

СИБИРСКОЕ ОТДЕЛЕНИЕ РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК  
ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ЦЕНТР ФУНДАМЕНТАЛЬНОЙ И  
ТРАНСЛЯЦИОННОЙ МЕДИЦИНЫ  
НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ ВИРУСОЛОГИИ

*V Международная научная конференция  
«Влияние изменения климата на биологическое  
разнообразие и распространение вирусных  
инфекций животных в Евразии»*

*Посвящается 10-летию НИИ Вирусологии*

*Новосибирск, 5 -7 декабря 2023 г.*

**Материалы конференции**

*V International scientific conference  
"The Impact of Climate Change on Biological  
Diversity and the Spread of Viral Infections of  
Animals in Eurasia"*

*Dedicated to 10th anniversary of the Research Institute of Virology*

*Novosibirsk, 5 – 7 of December 2023*

**Conference materials**

УДК 578.4  
ББК 28.380  
П99

V Международная научная конференция «Влияние изменения климата на биологическое разнообразие и распространение вирусных инфекций животных в Евразии»: Посвящается 10-летию НИИ Вирусологии: материалы конференции (5-7 декабря 2023 года, г. Новосибирск) / отв. за вып. А.М. Шестопалов, Н.В. Пальянова, А.Ю. Алексеев; Сиб. отд-ние РАН, ФИЦ ФТМ, НИИ Вирусологии. – Новосибирск: СО РАН, 2023. – 47 с.

Сборник материалов V Международной научной конференции «Влияние изменения климата на биологическое разнообразие и распространение вирусных инфекций животных в Евразии» посвященной 10-летию НИИ Вирусологии содержит тезисы пленарных и секционных докладов, в которых представлены последние достижения в области исследований изменения климата, инфекционных патогенов, переносимых дикими птицами, их эпидемиологии, эпизоотологии, а также оперативной диагностики.

Издание адресовано молодым специалистам, занимающихся проблемами на стыке разных научных направлений в области орнитологии, зоологии, вирусологии, молекулярной биологии, эпидемиологии, эпизоотологии. Тезисы докладов воспроизведены в авторской редакции.

Ответственные за выпуск:

д-р.биол.наук, профессор Шестопалов А.М.,  
канд.биол.наук А.Ю. Алексеев,  
Н.В. Пальянова

**Citation:** "The Impact of Climate Change on Biological Diversity and the Spread of Viral Infections of Animals in Eurasia" // Conference materials of V International scientific conference // 5 – 7 of December 2023 // Novosibirsk, Russia

**Для цитирования:** «Влияние изменения климата на биологическое разнообразие и распространение вирусных инфекций животных в Евразии» // Материалы V Международной научной конференции 5 – 7 декабря 2023 // Новосибирск, Россия

ISBN 978-5-6049900-5-6  
DOI 10.53954/9785604990056

© НИИ Вирусологии ФИЦ ФТМ, 2023

# ТРАНСФОРМАЦИЯ ПРИРОДНЫХ ОЧАГОВ КЛЕЩЕВЫХ ИНФЕКЦИЙ ПРИ ИЗМЕНЕНИИ КЛИМАТА И ЛАНДШАФТОВ В ВОСТОЧНОЙ СИБИРИ

Данчинова Г.А., Хаснатинов М.А.

ФГБНУ Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека,  
г. Иркутск, Россия, e-mail: [dan-chin@yandex.ru](mailto:dan-chin@yandex.ru)

Анализ литературы и наблюдения, проводимые в Восточной Сибири свыше четырех десятилетий, свидетельствуют о значительной трансформации природных очагов трансмиссивных инфекций. В ходе разнообразных по форме и степени хозяйственных освоений и глобального потепления климата, к настоящему времени, общепризнанного, происходит последовательное (через экотонизацию) преобразование ландшафтов Восточно-Сибирского региона. При этом наблюдается прямая связь совокупного воздействия этих факторов на формирование благоприятных условий существования различных видов животных, в том числе переносчиков опасных заболеваний человека – иксодовых клещей. Произошли видимые изменения в фауне, ареалах, численности, пространственном распространении иксодовых клещей и эколого-эпидемиологических проявлениях, выражающихся в увеличении разнообразия всех компонентов паразитарных систем природных очагов, расширении географии эндемичных территорий с обращаемостью населения по поводу присасываний клещей и инфекционной заболеваемости.

Созданный нами ранее алгоритм по методу экологических аналогов и экологических преферендумов показывает, что каждому виду антропогенного преобразования свойственен характерный сценарий воздействия, позволяющий предвидеть исход этого воздействия и строить долгосрочный прогноз состояния и развития очагов. Дальнейшими исследованиями подтверждается концепция современной эволюции природных очагов, которая еще более усиливается потеплением (смягчением) климата. Так, произошло расширение северных и южных границ обитания основного переносчика вируса клещевого энцефалита и бактериальных инфекций – таежного клеща в Восточной Сибири, растут места встреч и обилие теплолюбивых видов клещей (*Haemaphysalis concinna*), появляются совершенно неизвестные клещи других регионов РФ (*Rhipicephalus sanguineus*, *Dermacentor reticulatus* и др.) и даже других континентов (*Amblyomma americanum*). В ранее свободных от таежного клеща регионах регистрируется не только обращаемость людей с «укусами» клещей, но и заболеваемость клещевым энцефалитом и клещевым боррелиозом (Республика Саха (Якутия)). Расширяется спектр выявляемых в клещах патогенов. Главными причинами этих явлений стали деятельность человека и климат, который ранее не менялся настолько быстро, как сейчас, поэтому для прогнозирования соответствующих стратегий управления необходим мониторинг.

## **TRANSFORMATION OF NATURAL FOCUS OF TICK-BORNE INFECTIONS DURING CLIMATE AND LANDSCAPE CHANGE IN EASTERN SIBERIA**

***Danchinova G.A., Khasnatinov M.A.***

*Federal State Public Science Institution “Scientific Center for Family Health and Human Reproduction Problems”, Irkutsk, Russia, e-mail: [dan-chin@yandex.ru](mailto:dan-chin@yandex.ru)*

Analysis of the literature and observations carried out in Eastern Siberia during more than four decades indicate a significant transformation of natural foci of vector-borne infections. In the course of economic development of various forms and degrees and global warming, it is now generally accepted that a consistent (through ecotonization) transformation of the landscapes of the East Siberian region is taking place. At the same time, a direct connection is observed between the combined impacts of these factors on the formation of favorable conditions for the existence of various animal species, including carriers of dangerous human diseases - ixodid ticks. There have been visible changes in the fauna, habitats, numbers, spatial distribution of ixodid ticks and ecological and epidemiological manifestations, expressed in an increase in the diversity of all components of the parasitic systems of natural foci, expansion of the geography of endemic territories with the population seeking medical help after tick bites to prevent tick-borne infectious diseases.

The algorithm we previously developed using the method of environmental analogues and environmental preferences shows that each type of anthropogenic transformation is characterized by a characteristic impact scenario, which allows us to foresee the outcome of this impact and build a long-term forecast of the state and development of the outbreaks. Further research confirms the concept of modern evolution of natural foci, which is further enhanced by climate warming (softening). Thus, there has been an expansion of the northern and southern borders of the habitat of the main carrier of the tick-borne encephalitis virus and bacterial infections - the taiga tick in Eastern Siberia, the meeting places and abundance of thermophilic species of ticks (*Haemaphysalis concinna*) are increasing, completely unknown ticks from other regions of the Russian Federation (*Rhipicephalus sanguineus*, *Dermacentor reticulatus*) and neighbor countries, and even from other continents (*Amblyomma americanum*). In regions previously free from taiga ticks, not only the tick attacks on human host are registered, but also the incidence of tick-borne encephalitis and Lyme disease (Republic of Sakha (Yakutia)). In addition, the range of pathogens detected in ticks is expanding.

The main causes of these phenomena are human activities and climate, which has not previously changed as rapidly as it does now, so monitoring is necessary to predict appropriate management strategies.

# НЕКОТОРЫЕ АСПЕКТЫ ИЗМЕНЕНИЯ ОРНИТОФАУНЫ ГОРОДА ДОНЕЦКА И ИХ ПРИЧИНЫ

Маевская Юлия Евгеньевна

Заведующий лабораторией кафедры зоологии и экологии биологического факультета ФГБОУ ВО Донецкий государственный университет, г. Донецк, ДНР, Российская Федерация, [mavevskaya\\_y@mail.ru](mailto:mavevskaya_y@mail.ru)

УДК 598.2

Мониторинг состояния орнитофауны особенно в последнее время крайне необходим. Представляется важным проследить изменения видового и количественного состава птиц, которые возникли в городе Донецке в результате боевых действий, меняющих ландшафты, флору и соответственно фауну региона.

В советское время город Донецк считался одним из самых озеленённых промышленных городов Европы. Именно в нашем городе всегда огромное внимание уделялось сохранению островков дикой природы, проводилось озеленение города, создание зелёных парков и скверов. Как следствие этого, в городе Донецке всегда была довольно богатая авифауна.

С началом боевых действий в 2014 году орнитофауна претерпевает серьёзные изменения, в связи с беспокойной обстановкой часть птиц из пригородных посадок и водоёмов переключивается буквально в центр города. В целом нами отмечены 65 видов городской орнитофауны.

Наблюдается резкое снижение численности *Passer domesticus* вплоть до полного его исчезновения в некоторых районах города. В отдельных случаях наблюдается его вытеснение *Passer montanus*, кроме того в 2022-2023 годах нами была отмечена только одна пара *Delichon urbica*. Данный вид вытесняется *Hirundo rustica*.

Необходимо отметить, что численность домовых воробьев стала снижаться, начиная с 2019-2020 годов и в 2022 году стала критической. Начиная с лета 2023 года численность домового воробья начала медленно восстанавливаться. Необходимо также отметить изменение в поведении птиц. В весенний период во время токования и в оттепели птицы вели себя очень осторожно. Полностью исчезли присущие воробьям шумность и драчливость. В основном данный вид прячется в густом кустарнике либо собирает корм в траве, предпочитая не выходить на асфальт. Поскольку воробьи объединены в общие стаи, возникает вопрос возможна ли гибридизация этих видов.

Такое исчезновение двух самых синантропных видов воробьиных птиц на фоне довольно оптимистичной картины авифауны в целом представляется довольно тревожным и требует детального изучения. Кроме того, интерес представляет процесс восстановления орнитофауны на территориях, на которых в будущем прекратятся боевые действия.

# **SOME ASPECTS OF CHANGES IN THE AVIFAUNA OF THE CITY OF DONETSK AND THEIR CAUSES**

*Mayevskaya Yulia Evgenievna*

Head of the Laboratory of the Department of Zoology and Ecology of the Faculty of Biology, Donetsk State University, Donetsk, DNR, Russian Federation, [mayevskaya\\_y@mail.ru](mailto:mayevskaya_y@mail.ru)

## **UDC 598.2**

Monitoring of the state of avifauna, especially in recent years, is extremely necessary. It seems important to trace the changes in the species and quantitative composition of birds that have arisen in the city of Donetsk as a result of hostilities that change the landscapes, flora and, accordingly, the fauna of the region.

In Soviet times, the city of Donetsk was considered one of the most green industrial cities in Europe. It is in our city that great attention has always been paid to the preservation of islands of wildlife, the greening of the city, the creation of green parks and squares has been carried out. As a consequence, the city of Donetsk has always had a fairly rich avifauna.

With the outbreak of hostilities in 2014, the avifauna is undergoing serious changes, due to the turbulent situation, some birds from suburban landings and reservoirs migrate literally to the city center. In general, we have noted 65 species of urban avifauna.

There is a sharp decline in the number of *Passer domesticus* until its complete disappearance in some areas of the city. Basically, this species hides in dense bushes or collects food in the grass, preferring not to go out on the asphalt. Since sparrows are united in common flocks, the question arises whether hybridization of these species is possible.

Such a disappearance of the two most synanthropic species of passerine birds against the background of a rather optimistic picture of avifauna as a whole seems rather alarming and requires detailed study. In addition, the process of restoring avifauna in territories where hostilities will cease in the future is of interest.

# МНОГОЛЕТНИЕ НАБЛЮДЕНИЯ ЗА МИГРАЦИЕЙ ВОДОПЛАВАЮЩИХ ПТИЦ НА ЮГО-ВОСТОКЕ ЛЕСНОЙ ЗОНЫ ЗАПАДНОЙ СИБИРИ

Коробицын И.Г.<sup>1</sup>, Тюеньков О.Ю.<sup>1,2</sup>, Панин А.С.<sup>1</sup>, Мурзаханов Е.Б.<sup>3</sup>, Баздырев А.В.<sup>3</sup>

1-Национальный исследовательский Томский государственный университет, Томск, Россия, [rozenpom@mail.ru](mailto:rozenpom@mail.ru)

2 - МОУ Северский природный парк, Северск Россия, [tutenkov@mail.ru](mailto:tutenkov@mail.ru);

3 – Межрегиональная общественная организация «Экологический центр стриж», Томск, Россия, [oxuura@mail.ru](mailto:oxuura@mail.ru)

Ежедневные утренние 2-часовые наблюдения за весенней миграцией (апрель-май) проводили в течение 18 сезонов: 1998-2007, 2009-2011, 2013, 2020-2023 в 15 км южнее г. Томска в пойме р. Томи. Использовали методику Э.В. Кумари (1955) и Э.И. Гаврилова (1975). Многочисленные виды составляли более 10 %, обычные – 1-10 и редкие – менее 1 % от суммарного числа учтенных особей. Также одновременно с Томью в 2002 году пролет изучали на реке Оби в Кожевниковском и Колпашевском, а в 2003 – в Александровском районе.

В среднем за сезон на Томи регистрировали около 3000 птиц за весну, хотя межгодовые колебания бывали 2-3-кратные. На других участках зарегистрировано: в Кожевниковском районе – 4447, Колпашевском – 3946, Александровском – 3417 особей за сезон, что указывает на равнозначность пролета на Оби и Томи. Всего отмечен 21 вид, из которых 14 встречено во всех точках. Всего же для территории известно 38 видов гусеобразных (Дубовик, 1966). Основу пролета составляют около 11 видов: это многочисленные шилохвость *Anas acuta*, свиязь *Anas penelope*, чирок-свистунок *Anas crecca*, чирок-трескунок *Anas querquedula*; обычные: широконоска *Anas clypeata*, кряква *Anas platyrhynchos*, хохлатая чернеть *Aythya fuligula*, красноголовая чернеть *Aythya ferina*, гоголь *Vucephala clangula*, большой крохаль *Mergus merganser*; редким являлся луток *Mergus albellus*. В Колпашевском районе к многочисленным можно было отнести гуменника *Anser fabalis*, который пролетает в остальных местах в небольшом количестве и в целом становится довольно уязвимым видом требующим охраны. Остальные встречались не ежегодно: обычные серая утка *Anas strepera*, кликун *Cygnus cygnus*, пролетные длинноносый крохаль *Mergus serrator*, морянка *Clangula hyemalis*, редкий серый гусь *Anser anser*, залетные красноносый нырок *Netta rufina* и белоглазый нырок *Aythya nyroca*, Только в южной точке отмечен ставший повсеместно редким турпан *Melanitta fusca*, только в северной – обычная для северных широт синьга *Melanitta nigra*. Анализируя многолетнюю динамику численности мигрирующих водоплавающих, просматривается довольно отчетливый тренд снижения числа пролетающих птиц. Многие факты указывают на то, что одним из основных влияющих на это фактором является неумеренная весенняя охота.

## LONG-TERM OBSERVATIONS OF WATERFOWL MIGRATION IN THE SOUTHEAST OF FOREST ZONE OF WESTERN SIBERIA

Korobitsyn I.G.<sup>1</sup>, Tyutenkov O.Yu.<sup>1,2</sup>, Panin A.S.<sup>1</sup>, Murzakhanov E.B.<sup>3</sup>, Bazdyrev A.V.<sup>3</sup>

1 – National Research Tomsk State University, Tomsk, Russia, rozenpom@mail.ru

2 – Seversky Nature Park, Seversk, Russia, tutenkov@mail.ru;

3 – Trans-regional Public Organization “Ecological Center Strizh”, Tomsk, Russia, oxyura@mail.ru

Daily morning 2-hour observations of spring migration (April-May) of waterfowl were carried out in 18 seasons: 1998-2007, 2009-2011, 2013, 2020-2023. Observation post was located in 15 km south of Tomsk in the floodplain of the Tom river. We used the methods of E.V. Kumari (1955) and E.I. Gavrilov (1975). The category of "Numerous species" accounted for more than 10%, "Common species" – 1-10, and "Rare species" – less than 1% of the total number of recorded individuals of birds. Also, simultaneously with Tom river in 2002, the observations were carried out on the Ob River in Kozhevnikovsky and Kolpashevsky, and in 2003 – in the Aleksandrovsky districts.

On average, about 3,000 birds were recorded on the Tom during the spring, although inter-annual fluctuations were 2-3-times. In Kozhevnikovsky district - 4447 of birds were registered, in Kolpashevsky - 3946, in Aleksandrovsky - 3417 individuals per season, which indicates the almost equal number of birds migrating in the Ob and Tom rivers. A total of 21 species were recorded, of which 14 were registered at all points. Totally 38 species of Anseriformes are known for the territory (Dubovik, 1966). The main part of the migration flow consists of about 11 species: these are “Numerous” Pintail *Anas acuta*, Europe wigeon *Anas penelope*, Common teal *Anas crecca*, Garganey *Anas querquedula*; “Common species” – Shoveler *Anas clypeata*, Mallard *Anas platyrhynchos*, Tufted duck *Aythya fuligula*, Red-headed duck *Aythya ferina*, Goldeneye *Bucephala clangula*, Great merganser *Mergus merganser*; “Rare” was Smew *Mergus albellus*. In the Kolpashevo region, one of the most numerous species was in 2002 the Bean goose *Anser fabalis*. In other places it’s migration was poorly expressed. In general, Bean goose becomes now a rather vulnerable species requiring protection. The other species were not registered annually: Gadwall *Anas strepera*, Whooper swan *Cygnus cygnus*, transit-migratory Red-breasted merganser *Mergus serrator* and Long-tailed duck *Clangula hyemalis*, the rare Gray goose *Anser anser*, the vagrant Red-nosed pochard *Netta rufina* and the White-eyed pochard *Aythya nyroca*. Only in the southern point has been registered White-winged scoter *Melanitta fusca* which has become any-place rare. Only in the northern location we met Scoter *Melanitta nigra*, which is common for the northern latitudes. Analyzing the long-term dynamics of the number of migrating waterfowl, a fairly clear trend in the decrease in the number of migrating birds is visible. Many facts indicate that one of the main factors influencing on birds number is an excessive spring hunting.



## РАСПРОСТРАНЕНИЕ ПАУЧНИЦ (DIPTERA: NYCTERIBIDAE), ПАЗАРИТИРУЮЩИХ НА РУКОКРЫЛЫХ, В БЕЛАРУСИ.

*Ларченко А.И., Маковецкая Е.В.*

*ГНПО «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по биоресурсам», Минск, Беларусь, alexa.lar@mail.ru*

Пауchnицы, или никтерибиды, – семейство специализированных паразитов летучих мышей. Эта группа во многих регионах слабоизучена по причине особенностей своей экологии, которые затрудняют сбор материала. Для Беларуси в 1982 году Г.В. Фарафонова упоминала об обитании пяти видов пауchnиц в БССР, однако не приводила конкретного списка.

Для сбора материала с 2019 по 2023 год проведены ловы рукокрылых в летний сезон паутинными сетями. Насекомые собирались с животных пинцетом, после чего помещались в пробирки с 70 % этиловым спиртом для хранения и дальнейшей камеральной обработки. Видовая принадлежность никтерибид устанавливалась по определительным ключам для данной группы насекомых.

Всего с более чем тысячи отловленных животных, относящихся к 13 видам рукокрылых, было собрано и определено 73 пробы пауchnиц (118 экз. насекомых). Хозяевами выступали только 2 вида: ночница водяная (*Myotis daubentonii* (Kuhl, 1817)) и ночница прудовая (*Myotis dasycneme* (Voie, 1825)).

Зараженность прудовой ночницы составила 28,6% и исключительно видом *Penicillidia monoceros*. Также две находки *P. monoceros* обнаружены на водяной ночнице, но только в северной части страны.

Зараженность водяной ночницы составила 29,2%, в отдельных случаях на одном животном обнаруживалось сразу два вида - *P. monoceros* и *Nycteribia kolenatii*.

При определении видовой принадлежности экземпляров, относящихся к роду *Nycteribia*, мы столкнулись с высокой вариабельностью генитальных структур у данного вида. Все имеющиеся у нас экземпляры были отнесены к группе видов *pedicularia*., вероятнее всего *N. kolenatii*, однако достоверное определение видов по существующим каталогам затруднительно, т.к. диагностические признаки имеют существенное перекрытие.

Так, например, некоторые из имеющихся у нас экземпляров самок по длине шипов на дорсальной генитальной пластинке должны относиться к *N. kolenatii*, но при этом по количеству шипов и ширине вентральной генитальной пластинки могут также быть отнесены к *N. Latreillii*, и др.

Дальнейшие генетические исследования и более детальное изучение морфологических структур должны прояснить картину.

## DISTRIBUTION OF BAT FLIES (DIPTERA: NYCTERIBIIDAE) IN BELARUS.

*A. Larchanka, K. Makavetskaya*

*Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Bioresources (Minsk, Belarus)*

Bat flies are a family of specialized parasites of bats. This group has been poorly studied in many regions due to the peculiarities of its ecology, which complicate study. For Belarus in 1982 Farafonova G. mentioned the presence of five species of bat flies in the BSSR, but did not provide a list of species.

The collection of material was carried out from 2019 to 2023. Bats were caught during the summer season using fog nets. Insects were collected from animals using tweezers and then placed in tubes with 70% ethanol for storage and further laboratory processing. The species identity of bat flies was determined using identification keys for this group of insects.

In total, 73 bat flies samples (118 insect specimens) were collected and identified from more than a thousand captured animals belonging to 13 species of bats. The hosts were only 2 species: *Myotis daubentonii* and *Myotis dasycneme*.

The infestation of the pond bat was 28.6% and exclusively by the species *P. monoceros*. Also, two records of *P. monoceros* were found on Daubenton's bat, but only in the northern part of the country.

The infestation of Daubenton's bat was 29.2%; in some cases, two species were found on one animal at once – *P. monoceros* and *N. kolenatii*.

When determining the species identity of specimens belonging to the genus Nycteribia, we were faced with high variability of genital structures in this species. All the specimens we assigned to the group of pedicularia species, most likely *N. kolenatii*. However, reliable identification of species using existing catalogs is difficult, because diagnostic features have significant overlap.

For example, some of the female specimens we have, based on the length of the spines on the dorsal genital plate, should belong to *N. kolenatii*, but at the same time, based on the number of spines and the width of the ventral genital plate, they can also be attributed to *N. latreillii*.

Further genetic studies and more detailed study of morphological structures should clarify the picture.

## РЕДКИЕ ВИДЫ РУКОКРЫЛЫХ ЮГА ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА РОССИИ: НОВЫЕ НАХОДКИ И ДАННЫЕ О РАСПРОСТРАНЕНИИ

*Горобейко У.В.<sup>1</sup>, Казаков Д.В.<sup>2</sup>, Кадетова А.А.<sup>3</sup>*

<sup>1</sup> - Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН, г. Владивосток, РФ, e-mail: [ekz.bio@ya.ru](mailto:ekz.bio@ya.ru); <sup>2</sup> - Институт экологической и сельскохозяйственной биологии (X-BIO) Тюменского государственного университета, г. Тюмень, РФ, e-mail: [denis.kazakov.95@mail.ru](mailto:denis.kazakov.95@mail.ru);  
<sup>3</sup> – Московский зоопарк, Москва, РФ, e-mail: [kadetova.a@gmail.com](mailto:kadetova.a@gmail.com)

На Дальнем Востоке России подтверждено обитание 18 видов рукокрылых, при этом наибольшее видовое разнообразие приурочено к южной части региона: Приморскому краю, Сахалинской области, Еврейская автономная область, югу Хабаровского края и Амурской области. В то же время, 14 из 18 дальневосточных видов летучих мышей охраняются региональными Красными книгами, а один вид занесен в Красную книгу РФ.

В настоящей работе обобщены данные полевых исследований редких видов рукокрылых на территории юга Дальнего Востока России за последние 10 лет. Приведены новые находки для сибирской, длиннохвостой, длиннопалой ночниц и ночницы Иконникова, алашаньского нетопыря, восточного кожана, уссурийского трубконоса, восточного длиннокрыла. Стоит отметить, что находка *Murina ussuriensis* стала самой северной для вида, что в совокупности с находками зимующих особей *Hypsugo alashanicus* во Владивостоке может свидетельствовать о постепенной смене климата на более благоприятный для южных видов.

Редкость некоторых видов рукокрылых может быть преувеличена из-за недостаточной изученности: например, *Myotis ikonnikovi* летом — вполне обычный вид в лесной зоне Дальнего Востока, как и *Plecotus ognevi* в лесах Хабаровского края или *Myotis macrodactylus* и *Murina ussuriensis* в южной части Приморья и на острове Кунашир.

## RARE BAT SPECIES IN THE SOUTH PART OF THE RUSSIAN FAR EAST: NEW FINDS AND DISTRIBUTION DATA

Gorobeyko U.V.<sup>1</sup>, Kazakov D.V.<sup>2</sup>, Kadetova A.A.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Federal Scientific Center of the East Asia Terrestrial Biodiversity FEB RAS, Vladivostok 690022, Russia; <sup>2</sup>Institute of Environmental and Agricultural Biology (X-BIO) University of Tyumen, Tyumen, 625003, Russia; <sup>3</sup> the Moscow State Zoo, Moscow, 123242, Russia

The inhabiting of 18 species of bats has been confirmed in the Russian Far East, with the greatest species diversity confined to the southern part of the region: Primorsky Territory, Sakhalin Region, Jewish Autonomous Region, southern Khabarovsk Territory and Amur Region. At the same time, 14 out of 18 Far Eastern species of bats are protected by regional Red Books, and one species is listed in the Red Book of the Russian Federation.

The study summarizes data from field studies of rare bat species in the southern part of the Russian Far East over the past 10 years. New findings are presented for the *Myotis sibirica*, *M. longicaudatus*, *M. macrodactylus*, *M. ikonnikovi*, *Hypsugo alashanicus*, *Vespertilio sinensis*, *Murina ussuriensis*, *Miniopterus fuliginosus*. It is worth mentioning that, the discovery of the *Murina ussuriensis* became the northernmost for the species, which, together with the finds of hibernating individuals of *Hypsugo alashanicus* in Vladivostok, may indicate a gradual change in climate to a more favorable one for southern species.

The rarity of some species of bats may be exaggerated due to insufficient knowledge: for example, the *Myotis ikonnikovi* in the summer are quite common species in the forest zone of the Far East, as is *Plecotus ognevi* in the forests of the Khabarovsk Territory or *Myotis macrodactylus* and *Murina ussuriensis* in the southern part of Primorye and on the Kunashir Island.

## ЭПИДЕМИЯ SARSCOV-2 В СИБИРСКОМ ФЕДЕРАЛЬНОМ ОКРУГЕ В 2020-2022 ГГ.

Наталья Пальянова<sup>1</sup>, Иван Соболев<sup>2</sup>, Андрей Пальянов<sup>1,2,3</sup>, Ольга Курская<sup>1</sup>,  
Андрей Комиссаров<sup>4</sup>, Дарья Даниленко<sup>4</sup>, Артем Фадеев<sup>4</sup>, Александр  
Шестопалов<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины, Новосибирск, Россия;

<sup>2</sup> Институт систем информатики им. А.П. Ершова СО РАН, Новосибирск, Россия;

<sup>3</sup> Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия;

<sup>4</sup> ФБУ «НИИ гриппа им. Смородинцева», Санкт-Петербург, Россия;

Сравнение развития эпидемии SARS-CoV-2 в нескольких соседних регионах может помочь исследователям оценить риски и разработать более эффективные стратегии и подходы в сфере профилактической медицины. Мы проанализировали статистику заболеваемости и смертности за период 2020–2022 гг. в десяти отдельных регионах Сибирского федерального округа России. Появление SARS-CoV-2 в Сибирском федеральном округе началось примерно на 17 дней позже, чем в Москве, и в одни и те же дни во всех регионах округа. Мы также секвенировали полные геномы, что позволило нам проанализировать генетическое разнообразие SARS-CoV-2, циркулирующего в каждом из десяти регионов, и построить филогенетическую дендрограмму вариантов вируса.

Программное обеспечение ParSeq v.1.0 было разработано для автоматизации и ускорения обработки и анализа вирусных геномов. В начале пандемии, в первых двух волнах, вариант В.1.1 (20Б) доминировал во всех регионах Сибирского федерального округа. Третья и четвертая волны были вызваны вариантом «Дельта». Смертность в этот период была максимальной; заболеваемость была довольно высокой, но количество депонированных геномов с помощью GISAID в этот период было крайне низким. Максимум заболеваемости пришелся на начало 2022 года, что соответствует приходу в регион варианта «Омикрон». Вариант ВА.5.2 стал доминирующим. Кроме того, с помощью NextClade мы идентифицировали три рекомбинанта в наиболее густонаселенных районах. Плотность населения не влияет на заболеваемость и смертность. Максимальная смертность наблюдалась в начале и середине пандемии, когда циркулировали наиболее патогенные варианты вируса. Поскольку смерть от COVID-19 может наступить в течение месяца от начала заболевания, снижение заболеваемости не приводило к резкому снижению смертности. Если следующая волна начинается быстро, смертность просто не успевает снизиться. Высокая смертность была обусловлена высокой летальностью Дельты и очень большим количеством заболевших, что привело к перегрузке системы здравоохранения. Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 23-64-00005.

## **THE EPIDEMIC OF SARSCOV-2 IN SIBERIAN FEDERAL DISTRICT IN 2020-2022 PERIOD**

**Natalia V. Palyanova<sup>1</sup>, Ivan A. Sobolev<sup>1</sup>, Andrey Yu. Palyanov<sup>1,2,3</sup>, Olga G. Kurskaya<sup>1</sup>, Andrey B. Komissarov<sup>4</sup>, Daria M. Danilenko<sup>4</sup>, Artem V. Fadeev<sup>4</sup> and Alexander M. Shestopalov<sup>1</sup>**

<sup>1</sup> Federal Research Center of Fundamental and Translational Medicine, Novosibirsk, Russia;

<sup>2</sup> A.P. Ershov Institute of Informatics Systems, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia;

<sup>3</sup> Novosibirsk State University, Novosibirsk, Russia;

<sup>4</sup> Federal Budgetary Institution «Smorodintsev Research Institute of Influenza», St. Petersburg, Russia;

The comparison of the development of the SARS-CoV-2 epidemic in several neighboring regions can help researchers to assess the risks and develop more effective strategies and approaches in the field of preventive medicine. We analyzed the infection and mortality statistics for the 2020–2022 period in ten individual regions of the Siberian Federal District of Russia. The emergence of SARS-CoV-2 in the Siberian Federal District started approximately 17 days later than in Moscow and in the same days in all regions of the District. We also sequenced complete genomes, which allowed us to analyze the genetic diversity of SARS-CoV-2 circulated in each of the ten regions and to build a phylogenetic dendrogram for the virus variants.

The ParSeq v.1.0 software was developed to automate and speed up the processing and analysis of viral genomes. At the beginning of the pandemic, in the first two waves, the B.1.1 variant (20B) dominated in all regions of the Siberian Federal District. The third and fourth waves were caused by the Delta variant. Mortality during this period was at a maximum; the incidence was quite high, but the number of deposited genomes with GISAID during this period was extremely low. The maximum incidence was at the beginning of 2022, which corresponds to the arrival of the Omicron variant in the region. The BA.5.2 variant became the dominant one. In addition, by using NextClade, we identified three recombinants in the most densely populated areas. The population density does not affect the incidence and mortality. The maximum mortality occurred at the beginning and middle of the pandemic, when the most pathogenic variants of the virus were circulating. Since death from COVID-19 can occur within a month from the beginning of the disease, a decrease in incidence does not lead to a sharp decrease in mortality. If the next wave occurs quickly, the mortality simply does not have time to drop. The high death rate was due to the high lethality of the Delta, and to a very high number of cases, which led to an overload of the healthcare system. This research was funded by RSF, grant number 23-64-00005.

# ТРАНСКОНТИНЕНТАЛЬНЫЕ МИГРАЦИИ ПТИЦ ВОСТОЧНОЙ СИБИРИ КАК ФАКТОР ГЛОБАЛЬНОГО РАСПРОСТРАНЕНИЯ ВИРУСОВ ГРИППА

*Пыжьянов С.В.<sup>1</sup>, Хаснатинов М.А.<sup>2</sup>, Данчинова Г.А.<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> Педагогический институт ФГБОУ ВО «Иркутский государственный университет», г. Иркутск, Россия, e-mail: [pyzh@list.ru](mailto:pyzh@list.ru)

<sup>2</sup> ФГБНУ Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека, г. Иркутск, Россия

Характерной особенностью гриппа является его большое биологическое разнообразие и постоянная изменчивость. Все известные варианты вируса гриппа А (ВГА) исходно формируются в популяциях водоплавающих птиц, которые являются основным естественным резервуаром вируса и определяют его эволюцию и эпизоотию среди домашних птиц. Географическое место Восточной Сибири в центре азиатского материка обуславливает роль её своеобразного «перекрестка» трех крупных миграционных путей птиц: Восточноафриканско-Западноазиатского, Центральноазиатского и Восточноазиатско-Австралийского, каждый из которых пересекается с Американским или Палеарктическо-Африканским миграционным коридором. Родившиеся на Байкале и окольцованные нами птенцы в последующем встречались на северо-востоке (длинноносый крохаль, Якутия, р. Лена), северо-западе (шилохвость, низовья Оби) от нашего региона. Широкий разлет демонстрируют монгольская и озерная чайки, серые цапли, хотя приоритетом является юго-восточное направление. В основном на запад летят малая чайка и обыкновенный бекас.

Богатство орнитофауны и разнонаправленность миграций птиц водного и околородного комплекса способствуют разнообразию ВГА в Восточной Сибири. Зараженность диких птиц ВГА варьировала от 23,4 % (2000-2005 гг.) до 8,9 % (2009-2012 гг.). Наибольшая роль в циркуляции ВГА принадлежит утиным – до 40 % и птицам околородного комплекса (чайки, кулики) – 15 %. В дельте р. Селенга выявлены только ВГА с гемагглютинином третьего подтипа (НЗ), который также обнаружен на всех ключевых участках Прибайкалья и даже в г. Иркутск. На Малом море установлена циркуляция НЗ и Н6N1, в зоне затопления Богучанской ГЭС – НЗ, Н6N1 и Н9. На Койморских болотах (Тункинский национальный парк) отмечено наибольшее разнообразие: Н13N6, Н13N1, Н3N8, Н7N1, Н7N8, Н6Nx, Н3N8, Н9Nx и Н4Nx. Стабильные природные очаги ВГА создают предпосылки для трансконтинентального переноса новых вариантов ВГА в широтном и долготном направлении, что обеспечивает неминуемое распространение любого нового вируса в глобальном масштабе. Скорость и вектор такого распространения могут быть спрогнозированы при наличии точной информации о направленности, сезонной динамике и интенсивности перелетов

диких птиц, как в рамках устойчивых миграционных коридоров, так и в точках пересечения двух и более миграционных путей.

## **TRANSCONTINENTAL MIGRATIONS OF BIRDS FROM EASTERN SIBERIA AS A FACTOR OF THE GLOBAL SPREAD OF INFLUENZA VIRUSES**

*Pyzhanov S.V.<sup>1</sup>, Khasnatinov M.A.<sup>2</sup>, Danchinova G.A.<sup>2</sup>*

<sup>1</sup>*Pedagogical Institute FSBEIHE "Irkutsk State University", Irkutsk, Russia, [pyzh@list.ru](mailto:pyzh@list.ru)*

<sup>2</sup>*FSPSI "Scientific Center for Family Health and Human Reproduction Problems", Irkutsk, Russia*

A characteristic feature of avian influenza A virus (AIV) is its great biological diversity and constant variability. All known variants of influenza AIV are initially formed in populations of waterfowl, which are the main natural reservoir of the virus, major driver of viral evolution and major source of epizootics among poultry. The geographical location of Eastern Siberia in the center of the Asian continent determines its role as a "crossroads" of three major land and water bird migration flyways: East Africa/West Asia, Central Asian and East Asia/Australian, each of which intersects with the American or Palearctic-African migration corridors. The chicks born on and ringed by us Baikal Lake were subsequently found in the northeast (long-nosed merganser, Yakutia, Lena River) and northwest (pintail, lower reaches of the Ob River) directions from our region. Mongolian and black-headed gulls and gray herons demonstrate a wide range of migration directions, though the south-eastern direction is a priority. The little gull and the common snipe mostly migrate to the western direction. The richness of avifauna and multidirectional migrations of aquatic and semi-aquatic birds contribute to the diversity of AIV in Eastern Siberia. The prevalence of AIV infection among wild birds varied from 23.4% in 2000-2005 to 8.9% in 2009-2012. The largest role in the circulation of AIV belongs to ducks - up to 40% of them were infected with the virus. The birds of the semi-aquatic complex (gulls, waders) were also important hosts of AIV with the prevalence of infection comprising 15%. In the delta of Selenga River, only AIV with hemagglutinin of the third subtype (H3) were identified, which was also found in all key areas of the Baikal region and even in Irkutsk City. On the Small Sea, circulation of H3 and H6N1 was revealed, whereas in north-western part of Irkutsk Region three subtypes of AIV, i.e. H3, H6N1 and H9, were found. The greatest diversity of AIV was found in western part of Republic of Buryatia (Coymore swamps, Tunka National Park) where nine subtypes were detected, namely H13N6, H13N1, H3N8, H7N1, H7N8, H6Nx, H3N8, H9Nx and H4Nx. As far as migrations of the waterfowl from Eastern Siberia go both in the latitudinal and longitudinal directions, the spread of any new AIV variants on a global scale is inevitable. However, the speed and vector of such spread can be predicted if accurate information is available on the direction, seasonal dynamics and intensity of wild bird migrations, both within stable migration corridors and at the intersection points of two or more migration flyways.



## ОТСУТСТВИЕ ХАНТАВИРУСОВ У ЛЕТУЧИХ МЫШЕЙ СЕВЕРО-ЗАПАДА РОССИИ

Висконтене Алекс Линту<sup>1</sup>, Радюк Екатерина Васильевна<sup>2</sup>, Карань

Людмила Станиславовна<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Зоологический институт РАН, г. Санкт-Петербург, Россия; Aviskontene@yandex.ru

<sup>2</sup> Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора  
УДК 619:616.9.636.09

Ключевые слова: хантавирус, геморрагическая лихорадка с почечным синдромом, летучие мыши, Chiroptera, Myotis, Pipistrellus, зоонозная инфекция

Хантавирусы (сем. Hantaviridae) на территории России являются возбудителями геморрагической лихорадки с почечным синдромом (ГЛПС). В России ГЛПС всегда занимала ведущее положение среди зоонозных инфекций; в 2010-2019 гг на территории Северо-Запада наблюдалась тенденция к росту заболеваемости. В последние годы заболеваемость пошла на спад, тем не менее, инфекция не теряет актуальности в связи со сложностью ранней диагностики и тяжестью клинического течения.

Источником ГЛПС для человека являются грызуны, однако вирус был выявлен и у летучих мышей (Щелканов и др, 2020). Кроме того, в местах зимнего сна рукокрылые могут контактировать с грызунами: в пещерах Ленинградской области регулярно выявляются их следы. В литературе описаны случаи нападения лесной мыши на зимующих рукокрылых (Haarsma, 2016), а во время выполнения нашего исследования в пещерах были обнаружены мертвые летучие мыши, чьи внутренние органы, по-видимому, были съедены грызунами.

Летучие мыши были отловлены в 2022-2023 гг. Сбор оседлых видов проходил в Ленинградской области в местах массовых зимовочных скоплений рукокрылых в пещерах «Танечкина» (Волховский р-н) и «Жемчужная» (Тосненский р-н). Мигрирующие рукокрылые были пойманы паутинными сетями на Куршской орнитологической станции «Фрингилла», Калининградская область. Обследованные оседлые виды: *Myotis dasycneme* (Boie, 1825) 4 шт, *M. daubentonii* (Kuhl, 1817) 16 шт, *M. nattereri* (Kuhl, 1817) 14 шт, *M. Brandtii* Eversmann, 1845 7 шт, *Eptesicus nilssonii* Keyserling & Blasius, 1839 3 шт, *E. serotinus* Schreber, 1774 1 шт, *Plecotus auritus* (Linnaeus 1758), 4 шт. Мигрирующие: *Pipistrellus nathusii* (Schreber, 1774) 14 шт, *Vespertilio murinus* Linnaeus, 1758 2 шт, *Nyctalus noctula* (Schreber, 1774) 2 шт. Сбор биоматериала (моча) осуществлялся неинвазивно, при помощи гематокритных капилляров. Выделение ДНК проводилось из мочи летучих мышей с использованием набора «Рибо-преп» (ФБУН ЦНИИЭ, г. Москва) согласно инструкции производителя.

Полученные образцы были исследованы методом двухстадийной (нестед) ПЦР для выявления генетического материала хантавирусов.

Хантавирусы не были выявлены ни в одном из исследованных образцов.

## **LACK OF HANTAVIRUSES IN BATS OF THE NORTH-WEST OF RUSSIA**

**Viskontene Alex Lintu<sup>1</sup>, Radyuk Ekaterina V.,<sup>2</sup> Karan Ludmila S.<sup>2</sup>**

<sup>1</sup> Zoological Institute of the Russian Academy of Sciences, St. Petersburg, Russia; Aviskontene@yandex.ru

<sup>2</sup> Central Research Institute of Epidemiology

**Keywords:** hantavirus, hemorrhagic fever with renal syndrome, bats, Chiroptera, Myotis, Pipistrellus, zoonotic infection

Hantaviruses (family Hantaviridae) are the causative agents of hemorrhagic fever with renal syndrome (HFRS). In Russia HFRS has always occupied a leading position among zoonotic infections; in 2010-2019 there was a tendency for an increased morbidity in the North-West Russia. In recent years the incidence has declined, however, the infection does not lose its relevance due to the complexity of early diagnosis and the severity of the clinical course.

The main source of HFRS for humans are rodents, however the virus has also been detected in bats (Shchelkanov, 2020 et al). In addition, bats can come into contact with rodents in hibernaculas: their traces are regularly detected in caves in Leningrad region. Cases of forest mouse attacks on wintering bats have been described by Haarsma, (Haarsma, 2016). During our study bats whose internal organs were apparently eaten by rodents were found in caves.

Bats were captured in 2022-2023. Collection of sedentary species took place in the Leningrad region in the places of large bats hibernaculas in the caves "Tanechkina" (Volkhovsky district) and "Zhemchuzhnaya" (Tosnensky district). Migrating bats were captured by mist-nets at the Curonian Ornithological station "Fringilla", Kaliningrad region. Examined sedentary species: *Myotis dasycneme* (Boie, 1825) 4 bats, *M. daubentonii* (Kuhl, 1817) 16 bats, *M. nattereri* (Kuhl, 1817) 14 bats, *M. Brandtii* Eversmann, 1845 7 bats, *Eptesicus nilssonii* Keyserling & Blasius, 1839 3 pieces, *E. serotinus* Schreber, 1774 1 bat, *Plecotus auritus* (Linnaeus), 1758 4 bats. Migrating: *Pipistrellus nathusii* (Schreber, 1774) 14 bats, *Vespertilio murinus* Linnaeus, 1758 2 bats, *Nyctalus noctula* (Schreber, 1774) 2 bats. Biomaterial (urine) was collected non-invasively using hematocrit capillaries. The following DNA extraction was done with a "Ribot-prep" (Moscow) set according to the manufacturer's instructions. The obtained samples were examined by the two-stage (nested) method PCR to detect the genetic material of hantaviruses. Hantaviruses were not detected in any of the studied samples.

# **РАЗРАБОТКА И ОПТИМИЗАЦИЯ ЛЕКАРСТВЕННОЙ ФОРМЫ ОНКОЛИТИЧЕСКОГО ПРЕПАРАТА НА ОСНОВЕ ВИРУСА БОЛЕЗНИ НЬЮКАСЛА**

**Коваленко В.С., Юрченко К.С., Адаменко Л.С., Глущенко А.В.,  
Шестопапов А.М.**

Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН,  
Лаборатория экспериментальной вирусологии, пр. Ак. Лаврентьева, 8  
Новосибирск, Россия, 630090, kovalenkovs.00@yandex.ru

УДК 578.7

Резюме Целью нашего исследования является разработка оптимальных температурных условий для хранения живого вируса болезни Ньюкасла (ВБН) и подбор безопасного и эффективного стабилизатора для его лекарственной формы. Нами были протестированы 4 стабилизирующих агента: растворы 10% сахарозы, 5% глюкозы и 3% ГЭКа. Из исследуемых образцов раствор 3% ГЭКа продемонстрировал наилучший результат по показателям выходного титра вируса на протяжении полугода. Также в результате экспериментов были определены оптимальные сроки хранения препарата на основе ВБН: 45 суток при температуре +4°C, 171 день при температуре -20°C и -70°C.

Ключевые слова: онколитические вирусы, виротерапия, рак, вирус болезни Ньюкасла, ВБН, лекарственная форма, стабилизатор.

Онколитические вирусы обладают отличительной способностью избирательно инфицировать раковые клетки. ВБН проявляет прямой онколиз и активацию иммунных реакций организма [1]. Создание лекарства на основе живого вируса предполагает учет биобезопасности, эффективности и соответствия нормативным требованиям. К лекарственной форме допускаются только растворы без посторонних примесей. К тому же необходимо обеспечить стабилизирующую среду для вируса, чтобы на протяжении всего срока хранения препарата живой вирус не потерял своей активности.

Методика эксперимента заключалась в том, что очищенный путем ультрафильтрации вирус был помещен в исследуемые стабилизирующие растворы, после чего образцы находились в определенных температурных условиях (-70, -20, +4, +22, + 37°C). Для оценки жизнеспособности вируса на протяжении срока хранения проводился периодический подсчет титра образцов вируса.

По результатам исследования был определен оптимальный стабилизатор 3% ГЭК его график хранения: 45 суток при температуре +4°C, 171 день при температуре -20°C и -70°C.

## **DEVELOPMENT AND OPTIMIZATION OF THE DOSAGE FORM OF AN ONCOLYTIC DRUG BASED ON THE NEWCASTLE DISEASE VIRUS**

**Kovalenko V.S., Yurchenko K.S., Adamenko L.S., Glushchenko A.V., Shestopalov A.M.**

Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine SB RAS, Laboratory of Experimental Virology, 8 Ak. Lavrentieva Pr., Novosibirsk, Russia, 630090, kovalenkovs.00@yandex.ru

UDC 578.7

Resume The aim of our study is to develop optimal temperature conditions for storing live Newcastle disease virus (VDNV) and to select a safe and effective stabilizer for its dosage form. We tested 4 stabilizing agents: solutions of 10% sucrose, 5% glucose and 3% HEC. Of the samples studied, a solution of 3% HEC demonstrated the best result in terms of the output titer of the virus for six months. Also, as a result of experiments, the optimal shelf life of the drug based on the IBN was determined: 45 days at a temperature of +4°C, 171 days at a temperature of -20°C and -70°C.

Keywords: oncolytic viruses, virotherapy, cancer, Newcastle Disease Virus, NDV, dosage form, stabilizer.

Oncolytic viruses have a distinctive ability to selectively infect cancer cells. NDV exhibits direct oncolysis and activation of immune reactions of the body [1]. Creating a drug based on a live virus involves taking into account biosafety, effectiveness and compliance with regulatory requirements. Only solutions without foreign impurities are allowed to the dosage form. In addition, it is necessary to provide a stabilizing environment for the virus so that the live virus does not lose its activity throughout the entire shelf life of the drug.

The method of the experiment consisted in the fact that the virus purified by ultrafiltration was placed in the studied stabilizing solutions, after which the samples were placed under certain temperature conditions (-70, -20, +4, +22, +37°C). To assess the viability of the virus during the shelf life, the titer of virus samples was periodically calculated.

According to the results of the study, the optimal stabilizer of 3% HEC was determined by its storage schedule: 45 days at a temperature of +4°C, 171 days at a temperature of -20°C and -70°C.

## **МОНИТОРИНГ ВИРУСА ПТИЧЬЕГО ГРИППА У ДИКИХ ПТИЦ НА ЗАПАДНОМ ПОБЕРЕЖЬЕ СРЕДНЕГО КАСПИЯ, 2017-2020 ГГ.**

**Мурашкина Татьяна<sup>1</sup>, Дерко Анастасия<sup>1</sup>, Дубовицкий Никита<sup>1</sup>,  
Касьянов Никита<sup>1</sup>, Алимурад Гаджиев<sup>2</sup>, Шаршов Кирилл<sup>1</sup>.**

<sup>1</sup> Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины, Новосибирск, Россия, [tamurashkina@frcftm.ru](mailto:tamurashkina@frcftm.ru)

<sup>2</sup> Институт Экологии и устойчивого развития Дагестанского государственного университета, Махачкала, Россия.

Для проведения мониторинга вируса гриппа А на западном побережье Среднего Каспия в период с 2017-2020 гг. были выбраны угодья, в которых зарегистрировано около трехсот видов птиц: озеро Аджы (Папас); озеро Южный Аграхан; Аграханский залив и дельта реки Терек (Северный Аграхан); Ачикольская система озер. По результатам исследования были собраны и проанализированы пробы от 1438 особей птиц. Серологические исследования (реакция гемагглютинации) выявили 43 гемагглютинирующих агента. По результатам полимеразной цепной реакции были определены 21 вирус гриппа, 15 парамиксавирусов (APMV) и 22 гемагглютинирующих агента используемыми методами идентифицировать не удалось. Были определены субтипы и получены нуклеотидные последовательности выделенных штаммов. Проведен филогенетический анализ сегментов генома вируса гриппа. Показана принадлежность сегментов к различным филогенетическим группам. Впервые выявлен вирус гриппа редкого H12N5-субтипа в Каспийском регионе.

Основная доля изолятов (n=36) была выделена от особей отряда Гусеобразные (Anseriformes) семейства Утиные (Anatidae). Из всех выделенных изолятов 49% составили вирусы птичьего гриппа (Avian Influenza Virus), 35% парамиксовирусы птиц (Avian Paramyxoviruses). По результатам субтипирования 21 выделенный штамм относился следующим субтипам: HxNy (3), H1N1 (2), H3N8 (9), H4N6 (2), H7N3 (2), H8N4 (1), H10N5 (1), H12N5 (1).

Филогенетический анализ выявил генетическую гетерогенность штаммов вируса гриппа птиц, выделенных в акватории Каспийского моря. Они генетически различны между собой и формируют кластеры, филогенетически схожих штаммов с вариантами вируса гриппа, изолированными по всей территории Евразии, а также Северо-Восточной Африки.

Работа выполнена в рамках государственного задания 122012400086-2 и поддержана проектом РНФ 23-44-00026 (вирусологические эксперименты).

## **MONITORING OF AVIAN INFLUENZA VIRUS IN WILD BIRDS AT THE WEST COAST OF THE MIDDLE CASPIAN SEA, 2017-2020.**

**Murashkina Tatiana<sup>1</sup>, Derko Anastasia<sup>1</sup>, Dubovitsky Nikita<sup>1</sup>, Kasyanov Nikita<sup>1</sup>, Alimurad Gadzhiev<sup>2</sup>, Sharshov Kirill<sup>1</sup>.**

<sup>1</sup> Federal Research Center for Fundamental and Translational Medicine, Novosibirsk, Russia, [tamuraashkina@frcftm.ru](mailto:tamuraashkina@frcftm.ru).

<sup>2</sup> Institute of Ecology and Sustainable Development of Dagestan State University, Makhachkala, Russia.

To monitor the influenza A virus on the western coast of the Middle Caspian Sea in the period from 2017-2020, lands were selected in which about three hundred bird species were registered: Lake Aji (Papras); Lake Southern Agrakhan; Agrakhan Bay and the delta of the Terek River (Northern Agrakhan); the Achikol lake system. According to the results of the study, samples from 1,438 individuals of birds were collected and analyzed. Serological studies (hemagglutination reaction) revealed 43 hemagglutinating agents. According to the results of the polymerase chain reaction, 21 influenza viruses, 15 paramyxoviruses (APMV) and 22 hemagglutinating agents could not be identified using the methods used. Subtypes were determined and nucleotide sequences of the isolated strains were obtained. Subtypes were determined and nucleotide sequences of the isolated strains were obtained. A phylogenetic analysis of segments of the genome of the influenza virus has been carried out. The segments belong to different phylogenetic groups. The influenza virus of the rare H12N5 subtype has been detected for the first time in the Caspian region.

The main proportion of isolates (n=36) was isolated from individuals of the order Anseriformes Anatidae family. Of all the isolated isolates, 49% were avian influenza viruses (Avian Influenza Virus), 35% were Avian paramyxoviruses (Avian Paramyxoviruses). According to the results of subtyping, 21 isolated strains belonged to the following subtypes: HxNy (3), H1N1 (2), H3N8 (9), H4N6 (2), H7N3 (2), H8N4 (1), H10N5 (1), H12N5 (1).

Phylogenetic analysis revealed the genetic heterogeneity of avian influenza virus strains isolated in the Caspian Sea. They are genetically different from each other and form clusters of phylogenetically similar strains with variants of the influenza virus isolated throughout Eurasia, as well as Northeast Africa.

The work was carried out within the framework of state task 122012400086-2 and supported by the RNF project 23-44-00026 (virological experiments).

## ЭТИОЛОГИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ОРВИ У ДЕТЕЙ В Г. НОВОСИБИРСКЕ В 2019 – 2023 ГГ.

Сароян Т.А., Курская О.Г., Соломатина М.В., Шаршов К.А., Шестопапов А.М.

*«Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины» г. Новосибирск, Россия, [111.st.13@rambler.ru](mailto:111.st.13@rambler.ru).*

УДК 578.7

**Актуальность.** ОРВИ занимают лидирующее место в инфекционной патологии за счет высокой контагиозности и быстрого распространения респираторных вирусов. Выявление заболеваний дыхательных путей, вызванных более чем одним вирусом, происходит в 35% случаев. При этом наиболее восприимчивым к инфекции является детское население. После вспышки SARS-CoV-2, вызвавшего пандемию COVID-19, различные исследования показали, что эпидемиологические и клинические особенности инфекций, вызываемые респираторными вирусами, изменились. Однако клинические проявления вирусных ко-инфекций и значение таких респираторных заболеваний еще полностью не изучены.

**Цель.** Оценка этиологической структуры вирусов, вызывающих ОРВИ, выделенных во время эпидемических сезонов 2019 – 2023 гг. у детей в г. Новосибирске.

**Материалы и методы.** В качестве материала для исследования был использован клинический материал (мазки из носа и зева) от 4504 пациентов, поступивших в детские стационары г. Новосибирска. Исследование образцов на наличие генетического материала вирусов, вызывающих ОРВИ (респираторно-синцитиальный вирус(РСВ) и метапневмовирусы (МПВ) человека, вирусы гриппа А и В, риновирус, вирусы парагриппа, коронавирусы человека (OC43, 229E, NL63, HKU1), аденовирус, бокавирус, SARS-Cov-2) осуществляли с помощью ПЦР в режиме реального времени коммерческими наборами «АмплиСенс».

**Результаты.** Исследовано и проанализировано 4504 клинических образцов, собранных в период с ноября 2019 г. по май 2023 г. у детей в возрасте от 0 до 17 лет. Около половины (52% (2344/4504) образцов были получены от мальчиков и другая половина (48% (2159/4504) от девочек. В этой исследовательской когорте достоверных половых различий между пациентами не было выявлено. Наибольшее количество образцов (56,7%) получили от детей раннего возраста (0-2 года), 27,1% образцов – от детей в возрасте 3-6 лет; 16,2% образцов – от детей 7-17 лет. В сезон 2019–20 гг. было собрано 1088 образцов. В структуре ОРВИ преобладал вирус гриппа (21,6%). Вторым по частоте встречаемости был РСВ человека (20,5%). Остальные респираторные вирусы были выявлены менее чем в 10% случаев. МПВ человека был выявлен у 1,6% детей. За период 2020-21 гг. было собрано 1130 образцов. В результате анализа образцов вирусы гриппа не были обнаружены. Ведущим этиологическим агентом явился МПВ (43,8%).

Вторыми по частоте детекции были вирусы сезонных коронавирусов(OC43, 229E, NL63, HKU1)- в 20,6%, вирусы парагриппа (15,3%) и риновирус (13,1%). Аденовирус был выявлен в 4,4%, бокавирус- в 2,6%, РСВ- в 0.2% случаев. В сезоне 2021-2022 гг. мы вновь наблюдали заболевания, вызванные вирусом гриппа (у 10,9% пациентов). При этом был выявлен только вирус гриппа А(Н3N2). РСВ был выявлен у 20,3% обследованных детей. Риновирус детектировали у 10,4% детей. Новый коронавирус SARS-CoV2 был выявлен в 14,1% случаев. Остальные респираторные вирусы были обнаружены менее чем в 5% случаев. Следует отметить, что в течение всего сезона 2021-22 гг. нами не было выявлено ни одного случая заболевания, вызванного МПВ человека. В сезон 2022-2023 гг. было собрано 1314 образцов, ведущим этиологическим агентом явился РСВ- детектировался в 15,8%, далее наиболее часто выявлялся риновирус- в 11,2%. Парагрипп и МПВ были детектированы в 6,8% и 5,2%, остальные вирусы выявлялись менее чем в 5% образцов, в том числе и вирусы гриппа- в 4,2%. **Заключение.** Таким образом, мы обнаружили значительные изменения структуры ОРВИ у детей во время пандемии COVID-19, проявившиеся в отсутствии циркуляции вируса гриппа, и резком снижении частоты выявления РСВ, которые являлись ведущими этиологическими агентами в сезоне 2019- 2020 гг. Доминирующими вирусами в структуре ОРВИ в сезон 2020-21 гг. второй волны пандемии SARS-CoV-2 стали МПВ, риновирус и коронавирусы человека. В сезоны 2021-2023 гг. этиологическая структура ОРВИ вновь изменилась: РСВ стал ведущим агентом в структуре ОРВИ, в то время как МПВ не был обнаружен в 2021-22 гг. Работа выполнена при поддержке гранта РНФ № 23-24-00492.

## ETIOLOGICAL CHARACTERISTICS OF ARI IN CHILDREN IN NOVOSIBIRSK DURING 2019-2023

*Saroyan T.A., Kurskaya O.G., Solimatina M.V., Sharshov K.A., Shestopalov A.M.*

*«Federal Research Center for Fundamental and Translational Medicine»,  
Novosibirsk, Russia, [111.st.13@rambler.ru](mailto:111.st.13@rambler.ru).*

**УДК 578.7**

**Relevance.** ARVI occupy a leading place in infectious pathology due to high contagiousness and rapid spread of respiratory viruses. Detection of respiratory diseases caused by more than one virus occurs in 35% of cases. The most susceptible population is the pediatric population. Since the SARS-CoV-2 outbreak that caused the COVID-19 pandemic, various studies have shown that the epidemiologic and clinical features of infections caused by respiratory viruses have changed. However, the clinical manifestations of viral co-infections and the significance of such respiratory diseases are not yet fully understood. Objective. To evaluate the etiologic structure of viruses causing ARVI isolated during the epidemic seasons 2019 - 2023 in children in Novosibirsk.



**Materials and Methods.** Clinical material (nasal and pharyngeal swabs) from 4504 patients admitted to pediatric hospitals of Novosibirsk was used as study material. The samples were analyzed for the presence of genetic material of viruses causing ARVI (respiratory syncytial virus (RSV) and human metapneumoviruses (MPV), influenza A and B viruses, rhinovirus, parainfluenza viruses, human coronaviruses (OC43, 229E, NL63, HKU1), adenovirus, bocavirus, SARS-Cov-2) by real-time PCR using commercial kits "AmpliSense".

**Results.** 4504 clinical specimens collected between November 2019 and May 2023 from children aged 0-17 years were examined and analyzed. About half (52% (2344/4504) of the samples were from boys and the other half (48% (2159/4504) from girls. In this study cohort, no significant sex differences were found between patients.

The highest number of samples (56.7%) were obtained from young children (0-2 years), 27.1% of samples were obtained from children aged 3-6 years; 16.2% of samples were obtained from children 7-17 years. For the 2019-20 season, 1088 samples were collected. Influenza virus (21.6%) dominated the structure of acute respiratory infections. The second most frequent was human RSV (20.5%). Other respiratory viruses were detected in less than 10% of cases. Human MPV was detected in 1.6% of children. A total of 1130 specimens were collected during the period 2020-21. No influenza viruses were detected in the samples analyzed. The leading etiologic agent was MPV (43.8%). The second most frequently detected viruses were seasonal coronaviruses (OC43, 229E, NL63, HKU1) in 20.6%, parainfluenza viruses (15.3%) and rhinovirus (13.1%). Adenovirus was detected in 4.4%, bocavirus in 2.6% and RSV in 0.2% of cases. In the 2021-2022 season, we again observed diseases caused by influenza virus (in 10.9% of patients). Only influenza A(H3N2) virus was detected. RSV was detected in 20.3% of the examined children. Rhinovirus was detected in 10.4% of children. The new coronavirus SARS-CoV2 was detected in 14.1% of cases. The other respiratory viruses were detected in less than 5% of cases. Of note, we did not detect any cases of human MPV during the entire 2021-22 season. In the 2022-2023 season, 1314 samples were collected, the leading etiologic agent was RSV-detected in 15.8%, followed by rhinovirus-detected most frequently in 11.2%. Parainfluenza and MPV were detected in 6.8% and 5.2%, while other viruses were detected in less than 5% of samples, including influenza viruses in 4.2%. **Conclusions.** Thus, we found significant changes in the structure of acute respiratory infections in children during the COVID-19 pandemic, manifested in the absence of circulating influenza virus, and a sharp decrease in the detection rate of RSV, which were the leading etiologic agents in the 2019- 2020 season. The dominant viruses in the pattern of acute respiratory infections in the 2020-21 season of the second wave of the SARS-CoV-2 pandemic were MPV, rhinovirus, and human coronaviruses. In the 2021-2023 seasons, the etiologic pattern of ARVI changed again: RSV became the leading agent in the structure of ARVI, while MPV was not detected in 2021-22. The work was supported by RNF grant No. 23-24-00492.

## **BETATORQUEVIRUS (TTMV) И ДРУГИЕ АНЕЛЛОВИРУСЫ В ВИРОМЕ ДЫХАТЕЛЬНЫХ ПУТЕЙ ЧЕЛОВЕКА**

**Нохова Алина Рифкатовна, Дёрко Анастасия Александровна, Дубовицкий Никита Артемьевич, Курская Ольга Григорьевна, Шестопалов Александр Михайлович, Шаршов Кирилл Александрович**

*Betatorquevirus* – это род вирусов, относящийся к семейству *Anelloviridae*, которые обитают в респираторном тракте человека. Они были выявлены с помощью метагеномного анализа, который в последние десятилетия получил большое развитие и позволил проводить детальное исследование вирома человека. Вирусы этого семейства могут обуславливать различные заболевания, но их точная роль в патогенезе до сих пор остается недостаточно изученной.

**Материалы и методы.** Четыре клинических образца в виде мазков из зева и носа были предоставлены медицинскими учреждениями г. Новосибирска. Исследование одобрено Этическим комитетом ФИЦ ФТМ. Полученный материал был протестирован на основные респираторные вирусы с помощью реактивов: АмплиПрайм, АмплиСенс («ИнтерЛабсервис», Россия). Пробоподготовка для секвенирования осуществлялась по протоколу NetoVIR с модификациями. Секвенирование было выполнено на платформе Illumina NextSeq. Для полученных данных была проведена предварительная сборка контигов (SPAdes). Для филогенетического анализа проведено выравнивание аминокислотных последовательностей ORF1 с помощью MUSCLE (в MEGA 11), фильтрация (TrimAl), построение дерева с моделью замены VT+F+I+R7 через IQ-Tree 2 (bootstrap 100).

**Результаты и обсуждение.** Мы исследовали четырех пациентов в возрасте (от 2 до 4 лет) с симптомами ОРЗ. С помощью метода ПЦР были обнаружены следующие патогены: в образце 1 – *Bocavirus*, в образце 2 – вирус гриппа *A(H1N1)pdm09*, в образце 3 – нет респираторных патогенов, в образце 4 – *Respiratory syncytial virus*.

В результате секвенирования собрано 16 контигов, принадлежащих анелловирусам. При повторном анализе осталось 11 оригинальных контигов. Интересно, что большинство анелловирусов (7 из 11, 63,6%) встречалось в третьем (отрицательном) образце. Оставшиеся четыре последовательности распределились между образцами 1 (с *Bocavirus*) и 4 (с *Respiratory syncytial virus*) поровну (по 2 из 11 в каждом образце, 18,2%). Важно отметить, что в образце с гриппом А (образец 2) анелловирусов не обнаружено. Учитывая, что все пациенты имели симптомы ОРЗ, а в отрицательном образце не обнаружено никаких респираторных патогенов, можно предположить, что анелловирусы способны вызвать респираторные симптомы. Большинство последовательностей принадлежало к роду *Betatorquevirus* (9 из 11). Оставшиеся две относились к родам *Alphatorquevirus* и *Gammatorquevirus*. Наибольшая доля *Betatorquevirus*

была обнаружена в образце 4 (2 из 2, 100%) и 3 (6 из 7, 85,7%). Однако в литературе не сообщается о преобладании того или иного рода в зависимости от заболевания, локализации или присутствия других вирусов. Поэтому наша находка дает почву для раздумий, почему именно род *Betatorquevirus* оказался преобладающим.

Таким образом, представленные научные результаты указывают на высокую частоту обнаружения последовательностей анелловирусов, особенно рода *Betatorquevirus*, в образцах с респираторными заболеваниями. При этом их отсутствие в образце с гриппом А может указывать на потенциальную возможность специфичности влияния респираторных патогенов на наличие анелловирусов. Также учитывая вышесказанное, можно предположить, что вирусы из рода *Betatorquevirus* могут взаимодействовать с другими вирусами в респираторном тракте и оказывать влияние на развитие симптомов ОРЗ. Однако необходимы дополнительные исследования о роли малоизученных *Betatorquevirus* в респираторных заболеваниях.

Работа выполнена в рамках государственного задания молодежной лаборатории 122012400086-2 при финансовой поддержке гранта РФФ 19-74-10055-П.

## **BETATORQUEVIRUS (TTMV) AND OTHER ANELLOVIRUSES IN THE HUMAN RESPIRATORY TRACT VIROME**

**Alina R. Nokhova, Anastasiya A. Derko, Nikita A. Dubovitskiy, Olga G. Kurskaya, Alexander M. Shestopalov, Kirill A. Sharshov**

*Betatorquevirus* is a genus of viruses belonging to the family *Anelloviridae* that live in the human respiratory tract. They were identified using metagenomic analysis, which has been greatly developed in recent decades and has made it possible to conduct a detailed study of the human virome. Viruses of this family can cause various diseases, but their exact role in pathogenesis still remains poorly understood.

**Materials and methods.** Four clinical samples in the form of throat and nasal swabs were provided by medical hospitals in Novosibirsk. The study was approved by the Ethics Committee of the Federal Research Center of Fundamental and Translational Medicine. The resulting material was tested for the main respiratory viruses using reagents: AmpliPrime, AmpliSens (InterLabservice, Russia). Sample preparation for sequencing was carried out using the NetoVIR protocol with modifications. Sequencing was performed on the Illumina NextSeq platform. Preliminary assembly of contigs (SPAdes) was carried out for the obtained data. For phylogenetic analysis, amino acid sequences from ORF1 were aligned using the MUSCLE algorithm (in MEGA 11), filtered using TrimAl, and a tree was built with the substitution model VT+F+I+R7 using IQ-Tree 2 (bootstrap 100).

**Results and discussion.** We studied 4 patients aged (from 2 to 4 years) with symptoms of acute respiratory infections. The following pathogens were detected using the PCR method: in sample 1 - *Bocavirus*, in sample 2 - influenza virus *A(H1N1)pdm09*, in sample 3 - no respiratory pathogens, in sample 4 - *Respiratory syncytial virus*.

As a result of sequencing, 16 contigs belonging to anelloviruses were collected. Upon re-analysis, 11 original contigs remained. Interestingly, the majority of anelloviruses (7 of 11, 63.6%) were found in the third (negative) sample. The remaining four sequences found were distributed equally between samples 1 (with *Bocavirus*) and 4 (with *Respiratory syncytial virus*) (2 out of 11 in each sample, 18.2%). It is important to note that no anelloviruses were detected in the influenza A sample (sample 2). Thus, given that all patients had symptoms of acute respiratory infections, and no other respiratory pathogens were detected in the negative sample, it can be assumed that anelloviruses can cause respiratory symptoms. The majority of nucleotide sequences belonged to the genus *Betatorquevirus* (9 out of 11). The remaining two sequences belonged to the genus *Alphatorquevirus* and *Gammatorquevirus*. The highest proportion of *Betatorquevirus* was detected in sample 4 (2 of 2, 100%) and sample 3 (6 of 7, 85.7%). However, the literature does not report the predominance of one or the other depending on the disease, location or presence of other viruses. Therefore, our finding gives rise to speculation as to why the *Betatorquevirus* turned out to be predominant.

In summary, the presented scientific results indicate a high frequency of detection of anellovirus sequences, especially the genus *Betatorquevirus*, in samples with respiratory diseases. Moreover, their absence in the *influenza A* sample may indicate the potential specificity of the influence of respiratory pathogens on the presence of anelloviruses. Also, taking into account the above, it can be assumed that viruses from the genus *Betatorquevirus* can interact with other viruses in the respiratory tract and influence the development of acute respiratory infections symptoms. However, more research is needed on the role of the little-studied *Betatorquevirus* in respiratory diseases.

The work was carried out within the framework of the state assignment of the youth laboratory 122012400086-2 with financial support from the Russian Science Foundation grant 19-74-10055-II.

# ПРОГРАММНЫЙ КОМПЛЕКС С WEB-ДОСТУПОМ ДЛЯ ХРАНЕНИЯ, ОБРАБОТКИ И АНАЛИЗА ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ РЕСПИРАТОРНЫХ ВИРУСОВ

Павел Старцев<sup>1,2,3</sup>, Антон Девятериков<sup>1,2,3</sup>, Арсений Стучинский<sup>1,2,3</sup>, Артём Линке<sup>2,3</sup>, Василий Колобов<sup>1,2</sup>, Наталья Пальянова<sup>2,3</sup> и Андрей Пальянов<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup> Институт систем информатики им. А.П. Ершова СО РАН, Новосибирск, Россия;

<sup>2</sup> Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины, Новосибирск, Россия;

<sup>3</sup> Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия

В ИСИ СО РАН при сотрудничестве с Институтом вирусологии ФИЦ ФТМ в рамках работы по гранту РНФ "Геномика и эволюция вирусных патогенов, вызывающих наиболее распространённые респираторные заболевания" создан прототип программного комплекса с веб-доступом для загрузки, хранения, обработки и анализа генетических последовательностей респираторных вирусов. Реализованы возможности поиска в базе данных проекта по различным характеристикам последовательностей (длина и полнота генома; наличие определенных мутаций; количество мутаций, делеций и вставок относительно заданной последовательности) и метаданным (возраст, пол, статус пациента, страна, город и др.), а также последующий анализ полученных выборок.

В проекте реализована возможность локального запуска NCBI BLASTN 2.14.0+ (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK52637/>) и NextStrain NextAlign (<https://github.com/nextstrain/nextclade>), распространяемых с открытым исходным кодом, что позволяет эффективно работать с большими объемами пользовательских данных, подаваемых на вход программ.

С помощью разработанного ПО осуществлён статистический анализ генетических данных коронавируса SARS-CoV-2, полученных в регионах Сибири в 2020-2022 г.[1], а также рассчитаны распределения характеристик геномов SARS-CoV-2, важных для последующего изучения и моделирования эволюции вируса[2]. В дальнейшем планируется существенное расширение функциональных возможностей разрабатываемого программного комплекса.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 23-64-00005).

1. Palyanova N.V., Sobolev I.A., Palyanov A.Y., Kurskaya O.G., Komissarov A.B., Danilenko D.M., Fadeev A.V., Shestopalov A.M. The Development of the SARS-CoV-2 Epidemic in Different Regions of Siberia in the 2020–2022 Period // *Viruses*. 2023; 15(10): 2014. DOI: 10.3390/v15102014

2. Palyanov A.Yu., Palyanova N.V. On the space of SARS-CoV-2 genetic sequence variants // *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2023; 27(7): 839-850. DOI: 10.18699/VJGB-23-97

**A SOFTWARE COMPLEX WITH WEB-ACCESS FOR  
STORAGE, PROCESSING AND ANALYZING OF GENETIC  
SEQUENCES OF RESPIRATORY VIRUSES**

**Pavel Startsev<sup>1,2,3</sup>, Anton Devyaterikov<sup>1,2,3</sup>, Arseny Stuchinsky<sup>1,2,3</sup>, Artem Linke<sup>2,3</sup>,  
Vasily Kolobov<sup>1,2</sup>, Natalia Palyanova<sup>2,3</sup> and Andrey Palyanov<sup>1,2,3</sup>**

<sup>1</sup> A.P. Ershov Institute of Informatics Systems, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia;

<sup>2</sup> Federal Research Center of Fundamental and Translational Medicine, Novosibirsk, Russia;

<sup>3</sup> Novosibirsk State University, Novosibirsk, Russia

At the A.P. Ershov Institute of Informatics Systems SB RAS, in collaboration with the Institute of Virology of the FRC FTM, within the framework of the Russian Science Foundation grant “Genomics and evolution of viral pathogens causing the most common respiratory diseases”, a prototype of the software package with web access was developed to provide to the team working on the project the ability of downloading, storing, processing and analyzing genetic sequences of respiratory viruses. The ability to search the project database by various characteristics of sequences (length and completeness of the genome; presence of certain mutations; number of mutations, deletions and insertions relative to a given sequence) and metadata (age, gender, patient status, country, city, etc.) has been implemented, and also subsequent analysis of the resulting samples.

The project implements the ability to locally run NCBI BLASTN 2.14.0+ (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK52637/>) and NextStrain NextAlign (<https://github.com/nextstrain/nextclade>) – open source software, which allows to effectively work with large volumes of user data as a program input. Using the developed software, a statistical analysis of the genetic data of the SARS-CoV-2 coronavirus obtained in the regions of Siberia in 2020-2022 was carried out, and the distribution of characteristics of the SARS-CoV-2 genomes, important for the subsequent study and modeling of the evolution of the virus, was calculated[1]. In the future, it is planned to significantly expand the functionality of the developed software complex.

This research was funded by RSF, grant number 23-64-00005.

1. Palyanova N.V., Sobolev I.A., Palyanov A.Y., Kurskaya O.G., Komissarov A.B., Danilenko D.M., Fadeev A.V., Shestopalov A.M. The Development of the SARS-CoV-2 Epidemic in Different Regions of Siberia in the 2020–2022 Period // *Viruses*. 2023; 15(10): 2014. DOI: 10.3390/v15102014

2. Palyanov A.Yu., Palyanova N.V. On the space of SARS-CoV-2 genetic sequence variants // *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2023; 27(7): 839-850. DOI: 10.18699/VJGB-23-97

## ПТИЧЬИ АСТРОВИРУСЫ У ДИКИХ ПЕРЕЛЁТНЫХ ПТИЦ ОСТРОВА САХАЛИН, СЕВЕРНАЯ ЧАСТЬ ТИХОГО ОКЕАНА

Жиров Д.А.<sup>1</sup>, Дубовицкий Н.А.<sup>1</sup>, Дерко А.А.<sup>1</sup>, Логинова А.М.<sup>1</sup>,  
Куликова О.Я.<sup>2</sup>, Кгиторов П.С.<sup>2</sup>, Соболев И.А.<sup>1</sup>, Алексеев А.Ю.<sup>1</sup>, Шестопалов  
А.М.<sup>1</sup>, Шаршов К.А.<sup>1</sup>

1 – ФИЦ ФТМ, Новосибирск, Россия, [dazhirov@frcftm.ru](mailto:dazhirov@frcftm.ru)

2 – Институт биологических проблем Севера, Магадан, Россия,  
[pktitorov@gmail.com](mailto:pktitorov@gmail.com)

УДК: 578.4

**Резюме:** В данном исследовании мы впервые обнаружили AAstV у диких перелетных птиц семейств Anatidae и Columbidae с острова Сахалин, северная часть Тихого океана. Вирусы, обнаруженные у диких голубей и диких уток, относятся к видам Avastrovirus 2 и Avastrovirus 3 соответственно. Полученные данные помогут лучше оценить разнообразие и распространенность AAstV у диких птиц, а также прогнозировать случаи межвидовой передачи вируса.

**Ключевые слова:** Astroviridae, Avastrovirus 2, Avastrovirus 3, дикие птицы, о. Сахалин, северная часть Тихого океана.

Astroviridae — это семейство безоболочковых одноцепочечных РНК-вирусов, включающее 2 рода: Avastrovirus (AAstV), поражающие птиц, и Mamastrovirus (MAstV), включающий вирусы млекопитающих [1]. По данным Международного комитета по таксономии вирусов (ICTV), Astroviridae включает 19 видов из рода MAstV и 3 вида из рода AAstV [2]. К последним относятся Avastrovirus 1, Avastrovirus 2 и Avastrovirus 3 [3], [4], [5]. На данный момент астровирусы были обнаружены у индеек [6], уток [7], кур [8], цесарок [9], голубей [10], гусей [3], а также у диких водоплавающих птиц, в частности, у чирков, шилохвостов, чернети и голубей (отряд Anseriformes), песчанок, улитов (отряд Charadriiformes), и колпиц (отряд Pelicaniformes) [4], [11]. Однако данных по экологии астровирусов в популяциях диких птиц недостаточно для оценки их эпидемиологической роли. Здесь мы впервые оценили циркуляцию авастовируса у различных диких птиц о. Сахалин в северной части Тихого океана и описали их филогенетические связи с другими астровирусами птиц.

В этом исследовании было проанализировано 220 проб, принадлежащих 16 видам птиц из семейств Anatidae, Scolopacidae и Columbidae. В ходе дальнейшего ПЦР анализа, нами получены фрагменты РНК-зависимой РНК полимеразы (RNA-dependent RNA-polymerase, RdRp) 9 астровирусов, выделенных из шилохвосты (*Anas acuta*), чирка обыкновенного (*Anas crecca*), морской чернети (*Aythya marila*) и восточной горлицы (*Streptopelia orientalis*). Филогенетический анализ показал, что 3 AAstV принадлежали к виду Avastrovirus 2, 5 — к виду Avastrovirus 3 и один не имел точной видовой идентификации из-за низкой бутстреп-поддержки. Изученные вирусы

Avastrovirus 2 филогенетически сходны с другими, также выделенными от различных видов голубей и, вероятно, представляют собой голубеспецифичную группу. Напротив, мы обнаружили, что астровирусы уток идентифицированных нами видов Avastrovirus 3 более разнообразны филогенетически и четко образуют две разные клады: в одну входит большая часть вирусов, выделенных из морской чернети, в другую — изолят из чирка обыкновенного. Кроме того, мы обнаружили, что один изолят, полученный из шилохвоста, образует отдельную ветвь и не кластеризуется с другими утиными вирусами Avastavirus 2. Вполне вероятно, что этот неклассифицированный вирус принадлежит к другой линии/кладе, которую также придется классифицировать при появлении новых доступных последовательностей астровирусов. Полученные данные помогут лучше оценить разнообразие и распространенность астровирусов у диких птиц, а также прогнозировать случаи межвидовой передачи вируса. Работа выполнена в рамках государственного задания ФИЦ ФТМ (тема 122012400086-2) и поддержана проектом РНФ 23-44-00026.

## **AVIAN ASTROVIRUSES IN WILD MIGRATORY BIRDS OF SAKHALIN ISLAND, NOTRH PACIFIC**

**Zhirov D.A.<sup>1</sup>, Dubovitskiy N.A.<sup>1</sup>, Derko A.A.<sup>1</sup>, Loginova A.M.<sup>1</sup>, Kulikova  
O.Y.<sup>2</sup>, Ktitorov P.S.<sup>2</sup>, Sobolev I.A.<sup>1</sup>, Alekseev A.Y.<sup>1</sup>, Shestopalov A.M.<sup>1</sup>,  
Sharshov K.A.<sup>1</sup>**

1 – FRC FTM, Novosibirsk, Russia, dazhirov@frcftm.ru

2 – Institute of Biological Problems of the North, Magadan, Russia  
pktitorov@gmail.com

UDC:578.4

**Abstract:** In this study, we detected for the first time the AAstV in wild migratory birds of Anatidae and Columbidae families from Sakhalin Island, North Pacific. The viruses found in wild doves and wild ducks belong to the Avastrovirus 2 and Avastrovirus 3 species respectively. The data obtained will help to better assess the diversity and prevalence of AAstV in wild birds, as well as to predict cases of interspecies transmission of the virus.

**Keywords:** Astroviridae, Avastrovirus 2, Avastrovirus 3, wild birds, Sakhalin Island, North Pacific

Astroviridae is the family of non-enveloped, single-stranded RNA viruses divided into 2 genera: Avastroviruses (AAstV), which infect birds and Mamastrovirus (MAstV), which includes mammalian viruses [1]. This virus family following the data of the International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV), includes 19 species from the genus MAstV and 3 species from the genus AAstV [2]. The latter species include Avastrovirus 1, Avastrovirus 2 and Avastrovirus 3 [3], [4], [5]. For now, astroviruses were found in turkeys [6], ducks [7], chickens [8], guinea fowl [9], pigeons



[10], geese [3], and also in wild waterfowl were found, in particular in teals, pintails, shovelers and wigeons (order Anseriformes), sanderlings and greenshanks (order Charadriiformes), as well spoonbills (order Pelicaniformes) [4], [11]. However, data on the ecology of astroviruses in wild bird populations are insufficient to assess their epidemiological role. Here, for the first time, we assessed the circulation of avastovirus in various wild birds from Sakhalin Island and described their phylogenetic relationships with other avian astroviruses.

In this study 220 samples belonging to 16 bird species from Anatidae, Scolopacidae и Columbidae family were analyzed. In the course of further PCR analysis, we obtained fragments of RNA-dependent RNA polymerase (RNA-dependent RNA-polymerase, RdRp) of 9 astroviruses isolated from Northern pintail (*Anas acuta*), Common teal (*Anas crecca*), Greater scaup (*Aythya marila*), and Oriental turtle dove (*Streptopelia orientalis*). Phylogenetic analysis showed that 3 AAstVs belonged to the Avastrovirus 2 species, 5 belonged to the Avastrovirus 3 species and one did not have an exact species identification due to low bootstrap support. Studied Avastrovirus 2 viruses are phylogenetically similar to others, also isolated from various pigeon species, and are probably a pigeon-specific group. On the contrary, we found that the duck astroviruses of Avastrovirus 3 species we identified are more diverse phylogenetically and clearly form two different clades: one includes most of the viruses isolated from Greater scaup, the other clade includes an isolate from the Common teal. In addition, we found that one isolate obtained from the pintail forms a separate branch and does not cluster with other duck viruses of Avastrovirus 2. It is likely that this unclassified virus belongs to another lineage/clade, which will also have to be classified when new available astrovirus sequences appear. The data obtained will help to better assess the diversity and prevalence of astroviruses in wild birds, as well as to predict cases of interspecies transmission of the virus. The study was partially supported by the following sources: State funded budget 122012400086-2 (sampling) and RSF 23-44-00026.

## ИТОГИ ОЦЕНКИ ЭКОЛОГИИ РУКОКРЫЛЫХ СЕВЕРНОГО КАВКАЗА В ЕСТЕСТВЕННОЙ И УРБАНИЗИРОВАННОЙ СРЕДЕ, 2022- 2023 ГГ.

Алексеев А.Ю.<sup>1,2</sup>, Жигалин А.В.<sup>1,3</sup>, Гаджиев А.А.<sup>2</sup>, Маслов А.А.<sup>1,4</sup>,  
Муташев Б.А.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> НИИ вирусологии, ФГБНУ "Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины", Новосибирск, Россия

<sup>2</sup> Дагестанский государственный университет, Махачкала, Россия

<sup>3</sup> Национальный исследовательский Томский государственный университет, Томск, Россия

<sup>4</sup> Институт систематики и экологии животных СО РАН, Новосибирск, Россия

Разработан систематизированный и стандартизованный единый алгоритм обследования зимних убежищ рукокрылых на территории Северного Кавказа. Показано, что для контроля численности рукокрылых в убежищах в зимний период, для контроля и снятия информации с фотоловушек и логгеров температуры и влажности необходимо посещение укрытий не реже 1 раза в месяц (с октября по май). Важнейшим фактом, установленным в ходе настоящих исследований, является обнаружение подковоноса Мегеля *R. mehelyi* в пещере «Большая глиняная» в 2022 году. На данный момент это вторая в России пещера, где регистрируется данный вид. В зимний период 2022-2023 г. получены первые данные об особенностях зимовок рукокрылых в двух убежищах: штольнях близ с. Ханцаркамахи (Дагестан) и пещере у с. Куг (Дагестан). В штольнях близ с. Ханцаркамахи при стабильной весь период зимовки температуре, наблюдаются значительные изменения влажности. Зарегистрировано наличие пяти видов летучих мышей. В пещере у с. Куг значительных колебаний температуры и влажности в ходе зимовки не отмечается. Нами отмечен в пещере только один вид - остроухая ночница (*M. blythii*).

В летний период, при учете видов летучих мышей на территории реликтового лианового леса «Самурский лес» (Дагестан) отловлен один из наиболее редких видов рукокрылых в России - гигантская вечерница *Nyctalus lasiopterus*, внесенный в Красную книгу под категорией – 3 (редкие виды). Данный вид летучих мышей примечателен тем, что при миграциях может питаться не только насекомыми, но и птицами. Перечень потенциальных жертв гигантской вечерницы включает 31 вид птиц из 8 семейств отряда Воробьинообразные. Также, во время проведения экспедиционных выездов по северной части Кавказа, нами обнаружена прудовая ночница *Myotis dasycneme*. Описанная находка прудовой ночницы является третьей для Кавказа в целом. Используя ультразвуковые датчики SONG METER SM4BAT фирмы Wildlife

acoustic (USA) и базу звуков распространенных в Европе летучих мышей (KALEIDOSCOPE PRO фирмы Wildlife acoustic, USA), мы обнаружили (записали) на территории Самурского леса акустические сигналы ночницы Алкафеи (короткопалая - *Myotis alcathoe*). К настоящему времени в России этот вид был обнаружен в единичных экземплярах на Кавказе. Точное ее распространение и особенности экологии остаются не изучены. Всего на территории Самурского леса нами путем отлова установлено наличие 5 видов летучих мышей, а помощь ультразвуковых датчиков позволила добавить к наличию еще 6 видов.

Нами показано, что использование акустических датчиков в сравнении с отловом паутинными сетями позволяет выявить большее количество видов, обитающих или кормящихся на исследованных территориях, но не определить их соотношение по количеству особей. Подобные данные получены и при исследовании Ассинского ущелья в Ингушетии. В ходе отлова установлено обитание 6 видов летучих мышей, а с помощью ультразвуковых датчиков добавлено наличие еще 8 видов. В целом, фауна рукокрылых Ингушетии остается одной из наименее изученных в России. Все виды, обнаруженные в республике ранее, внесены в Красную книгу региона. В ходе наших исследований рукокрылых в Ингушетии были отмечены редкие и малоизученные виды не только для региона, но и страны: *M. alcathoe* и *Nyctalus lasiopterus*. При этом *M. alcathoe* в республике отмечается впервые. Учитывая большее разнообразие возможных убежищ в Ассинском ущелье, чем в Самурском лесу, регистрация тут большего разнообразия видов ожидаема. Так, помимо видов, предпочитающих селиться в дуплах и скалах, есть и троглофильные (*Rhinolophus ferrumequinum*).

С целью сбора первичной информации о распространении рукокрылых в регионе исследований, проведено анкетирование жителей некоторых населенных пунктов на территории Северного Кавказа. Из всех опрошенных более 50% встречали и наблюдали за рукокрылыми. Чаще всего животных обнаруживали на базах отдыха, в детских летних лагерях и на улице населенных пунктов. Эти факты указывают на частое соседство рукокрылых с человеком, что увеличивает риски передачи инфекционных заболеваний.

Работы выполнены при поддержке Российского научного фонда в рамках научного проекта No 22-24-00617.

## RESULTS OF BAT'S ECOLOGY ON THE NORTH CAUCASUS IN NATURAL AND URBAN ENVIRONMENT, 2022-2023

Alekseev A.Yu.<sup>1,2</sup>, Zhigalin A.V.<sup>1,3</sup>, Gadzhiev A.A.<sup>2</sup>, Maslov A.A.<sup>1,4</sup>,  
Mutashv B.A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Research Institute of Virology, Federal Research Center for Fundamental and Translational Medicine, Novosibirsk, Russia

<sup>2</sup> Dagestan State University, Makhachkala, Russia

<sup>3</sup> National Research Tomsk State University, Tomsk, Russia

<sup>4</sup> Institute of Systematics and Ecology of Animals SB RAS, Novosibirsk, Russia

A systematized and standardized unified algorithm for examination of winter bat shelters in the North Caucasus has been developed. It is shown that in order to control number of bats in shelters in winter, to control presence of temperature and humidity loggers, to control and remove information from camera traps, it is necessary to visit shelters at least once a month (from October to May). The most important fact established in the course of these studies is the discovery of Mehely's horseshoe bat *R. mehelyi* in "Big Clay cave". At the moment, this is second cave in Russia where this species is registered. In the winter of 2022-2023, first data on peculiarities of bat wintering in two shelters (tunnels and cave "Kug") were obtained. In tunnels near the village of Khantskarkamakhi, with a stable temperature throughout the wintering period, significant changes in humidity are observed. The presence of five species of bats has been recorded. In cave near the village of Kug, there are no significant fluctuations in temperature and humidity during wintering. We have noted only one species in the cave - lesser mouse-eared myotis (*Myotis blythii*).

In summer, when taking into account the species of bats in the territory of the relict liana forest "Samursky forest" (Dagestan), one of rarest species of bats in Russia was captured - greater noctule bat *Nyctalus lasiopterus*, listed in the Russia Red Book under category 3 (rare species). This species of bat is notable for fact that during migrations it can feed not only on insects, but also on birds. The list of potential victims of greater noctule bat includes 31 species of birds from 8 families of the order Passerine.

Also, during expedition trips to the northern part of Caucasus, we discovered the pond bat *Myotis dasycneme*. The described discovery of pond bat is the third for Caucasus as a whole. Using ultrasonic sensors (SONG METER SM4BAT, Wildlife acoustic, USA) and a database of sounds of bats common in Europe (KALEIDOSCOPE PRO, Wildlife acoustic, USA) we discovered (recorded) acoustic signals of Alcathe bat (*Myotis alcathoe*) on territory of Samur forest. To date, this species has been found in Russia in isolated specimens in Caucasus. Its exact distribution and ecological features remain unexplored. In total, we have established presence of 5 species of bats on territory of Samur forest by trapping, and with help of ultrasonic sensors, we have allowed adding 6 more species to presence.

We have shown that use of acoustic sensors in comparison with trapping with spider webs allows us to identify a larger number of species living or feeding in the studied territories, but not to determine their ratio by the number of individuals. Similar data were obtained during study of Assinsky Gorge in Ingushetia. During capture, the habitat of 6 species of bats was established, and with the help of ultrasonic sensors, the presence of 8 more species was added. In general, the bat fauna of Ingushetia remains one of least studied in Russia. All species found in the republic earlier are listed in the Region Red Book. In course of our studies of bats in Ingushetia, rare and poorly studied species were noted not only for region, but also for Russia: *M. alcaethoe* and *Nyctalus lasiopterus*. At the same time, *M. alcaethoe* is celebrated in Ingushetia for first time. Given greater variety of possible shelters in the Assin gorge than in the Samur forest, registration of a greater variety of species is expected here. So, in addition to species that prefer to settle in hollows and rocks, there are also troglophilous (*Rhinolophus ferrumequinum*).

In order to collect primary information on the spread of bats in research region, a survey of residents of some settlements in North Caucasus was conducted. Of all the respondents, more than 50% have met and observed bats. Most often, animals were found at recreation centers, in children's summer camps and on streets of settlements. These facts indicate frequent proximity of bats to humans, which increases risks of transmission of infectious diseases.

The work were carried out by the Russian Science Foundation project No. 22-24-00617.

## О ТЕКУЩЕЙ СИТУАЦИИ ПО ВЫСОКОПАТОГЕННОМУ ГРИППУ ПТИЦ В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

**Виктор Ирза, Михаил Волков, Андрей Варкентин, Артем Андриясов**

Федеральный центр охраны здоровья животных (ФГБУ «ВНИИЗЖ»)

В 2022г. высокопатогенный грипп птиц (ВГП) был зарегистрирован в 17 субъектах Федерации (всего 56 случаев: 50 у домашних птиц и 6 - у диких). Вспышки ВГП (H5N1) регистрировали в основном в личных приусадебных хозяйствах и небольших фермах открытого типа (утки, гуси, куры, индейки). Пострадали 4 птицефабрики (Ставрополь, индейки; Хабаровск, несушки; Сахалин, бройлеры; Саратов, несушки). Пало и уничтожено более 1 млн гол. Впервые с 2008г. ВГП распространился на Дальний Восток России.

В 2023г. (на 1.12.23) ВГП (H5N1) нотифицирован в 33 субъектах РФ (всего 75 случаев, из которых 57 – у диких птиц, в основном – чаек). Так же, как и в европейских странах, морские и колониальные птицы (чайки) стали важным фактором распространения вируса. Было карантинировано 6 птицефабрик: Ярославская обл., Р. Марий Эл, Вологодская обл., Р. Башкортостан, Р. Татарстан (промышленные несушки) и Р. Коми (бройлеры). Пало и уничтожено более 6 млн. гол. с/х птиц. Большинство вспышек произошло в популяциях диких птиц. Зарегистрирован случай ВГП у морских млекопитающих (котики) в Сахалинской обл. в августе 2023г., в это же время там отмечена гибель кайр вследствие ВГП (H5N1).

Недавние российские изоляты входят в кладу 2.3.4.4b вирусов ВГП подтипа H5, которые широко распространились в течение эпизоотий 2016-2024гг. в странах Европы, Азии, Африки и Америки. Вирусы, обнаруженные в 2023г., генетически схожи с вирусами H5Nx (H5N8, H5N5, H5N1), изолированными в 2020-2023гг. в ряде регионов РФ, уровень родства - 97,2-99,2%. Наиболее генетически близкими (99-100%) российским изолятам 2023г. являются вирусы подтипа H5, выявленные в Китае в 2020-2021 гг., странах Азии, Европы, Африки, северной и Южной Америки в 2022г., а также в европейских странах и в Японии в 2023г. HA-сайты разрезания имеют структуры: REKRRKR (в большинстве случаев), а также RKKRRKR (пеликаны, Астрахань, 2021г.) и RERRRKR у изолятов от пеликановip (Астрахань, 2022), вороны (Хабаровск, 2022), куры (Сахалин, 2022; Магадан, 2023; Камчатка, 2023. Подтип нейраминидазы у всех вирусов ВГП, выявленных в РФ в 2022-2023гг., - N1.

Промышленное поголовье птиц в России не вакцинируют против ВГП. Некоммерческое поголовье домашних птиц прививают в зонах высокого риска и в угрожаемых зонах ответ на вспышки. Применяют две инактивированных

вакцины: на базе эпизоотического штамма H5N1(клада 2.2) и на основе низкопатогенного штамма H5N1. Обе вакцины продемонстрировали выраженные протективные свойства в острых опытах с заражением птиц вновь появившимися вирусами ВГП подтипа H5.

Случаи низкопатогенного гриппа птиц H9N2 (линия Y280) в промышленном птицеводстве РФ отмечены в Дальневосточном Федеральном округе в 2012, 2017 и 2018 годах. Начиная с 2019г. грипп птиц, вызванный вирусом A/H9N2 линии G1, распространился на птицефабрики Урала, Сибири и европейской части страны. Некоторые предприятия проводят вакцинацию поголовья ассоциированной инактивированной вакциной против гриппа H9N2 и ньюкаслской болезни.

Домашние птицы свободного содержания, контактирующие с дикими птицами, представляют главную угрозу промышленному птицеводству. Человеческий фактор (персонал) и недостатки в обеспечении биобезопасности рассматриваются как основные факторы в заносе патогена на предприятия. С учетом развития глобальной ситуации по ВГП прогноз по ВГП в России на 2023-2024гг. – неблагоприятный.

## **UPDATE ON HIGHLY PATHOGENIC AVIAN INFLUENZA IN THE RUSSIAN FEDERATION**

**Victor N. Irza, Michail S.Volkov, Andrey V. Varkentin, Artem V. Andriyasov**

Federal State-Financed Institution for Animal Health (FGBI “ARRIAH”), Russia

In 2022 Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) was registered in 17 subjects of Federation (56 cases in total: 50 in domestic birds and 6 in wild birds). HPAI H5N1cases were reported mostly in backyard and open-type farming poultry (ducks, geese, chickens, turkeys). 4 commercial poultry farms had been affected (Stavropol, turkeys; Khabarovsk, layers; Sakhalin, broilers; Saratov, layers). More 1 million birds depopulated. For the first time since 2008 HPAI had spread to Far East of Russia.

In 2023 (as of 1st December) HPAI H5N1cases were notified in 33 subjects of Federation (75 cases in total, 57 of which - in wild birds, mostly gulls). Like in European countries seabirds and colonial bird species (gulls) became an important factor in the virus spread. 6 commercial poultry farms (Yaroslavskaya Oblast, Rep.of Mariy El, Vologodskaya Oblast, Rep. of Bashkortostan, Rep. of Tatarstan (all layers) and Rep. of Komi (broilers) were subjected to quarantine. Over 6 million birds depopulated. HPAI cases were reported mostly in wild birds. One case in Mammals

(Seals) was reported in Sakhalin in August 2023, in parallel with Guillemots die-off. No outbreaks in Urals and Siberia have been reported as it was in previous years.

Recent Russian isolates belong to clade 2.3.4.4b of the highly pathogenic avian influenza virus subtype H5, which spread during 2016-2023 epizootic in Asia, Europe, Africa and America. The viruses detected in 2023 are genetically similar to H5Nx (H5N8, H5N5, H5N1) viruses isolated in 2020-2023 in a number of regions of the Russian Federation with a similarity level of 97,2-99,2%. The most genetically similar (99-100%) to the RF 2023 viruses are viruses of the H5 subtype isolated in China in 2020-2021; countries of Asia, Europe, Africa, North and South America in 2022; in European countries and Japan in 2023. HA cleavage sites have structures: REKRRKR (most), but also RKKRRKR (both sites from Pelicans, Astrakhan (2021) and RERRRKR in isolates from Pelicans (Astrakhan, 2022), Crows (Khabarovsk, 2022), Chickens (Sakhalin, 2022; Magadan, 2023; Kamchatka, 2023) The neuraminidase subtype of HPAIVs detected in RF in 2022-2023 is N1.

Commercial poultry is not vaccinated in Russia. Non-commercial domestic birds are vaccinated in high risk areas and in response to outbreaks Two killed vaccines: on the base of epizootic strain H5N1(clade 2.2) and based on low pathogenic strain H5N1 are in use in RF. Both vaccines demonstrated good protectivity in challenge trials with newly emerged H5 viruses.

Cases of LPAI H9N2 (lineage Y280) in commercial poultry were reported In Far East Federal Territory in years 2012, 2017 and 2018. Since 2019 avian influenza A/H9N2 virus of G1 lineage has spread into commercial poultry in Urals, Siberia and European part of the country. Some commercial farms implement vaccination. Associated killed vaccines containing H9N2 and NDV virus antigens are commonly in use in Russia

Free ranged domestic birds contacting with wild birds pose a main threat to commercial poultry. “A human factor” (personnel) and biosecurity flaws are considered as main contributing factors in pathogen introduction into commercial holdings. Taking into account global situation the forecast for HPAI in 2023-2024 in Russia is unfavorable.



# РОЛЬ КРЯКВЫ ОБЫКНОВЕННОЙ (ANAS PLATYRHYNCHOS) И ЧИРКА — СВИСТУНКА (ANAS CRECCA) В ЦИРКУЛЯЦИИ ВИРУСА ГРИППА В СИБИРИ

Касьянов Н.С., Шаршов К.А., Дубовицкий Н.А., Дёрко А.А.,  
Логонова А.М., Шестопапов А.М.

«Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины» г. Новосибирск, Россия  
УДК 578.4

Ключевые слова: Anas platyrhynchos, Anas crecca, H4N6, H3N8, миграции.

Key words: Anas platyrhynchos, Anas crecca, H4N6, H3N8, migrations.

Ключевую роль в распространении вируса гриппа А (ВГА) играют дикие водоплавающие птицы, особенно речные утки рода Anas, являясь крупнейшим резервуаром для ВГА. В частности, чирок — свистунок (Anas crecca) и кряква (Anas platyrhynchos). Широкие миграции, наличие оседлых, урбанизированных популяций у крякв и высокая распространенность видов дают простор для распространения ВГА.

Территорию Сибири пересекают миграционные пути перелетных птиц, а также, тут расположено огромное количество рек и озер, находящихся на путях миграции птиц и являющихся гнездовыми ареалами большого числа видов, экологически связанных с водоемами. В Сибири, в ходе проводимых исследований по мониторингу ВГА выявлено большое разнообразие вирусных субтипов, как низкопатогенных ВГА, так и высокопатогенных ВГА среди разных видов — носителей, в том числе и среди крякв и чирков, которые обычно составляли большинство среди выявленных зараженных птиц. Данные по миграциям ограничены, однако, актуальность проблемы распространения ВГА требует постоянного мониторинга передвижений его распространителей.

На основе информации из базы данных GISAID о 2478 образцах от кряквы и 520 образцах от чирков, собранных на территории Евразии, было обнаружено, что на территории Евразии в популяциях крякв циркулируют 93 субтипа, а в популяциях чирков — 51 субтип ВГА. У крякв субтип H4N6 встречается чаще всего — в 396 случаях из 2478 образцов. У чирков наиболее распространен субтип H3N8 — в 88 случаях из 520 образцов.

Роль вероятного участия кряквы и чирка в переносе и распространении ВГА велика. Проведенный филогенетический анализ внутренних сегментов ВГА, выделенных из крякв и чирков позволяет дополнить ограниченное количество литературных данных о возможной картине миграций крякв и чирков и может свидетельствовать об обмене вирусами на широком спектре мест зимовок крякв, гнездящихся на территории России в целом и Сибири в частности, в Евразии: от Восточной Азии до Северной Европы.

## Оглавление

Сборник тезисов V Международная научная конференции «Влияние изменения климата на биологическое разнообразие и распространение вирусных инфекций животных в Евразии»

Стр/  
Page

## Contents

V International scientific conference "The Impact of Climate Change on Biological Diversity and the Spread of Viral Infections of Animals in Eurasia"

- |   |  |         |
|---|--|---------|
| 1 | ТРАНСФОРМАЦИЯ ПРИРОДНЫХ ОЧАГОВ КЛЕЩЕВЫХ ИНФЕКЦИЙ<br>ПРИ ИЗМЕНЕНИИ КЛИМАТА И ЛАНДШАФТОВ В ВОСТОЧНОЙ СИБИРИ<br>Данчинова Г.А., Хаснатинов М.А.<br>TRANSFORMATION OF NATURAL FOCUS OF TICK-BORNE INFECTIONS DURING CLIMATE AND LANDSCAPE CHANGE IN EASTERN SIBERIA<br>Danchinova G.A., Khasnatinov M.A.   | 3<br>4  |
| 2 | НЕКОТОРЫЕ АСПЕКТЫ ИЗМЕНЕНИЯ ОРНИТОФАУНЫ ГОРОДА ДОНЕЦКА И ИХ ПРИЧИНЫ<br>Маевская Юлия Евгеньевна<br>SOME ASPECTS OF CHANGES IN THE AVIFAUNA OF THE CITY OF DONETSK AND THEIR CAUSES<br>Mayevskaya Yulia Evgenievna  | 5<br>6  |
| 3 | МНОГОЛЕТНИЕ НАБЛЮДЕНИЯ ЗА МИГРАЦИЕЙ ВОДОПЛАВАЮЩИХ ПТИЦ НА ЮГО-ВОСТОКЕ ЛЕСНОЙ ЗОНЫ ЗАПАДНОЙ СИБИРИ<br>Коробицын И.Г., Тютеньков О.Ю., Панин А.С., Мурзаханов Е.Б., Баздырев А.В.<br>LONG-TERM OBSERVATIONS OF WATERFOWL MIGRATION IN THE SOUTHEAST OF FOREST ZONE OF WESTERN SIBERIA<br>Korobitsyn I.G., Tyutenkov O.Yu., Panin A.S., Murzakhanov E.B., Bazdyrev A.V. | 7<br>8  |
| 4 | РАСПРОСТРАНЕНИЕ ПАУЧНИЦ (DIPTERA: NYCTERIBIIDAE), ПАРАЗИТИРУЮЩИХ НА РУКОКРЫЛЫХ, В БЕЛАРУСИ.<br>Ларченко А.И, Маковецкая Е.В.<br>DISTRIBUTION OF BAT FLIES (DIPTERA: NYCTERIBIIDAE) IN BELARUS.<br>A. Larchanka, K. Makavetskaya  | 9<br>10 |

- 5 РЕДКИЕ ВИДЫ РУКОКРЫЛЫХ ЮГА ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА 11  
 РОССИИ: НОВЫЕ НАХОДКИ И ДАННЫЕ О  
 РАСПРОСТРАНЕНИИ  
 Горобейко У.В., Казаков Д.В., Кадетова А.А.
- RARE BAT SPECIES IN THE SOUTH PART OF THE RUSSIAN 12  
 FAR EAST: NEW FINDS AND DISTRIBUTION DATA  
 Gorobeyko U.V., Kazakov D.V., Kadetova A.A.
- 6 ЭПИДЕМИЯ SARSCOV-2 В СИБИРСКОМ ФЕДЕРАЛЬНОМ 13  
 ОКРУГЕ В 2020-2022 ГГ.  
 Наталья Пальянова, Иван Соболев, Андрей Пальянов, Ольга  
 Курская, Андрей Комиссаров, Дарья Даниленко, Артем Фадеев,  
 Александр Шестопапов
- THE EPIDEMIC OF SARSCOV-2 IN SIBERIAN FEDERAL 14  
 DISTRICT IN 2020-2022 PERIOD  
 Natalia V. Palyanova , Ivan A. Sobolev, Andrey Yu. Palyanov, Olga G.  
 Kurskaya , Andrey B. Komissarov, Daria M. Danilenko , Artem V.  
 Fadeev and Alexander M. Shestopalov
- 7 ТРАНСКОНТИНЕНТАЛЬНЫЕ МИГРАЦИИ ПТИЦ 15  
 ВОСТОЧНОЙ СИБИРИ КАК ФАКТОР ГЛОБАЛЬНОГО  
 РАСПРОСТРАНЕНИЯ ВИРУСОВ ГРИППА  
 Пыжьянов С.В., Хаснатинов М.А., Данчинова Г.А.
- TRANSCONTINENTAL MIGRATIONS OF BIRDS FROM 16  
 EASTERN SIBERIA AS A FACTOR OF THE GLOBAL SPREAD  
 OF INFLUENZA VIRUSES  
 Pyzhyanov S.V., Khasnatinov M.A., Danchinova G.A.
- 8 ОТСУТСТВИЕ ХАНТАВИРУСОВ У ЛЕТУЧИХ МЫШЕЙ 17  
 СЕВЕРО-ЗАПАДА РОССИИ  
 Висконтене Алекс Линту, Радюк Екатерина Васильевна, Карань  
 Людмила Станиславовна
- LACK OF HANTAVIRUSES IN BATS OF THE NORTH-WEST OF 18  
 RUSSIA  
 Viskontene Alex Lintu, Radyuk Ekaterina V., Karan Ludmila S.
- 9 РАЗРАБОТКА И ОПТИМИЗАЦИЯ ЛЕКАРСТВЕННОЙ ФОРМЫ 19  
 ОНКОЛИТИЧЕСКОГО ПРЕПАРАТА НА ОСНОВЕ ВИРУСА  
 БОЛЕЗНИ НЬЮКАСЛА  
 Коваленко В.С., Юрченко К.С., Адаменко Л.С., Глущенко А.В.,  
 Шестопапов А.М.

- DEVELOPMENT AND OPTIMIZATION OF THE DOSAGE FORM OF AN ONCOLYTIC DRUG BASED ON THE NEWCASTLE DISEASE VIRUS 20  
Kovalenko V.S., Yurchenko K.S., Adamenko L.S., Glushchenko A.V., Shestopalov A.M.
- 10 МОНИТОРИНГ ВИРУСА ПТИЧЬЕГО ГРИППА У ДИКИХ ПТИЦ НА ЗАПАДНОМ ПОБЕРЕЖЬЕ СРЕДНЕГО КАСПИЯ, 2017-2020 ГГ. 21  
Мурашкина Татьяна, Дерко Анастасия, Дубовицкий Никита, Касьянов Никита, Алимурад Гаджиев, Шаршов Кирилл
- MONITORING OF AVIAN INFLUENZA VIRUS IN WILD BIRDS AT THE WEST COAST OF THE MIDDLE CASPIAN SEA, 2017-2020. 22  
Murashkina Tatiana, Derko Anastasia, Dubovitsky Nikita, Kasyanov Nikita, Alimurad Gadzhiev, Sharshov Kirill
- 11 ЭТИОЛОГИЯ ОСТРЫХ РЕСПИРАТОРНЫХ ВИРУСНЫХ ИНФЕКЦИЙ У ДЕТЕЙ В Г. НОВОСИБИРСКЕ ВО ВРЕМЯ ПАНДЕМИИ COVID-19 23  
Т.А. Сароян , О.Г. Курская, Соломатина М.В., Шаршов К.А., Шестопалов А.М.
- ETIOLOGICAL CHARACTERISTICS OF ARI IN CHILDREN IN NOVOSIBIRSK DURING 2019-2023 24  
Saroyan T.A., Kurskaya O.G., Solimatina M.V., Sharshov K.A., Shestopalov A.M.
- 12 BETATORQUEVIRUS (TTMV) AND OTHER ANELLOVIRUSES IN THE HUMAN RESPIRATORY TRACT VIROME 26  
Alina R. Nokhova, Anastasiya A. Derko, Nikita A. Dubovitskiy, Olga G. Kurskaya, Alexander M. Shestopalov, Kirill A. Sharshov
- БЕТАТОРКВЕВИРУС (ТТМВ) И ДРУГИЕ АНЕЛЛОВИРУСЫ В ВИРОМЕ ДЫХАТЕЛЬНЫХ ПУТЕЙ ЧЕЛОВЕКА 27  
Нохова Алина Рифкатовна, Дёрко Анастасия Александровна, Дубовицкий Никита Артемьевич, Курская Ольга Григорьевна, Шестопалов Александр Михайлович, Шаршов Кирилл Александрович

- 13 ПРОГРАММНЫЙ КОМПЛЕКС С WEB-ДОСТУПОМ ДЛЯ ХРАНЕНИЯ, ОБРАБОТКИ И АНАЛИЗА ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ РЕСПИРАТОРНЫХ ВИРУСОВ 29  
Павел Старцев, Антон Девятериков, Арсений Стучинский, Артём Линке, Василий Колобов, Наталья Пальянова и Андрей Пальянов
- A SOFTWARE COMPLEX WITH WEB-ACCESS FOR STORAGE, PROCESSING AND ANALYZING OF GENETIC SEQUENCES OF RESPIRATORY VIRUSES 30  
Pavel Startsev, Anton Devyaterikov, Arseny Stuchinsky, Artem Linke, Vasily Kolobov, Natalia Palyanova and Andrey Palyanov
- 14 ПТИЧЬИ АСТРОВИРУСЫ У ДИКИХ ПЕРЕЛЁТНЫХ ПТИЦ ОСТРОВА САХАЛИН, СЕВЕРНАЯ ЧАСТЬ ТИХОГО ОКЕАНА 31  
Жиров Д.А., Дубовицкий Н.А., Дерко А.А., Логинова А.М., Куликова О.Я., Ктиторов П.С., Соболев И.А., Алексеев А.Ю., Шестопалов А.М., Шаршов К.А.
- AVIAN ASTROVIRUSES IN WILD MIGRATORY BIRDS OF SAKHALIN ISLAND, NOTRN PACIFIC 32  
Zhirov D.A., Dubovitskiy N.A., Derko A.A., Loginova A.M., Kulikova O.Y., Ktitorov P.S., Sobolev I.A., Alekseev A.Y., Shestopalov A.M., Sharshov K.A.
- 15 ИТОГИ ОЦЕНКИ ЭКОЛОГИИ РУКОКРЫЛЫХ СЕВЕРНОГО КАВКАЗА В ЕСТЕСТВЕННОЙ И УРБАНИЗИРОВАННОЙ СРЕДЕ, 2022-2023 ГГ. 34  
Алексеев А.Ю., Жигалин А.В., Гаджиев А.А., Маслов А.А., Мугашев Б.А.
- RESULTS OF BAT'S ECOLOGY ON THE NORTH CAUCASUS IN NATURAL AND URBAN ENVIRONMENT, 2022-2023 36  
Alekseev A.Yu., Zhigalin A.V., Gadzhiev A.A., Maslov A.A., Mutashev B.A.
- 16 О ТЕКУЩЕЙ СИТУАЦИИ ПО ВЫСОКОПАТОГЕННОМУ ГРИППУ ПТИЦ В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ 38  
Виктор Ирза, Михаил Волков, Андрей Варкентин, Артем Андриясов
- UPDATE ON HIGHLY PATHOGENIC AVIAN INFLUENZA IN THE RUSSIAN FEDERATION 39  
Victor N. Irza, Michail S. Volkov, Andrey V. Varkentin, Artem V. Andriyasov

- 17 РОЛЬ КРЯКВЫ ОБЫКНОВЕННОЙ (ANAS PLATYRHYNCHOS) И ЧИРКА — СВИСТУНКА (ANAS CRECCA) В ЦИРКУЛЯЦИИ ВИРУСА ГРИППА В СИБИРИ 40  
Касьянов Н.С., Шаршов К.А., Дубовицкий Н.А., Дёрко А.А.,  
Логинова А.М., Шестопалов А.М.

Научное издание

*V Международная научная конференция  
«Влияние изменения климата на биологическое разнообразие и  
распространение вирусных инфекций животных в Евразии»*

*Посвящается 10-летию НИИ Вирусологии*

*Новосибирск, 5-7 декабря 2023 г.*

**Материалы конференции**

*V International scientific conference*

*"The Impact of Climate Change on Biological Diversity and the Spread  
of Viral Infections of Animals in Eurasia"*

*Dedicated to 10th anniversary of the Research Institute of Virology*

*Novosibirsk, 5 – 7 of December 2023*

**Conference materials**

Оригинал макет подготовлен НИИ Вирусологии ФИЦ ФТМ

Подписано в печать 20.12.2023 Формат 60 x 84 1/16

П.л. 3 Тираж 120 экз. Заказ № 302

Сибирское отделение РАН  
630090, г. Новосибирск, просп. Акад. Лаврентьева, 17

Отпечатано в Сибирском отделении РАН

630090, г. Новосибирск, Морской просп., 2

Тел. (383)3308466, e-mail: e.lyannaya@sb-ras.ru

