes: penton base, hexon, and fiber. *Front. Microbiol.* 2022; 13: 911694. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.911694>
 18. Cheng Z., Yan Y., Jing S., Li W.G., Chen W.W., Zhang J., et al. Comparative genomic analysis of re-emergent human adenovirus type 55 pathogens associated with adult severe community-acquired pneumonia reveals conserved genomes and capsid proteins. *Front. Microbiol.* 2018; 9: 1180. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01180>
 19. Zhang J., Ma K., Wang X., Jiang Y., Zhao S., Ou J., et al. Desmoglein 2 (DSG2) is a receptor of human adenovirus type 55 causing adult severe community-acquired pneumonia. *Virol. Sin.* 2021; 36(6): 1400–10. <https://doi.org/10.1007/s12250-021-00414-7>
 20. Hierholzer J.C., Pumarola A., Rodriguez-Torres A., Beltran M. Occurrence of respiratory illness due to an atypical strain of adenovirus type 11 during a large outbreak in Spanish military recruits. *Am. J. Epidemiol.* 1974; 99(6): 434–42. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.aje.a121632>
 21. Heo J.Y., Noh J.Y., Jeong H.W., Choe K.W., Song J.Y., Kim W.J., et al. Molecular epidemiology of human adenovirus-associated febrile respiratory illness in soldiers, South Korea I. *Emerg. Infect. Dis.* 2018; 24(7): 1221–7. <https://doi.org/10.3201/eid2407.171222>
 22. Юнкеров В.И., Григорьев С.Г., Резванцев М.В. *Математико-статистическая обработка данных медицинских исследований.* СПб.: ВМедА; 2011. <https://elibrary.ru/xryzwx>
 23. Liu T., Zhou Z., Tian X., Liu W., Xu D., Fan Y., et al. A recombinant trivalent vaccine candidate against human adenovirus types 3, 7, and 55. *Vaccine.* 2018; 36(16): 2199–206. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2018.02.050>
 24. Tian X., Jiang Z., Fan Y., Qiu S., Zhang L., Li X., et al. A tetravalent vaccine comprising hexon-chimeric adenoviruses elicits balanced protective immunity against human adenovirus types 3, 7, 14 and 55. *Antiviral Res.* 2018; 154: 17–25. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2018.04.001>

REFERENCES

1. Kharitonov M.A., Salukhov V.V., Kryukov E.V., Patsenko M.B., Rudakov Yu.V., Bogomolov A.B., et al. Viral pneumonia: a new look at an old problem (review). *Meditsinskii sovet.* 2021; (16): 60–77. <https://doi.org/10.21518/2079-701X-2021-16-60-77> <https://elibrary.ru/axladp> (in Russian)
2. Potter R.N., Cantrell J.A., Mallak C.T., Gaydos J.C. Adenovirus-associated deaths in US military during postvaccination period, 1999–2010. *Emerg. Infect. Dis.* 2012; 18(3): 507–9. <https://doi.org/10.3201/eid1803.111238>
3. L'vov N.I. *Adenovirus infection in military personnel: clinical presentation, diagnosis, and treatment:* Diss. St. Petersburg; 2016. <https://elibrary.ru/zqfulr> (in Russian)
4. Amosova I.V., Timoshicheva T.A., Egorova A.A., Musaeva T.D., Pisareva M.M., Eder V.A., et al. Genetic diversity of adenoviruses circulating among the military in the North-West region. *Voprosy virusologii.* 2017; 62(6): 283–7. <https://doi.org/10.18821/0507-4088-2017-62-6-283-287> <https://elibrary.ru/zuqevn> (in Russian)
5. Kajon A.E., Lamson D.M., George K.S. Characterization of human adenoviruses of medical importance: isolation of infectious virus from clinical specimens and molecular typing. *Curr. Protoc.* 2023; 3(11): e916. <https://doi.org/10.1002/cpz1.916>
6. Ukuli Q.A., Erima B., Mubiru A., Atim G., Tugume T., Kibuuka H., et al. Molecular characterisation of human adenoviruses associated with respiratory infections in Uganda. *BMC Infect. Dis.* 2023; 23(1): 435. <https://doi.org/10.1186/s12879-023-08403-9>
7. Yatsyshina S.B., Ageeva M.R., Vorobieva N.S., Valdokhina A.V., Elkina M.A., Gorelov A.V., et al. Adenoviruses in the etiological structure of acute respiratory viral infection in Moscow in 2004–2014. *Zhurnal mikrobiologii, epidemiologii i immunobiologii.* 2015; 92(5): 50–7. <https://elibrary.ru/zqjyel> (in Russian)
8. Yu P., Ma C., Nawaz M., Han L., Zhang J., Du Q., et al. Outbreak of acute respiratory disease caused by human adenovirus type 7 in a military training camp in Shaanxi, China. *Microbiol. Immunol.* 2013; 57(8): 553–60. <https://doi.org/10.1111/1348-0421.12074>
9. Potter R.N., Cantrell J.A., Mallak C.T., Gaydos J.C. Adenovirus-associated deaths in US military during postvaccination period, 1999–2010. *Emerg. Infect. Dis.* 2012; 18(3): 507–9. <https://doi.org/10.3201/eid1803.111238>
10. Zhang Q., Seto D., Zhao S., Zhu L., Zhao W., Wan C. Genome sequence of the first human adenovirus type 14 isolated in China. *J. Virol.* 2012; 86(12): 7019–20. <https://doi.org/10.1128/jvi.00814-12>
11. Dongliu Y., Guoliang Y., Haocheng X., Shuaijia Q., Li B., Yanglei J. Outbreak of acute febrile respiratory illness caused by human adenovirus B P14H11F14 in a military training camp in Shandong China. *Arch. Virol.* 2016; 161(9): 2481–9. <https://doi.org/10.1007/s00705-016-2949-x>
12. Ko J.H., Woo H.T., Oh H.S., Moon S.M., Choi J.Y., Lim J.U., et al. Ongoing outbreak of human adenovirus-associated acute respiratory illness in the Republic of Korea military, 2013 to 2018. *Korean J. Intern. Med.* 2021; 36(1): 205–13. <https://doi.org/10.3904/kjim.2019.092>
13. Kim D., Lee E., Eom J., Kim Y., Kwon S.H., Oh H.S., et al. Prevalence and burden of human adenovirus-associated acute respiratory illness in the Republic of Korea military, 2013 to 2022. *J. Korean Med. Sci.* 2024; 39(4): e38. <https://doi.org/10.3346/jkms.2024.39.e38>
14. Chen S.Y., Liu W., Xu Y., Qiu S., Chen Y., Tian X., et al. Epidemiology and genetic variabilities of human adenovirus type 55 reveal relative genome stability across time and geographic space in China. *Front. Microbiol.* 2020; 11: 606195. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.606195>
15. Lu G., Peng X., Li R., Liu Y., Wu Z., Wang X., et al. An outbreak of acute respiratory infection at a training base in Beijing, China due to human adenovirus type B55. *BMC Infect. Dis.* 2020; 20(1): 537. <https://doi.org/10.1186/s12879-020-05258-2>

16. Liu M.C., Xu Q., Li T.T., Wang T., Jiang B.G., Lv C.L., et al. Prevalence of human infection with respiratory adenovirus in China: A systematic review and meta-analysis. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2023; 17(2): e0011151. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0011151>
17. Wu X., Zhang J., Lan W., Quan L., Ou J., Zhao W., et al. Molecular typing and rapid identification of human adenoviruses associated with respiratory diseases using universal PCR and sequencing primers for the three major capsid genes: penton base, hexon, and fiber. *Front. Microbiol.* 2022; 13: 911694. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.911694>
18. Cheng Z., Yan Y., Jing S., Li W.G., Chen W.W., Zhang J., et al. Comparative genomic analysis of re-emergent human adenovirus type 55 pathogens associated with adult severe community-acquired pneumonia reveals conserved genomes and capsid proteins. *Front. Microbiol.* 2018; 9: 1180. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01180>
19. Zhang J., Ma K., Wang X., Jiang Y., Zhao S., Ou J., et al. Desmoglein 2 (DSG2) is a receptor of human adenovirus type 55 causing adult severe community-acquired pneumonia. *Virol. Sin.* 2021; 36(6): 1400–10. <https://doi.org/10.1007/s12250-021-00414-7>
20. Hierholzer J.C., Pumarola A., Rodriguez-Torres A., Beltran M. Occurrence of respiratory illness due to an atypical strain of adenovirus type 11 during a large outbreak in Spanish military recruits. *Am. J. Epidemiol.* 1974; 99(6): 434–42. <https://doi.org/10.1093/oxford-journals.aje.a121632>
21. Heo J.Y., Noh J.Y., Jeong H.W., Choe K.W., Song J.Y., Kim W.J., et al. Molecular epidemiology of human adenovirus-associated febrile respiratory illness in soldiers, South Korea 1. *Emerg. Infect. Dis.* 2018; 24(7): 1221–7. <https://doi.org/10.3201/eid2407.171222>
22. Yunkerov V.I., Grigor'ev S.G., Rezvantsev M.V. *Mathematical and Statistical Processing of Medical Research Data [Matematiko-statisticheskaya obrabotka dannykh meditsinskikh issledovaniy]*. St. Petersburg: VMedA; 2011. <https://elibrary.ru/xryzwx> (in Russian)
23. Liu T., Zhou Z., Tian X., Liu W., Xu D., Fan Y., et al. A recombinant trivalent vaccine candidate against human adenovirus types 3, 7, and 55. *Vaccine.* 2018; 36(16): 2199–206. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2018.02.050>
24. Tian X., Jiang Z., Fan Y., Qiu S., Zhang L., Li X., et al. A tetravalent vaccine comprising hexon-chimeric adenoviruses elicits balanced protective immunity against human adenovirus types 3, 7, 14 and 55. *Antiviral Res.* 2018; 154: 17–25. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2018.04.001>

Информация об авторах:

Короткова Инна Александровна ✉ – научный сотрудник лаборатории респираторных вирусных инфекций ФБУН ФНИИВИ «Виром» Роспотребнадзора, Екатеринбург, Россия. E-mail: korotkova_ia@niivirom.ru; <https://orcid.org/0000-0002-5074-7925>

Чернышева Анна Евгеньевна – младший научный сотрудник лаборатории респираторных вирусных инфекций ФБУН ФНИИВИ «Виром» Роспотребнадзора, Екатеринбург, Россия. E-mail: chernysheva_ae@niivirom.ru; <https://orcid.org/0000-0001-6137-5437>

Мухачев Иван Семенович – канд. мед. наук, начальник ФГКУ «1026 ЦГСЭН» МО РФ, Екатеринбург, Россия. E-mail: faust.78@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0003-2669-7144>

Мамонтов Олег Игоревич – сотрудник ФГКУ «1026 ЦГСЭН» МО РФ, Екатеринбург, Россия. E-mail: faust.78@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0000-9506-5197>

Кильдяшов Максим Александрович – сотрудник ФГКУ «1026 ЦГСЭН» МО РФ, Екатеринбург, Россия. E-mail: faust.78@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0009-6986-488X>

Маркарян Александр Юрьевич – канд. биол. наук, и.о. заведующего лабораторией респираторных вирусных инфекций ФБУН ФНИИВИ «Виром» Роспотребнадзора, Екатеринбург, Россия. E-mail: markaryan_ay@niivirom.ru; <https://orcid.org/0000-0002-7286-6079>

Семенов Александр Владимирович – д-р биол. наук, профессор, директор ФБУН ФНИИВИ «Виром» Роспотребнадзора, Екатеринбург, Россия. E-mail: semenov_av@niivirom.ru; <https://orcid.org/0000-0003-3223-8219>

Участие авторов: Короткова И.А. – концепция и дизайн исследования, проведение исследования, сбор, анализ полученных результатов, подготовка текста; Чернышева А.Е. – исследование материала; Мухачев И.С. – организация и сбор материала, подготовка текста; Мамонтов О.И. – организация и сбор материала; Кильдяшов М.А. – организация и сбор материала; Маркарян А.Ю. – исследование материала; Семенов А.В. – одобрение окончательного варианта статьи для публикации.

Поступила 29.12.2025
Принята в печать 24.02.2026
Опубликована 30.04.2026

Information about the authors:

Inna A. Korotkova ✉ – researcher, lab. of respiratory viral infections FSRIVI «Virome» Rospotrebnadzor, Ekaterinburg, Russia. E-mail: korotkova_ia@niivirom.ru; <https://orcid.org/0000-0002-5074-7925>

Anna E. Chernysheva – junior researcher, lab. of respiratory viral infections FSRIVI «Virome» Rospotrebnadzor, Ekaterinburg, Russia. E-mail: chernysheva_ae@niivirom.ru; <https://orcid.org/0000-0001-6137-5437>

Ivan S. Mukhachev – Candidate of Medical Sciences, Head 1026 Center for State Sanitary and Epidemiological Surveillance, Ekaterinburg, Russia. E-mail: faust.78@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0003-2669-7144>

Oleg I. Mamontov – employee 1026 Center for State Sanitary and Epidemiological Surveillance, Ekaterinburg, Russia. E-mail: faust.78@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0000-9506-5197>

Maksim A. Kildyashov – employee 1026 Center for State Sanitary and Epidemiological Surveillance, Ekaterinburg, Russia. E-mail: faust.78@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0009-6986-488X>

Alexandr Yu. Markaryan – Candidate of Biological Sciences, Head of the lab. of respiratory viral infections FSRIVI «Virome» Rospotrebnadzor, Ekaterinburg, Russia. E-mail: markaryan_ay@niivirom.ru; <https://orcid.org/0000-0002-7286-6079>

Alexandr V. Semenov – Doctor of Biological Sciences, Professor, Director of the FSRIVI «Virome» Rospotrebnadzor, Ekaterinburg, Russia. E-mail: semenov_av@niivirom.ru; <https://orcid.org/0000-0003-3223-8219>

Contribution: Korotkova I.A. – concept and design of the study, conducting the study, collecting, analyzing the results, preparing the text; Chernysheva A.E. – research of the material; Mukhachev I.S. – organization and collection of the material, preparing the text; Mamontov O.I. – organization and collection of the material; Kildyashov M.A. – organization and collection of the material; Markaryan A.Yu. – research of the material; Semenov A.V. – approval of the final version of the article for publication.

Received 29 December 2025
Accepted 24 February 2026
Published 30 April 2026