

## ОБНАРУЖЕНИЕ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА СЕГМЕНТИРОВАННОГО ФЛАВИПОДОБНОГО ВИРУСА ЯНГГОУ В КЛЕЩАХ *DERMACENTOR NUTTALLI* OL. (1929) НА ТЕРРИТОРИИ БУРЯТИИ

Карташов М.Ю.<sup>1</sup>,  
Ханхареев С.С.<sup>2</sup>,  
Кривошеина Е.И.<sup>1</sup>,  
Свирин К.А.<sup>1</sup>,  
Курушина В.Ю.<sup>1</sup>,  
Терновой В.А.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФБУН Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора (630559, Новосибирская обл., п. Кольцово, Россия)

<sup>2</sup> Управление Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по Республике Бурятия (670013, г. Улан-Удэ, ул. Ключевская, 45Б, Россия)

Автор, ответственный за переписку:  
Карташов Михаил Юрьевич,  
e-mail: mikkartash@yandex.ru

### РЕЗЮМЕ

Неблагополучная эпидемиологическая ситуация с трансмиссивными инфекциями, переносимыми клещами, может характеризоваться не только ростом встречаемости уже известных заболеваний, но и выявлением новых нозологических форм и возбудителей, роль которых пока остаётся малоизученной. Примером таких возбудителей является вирус Яннгоу (YGTV, Yanggou tick virus), относящийся к группе сегментированных флавиподобных вирусов.

**Цель исследования.** Поиск и молекулярно-генетическая характеристика генетических вариантов YGTV, обнаруженных в клещах *Dermacentor nuttalli* Ol. (1929) на территории Республики Бурятия.

**Материалы и методы.** В исследовании проанализировано 350 индивидуальных образцов имаго клещей вида *D. nuttalli*, собранных в весенне-летний период 2023 г. на территории пяти районов Республики Бурятия. Выявление РНК YGTV выполняли с помощью метода полимеразной цепной реакции с последующим определением нуклеотидной последовательности и проведением филогенетического анализа для каждого из 4 сегментов генома.

**Результаты.** В пробе клеща *D. nuttalli*, отловленного на территории Иволгинского района Республики Бурятия, была обнаружена РНК YGTV, что в дальнейшем было подтверждено секвенированием полученного фрагмента генома. Встречаемость РНК YGTV среди исследуемых клещей *D. nuttalli* в Бурятии составила 0,3 % (95%-й доверительный интервал: 0,1–1,6). Были разработаны праймеры, позволяющие получить фрагменты всех четырёх сегментов генома YGTV. Выявленный генетический вариант YGTV при проведении филогенетического анализа по всем четырём сегментам отчётливо группируется с последовательностями YGTV, обнаруженными ранее в Китае и России (Республика Горный Алтай и Тыва). Наибольшую степень идентичности выявленный вариант показывает с прототипом Erzin14-T20074.

**Заключение.** В исследовании впервые показано наличие YGTV на территории Республики Бурятия, что актуализирует необходимость мониторинга циркуляции этого вируса в природных очагах инфекций, переносимых клещами на этой территории, а также дальнейшего уточнения границ распространения флавиподобных вирусов, потенциально опасных для человека.

**Ключевые слова:** многокомпонентные флавиподобные вирусы, вирус Яннгоу, YGTV, иксодовые клещи, Бурятия

**Для цитирования:** Карташов М.Ю., Ханхареев С.С., Кривошеина Е.И., Свирин К.А., Курушина В.Ю., Терновой В.А. Обнаружение и молекулярно-генетическая характеристика сегментированного флавиподобного вируса Яннгоу в клещах *Dermacentor nuttalli* Ol. (1929) на территории Бурятии. *Acta biomedica scientifica*. 2024; 9(6): 76-84. doi: 10.29413/ABS.2024-9.6.8

Статья поступила: 25.06.2024

Статья принята: 09.12.2024

Статья опубликована: 28.12.2024

## DETECTION AND MOLECULAR GENETIC CHARACTERIZATION OF SEGMENTED FLAVI-LIKE YANGGOU VIRUS IN *DERMACENTOR NUTTALLI* OL. (1929) TICKS IN BURYATIA

Kartashov M.Yu.<sup>1</sup>,  
Khankhareev S.S.<sup>2</sup>,  
Krivosheina E.I.<sup>1</sup>,  
Svirin K.A.<sup>1</sup>,  
Kurushina V.Yu.<sup>1</sup>,  
Ternovoi V.A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> State Scientific Center for Virology and Biotechnology of Rospotrebnadzor "Vector" (Koltsovo, Novosibirsk region 630559, Russian Federation)

<sup>2</sup> Directorate of the Federal Service for Supervision of Consumers Protection and Welfare in the Republic of Buryatia (Klyuchevkaya str. 45B, Ulan-Ude 670013, Russian Federation)

Corresponding author:  
Mikhail Yu. Kartashov,  
e-mail: mikkartash@yandex.ru

### ABSTRACT

The unfavorable epidemiological situation with tick-borne vector-borne infections may be characterized not only by an increase in the occurrence of already known diseases, but also by the identification of new infections and pathogens, the role of which remains poorly understood. An example of such pathogens is Yanggou tick virus (YGTV), which belongs to the group of segmented flavi-like viruses.

**The aim.** To detect and molecular genetic characterization of YGTV found in *Dermacentor nuttalli* Ol. (1929) ticks on the territory of the Republic of Buryatia.

**Materials and methods.** The study analyzed 350 individual samples of adult ticks of *D. nuttalli* species collected in the spring-summer period of 2023 on the territory of five districts of the Republic of Buryatia. The detection of YGTV RNA was performed by PCR followed by nucleotide sequence determination and phylogenetic analysis for each of the 4 genome segments.

**Results.** In one sample of the tick *D. nuttalli*, collected in the Ivolginsky district of the Republic of Buryatia, YGTV RNA was detected, which was further confirmed by sequencing of the obtained genome fragment. The incidence of YGTV RNA among the studied *D. nuttalli* ticks in Buryatia was 0.3 % (95 % CI: 0.1–1.6). Primers were designed to obtain fragments of all four segments of the YGTV genome. The identified genetic variant of YGTV, when analyzed phylogenetically across all four segments, clearly clusters with YGTV sequences found earlier in China and Russia (the Republic of Altai and Tyva). The detected variant shows the highest sequence identity with the prototype strain Erzin14-T20074.

**Conclusion.** The study shows for the first time the presence of YGTV in the territory of the Republic of Buryatia, which actualizes the need to monitor the circulation of this virus in natural foci of tick-borne infections in this territory, as well as to further clarify the boundaries of the spread of flavi-like viruses potentially dangerous for humans.

**Key words:** multicomponent flavi-like viruses, Yanggou tick virus, YGTV, ixodid ticks, Republic of Buryatia

Received: 25.06.2024  
Accepted: 09.12.2024  
Published: 28.12.2024

**For citation:** Kartashov M.Yu., Khankhareev S.S., Krivosheina E.I., Svirin K.A., Kurushina V.Yu., Ternovoi V.A. Detection and molecular genetic characterization of segmented flavi-like Yanggou virus in *Dermacentor nuttalli* Ol. (1929) ticks in Buryatia. *Acta biomedica scientifica*. 2024; 9(6): 76-84. doi: 10.29413/ABS.2024-9.6.8

## ВВЕДЕНИЕ

Инфекции, передающиеся клещами (ИПК), на территории Республики Бурятия имеют важное медицинское значение и характеризуются неблагоприятной эпидемиологической ситуацией в течение последних десятилетий. Об этом свидетельствует повсеместное увеличение численности иксодовых клещей и расширение ареала их распространения, а также рост фиксируемых случаев обращений за медицинской помощью по поводу присасывания клещей и показателей заболеваемости ИПК, значительно превышающих общероссийские [1, 2]. В эпидемический сезон 2022 г. в медицинские организации Республики Бурятия по поводу укуса клеща обратились 4349 человек, показатель обращаемости при этом составил 454,2 на 100 тыс. населения при среднем по России 343,3 на 100 тыс. населения. Наползания и укусы иксодовых клещей регистрируются во всех районах Республики и в г. Улан-Удэ. К возбудителям ИПК в Восточной Сибири и Монголии относится широкий спектр патогенов вирусной и бактериальной природы: вирус клещевого энцефалита, боррелии, риккетсии, анаплазмы и эрлихии. Наличие природных очагов ИПК в Восточной Сибири обеспечивается наличием разнообразных возбудителей, переносчиков и их прокормителей. Территория Республики Бурятия характеризуется богатым разнообразием природных биотопов: лесотундровые редколесья на севере сменяются степными ландшафтами на юге. Таёжные, лесные, лесостепные и степные ландшафты, представленные на территории Бурятии, являются местами обитания иксодовых клещей. На территории Республики зарегистрированы как минимум четыре вида иксодовых клещей, являющихся переносчиками возбудителей трансмиссивных инфекций: *Ixodes persulcatus* P. Sch. (1930), *Dermacentor nuttalli* Ol. (1929), *Dermacentor silvarum* Ol. (1931) и *Haemaphysalis concinna* Koch. (1844) [3, 4]. Клещи вида *D. nuttalli* имеют широкое распространение в степной и лесостепной части Прибайкалья. Наиболее часто клещи данного вида встречаются в открытых степях с бедной кустарниковой растительностью, а также обнаруживаются на участках, граничащих с различными пастбищными угодьями или местами прогона скота, около водопоев, по обочинам дорог и тропинок. К основным прокормителям личинок и нимф *D. nuttalli* относятся узкочерепная полёвка, длиннохвостый суслик, даурский хомячок; половозрелые особи *D. nuttalli* в Предбайкалье прокармливаются почти исключительно на домашних животных [3].

Следует отметить, что напряжённая эпидемиологическая ситуация по ИПК может определяться не только ростом встречаемости уже известных нозологических форм, но и обнаружением новых возбудителей и вызываемых ими инфекций, роль которых в региональной инфекционной патологии остаётся мало- или вообще неизученной [5, 6]. Так, благодаря использованию методов высокопроизводительного секвенирования, выявлены и охарактеризованы сегментированные флавиподобные вирусы, отличающиеся от уже известных фла-

вировусов принципиально другим строением генома и представляющие обособленную группу в семействе *Flaviviridae* [7]. Данные вирусы имеют сегментированный одноцепочечный РНК-геном положительной полярности, в структуре которого прослеживается гомология с РНК-зависимой РНК-полимеразой (NS5) и хеликазой (NS3) «классических» флавивирусов [8].

Геномы многокомпонентных флавиподобных вирусов, обнаруженных в иксодовых клещах, состоят из 4 сегментов. Сегмент 1 и сегмент 3 кодируют неструктурные белки NS5-like и NS3-like соответственно. В сегментах 2 и 4 закодированы структурные белки, не имеющие известных гомологов как среди семейства *Flaviviridae*, так и среди других известных на сегодняшний день вирусов. Такие вирусы образуют группу Джингмен, названную по первому открытому представителю и включающую на сегодняшний день, помимо вируса Джингмен (*Jingmen tick virus*), целый ряд недавно открытых вирусов: вирус Алонгшан (*ALSV, Alongshan virus*), вирус Янгоу (*Yanggou tick virus*), вирус Могиана (*Mogiana tick virus*), вирус Сычуань (*Sichuan tick virus*) и др. Анализ литературы показывает, что для флавиподобных вирусов группы Джингмен характерно широкое распространение, и их представители обнаруживаются в различных регионах Африки, Евразии, Северной и Южной Америки [9–11]. Сегментированные флавиподобные вирусы распространены и на территории Российской Федерации, где они обнаруживаются в образцах голодных клещей видов *I. persulcatus*, *I. ricinus*, *D. reticulatus* и *D. nuttalli*, собранных в Калининградской, Ульяновской, Челябинской областях, а также в Республиках Карелия, Татарстан, Горный Алтай и Тыва [12–15]. Также выявлена достаточно большая встречаемость вируса Алонгшан на территории Восточной Сибири в клещах *I. persulcatus* (Республики Хакасия и Тыва, Иркутская область, Забайкальский край) [16].

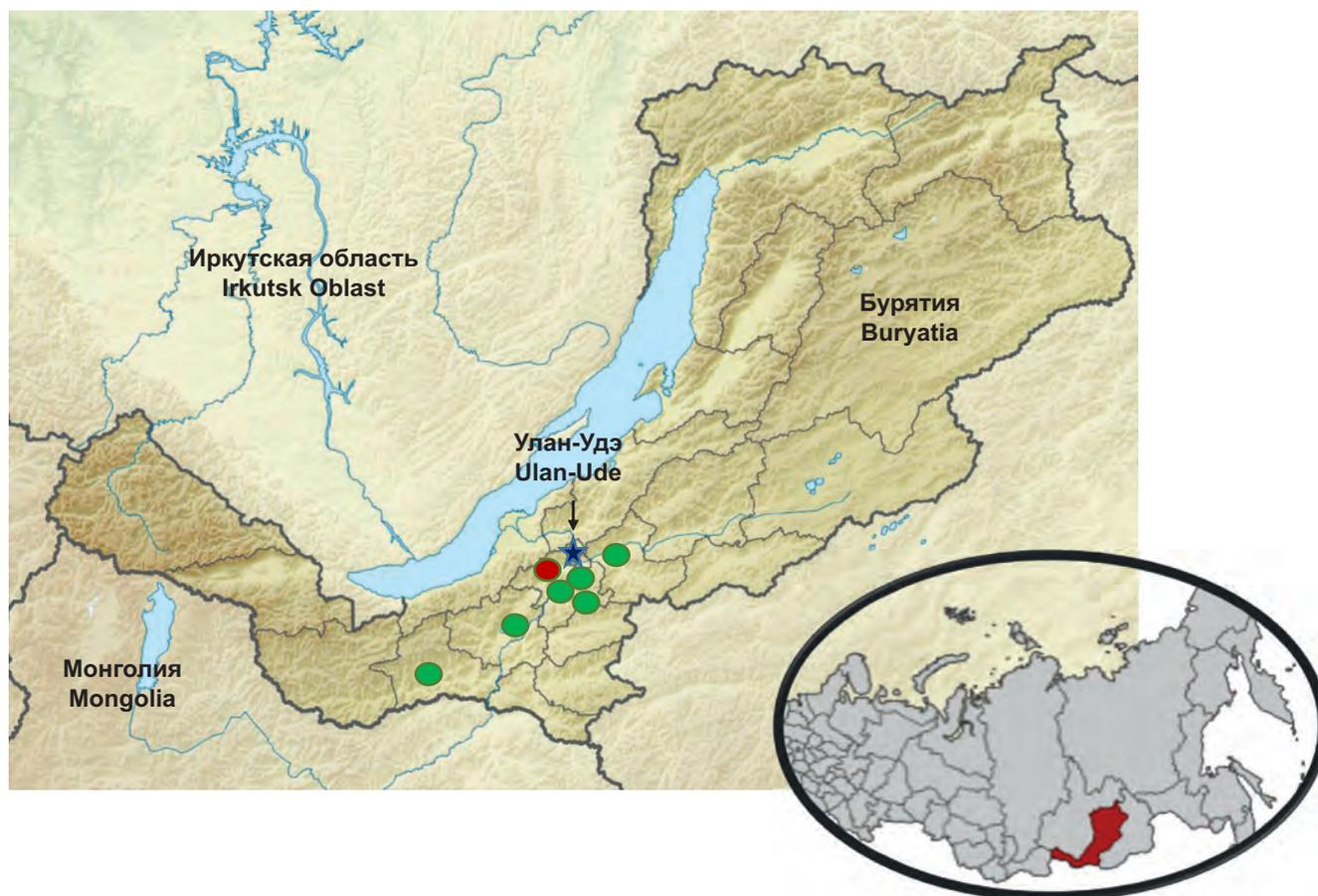
YGTV был впервые обнаружен в клещах *D. nuttalli* в Китае и характеризуется большой гомологией с ранее открытым ALSV. На территории России YGTV был обнаружен на территории Республик Горный Алтай и Тыва в клещах *D. nuttalli* и *D. marginatus* [15].

## ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ

Поиск сегментированного флавиподобного вируса Янгоу (YGTV) в клещах *D. nuttalli*, обитающих на территории Республики Бурятия, с последующей молекулярно-генетической характеристикой выявленных генетических вариантов YGTV.

## МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В исследовании проведён анализ 350 индивидуальных образцов имаго клещей вида *D. nuttalli*, собранных в весенне-летний период 2023 г. на территории пяти районов Республики Бурятия (рис. 1).



**РИС. 1.**  
Места сбора клещей

**FIG. 1.**  
Locations of tick collection sites

Сбор голодных клещей проводился путём отлова на тканевый флаг с растительности. До начала исследования клещи хранились при  $-70^{\circ}\text{C}$  индивидуально. Исследования проводили с соблюдением правил биобезопасности, регламентированных в МУ 1.3.2569-09 и СанПиН 3.3686-21.

Клещей отмывали 70%-м этанолом для удаления внешних загрязнений и наружной микрофлоры. Гомогенизацию клещей осуществляли с использованием лабораторного гомогенизатора Tissue Lyser (Qiagen, Германия) в 300 мкл стерильного физраствора. Выделение РНК из исследуемых проб клещей проводили методом фенол-хлороформной экстракции с использованием коммерческого набора (Биолабмикс, Россия) согласно инструкции производителя. Для получения вирусной кДНК использовали набор реагентов «Реверта-L-100» (ФБУН Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Россия). Скрининг полученных образцов на наличие генетического материала YGTV проводили с помощью полимеразной цепной реакции (ПЦР), используя скрининговые праймеры Yanggou\_gly\_1F и Yanggou\_gly\_1R, комплементарные фрагменту генома сегмента 2 (табл. 1). Постановка ПЦР проводилась на термо-

циклере T-1000 (Bio-Rad, США) в 25 мкл реакционной смеси БиоМастер HS-Taq ПЦР (Биолабмикс, Россия). Анализ продуктов амплификации выполняли посредством разделения фрагментов ДНК в 2%-м агарозном геле в трис-ацетатном буфере, содержащем 0,1 % бромистого этидия. Очистку ампликонов из агарозного геля проводили с использованием набора на основе микроколонок (Биосилика, Россия) согласно инструкции производителя.

Аmplificированные фрагменты генома секвенировали по Сэнгеру на генетическом анализаторе 3500 (Applied Biosystems, США). Постановку реакции секвенирования проводили с помощью набора реагентов для циклического секвенирования Big Dye Terminator Kit v. 3.1 (Thermo Fisher Scientific, США). Построение филогенетических деревьев выполняли в программе MEGA 11 [17] методом максимального правдоподобия и эволюционной модели Тамуры – Нея (TN93) с использованием референсных последовательностей различных сегментированных флавиподобных вирусов, депонированных в базе данных GenBank. Статистическую значимость топологии филогенетических деревьев оценивали методом Bootstrap-анализа, вычисления проводили для 1000 псевдовыборок.

**ТАБЛИЦА 1  
ПЕРЕЧЕНЬ ОЛИГОНУКЛЕОТИДНЫХ ПРАЙМЕРОВ,  
ИСПОЛЗУЕМЫХ В ДАННОЙ РАБОТЕ**

**TABLE 1  
OLIGONUCLEOTIDE PRIMERS USED IN THIS STUDY**

Сегмент	Праймер	Структура праймера	Ожидаемая длина ампликонов (п.н.)	Температура отжига (°C)	Ссылка
2	Yanggou_gly_1F	ACTACTGGTTGCCGTCTCTCG	305	52	[15]
	Yanggou_gly_1R	GTCGCTGCAGTCAAATATCT			
1	YG1_2F	AGATGAAGATAAACAGACCACCAC	900	60	Данное исследование
	YG1_2R	TGAATCTCGCCCTCTATCTC			
2	YG2_2F	AGATGCGGGAACAGATATTTGAC	895	60	
	YG2_2R	GCCAAACCAGTTATACAACCA			
3	YG3_2F	GACAGAAGGTACGATCCGAG	1089	60	
	YG3_2R	ATTCGCTTATCGAGGTGGTG			
4	YG4_2F	CATCCGAAGAATGTCCCTCC	885	60	
	YG4_2R	CCAGTGATGCCACCAGATAGAG			

## РЕЗУЛЬТАТЫ

Все образцы были проанализированы методом ПЦР с использованием скрининговых праймеров для сегмента 2 генома YGTV (табл. 2). В пробе клеща *D. nuttalli*, отловленного на территории Иволгинского района Республики Бурятия вблизи села Ключи (51.687606 с.ш., 107.173963 в.д.), была обнаружена РНК YGTV, что в дальнейшем было подтверждено секвенированием полученного фрагмента генома. Встречаемость РНК YGTV среди исследуемых клещей *D. nuttalli* в Бурятии составила 0,3 % (95%-й доверительный интервал: 0,1–1,6).

На втором этапе работы были определены нуклеотидные последовательности фрагментов каждого из четырёх

сегментов генома выявленного изолята YGTV. Дизайн праймеров, необходимых для проведения ПЦР, осуществляли при помощи программы PerlPrimer v. 1.1.21 [18], используя вырожденную консенсусную нуклеотидную последовательность, полученную при множественном выравнивании известных на сегодняшний день последовательностей генома изолятов YGTV, доступных в базе данных GenBank. При конструировании олигонуклеотидных праймеров учитывались следующие требования: отсутствие протяжённых участков повторяющихся нуклеотидов; отсутствие комплементарных последовательностей длиной более трёх оснований внутри олигонуклеотидов; высокое содержание GC-оснований (не менее 50 %). При выборе оптимальных параметров проведения ПЦР была проведена серия экспери-

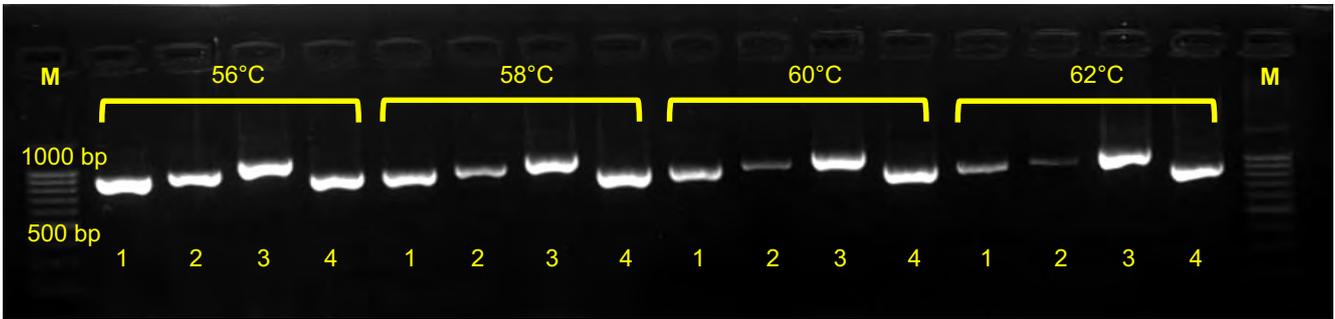
**ТАБЛИЦА 2  
ВСТРЕЧАЕМОСТЬ YGTV В ИССЛЕДУЕМЫХ ПРОБАХ  
КЛЕЩЕЙ, СОБРАННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ РЕСПУБЛИКИ  
БУРЯТИИ**

**TABLE 2  
DETECTION RATES OF YGTV IN THE STUDIED TICKS  
COLLECTED IN THE TERRITORY OF THE REPUBLIC  
OF BURYATIA**

Географический регион	Географические координаты	Количество исследуемых проб (N)	Количество положительных проб (n)
Джидинский район, с. Гэгэтуй	50.683752, 105.181199	50	0
Тарбагатайский район, с. Саратовка	51.537704, 107.346951	50	0
Тарбагатайский район, гора Спящий лев	51.537704, 107.346951	50	0
Тарбагатайский район, окрестности с. Саянтуй	51,694972, 107.448139	50	0
Иволгинский район, окрестности с. Ключи	51.687606, 107.173963	50	1
Селенгинский район, окрестности г. Гусиноозерск	50.632847, 105.382886	50	0
Заиграевский район, окрестности с. Эрхирик	51.898049, 108.006255	50	0
Всего		350	1

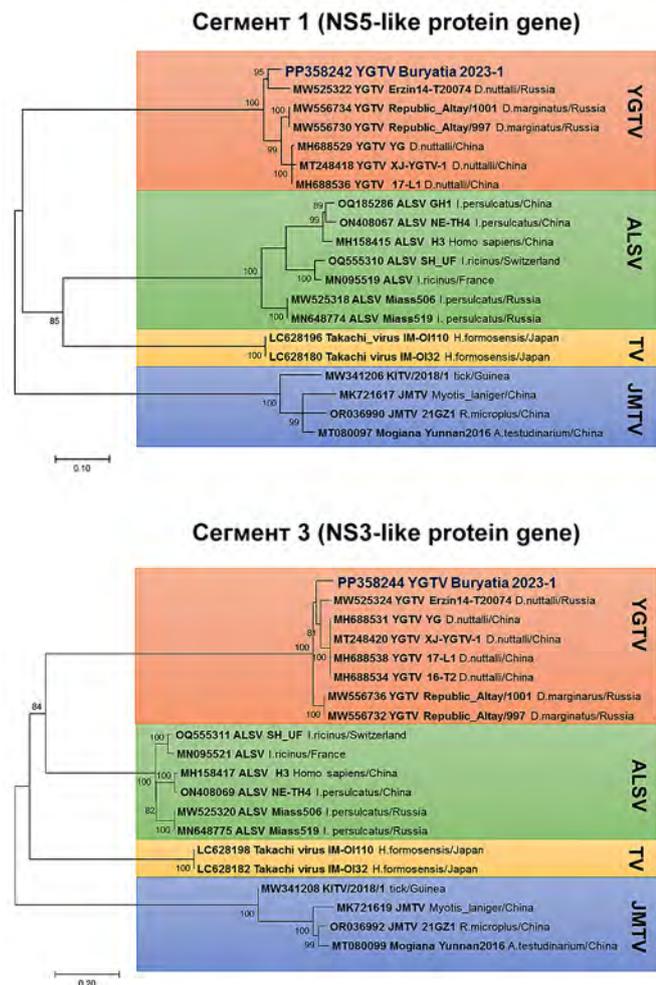
ментов, в которых температуру гибридизации праймеров варьировали в диапазоне 56–62 °C (рис. 2). В итоге для наработки фрагментов генома выявленного варианта YGTV была использована температура отжига 62 °C.

Выявленные в работе нуклеотидные последовательности были депонированы в базу данных GenBank под номером PP358242 для фрагмента сегмента 1, PP358243 – для фрагмента сегмента 2, PP358244 –

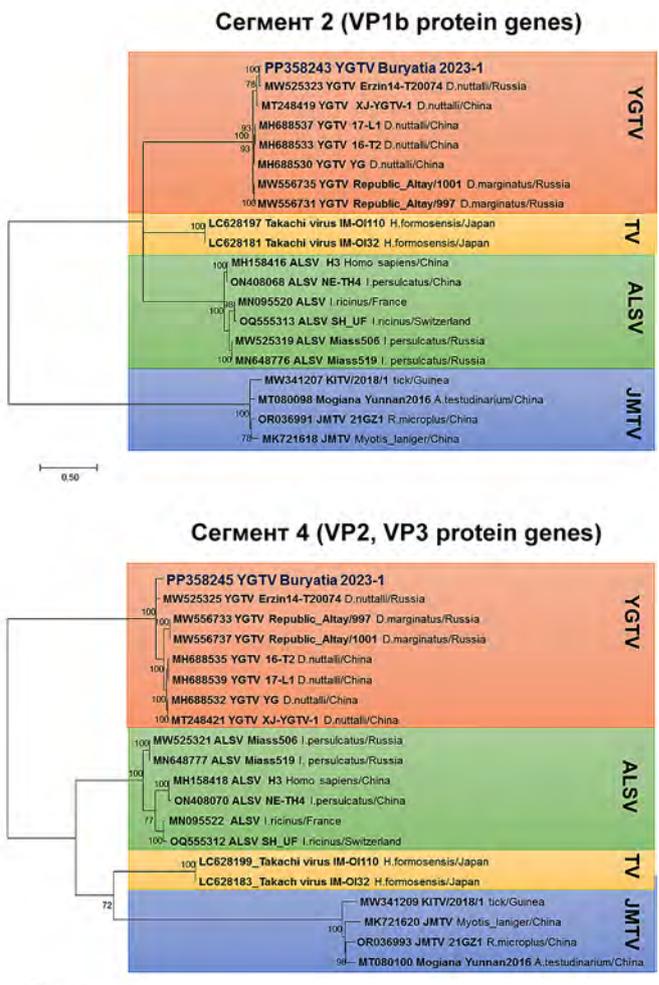


**РИС. 2.** Оптимизация работы праймеров, необходимых для амплификации и определения нуклеотидных последовательностей фрагментов всех четырех сегментов генома YGTV

**FIG. 2.** Optimization of the designed primers required for amplification and determination of nucleotide sequences of fragments of all four segments of the YGTV genome



**РИС. 3.** Филогенетические деревья выявленного варианта YGTV: длина и локализация анализируемых фрагментов для сегмента 1 – 698 п. н., для сегмента 2 – 796 п. н., для сегмента 3 – 1015 п. н., для сегмента 4 – 822 п. н.; используется эволюционная модель Тамуры – Нея (TN93)



**FIG. 3.** Phylogenetic trees of the identified YGTV isolate: length of analyzed fragments for segment 1 – 698 bp, for segment 2 – 796 bp, for segment 3 – 1015 bp, for segment 4 – 822 bp; Tamura – Nei (TN93) evolutionary model is used

для фрагмента сегмента 3, PP358245 – для фрагмента сегмента 4.

Филогенетические деревья демонстрируют, что генетический вариант YGTV, циркулирующий в клещах *D. nuttalli* в Бурятии, по всем четырём сегментам отчётливо группируется с последовательностями YGTV, обнаруженными ранее в Китае и России (Республики Горный Алтай и Тыва) (рис. 3). Наибольшую степень идентичности выявленный вариант показывает с прототипом Erzin14-T20074, обнаруженным в клеще *D. nuttalli* в соседствующей с Бурятией Республике Тыва (идентичность при сравнении нуклеотидных последовательностей варьирует от 92,7 до 97,4 % для разных сегментов; идентичность выведенных аминокислотных последовательностей составляет более 99 %) (табл. 3).

### ОБСУЖДЕНИЕ

Результаты филогенетического анализа демонстрируют, что генетические варианты YGTV образуют две субклады в зависимости от вида клеща, в котором они были обнаружены (*D. nuttalli* или *D. marginatus*). Аналогичная ситуация характерна и для близкородственного вируса Алонгшан, изоляты которого разделяются в соответ-

ствии с основным видом переносчика группы *I. ricinus* и *I. persulcatus* [15, 16].

Для вирусов, обладающих сегментированным геномом, можно предположить события перегруппировки/рекомбинации, вносящие значительный вклад в их генетическое разнообразие. Однако топология филогенетических деревьев, построенных для фрагментов всех четырёх сегментов у выявленного изолята YGTV и прототипных вариантов практически полностью совпадает. Можно предположить, что геном YGTV достаточно стабилен как среди позвоночных, так и среди беспозвоночных, что позволяет вирусу быть хорошо адаптированным к обоим видам хозяев.

Ряд исследований демонстрируют потенциальную патогенность изучаемых флавиподобных вирусов, которые могут вызывать инфекционные заболевания у сельскохозяйственных животных и человека и тем самым создавать угрозу для здоровья населения [19, 20]. Случаи, подтверждающие медицинское значение данной группы вирусов, были зафиксированы в различных регионах. Так, например, на северо-востоке Китая вирус Алонгшан был выявлен в крови пациентов, обратившихся в медицинские учреждения после укуса клеща, с сильной головной болью, лихорадкой и другими симптомами, типичными для клинических проявлений других извест-

**ТАБЛИЦА 3**  
**СТЕПЕНЬ ИДЕНТИЧНОСТИ (%) НУКЛЕОТИДНОЙ (nuc.) И ВЫВЕДЕННОЙ АМИНОКИСЛОТНОЙ (aa) ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ВЫЯВЛЕННОГО ВАРИАНТА YGTV ПО СРАВНЕНИЮ С ПРОТОТИПНЫМИ ИЗОЛЯТАМИ ФЛАВИПОДОБНЫХ ВИРУСОВ**

**TABLE 3**  
**SEQUENCE IDENTITY (%) OF THE NUCLEOTIDE (nuc.) AND AMINO ACID (aa) SEQUENCE OF THE IDENTIFIED YGTV GENETIC VARIANT IN COMPARISON WITH PROTOTYPE ISOLATES OF FLAVI-LIKE VIRUSES**

	Штамм/изолят	Страна/регион	Источник выделения	Сегмент 1		Сегмент 2		Сегмент 3		Сегмент 4	
				nuc.	aa	nuc.	aa	nuc.	aa	nuc.	aa
YGTV	Erzin14-T20074	Россия, Республика Тыва	<i>Dermacentor nuttalli</i>	94,5	99,6	97,4	99,2	92,7	99,4	95,6	98,8
	Republic Altay/997/2016	Россия, Республика Горный Алтай	<i>Dermacentor marginatus</i>	93,7	98,7	93,7	97,7	92,8	99,1	92,1	96,7
	YG	Китай	<i>Dermacentor nuttalli</i>	93,1	98,2	93,8	98,8	93,1	99,7	93,5	98,1
	XJ-YGTV-1	Китай	<i>Dermacentor nuttalli</i>	92,4	97,4	95,9	99,2	92,8	99,4	93,5	97,8
ALSV	H3	Китай	<i>Homo sapiens</i>	72,3	83,2	62,1	66,2	73,2	86,1	68,7	64,1
	SH_UF	Швейцария	<i>Ixodes ricinus</i>	72,9	81,1	64,3	66,8	75,4	86,2	69,6	65,5
	Miass506	Россия, Челябинская обл.	<i>Ixodes persulcatus</i>	71,8	81,2	64,5	65,7	75,2	85,9	68,8	65,4
JMTV	Yunnan2016	Китай	<i>Amblyomma testudinarium</i>	71,9	81,2	51,4	48,2	70,2	80,4	62,2	60,4
	Wenzhou/WZMI143/2016	Китай	<i>Myotis laniger</i>	70,5	79,4	50,7	48,3	70,3	80,3	63,7	60,1
TV	IM-OI32	Япония	<i>Haemaphysalis formosensis</i>	73,6	79,3	64	62,8	75	86	68	66

Примечание. YGTV – Yanggou tick virus; ALSV – Alongshan virus; JMTV – Jingmen tick virus; TV – Takachi virus.

ных трансмиссивных ИПК. Вирус Джингмен был изолирован в крови приматов в Уганде [21], в крови крупного рогатого скота в Бразилии [22] и в крови пациентов с диагнозом Крым-Конго геморрагической лихорадки в Косово [23]. Однако стоит отметить, что данные сведения до сих пор носят фрагментарный и ограниченный характер. Это не исключает вероятности того, что их роль в инфекционной патологии домашних животных и человека может быть более значимой, чем принято считать.

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Полученные в исследовании данные подтверждают необходимость дальнейшего мониторинга циркуляции YGTV в природных очагах ИПК в Бурятии. Сведения о циркуляции и генетическом разнообразии флавиподобных вирусов, представляющих потенциальную опасность для человека и животных, могут выступать основой для регулирования и корректировки профилактических и противоэпидемических мероприятий. Для понимания актуальной эпидемиологической обстановки, проведения регионально-ориентированной лабораторной диагностики и осуществления адекватных и своевременных профилактических мероприятий по отношению к ИПК на территории Республики Бурятия необходима актуальная и достоверная информация о спектре существующих на территории региона патогенов, циркулирующих в клещах, и их генетическом разнообразии.

### Конфликт интересов

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

### Финансирование

Исследование выполнено при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (соглашение № 075-15-2019-1665).

## ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Данчинова Г.А., Хаснатинов М.А., Арбатская Е.В., Шобоева Р.С., Ханхареев С.С., Абмэд Д., и др. Распространение клещевых инфекций в бассейне р. Селенга на территории Республик Бурятия и Монголия. *Acta biomedica scientifica*. 2012; 5(1):206-209. [Danchinova GA, Khasnatinov MA, Arbatskaya EV, Shoboyeva RS, Khankhareyev SS, Abmed D, et al. The spread of the tick-borne infections in the basin of Selenga river in Buryatia and Mongolia. *Acta biomedica scientifica*. 2012; 5(1): 206-209. (In Russ.)].
2. Данчинова Г.А., Ляпунов А.В., Хаснатинов М.А. Туризм и проблема «клещевых» инфекций в Республике Бурятия. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2015; 14(5): 36-43. [Danchinova GA, Lyapunov AV, Khasnatinov MA. Tourism and the problem of tick-borne infections in the Republic of Buryatia. *Epidemiology and Vaccinal Prevention*. 2015; 14(5): 36-43. (In Russ.)]. doi: 10.31631/2073-3046-2015-14-5-36-43

3. Данчинова Г.А., Хаснатинов М.А., Злобин В.И., Козлова И.В., Верхозина М.М., Сунцова О.В., и др. Иксодовые клещи юга Восточной Сибири и Монголии и их спонтанная зараженность возбудителями природно-очаговых трансмиссивных инфекций. *Бюллетень сибирской медицины*. 2006; 5: 137-143. [Danchinova GA, Khasnatinov MA, Zlobin VI, Kozlova IV, Verkhovina MM, Sountsova OV, et al. Ixodid ticks in Southern part of Eastern Siberia and Mongolia and their spontaneous infectiveness by infectious agents. *Bulletin of Siberian Medicine*. 2006; 5: 137-143. (In Russ.)]. doi: 10.20538/1682-0363-2006--137-143

4. Данчинова Г.А., Хаснатинов М.А., Шулунов С.С., Арбатская Е.В., Бадыева Л.Б., Сунцова О.В., и др. Фауна и экология популяций иксодовых клещей переносчиков клещевых инфекций в Прибайкалье. *Acta biomedica scientifica*. 2007; (3): 86-89. [Danchinova GA, Khasnatinov MA, Shulunov SS, Arbatskaya EV, Badueva LB, Suntsova OV. Et al. Fauna and ecology of ixodid ticks in Pribaikalye. *Acta biomedica scientifica*. 2007; (3): 86-89. (In Russ.)].

5. Cai X, Cai X, Xu Y, Shao Y, Fu L, Men X, et al. Virome analysis of ticks and tick-borne viruses in Heilongjiang and Jilin provinces, China. *Virus Res*. 2023; 323: 199006. doi: 10.1016/j.virusres.2022.199006

6. Li Y, Bai Y, Liu W, Li J, Tian F, Han X, et al. Diversity analysis of tick-associated viruses in Northeast China. *Virol Sin*. 2023; 38(6): 961-965. doi: 10.1016/j.virs.2023.10.003

7. Qin XC, Shi M, Tian JH, Lin XD, Gao DY, He JR, et al. A tick-borne segmented RNA virus contains genome segments derived from unsegmented viral ancestors. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2014; 111(18): 6744-6749. doi: 10.1073/pnas.1324194111

8. Maruyama SR, Castro-Jorge LA, Ribeiro JM, Gardinassi LG, Garcia GR, Brandão LG, et al. Characterisation of divergent flavivirus NS3 and NS5 protein sequences detected in *Rhipicephalus microplus* ticks from Brazil. *Mem Inst Oswaldo Cruz*. 2014; 109(1): 38-50. doi: 10.1590/0074-0276130166

9. Colmant AMG, Charrel RN, Coutard B. Jimgmenviruses: Ubiquitous, understudied, segmented flavi-like viruses. *Front Microbiol*. 2022; 13: 997058. doi: 10.3389/fmicb.2022.997058

10. Temmam S, Bigot T, Chrétien D, Gondard M, Pérot P, Pommelet V, et al. Insights into the host range, genetic diversity, and geographical distribution of jimgmenviruses. *mSphere*. 2019; 4(6): e00645-19. doi: 10.1128/mSphere.00645-19

11. Zhang X, Wang N, Wang Z, Liu Q. The discovery of segmented flaviviruses: Implications for viral emergence. *Curr Opin Virol*. 2020; 40: 11-18. doi: 10.1016/j.coviro.2020.02.001

12. Kholodilov IS, Litov AG, Klimentov AS, Belova OA, Polienko AE, Nikitin NA, et al. Isolation and characterisation of Alongshan virus in Russia. *Viruses*. 2020; 12(4): 362. doi: 10.3390/v12040362

13. Bugmyrin SV, Romanova LY, Belova OA, Kholodilov IS, Bespyatova LA, Chernokhaeva LL, et al. Pathogens in *Ixodes persulcatus* and *Ixodes ricinus* ticks (Acari, Ixodidae) in Karelia (Russia). *Ticks Tick Borne Dis*. 2022; 13(6): 102045. doi: 10.1016/j.ttbdis.2022.102045

14. Kholodilov IS, Belova OA, Ivannikova AY, Gadzhikurbanov MN, Makenov MT, Yakovlev AS, et al. Distribution and characterisation of tick-borne flavi-, flavi-like, and phenuiviruses in the Chelyabinsk region of Russia. *Viruses*. 2022; 14(12): 2699. doi: 10.3390/v14122699

15. Kholodilov IS, Belova OA, Morozkin ES, Litov AG, Ivannikova AY, Makenov MT, et al. Geographical and tick-dependent distribution of flavi-like Alongshan and Yanggou tick viruses in Russia. *Viruses*. 2021; 13(3): 458. doi: 10.3390/v13030458
16. Карташов М.Ю., Кривошеина Е.И., Курушина В.Ю., Мошкин А.Б., Ханхареев С.С., Биче-оол Ч.П., и др. Встречаемость и генетическое разнообразие вируса Алонгшан (Flaviviridae), выявленного в клещах на юге Восточной Сибири. *Вопросы вирусологии*. 2024; 69(2): 151-161. [Kartashov MYu, Krivosheina EI, Kurushina VYu, Moshkin AB, Khankhareev SS, Biche-ool CR, et al. Prevalence and genetic diversity of the Alongshan virus (Flaviviridae) circulating in ticks in the south of Eastern Siberia. *Problems of Virology*. 2024; 69(2): 151-161. (In Russ.)]. doi: 10.36233/0507-4088-223
17. Tamura K, Stecher G, Kumar S. MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Mol Biol Evol*. 2021; 38(7): 3022-3027. doi: 10.1093/molbev/msab120
18. Marshall OJ. PerlPrimer: Cross-platform, graphical primer design for standard, bisulphite and real-time PCR. *Bioinformatics*. 2004; 20(15): 2471-2472. doi: 10.1093/bioinformatics/bth254
19. Wu Z, Zhang M, Zhang Y, Lu K, Zhu W, Feng S, et al. Jingmen tick virus: An emerging arbovirus with a global threat. *mSphere*. 2023; 8(5): e0028123. doi: 10.1128/msphere.00281-23
20. Jia N, Liu HB, Ni XB, Bell-Sakyi L, Zheng YC, Song JL, et al. Emergence of human infection with Jingmen tick virus in China: A retrospective study. *EBioMedicine*. 2019; 43: 317-324. doi: 10.1016/j.ebiom.2019.04.004
21. Ladner JT, Wiley MR, Beitzel B, Auguste AJ, Dupuis AP 2nd, Lindquist ME, et al. Multicomponent animal virus isolated from mosquitoes. *Cell Host Microbe*. 2016; 20(3): 357-367. doi: 10.1016/j.chom.2016.07.011
22. Souza WM, Fumagalli MJ, Torres Carrasco AO, Romeiro MF, Modha S, Seki MC, et al. Viral diversity of *Rhipicephalus microplus* parasitizing cattle in southern Brazil. *Sci Rep*. 2018; 8(1): 16315. doi: 10.1038/s41598-018-34630-1
23. Emmerich P, Jakupi X, von Possel R, Berisha L, Halili B, Günther S, et al. Viral metagenomics, genetic and evolutionary characteristics of Crimean-Congo hemorrhagic fever ortho-nairovirus in humans, Kosovo. *Infect Genet Evol*. 2018; 65: 6-11. doi: 10.1016/j.meegid.2018.07.010

#### Сведения об авторах

**Карташов Михаил Юрьевич** – кандидат биологических наук, заведующий сектором молекулярной диагностики, ФБУН Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора, e-mail: mikkartash@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-7857-6822>

**Ханхареев Сергей Степанович** – кандидат медицинских наук, руководитель, Управление Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по Республике Бурятия, e-mail: org@03.rospotrebnadzor.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4884-7919>

**Кривошеина Екатерина Ильинична** – научный сотрудник отдела молекулярной вирусологии флавивирусов, ФБУН Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора, e-mail: krivosheina\_ei@vector.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5181-0415>

**Свирин Кирилл Андреевич** – младший научный сотрудник отдела молекулярной вирусологии флавивирусов, ФБУН Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора, e-mail: svirin\_ka@vector.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9083-1649>

**Курушина Валентина Юрьевна** – стажёр-исследователь отдела молекулярной вирусологии флавивирусов, ФБУН Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора, e-mail: kurushina\_vyu@vector.nsc.ru, <https://orcid.org/0009-0005-8148-5242>

**Терновой Владимир Александрович** – кандидат биологических наук, врио заведующего отделом молекулярной вирусологии флавивирусов, ФБУН Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора, e-mail: tern@vector.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1275-171X>

#### Information about the authors

**Mikhail Yu. Kartashov** – Cand. Sc. (Biol.), Head of the Sector for Molecular Diagnostics, State Scientific Center for Virology and Biotechnology of Rospotrebnadzor “Vector”, e-mail: mikkartash@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-7857-6822>

**Sergey S. Khankhareev** – Cand. Sc. (Med.), Director, Directorate of the Federal Service for Supervision of Consumers Protection and Welfare in the Republic of Buryatia, e-mail: org@03.rospotrebnadzor.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4884-7919>

**Ekaterina I. Krivosheina** – Research Officer at the Department Molecular Virology of Flavaviruses, State Scientific Center for Virology and Biotechnology of Rospotrebnadzor “Vector”, e-mail: krivosheina\_ei@vector.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5181-0415>

**Kirill A. Svirin** – Junior Research Officer at the Department Molecular Virology of Flavaviruses, State Scientific Center for Virology and Biotechnology of Rospotrebnadzor “Vector”, e-mail: svirin\_ka@vector.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9083-1649>

**Valentina Yu. Kurushina** – Research Assistant at the Department Molecular Virology of Flavaviruses, State Scientific Center for Virology and Biotechnology of Rospotrebnadzor “Vector”, e-mail: kurushina\_vyu@vector.nsc.ru, <https://orcid.org/0009-0005-8148-5242>

**Vladimir A. Ternovoi** – Cand. Sc. (Biol.), Acting Head of the Department Molecular Virology of Flavaviruses, State Scientific Center for Virology and Biotechnology of Rospotrebnadzor “Vector”, e-mail: tern@vector.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1275-171X>