

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение  
«Научный центр проблем здоровья семьи  
и репродукции человека»

Национальный Центр зоонозных инфекций  
Министерства здравоохранения Монголии

АНО «Конгресс-сервис»

# АКТУАЛЬНЫЕ ПРИРОДНО-ОЧАГОВЫЕ ИНФЕКЦИИ

МАТЕРИАЛЫ МЕЖДУНАРОДНОЙ  
НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКОЙ КОНФЕРЕНЦИИ

г. Иркутск,  
14–18 сентября 2023 г.





ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ НАУЧНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ  
«НАУЧНЫЙ ЦЕНТР ПРОБЛЕМ ЗДОРОВЬЯ СЕМЬИ  
И РЕПРОДУКЦИИ ЧЕЛОВЕКА»

НАЦИОНАЛЬНЫЙ ЦЕНТР ЗООНОЗНЫХ ИНФЕКЦИЙ  
МИНИСТЕРСТВА ЗДРАВООХРАНЕНИЯ МОНГОЛИИ

АНО «КОНГРЕСС-СЕРВИС»

# **АКТУАЛЬНЫЕ ПРИРОДНО-ОЧАГОВЫЕ ИНФЕКЦИИ**

---

**МАТЕРИАЛЫ МЕЖДУНАРОДНОЙ  
НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКОЙ КОНФЕРЕНЦИИ**

**14–18 сентября 2023 г.**

**Иркутск – 2023**

УДК 616.9, 578, 579

ББК 51.9, 52.6

А 43

**Актуальные природно-очаговые инфекции:** материалы Международной научно-практической конференции, Иркутск, 14–18 сентября 2023 г. – Иркутск: ИНЦХТ, 2023. – 132 с.

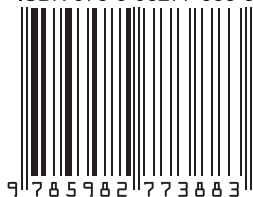
ISBN 978-5-98277-388-3

В сборнике представлены тезисы докладов конференции Международной научно-практической конференции «Актуальные природно-очаговые инфекции», прошедшей на базе ФГБНУ НЦ ПЗСРЧ 14–18 сентября 2023 г. В ходе работы конференции специалистами из России, Монголии и Китая были представлены результаты современных исследований природно-очаговых инфекций. Освещены фундаментальные проблемы клещевых инфекций – вирусология, микробиология, иммунология. Обсуждены экологические и микробиологические аспекты изучения природно-очаговых инфекций. Представлены практические наработки в области эпидемиологии, клинической характеристики, диагностики, профилактики и лечения природно-очаговых инфекционных заболеваний. Ряд работ посвящен современным подходам и уникальным технологиям в исследовании природно-очаговых инфекций. Обсуждены наиболее вероятные последствия антропогенного воздействия и глобальных изменений климата для природно-очаговых инфекций.

*Главный редактор:*  
**Данчинова Г.А.**

*Редакционная коллегия:*  
**Колесникова Л.И., Рычкова Л.В., Цогбадрах Н., Колесников С.И.,  
Огарков О.Б., Хаснатинов М.А., Цэрэнноров Д., Ляпунова Н.А.**

ISBN 978-5-98277-388-3



© Коллектив авторов, 2023  
© ФГБНУ НЦ ПЗСРЧ, 2023  
© ФГБНУ ИНЦХТ, 2023



FEDERAL STATE PUBLIC SCIENTIFIC INSTITUTION “SCIENTIFIC CENTER  
FOR FAMILY HEALTH AND HUMAN REPRODUCTION PROBLEMS”

NATIONAL CENTER FOR ZONOTIC DISEASES  
OF THE MINISTRY OF HEALTH OF MONGOLIA

AUTONOMOUS NON-PROFIT ORGANIZATION “CONGRESS-SERVICE”

# **NATURAL FOCAL INFECTIONS OF CURRENT INTEREST**

---

---

**ABSTRACTS OF THE INTERNATIONAL SCIENTIFIC  
AND PRACTICAL CONFERENCE**

**September 14–18, 2023**

**Irkutsk – 2023**

**Actual Natural Focal Infections:** Proceedings of the International Research and Practical Conference, Irkutsk, September 14–18, 2023. – Irkutsk: ISCST, 2023. – 132 p.

ISBN 978-5-98277-388-3

The collection presents the abstracts of the reports of the International Scientific and Practical Conference «Actual Natural Focal Infections», which was held on the basis of the Federal State Budget Scientific Institution Scientific Center for Health Protection and Human Resources on September 14–18, 2023. During the conference, specialists from Russia, Mongolia and China presented the results of modern studies of natural focal infections. The fundamental problems of tick-borne infections - virology, microbiology, immunology are highlighted. The ecological and microbiological aspects of the study of natural focal infections are discussed. Practical developments in the field of epidemiology, clinical characteristics, diagnosis, prevention and treatment of natural focal infectious diseases are presented. A number of works are devoted to modern approaches and unique technologies in the study of natural focal infections. The most probable consequences of anthropogenic impact and global climate change for natural focal infections are discussed.

*Editor-in-chief:*  
**Danchinova G.A.**

*Editorial board:*  
**Kolesnikova L.I., Rychkova L.V., Tsogbadrakh N., Kolesnikov S.I.,  
Ogarkov O.B., Khasnatinov M.A., Tserennorov D., Liapunova N.A.**

ISBN 978-5-98277-388-3



© Collective of authors, 2023  
© Federal State Public Scientific Institution  
“Scientific Center for family health  
and human reproduction problems”, 2023  
© Irkutsk Scientific Centre  
of Surgery and Traumatology, 2023

# СОДЕРЖАНИЕ

## ТРАНСМИССИВНЫЕ КЛЕЩЕВЫЕ ИНФЕКЦИИ

<i>Battsetseg J., Uranshagai N., Rolomjav L., Tsogbadrakh N., Tungalag Kh., Natsagdorj B., Otgonsuren D.</i> Some results of the study of distribution of vector ticks and human cases of ticks-borne rickettsiosis in Mongolia	9
<i>Uyanga B., Burmaajav B., Natsagdorj B., Otgonsuren D., Tungalag K., Unursaikhan U., Tserennorov D., Tsogbadrakh N.</i> Epidemiological and molecular characteristics of tick-borne encephalitis virus	11
<i>Бондарюк А.Н., Кулакова Н.В., Белых О.И., Андаев Е.И., Букин Ю.С.</i> Расчет скорости нуклеотидных замен и времени образования вируса клещевого энцефалита и его субтипов на основе полногеномных данных	12
<i>Голидонова К.А., Коренберг Э.И., Горелова Н.Б.</i> Аллельные варианты локусов гена рбб у изолятов <i>Borrelia bavariensis</i> от голодных имаго клеща <i>Ixodes persulcatus</i>	15
<i>Джиоев Ю.П., Мирошниченко Л.А., Арефьева Н.А., Гусев В.Д., Букин Ю.С., Козлова И.В., Ткачев С.Е., Киселев Д.О., Бондарюк А.Н., Семинский И.Ж., Злобин В.И.</i> Сравнительный геномный, математический и биоинформационный анализ изменчивости и эволюции вируса клещевого энцефалита и коронавирусов	17
<i>Карташов М.Ю., Кривошеина Е.И., Микрюкова Т.П., Тупота Н.Л., Терновой В.А., Локтев В.Б.</i> Изучение возбудителей инфекций, переносимых клещами, в Западной Сибири (на примере Томской и Новосибирской областей)	22
<i>Козлова И.В., Сунцова О.В., Дорощенко Е.К., Лисак О.В., Рар В.А., Ткачев С.Е., Савинова Ю.С., Тикунова Н.В.</i> Видовое и генетическое разнообразие возбудителей клещевых инфекций человека и животных на территории Байкальского региона	26
<i>Кравчук Б.И., Хлусевич Я.А., Матвеев А.Л., Чичерина Г.С., Краснова Е.И., Филимонова Е.С., Тикунова Н.В.</i> Белок NS1 вируса омской геморрагической лихорадки для дифференциальной диагностики	29
<i>Лагунова Е.К., Хаснатинов М.А., Данчинова Г.А.</i> Характеристика клещевых инфекций в малоизученных районах Забайкальского края	33
<i>Ляпунова Н.А., Хаснатинов М.А., Данчинова Г.А.</i> Гены-кандидаты для изучения клеточного ответа на заражение вирусом клещевого энцефалита	36

Матвеев А.Л., Емельянова Л.А., Хлусевич Я.А., Козлова И.В., Тукунова Н.В. Антитело FVN-102 нейтрализует вирус клещевого энцефалита <i>in vivo</i> , но не <i>in vitro</i> .....	40
Подкаменная Н.А., Хаснатинов М.А., Данчинова Г.А., Петрова И.В., Савелькаева М.В., Ляпунова Н.А., Соловаров И.С., Лагунова Е.К., Хамнуева Н.В., Шубин В.Ю. Анализ обращаемости и демографиче- ская характеристика населения, пострадавшего от укусов иксодо- вых клещей на территории Иркутской области в 2020–2021 гг. ....	42
Рар В.А., Иголкина Я.П., Якименко В.В., Тукунов А.Ю., Никитин А.Я., Епихина Т.И., Тукунова Н.В. Генетическая гетерогенность попу- ляции <i>Rickettsia helvetica</i> в России .....	44
Соловаров И.С., Хаснатинов М.А., Данчинова Г.А., Бельских А.В. Противовирусные препараты к вирусу клещевого энцефалита из водных растительных экстрактов .....	49
Тукунова Н.В., Сабитова Ю.В., Рар В.А., Якименко В.В., Тукунов А.Ю., Коралло-Винарская Н.П., Ливанова Н.Н. Распространенность спирохет <i>Borrelia burgdorferi sensu lato</i> в норных клещах <i>Ixodes</i> <i>apronophorus</i> и <i>Ixodes trianguliceps</i> в Западной Сибири. Обнару- жение нового вида <i>Candidatus Borrelia sibirica</i> комплекса <i>Borrelia</i> <i>burgdorferi</i> s.l .....	52
Ткачев С.Е., Шигапова Л.Х., Шайхутдинов Н.М., Шагимарданова Е.И., Козлова И.В., Чичерина Г.С., Якименко В.В., Лисак О.В., Дороценко Е.К., Джигоев Ю.П., Злобин В.И. Использование высокопроизводительного секвенирования при изучении генетического разнообразия ви- руса клещевого энцефалита в эндемичных регионах Российской Федерации и странах ближнего зарубежья .....	56
Хаснатинов М.А., Подкаменная Н.А., Данчинова Г.А., Петрова И.В., Савелькаева М.В., Лагунова Е.К., Ляпунова Н.А., Соловаров И.С., Хамнуева Н.В., Шубин В.Ю. Структура и поведенческие особен- ности населения, подверженного укусам иксодовых клещей .....	60
Хлусевич Я.А., Матвеев А.Л., Козлова И.В., Емельянова Л.А., Байков И.К., Тукунова Н.В. Новый нейтрализующий эпитоп, расположенный на домене II гликопротеина Е вируса клещевого энцефалита .....	62
Шубин В.Ю., Хаснатинов М.А., Данчинова Г.А., Кондратов И.Г. Хамнуева Н.В. Оценка видового разнообразия клещей рода <i>Ixodes</i> в Иркутской области и на сопредельных территориях .....	66
Шуман В.А., Леонтьева С.А. Зараженность лугового клеща на урба- низированных территориях г. Тюмени .....	69

**ОСОБО ОПАСНЫЕ ИНФЕКЦИИ**

- Otgonbayar D., Baigalimaa M., Tserennorov D.* Monitoring of the epizootic activity of the plague natural foci in Mongolia ..... 73
- Васильев В.В., Дугаржапова З.Ф., Мельцов И.В., Шевченко С.С., Балахонов С.В.* Актуализация Кадастра стационарно неблагополучных по сибирской язве пунктов Российской Федерации (2005 г.) в Иркутской области ..... 74
- Дугаржапова З.Ф., Балахонов С.В., Кравец Е.В.* Ситуация по сибирской язве в азиатской части России (1985–2021 гг.) ..... 78
- Мазепа А.В., Сынгеева А.К., Галахова Л.Ю., Борзенко М.А., Наумова К.В., Куликалова Е.С., Холин А.В., Зарва И.Д., Рождественский Е.Н., Базарова Г.Х., Санаров П.П., Полковников Е.С., Иваницкая Ю.Н., Сбитнева С.В., Красильникова Н.Ю., Пащенко И.Г.* Эпизоотолого-эпидемиологический мониторинг природных очагов туляремии на территории Алтая ..... 82

**ДРУГИЕ ПРИРОДНО-ОЧАГОВЫЕ ИНФЕКЦИИ**

- Ting Zhang, Xiaojin Mo, Wei Hu, Xiaonong Zhou, Peter Chun, Shijie Yang* Point-of-Care Diagnostic Technology for Human Echinococcosis .... 86
- Арефьева Н.А., Букин С.Ю.* Изучение процесса рекомбинации и его роли в эволюции коронавирусов подрода *Sarbecovirus* рода *Betacoronavirus* ..... 87
- Балахонов С.В., Лященко С.М., Семенова В.М., Борзенко М.А., Кулибаба А.П., Толмачева М.И., Дугаржапова З.Ф.* Анализ эпидемиологической ситуации по новой коронавирусной инфекции COVID-19 в период пандемии в 10 субъектах России ..... 90
- Блох А.И., Штрек С.В., Савельев Д.А., Егорова О.Ф., Манохина Х.А., Шпынов С.Н., Пенъевская Н.А., Рудаков Н.В., Красоткина С.Ю.* Особенности эпидемического процесса острых респираторных инфекций и внебольничных пневмоний в Алтайском крае в 2011–2021 гг. .... 94
- Валишин Д.А., Мурзабаева Р.Т., Галеева Р.А., Кутлугужина Ф.Г., Аюпов Р.Ш., Гумерова К.С., Ахтарова Л.Р.* Характеристика тяжелых форм геморрагической лихорадки с почечным синдромом в Республике Башкортостан ..... 97

<i>Гаджикурбанов М.Н., Литов А.Г., Калянова А.С., Холодилов И.С., Белова О.А., Гмыль Л.В., Карганова Г.Г.</i> Виром слепней, собранных в отдаленных регионах РФ .....	101
<i>Жигалин А.В., Яшина Л.Н., Свиринов К.А., Гаджиев А.А.</i> Первые данные о хантавирусах насекомоядных (Eulipotyphla) Республики Дагестан .....	105
<i>Литов А.Г., Гаджикурбанов М.Н., Холодилов И.С., Белова О.А., Гмыль Л.В., Калянова А.С., Карганова Г.Г.</i> Виром кровососок вида <i>Melophagus ovinus</i> , собранных в Республике Тыва .....	108
<i>Лященко С.М., Семенова В.М., Дугаржапова З.Ф., Родина Н.Н., Лапа С.Э., Балахонов С.В.</i> Эпидемиологическая ситуация по COVID-19 в период пандемии в Забайкальском крае .....	111
<i>Мальшев Б.С., Яшина Л.Н., Абрамов С.А., Лучникова Е.М., Сметанникова Н.А., Трегубчик Т.В.</i> Два различных хантавируса, Бия и Voginia, выявленных от обыкновенной кутуры ( <i>Neotomys fodiens</i> ) в Сибири .....	114
<i>Савченко П.А., Карпова Н.В., Савченко А.П., Емельянов В.И., Тимерова В.Л.</i> Мониторинг численности водоплавающих и околоводных птиц Республики Хакасия как индикаторов развития эпизодии вирусов гриппа А (ВГА) .....	116
<i>Соболев И.А.</i> Генетическое разнообразие высокопатогенных вариантов вируса гриппа птиц в Азиатской части Российской Федерации, 2020–2022 гг. ....	120
<i>Токмакова Е.Г., Галацевич Н.Ф., Базанова Л.П.</i> Флуктуирующая асимметрия у блох <i>Citellophilus tesquorum</i> в связи с нематодной инвазией .....	124
<i>Шестопалов А.М., Алексеев А.Ю.</i> Миграции диких животных как потенциальная угроза заноса новых вирусов на территорию России .....	126
<i>Яшина Л.Н., Абрамов С.А., Сметанникова Н.А., Мальшев Б.С., Панов В.В., Дупал Т.А.</i> Коронавирусы, циркулирующие среди грызунов и насекомоядных в Сибири .....	129

**ТКАЧЕВ С.Е. <sup>1</sup>, ШИГАПОВА Л.Х. <sup>1</sup>, ШАЙХУТДИНОВ Н.М. <sup>1</sup>,  
ШАГИМАРДАНОВА Е.И. <sup>1</sup>, КОЗЛОВА И.В. <sup>2</sup>, ЧИЧЕРИНА Г.С. <sup>3</sup>,  
ЯКИМЕНКО В.В. <sup>4</sup>, ЛИСАК О.В. <sup>2</sup>, ДОРОШЕНКО Е.К. <sup>2</sup>,  
ДЖИОЕВ Ю.П. <sup>5</sup>, ЗЛОБИН В.И. <sup>5,6</sup>**

**ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНОГО  
СЕКВЕНИРОВАНИЯ ПРИ ИЗУЧЕНИИ ГЕНЕТИЧЕСКОГО  
РАЗНООБРАЗИЯ ВИРУСА КЛЕЩЕВОГО ЭНЦЕФАЛИТА  
В ЭНДЕМИЧНЫХ РЕГИОНАХ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
И СТРАНАХ БЛИЖНЕГО ЗАРУБЕЖЬЯ**

<sup>1</sup> ФГАОУ ВО Казанский (Приволжский) федеральный университет,  
г. Казань, Россия, e-mail: sergey.e.tkachev@mail.ru

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

<sup>3</sup> ФГБУН «Институт систематики и экологии животных» СО РАН,  
г. Новосибирск, Россия

<sup>4</sup> ФБУН «Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых  
инфекций», г. Омск, Россия

<sup>5</sup> ФГБОУ ВО «Иркутский государственный медицинский университет»,  
г. Иркутск, Россия

<sup>6</sup> ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии  
и микробиологии им. Н.Ф. Гамалеи», г. Москва, Россия

---

**TKACHEV S.E. <sup>1</sup>, SHIGAPOVA L.KH. <sup>1</sup>, SHAIKHUTDINOV N.M. <sup>1</sup>,  
SHAGIMARDANOVA E.I. <sup>1</sup>, KOZLOVA I.V. <sup>2</sup>, CHICHERINA G.S. <sup>3</sup>, YAKIMENKO V.V. <sup>4</sup>,  
LISAK O.V. <sup>2</sup>, DOROSHCHENKO E.K. <sup>2</sup>, DZHIOEV YU.P. <sup>5</sup>, ZLOBIN V.I. <sup>5,6</sup>**

**THE USE OF HIGH-THROUGHPUT SEQUENCING IN THE STUDY  
OF TICK-BORNE ENCEPHALITIS VIRUS GENETIC DIVERSITY  
IN ENDEMIC REGIONS OF THE RUSSIAN FEDERATION  
AND NEIGHBORING COUNTRIES**

<sup>1</sup> Kazan (Volga Region) Federal University, Kazan, Russia,  
e-mail: sergey.e.tkachev@mail.ru

<sup>2</sup> Scientific Center of Family Health and Human Reproduction Problems,  
Irkutsk, Russia

<sup>3</sup> Institute of Systematics and Ecology of Animals, Novosibirsk, Russia

<sup>4</sup> Omsk Research Institute of Natural Focal Infections, Omsk, Russia

<sup>5</sup> Irkutsk State Medical University, Irkutsk, Russia

<sup>6</sup> National Research Center of Epidemiology and Microbiology named after  
N.F. Gamaleya, Moscow, Russia

---

**Введение:** Вирус клещевого энцефалита (ВКЭ), представи-  
тель семейства *Flaviviridae*, является возбудителем тяжелого



заболевания центральной нервной системы человека. К настоящему времени очаги ВКЭ выявлены в Европе и Азии, в том числе в Европейской и Центральной России, на Урале, в Сибири и на Дальнем Востоке. Ежегодно в странах, где регистрируется данное заболевание, выявляется до 12 000 случаев клещевого энцефалита. Сообщается о смертности от 0,2 до 20 % в зависимости от региона и, возможно, от субтипа вируса (Dobler et al., 2023).

В настоящее время в соответствии с общепринятой классификацией ВКЭ подразделяют на три субтипа: дальневосточный, сибирский (ВКЭ-Сиб) и европейский (Virus taxonomy..., 2012); кроме того, были описаны два предполагаемых субтипа ВКЭ: байкальский (Kozlova et al., 2018) и гималайский (Dai et al., 2018). ВКЭ-Сиб является наиболее распространенным субтипом и встречается во всех регионах, где был выявлен ВКЭ, за исключением Центральной и Западной Европы. До недавнего времени для ВКЭ-Сиб были описаны три генетические линии: Заусаев, Васильченко и Балтийская; последующие исследования показали наличие еще как минимум двух линий – Обской и Боснийской (Tkachev et al., 2017; 2020), причем каждая линия имеет определенные закономерности географического распространения.

До настоящего времени в большинстве генетических исследований ВКЭ проводится секвенирование только фрагментов генома, что ограничивает использование полученных данных для оценки генетического разнообразия, распространения тех или иных вариантов вируса, филогеографии, а также закономерностей, определяющих эволюцию их геномов, и только полногеномные последовательности предоставляют необходимую информацию. Использование для полногеномного секвенирования «классических» подходов, основанных на секвенировании по Сэнгеру, неэффективно и требует много времени. Решением этой проблемы могло бы стать использование высокопроизводительного секвенирования для анализа больших наборов образцов штаммов ВКЭ из коллекций вирусов.

В настоящее время в базе данных GenBank содержится около 250 полногеномных последовательностей ВКЭ, при-

чем сибирский субтип является наименее представленным среди них, и задача увеличения выборки полногеномных последовательностей вируса является актуальной. Поэтому, целью данного исследования являлось изучение генетического разнообразия ВКЭ в эндемичных регионах Российской Федерации, а также странах ближнего зарубежья на уровне полных геномов с использованием методов массового геномного секвенирования.

**Материалы и методы.** Для полногеномного секвенирования были отобраны 300 штаммов из различных эндемичных регионов России (Новосибирская область, Омская область, Иркутская область, Республика Бурятия, Урал, Республика Алтай, Приморский край, полуостров Крым, Республика Удмуртия, Амурская область, Калининградская область, Калужская область, Ленинградская область, остров Сахалин, Хабаровский край, Забайкальский край, Красноярский край), а также Киргизии, Казахстана, Белоруссии, Боснии и Украины.

РНК вируса выделяли из мозговых суспензий зараженных ВКЭ лабораторных мышей с помощью коммерческого набора QIAampViral RNA Kit (Qiagen). Пробоподготовка РНК-библиотек осуществлялась с помощью набора KAPA RNA HyperPrepKit (Roche, Швейцария), таргетное обогащение полученных библиотек осуществляли с использованием технологии SeqCap EZ (Roche, Швейцария). Секвенирование готовой библиотеки производили с помощью высокопроизводительного секвенатора MiSeq (Illumina). Использовали вариант секвенирования парных концевых фрагментов ( $2 \times 150$ ), общее количество циклов составило 300.

Для полученных 300 последовательностей кодирующей части генома ВКЭ и референсных последовательностей ВКЭ различных субтипов и генетических линий из базы данных GenBank были построены дендрограммы с использованием метода максимального правдоподобия в программе MegaX (Kumar et al., 2018) и проведен анализ генетического разнообразия.

**Результаты.** Было показано, что некоторые генетические варианты ВКЭ, описанные в данной работе, обнаружены на территориях, не свойственных распространению данных вариантов

вируса. Анализ полногеномных последовательностей показал, что штаммы Балтийской линии ВКЭ-Сиб были обнаружены и охарактеризованы в Новосибирской и Омской областях, а также впервые в Казахстане. На этих территориях не обнаружены представители ранее описанной Обской линии, которая оказалась наиболее генетически отличной от других генетических линий ВКЭ-Сиб. На территории полуострова Крым, в Боснии и Кыргызстане выявлены штаммы ВКЭ Сибирского субтипа Боснийской генетической линии. Помимо Боснийской линии, в Кыргызстане была обнаружена линия Васильченко ВКЭ-Сиб, что является первым случаем ее обнаружения в этом регионе. Помимо этих линий, в Кыргызстане была выявлена линия Заусаев ВКЭ-Сиб, наиболее распространенная на всем ареале встречаемости ВКЭ в Евразии, а также дальневосточный субтип ВКЭ, не описанный здесь ранее.

**Заключение.** Предложенный подход с использованием высокопроизводительного секвенирования для получения полногеномных последовательностей ВКЭ позволяет за короткое время существенно увеличить выборку полногеномных последовательностей в базах данных, что обеспечивает новые данные о генетическом разнообразии ВКЭ, которые можно использовать как для исследования эволюции вируса, так и для разработки высокоспецифичных тест-систем или средств профилактики, учитывающих все генетическое разнообразие ВКЭ.

**Благодарности.** Исследование проведено в рамках Программы стратегического академического лидерства Казанского федерального университета (ПРИОРИТЕТ-2030) и финансировалось в рамках проекта повышения качества (Quality Improvement) № 65238411 компании Пфайзер (Pfizer) «Оптимизация методов массового полногеномного секвенирования штаммов вируса клещевого энцефалита».

---

**Научное издание**

# **АКТУАЛЬНЫЕ ПРИРОДНО-ОЧАГОВЫЕ ИНФЕКЦИИ**

**Материалы  
международной научно-практической конференции**

Редактор, корректор *Булкина С.В.*  
Оригинал-макет *Булкина С.В.*  
Обложка *Фалеев К.А.*

Сдано в набор 04.08.23. Подписано в печать 11.09.23. Формат 60x84 <sup>1</sup>/<sub>16</sub>.

Бумага офсетная. Гарнитура Cambria.

Усл.-печ. л. 7,7. Уч.-изд. л. 7,0. Тираж 300 экз. Заказ № 036-23.

---

Отпечатано в ФГБНУ ИНЦХТ  
Иркутск, ул. Борцов Революции, 1. Тел. (395-2) 29-03-37.  
E-mail: arleon58@gmail.com

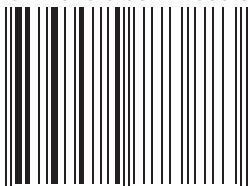


г. Иркутск,  
14–18 сентября 2023 г.

# АКТУАЛЬНЫЕ ПРИРОДНО- ОЧАГОВЫЕ ИНФЕКЦИИ

МАТЕРИАЛЫ МЕЖДУНАРОДНОЙ  
НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКОЙ КОНФЕРЕНЦИИ

ISBN 978-5-98277-388-3



9 785982 773883