



УДК 578.53; 578.8

## ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ВИРУСА КЛЕЩЕВОГО ЭНЦЕФАЛИТА В УРАЛЬСКОМ РЕГИОНЕ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Л.Х. Шигапова<sup>1</sup>, Н.М. Шайхутдинов<sup>2</sup>, Е.И. Шагимарданова<sup>1,3</sup>, И.В. Козлова<sup>4</sup>, В.В. Якименко<sup>5</sup>, О.В. Лисак<sup>4</sup>, Е.К. Дорощенко<sup>4</sup>, О.В. Сунцова<sup>4</sup>, Ю.П. Джиоев<sup>6</sup>, В.И. Злобин<sup>7</sup>, С.Е. Ткачёв<sup>1</sup>

<sup>1</sup>ФГАОУ ВО Казанский (Приволжский) федеральный университет  
Казань, Россия

<sup>2</sup>Сколковский институт науки и технологии (Сколтех)  
Москва, Россия

<sup>3</sup>ГБУЗ Московский клинический научный центр имени А.С. Логинова  
Москва, Россия

<sup>4</sup>ФГБНУ Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека  
Иркутск, Россия

<sup>5</sup>ФБУН «Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций»  
Роспотребнадзор  
Омск, Россия

<sup>6</sup>ФГБОУ ВО Иркутский государственный медицинский университет  
Иркутск, Россия

<sup>7</sup>Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии  
им. почётного академика Н.Ф. Гамалеи МЗ России  
Москва, Россия

Вирус клещевого энцефалита (ВКЭ) является возбудителем тяжёлого заболевания центральной нервной системы человека — клещевого энцефалита. Высокопроизводительное полногеномное секвенирование вирусов является мощным инструментом для генетического анализа коллекций образцов штаммов ВКЭ. В настоящее время в базе данных GenBank содержится около 250 полногеномных последовательностей штаммов и изолятов ВКЭ из различных регионов Евразии, но для ряда регионов, включая Уральский регион, полногеномные последовательности ВКЭ отсутствуют. Поэтому целью данного исследования являлось изучение генетического разнообразия ВКЭ в ряде районов Урала с использованием полногеномных последовательностей, полученных с помощью методов высокопроизводительного секвенирования. Молекулярно-генетический анализ 16 полногеномных последовательностей штаммов ВКЭ показал, что преобладающим субтипом среди исследуемых образцов ВКЭ оказались штаммы сибирского субтипа генетической линии Заусаев. Также в данном регионе были выявлены два штамма дальневосточного субтипа и впервые четыре штамма европейского субтипа. Полученные результаты позволят заполнить пробел в данных о возможных путях распространения штаммов европейского субтипа по территории Евразии.

**Ключевые слова:** вирус клещевого энцефалита, субтип, генетическая линия, Уральский регион, высокопроизводительное секвенирование

## HIGH-THROUGHPUT SEQUENCING USAGE FOR TICK-BORNE ENCEPHALITIS VIRUS GENETIC DIVERSITY STUDY IN THE URALS REGION OF THE RUSSIAN FEDERATION



L.Kh. Shigapova<sup>1</sup>, N.M. Shaikhutdinov<sup>2</sup>, E.I. Shagimardanova<sup>1, 3</sup>, I.V. Kozlova<sup>4</sup>,  
V.V. Yakimenko<sup>5</sup>, O.V. Lisak<sup>4</sup>, E.K. Doroschenko<sup>4</sup>, O.V. Suntsova<sup>4</sup>, Yu.P. Dzhioev<sup>6</sup>,  
V.I. Zlobin<sup>7</sup>, S.E. Tkachev<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Kazan (Volga Region) Federal University

Kazan, Russia

<sup>2</sup> Skolkovo Institute of Science and Technology (Skoltech)

Moscow, Russia

<sup>3</sup> Moscow Clinical Scientific Center named after A.S. Loginov

Moscow, Russia

<sup>4</sup> Federal State Budgetary Scientific Institution Scientific Center for Family Health  
and Human Reproduction

Irkutsk, Russia

<sup>5</sup> Federal Budgetary Scientific Institution "Omsk Research Institute of Natural Focal  
Infections" of Rosпотребнадзор

Omsk, Russia

<sup>6</sup> Irkutsk State Medical University

Irkutsk, Russia

<sup>7</sup> Federal State Budgetary Institution "National Research Center for Epidemiology  
and Microbiology named after Honorary Academician N.F. Gamaleya" of the Ministry  
of Health of the Russian Federation

Moscow, Russia

Tick-borne encephalitis virus (TBEV) is the causative agent of a severe disease of the human central nervous system, tick-borne encephalitis. High-throughput complete genome sequencing of viruses is a powerful tool for genetic analysis of TBEV strain sample collections. Currently, the GenBank database contains about 250 complete genome sequences of TBEV strains and isolates from various regions of Eurasia, but for a number of regions, including the Urals region, TBEV complete genome sequences are missing. Therefore, the aim of this study was to investigate the TBEV genetic diversity in a number of Urals regions using complete genome sequences obtained by high-throughput sequencing methods. Molecular genetic analysis of 16 complete genome sequences of TBEV strains showed the predominance of the Zausaev genetic lineage of Siberian subtype among the studied TBEV strains. Also, two strains of the Far Eastern subtype were identified in this region, and, for the first time, four strains of the European subtype. The obtained results may help fill the gap in the data on possible routes of European subtype strains spread across Eurasia.

**Keywords:** tick-borne encephalitis virus, a subtype, a genetic lineage, the Urals region, high-throughput sequencing

**Введение.** Вирус клещевого энцефалита (ВКЭ), в настоящее время известный как *Orthoflavivirus encephalitis* рода *Orthoflavivirus* семейства *Flaviviridae* [1], является возбудителем тяжёлого заболевания центральной нервной системы человека — клещевого энцефалита (КЭ). К настоящему времени очаги КЭ 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 КЭ, выявляется до 12 000 случаев заболевания, и смертность составляет от 0,2 до 20 % в зависимости от региона и, возможно, от субтипа вируса [2].

В настоящее время в соответствии с общепринятой классификацией ВКЭ подразделяют на три субтипа: дальневосточный, сибирский (ВКЭ-Сиб) и европейский [3]; кроме того, были описаны два предполагаемых субтипа ВКЭ: байкальский [4] и гималайский [5]. ВКЭ-Сиб является наиболее распространённым

субтипом и, за исключением Центральной и Западной Европы, встречается во всех регионах, где был выявлен ВКЭ. Для ВКЭ-Сиб в настоящее время описаны пять генетических линий: Заусаев, Васильченко, Балтийская, Обская и Боснийская [6, 7], причём каждая линия имеет определённые закономерности географического распространения. Для дальневосточного и европейского субтипов описаны также генетические линии.

До недавнего времени большинство работ по исследованию генетического разнообразия ВКЭ основывалось на секвенировании только фрагментов геномов, что ограничивало использование полученных данных для оценки закономерностей, определяющих эволюцию геномов тех или иных вариантов вируса. Полногеномное секвенирование лишено таких недостатков, но использование для него «классических» подходов, основанных на секвенировании по Сэнгеру, неэффективно и требует



много времени. Решением этой проблемы могло бы стать использование высокопроизводительного секвенирования для анализа наборов образцов штаммов ВКЭ из коллекций вирусов.

В настоящее время в базе данных GenBank содержится около 250 полногеномных последовательностей штаммов и изолятов ВКЭ без протяжённых непрочитанных участков геномов, или не являющихся синтетическими последовательностями, полученными из лабораторных экспериментальных штаммов вируса или рекомбинантных вирусов. Сибирский субтип является наименее представленным среди них, и задача увеличения выборки полногеномных последовательностей вируса различных генетических вариантов является актуальной. Более того, для

ряда регионов, включая Уральский, полногеномные последовательности ВКЭ отсутствуют. Поэтому целью данного исследования являлось изучение генетического разнообразия ВКЭ в ряде районов Урала с использованием полногеномных последовательностей, полученных методами массового геномного секвенирования.

**Материалы и методы.** Для полногеномного секвенирования были отобраны 16 штаммов из Уральского региона Российской Федерации, содержащихся в коллекциях Научного центра проблем здоровья семьи и репродукции человека, г. Иркутск, и ФБУН «Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций» Роспотребнадзора, г. Омск (табл. 1).

Таблица 1

Характеристика штаммов, исследованных в данной работе

Штамм (Название на английском)	Год выделения	Источник выделения	Место выделения
Алебастрово-1 (Alebastrovo-1)	1986	<i>I. persulcatus</i>	Пермская область
Гайва (Gaiva)	1986	<i>I. persulcatus</i>	Пермская область
Дивья-2 (Divya-2)	1986	<i>I. persulcatus</i>	Пермская область
Добрянка (Dobryanka)	1986	<i>I. persulcatus</i>	Пермская область
Залесная (Zalesnaya)	1986	<i>I. persulcatus</i>	Пермская область
Еланцев, клон 15-20\3 (Elantsev, clone 15-20\3)	1964	Кровь человека	Тюменская область
12922	2012	<i>Dermacentor reticulatus</i>	Курганская область
12146	2009	<i>Ixodes persulcatus</i>	ХМАО*, Ханты-Мансийский район
12163	2009	<i>Ixodes persulcatus</i>	ХМАО, Ханты-Мансийский район
12149	2009	<i>Ixodes persulcatus</i>	ХМАО, Ханты-Мансийский район
12144	2009	<i>Ixodes persulcatus</i>	ХМАО, Ханты-Мансийский район
12193	2009	<i>Ixodes persulcatus</i>	ХМАО, Ханты-Мансийский район
12196	2009	<i>Ixodes persulcatus</i>	ХМАО, Ханты-Мансийский район
12199	2009	<i>Ixodes persulcatus</i>	ХМАО, Нижневартовский район
12201	2009	<i>Ixodes persulcatus</i>	ХМАО, Нижневартовский район
14085	2009	<i>Miodes rutilus</i>	ХМАО, Нижневартовский район

\*Ханты-Мансийский автономный округ.

РНК вирусов выделяли из инактивированных в растворе DNA/RNA Shield (Zymo Research, США) мозговых суспензий заражённых ВКЭ лабораторных мышей с помощью набора QIAamp Viral RNA Kit (Qiagen). Пробоподготовку РНК-библиотек осуществляли с помощью набора KAPA RNA HyperPrep Kit (Roche, Швейцария), таргетное обогащение полученных библиотек — с использованием технологии SeqCap EZ (Roche, Швейцария).

Секвенирование готовой библиотеки производили с помощью высокопроизводительного секвенатора MiSeq (Illumina). Использовали вариант секвенирования парных концевых фрагментов (2x150), общее количе-

ство циклов составило 300. Для полученных 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 [8] и проведён анализ генетического разнообразия.

**Результаты и обсуждение.** С использованием методов, описанных выше, были получены 16 полногеномных последовательностей штаммов ВКЭ, выделенных в различных областях Уральского региона. Построение дендрограммы на основании кодирующей части геномов исследуемых штаммов и прототипных



штаммов ВКЭ различных субтипов/генетических линий из базы данных GenBank методом максимального правдоподобия (maximum likelihood) позволило продемонстрировать генетическую неоднородность ВКЭ в Уральском регионе (рис. 1). Так, большая часть штаммов ВКЭ с территории ХМАО (8 из 9), выделенных из клещей *I. persulcatus*, на дендрограмме формировала кластер со штаммом генетической линии Заусаев сибирского субтипа ВКЭ. И только один штамм, 14085, относился к европейскому субтипу. Стоит отметить, что

данный штамм был выделен от грызуна в ХМАО за пределами распространения клещей-переносчиков *I. persulcatus*, севернее границы их ареала почти на 100 км. Штаммы, выделенные из *I. persulcatus* в Пермской области ( $n = 5$ ), распределились таким образом: два штамма, Добрянка и Залесная, относились к кластеру штаммов сибирского субтипа генетической линии Заусаев, штамм Дивья-2 вошёл в кластер дальневосточного субтипа, а штаммы Алебастрово-1 и Гайва были отнесены к европейскому субтипу.

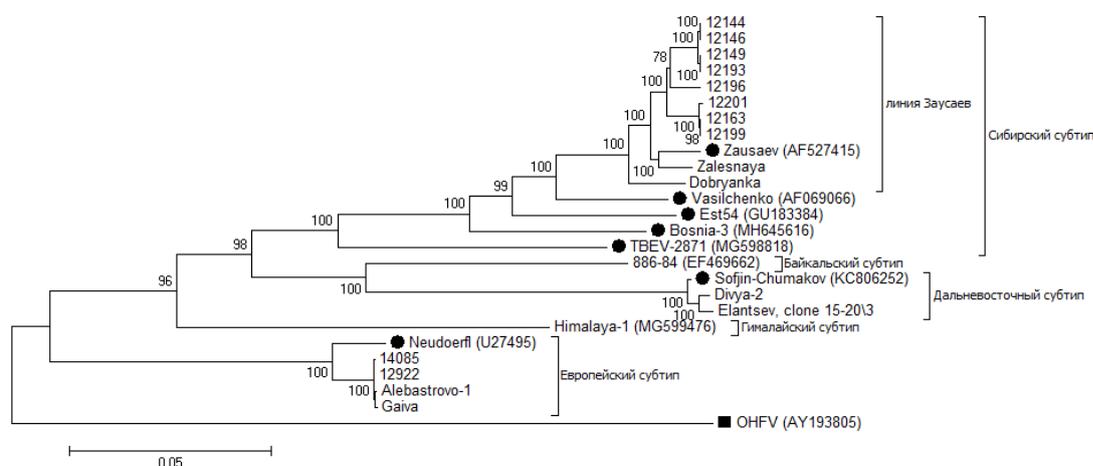


Рис. 1. Дендрограмма штаммов ВКЭ, собранных на территории Уральского региона, на основе последовательности кодирующей области генома (133–10377 п.н.), построенная методом максимального правдоподобия (maximum likelihood). Достоверность построенного дерева была оценена с помощью бутстреп-метода (bootstrap method) с 1000 повторами. Номера доступа GenBank прототипных штаммов указаны в скобках. Последовательности прототипных штаммов ВКЭ и генома Омской геморрагической лихорадки (внешняя группа) отмечены ● и ■ соответственно

Единичный штамм из Тюменской области, выделенный из крови больного клещевым энцефалитом, Еланцев, клон 15-20\3, оказался близкородственным дальневосточному субтипу. Единственный в исследуемой выборке штамм из Курганской области, 12922, выделенный из клещей *Dermacentor reticulatus*, относился также к европейскому субтипу.

Исходя из филогенетического анализа, преобладающим субтипом среди исследуемых образцов ВКЭ оказались штаммы сибирского субтипа генетической линии Заусаев. Полученные данные согласуются с ранее опубликованными работами [7, 9]. Тем не менее достаточно представленными в исследуемой выборке (4 из 16) оказались штаммы ВКЭ европейского субтипа, выявленные впервые в данном регионе. Ранее в Западной и Восточной Сибири были описаны изоляты и штаммы ВКЭ европейского субтипа, генетически сход-

ные со штаммами ВКЭ европейского субтипа из Европы, но имеющие уникальные замены в аминокислотной последовательности полипротеина, что позволило выделить их в отдельные генетические варианты [10]. В то же время на обширной территории протяжённостью более 4000 км изоляты ВКЭ европейского субтипа не были описаны, что оставляло открытым вопрос, каким образом ВКЭ данного субтипа смог проникнуть на территорию Западной и Восточной Сибири и сформировать там устойчивые очаги. Наши результаты позволят заполнить этот пробел в данных о возможных путях распространения штаммов европейского субтипа по территории Евразии.

**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 всё ге-

нетическое разнообразие ВКЭ. Исследование генетического разнообразия штаммов ВКЭ в Уральском регионе с использованием предложенного подхода показало наличие здесь всех трёх основных субтипов вируса с преобладанием сибирского субтипа генетической линии Заусаев.

*Авторы подтверждают отсутствие конфликта финансовых/нефинансовых интересов, связанных с написанием статьи.*

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

#### БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Current ICTV Taxonomy Release [Электронный ресурс]. URL: <https://ictv.global/taxonomy> (дата обращения 10.08.2024).

2. Erber W., Broeker M., Dobler G., Chitimia-Dobler L., Schmitt H.J. Epidemiology of TBE. Chapter 12. In: Dobler G., Erber W., Bröker M., Chitimia-Dobler L., Schmitt H.J., eds. The TBE Book. 7th ed. Singapore: Global Health Press; 2024. DOI:10.33442/26613980\_12-7.

3. Dobler G. Tick-borne flavivirus complex — phylogeny and biogeography. Chapter 2. In: Dobler G., Erber W., Bröker M., Chitimia-Dobler L., Schmitt H.J., eds. The TBE Book. 7th ed. Singapore: Global Health Press; 2024. DOI:10.33442/26613980\_2-7.

4. Козлова И.В., Дёмина Т.В., Ткачёв С.Е., Дорощенко Е.К., Лисак О.В., Верхозина М.М., Карань Л.С., Джиоев Ю.П., Парамонов А.И., Сунцова О.В., Савинова Ю.С., Черноиванова О.О., Ruzek D., Тикунова Н.В., Злобин В.И. Характеристика байкальского субтипа вируса клещевого энцефалита, циркулирующего на территории Восточной Сибири. Acta Biomedica Scientifica. 2018; 3 (4): 53–60. DOI: 10.29413/ABS.2018-3.4.9.

5. Dai X., Shang G., Lu S., Yang J., Xu J. A new subtype of eastern tick-borne encephalitis virus discovered in Qinghai-Tibet Plateau, China. Emerg. Microbes Infect. 2018; 7 (1): 74. DOI: 10.1038/s41426-018-0081-6.

6. Tkachev S.E., Chicherina G.S., Golovljova I., Belokopytova P.S., Tikunov A.Y., Zadora O.V., Glupov V.V., Tikunova N.V. New genetic lineage within the Siberian subtype of tick-borne encephalitis virus found in Western Siberia, Russia. Infect. Genet. Evol. 2017; 56: 36–43. DOI: 10.1016/j.meegid.2017.10.020.

7. Tkachev S.E., Babkin I.V., Chicherina G.S., Kozlova I.V., Verkhozina M.M., Demina T.V., Lisak O.V., Doroshchenko E.K., Dzhioev Y.P., Suntsova O.V., Belokopytova P.S., Tikunov A.Y., Savinova Y.S., Paramonov A.I., Glupov V.V., Zlobin V.I., Tikunova N.V. Genetic diversity and geographical distribution of the Siberian subtype of the tick-borne encephalitis virus. Ticks Tick Borne Dis. 2020; 11 (2): 101327. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2019.101327.4.

8. Kumar S., Stecher G., Li M., Nnyaz C., Tamura K. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. Mol. Biol. Evol. 2018; 35: 1547–1549. DOI: 10.1093/molbev/msy096.

9. Kovalev S.Y., Chernykh D.N., Kokorev V.S., Snitkovskaya T.E., Romanenko V.V. Origin and distribution of tick-borne encephalitis virus strains of the Siberian subtype in the Middle Urals, the north-west of Russia and the Baltic countries. J. Gen. Virol. 2009; 90 (12): 2884–2892. DOI: 10.1099/vir.0.012419-0.

10. Demina T.V., Tkachev S.E., Kozlova I.V., Doroshchenko E.K., Lisak O.V., Verkhozina M.M., Dzhioev Y.P., Paramonov A.I., Tikunov A.Y., Tikunova N.V., Zlobin V.I., Ruzek D. Comparative analysis of complete genome sequences of European subtype tick-borne encephalitis virus strains isolated from Ixodes persulcatus ticks, long-tailed ground squirrel (Spermophilus undulatus), and human blood in the Asian part of Russia. Ticks Tick Borne Dis. 2017; 8 (4): 547–553. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2017.03.002.

**Лейля Хуззатовна Шигапова** — научный сотрудник НИЛ “Молекулярная вирусология” Казанского (Приволжского) федерального университета; elibrary Author ID 1013884, ORCID 0000-0001-6292-6560; shi-leyla@yandex.ru.

**Нурислам Маратович Шайхутдинов** — магистр Сколковского института науки и технологий (Сколтех); ORCID 0000-0003-3863-356X; nurislam.shaikhutdinov@gmail.com.

#### REFERENCES

1. Current ICTV Taxonomy Release [Elektronny resurs]. URL: <https://ictv.global/taxonomy> (data obrascheniya 10.08.2024).

2. Erber W., Broeker M., Dobler G., Chitimia-Dobler L., Schmitt H.J. Epidemiology of TBE. Chapter 12. In: Dobler G., Erber W., Bröker M., Chitimia-Dobler L., Schmitt H.J., eds. The TBE Book. 7th ed. Singapore: Global Health Press; 2024. DOI:10.33442/26613980\_12-7.

3. Dobler G. Tick-borne flavivirus complex — phylogeny and biogeography. Chapter 2. In: Dobler G., Erber W., Bröker M., Chitimia-Dobler L., Schmitt H.J., eds. The TBE Book. 7th ed. Singapore: Global Health Press; 2024. DOI:10.33442/26613980\_2-7.

4. Kozlova I.V., Demina T.V., Tkachev S.E., Doroshchenko E.K., Lisak O.V., Verkhozina M.M., Karan' L.S., Dzhioev Yu.P., Paramonov A.I., Suntsova O.V., Savinova Yu.S., Chernoiivanova O.O., Ruzek D., Tikunova N.V., Zlobin V.I. Kharakteristika baykal'skogo subtipa virusa kleschevogo entsefalita, tsirkuliruyuschego na territorii Vostochnoy Sibiri. Acta Biomedica Scientifica. 2018; 3 (4): 53–60. DOI: 10.29413/ABS.2018-3.4.9.

5. Dai X., Shang G., Lu S., Yang J., Xu J. A new subtype of eastern tick-borne encephalitis virus discovered in Qinghai-Tibet Plateau, China. Emerg. Microbes Infect. 2018; 7 (1): 74. DOI: 10.1038/s41426-018-0081-6.

6. Tkachev S.E., Chicherina G.S., Golovljova I., Belokopytova P.S., Tikunov A.Y., Zadora O.V., Glupov V.V., Tikunova N.V. New genetic lineage within the Siberian subtype of tick-borne encephalitis virus found in Western Siberia, Russia. Infect. Genet. Evol. 2017; 56: 36–43. DOI: 10.1016/j.meegid.2017.10.020.

7. Tkachev S.E., Babkin I.V., Chicherina G.S., Kozlova I.V., Verkhozina M.M., Demina T.V., Lisak O.V., Doroshchenko E.K., Dzhioev Y.P., Suntsova O.V., Belokopytova P.S., Tikunov A.Y., Savinova Y.S., Paramonov A.I., Glupov V.V., Zlobin V.I., Tikunova N.V. Genetic diversity and geographical distribution of the Siberian subtype of the tick-borne encephalitis virus. Ticks Tick Borne Dis. 2020; 11 (2): 101327. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2019.101327.4.

8. Kumar S., Stecher G., Li M., Nnyaz C., Tamura K. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. Mol. Biol. Evol. 2018; 35: 1547–1549. DOI: 10.1093/molbev/msy096.

9. Kovalev S.Y., Chernykh D.N., Kokorev V.S., Snitkovskaya T.E., Romanenko V.V. Origin and distribution of tick-borne encephalitis virus strains of the Siberian subtype in the Middle Urals, the north-west of Russia and the Baltic countries. J. Gen. Virol. 2009; 90 (12): 2884–2892. DOI: 10.1099/vir.0.012419-0.

10. Demina T.V., Tkachev S.E., Kozlova I.V., Doroshchenko E.K., Lisak O.V., Verkhozina M.M., Dzhioev Y.P., Paramonov A.I., Tikunov A.Y., Tikunova N.V., Zlobin V.I., Ruzek D. Comparative analysis of complete genome sequences of European subtype tick-borne encephalitis virus strains isolated from Ixodes persulcatus ticks, long-tailed ground squirrel (Spermophilus undulatus), and human blood in the Asian part of Russia. Ticks Tick Borne Dis. 2017; 8 (4): 547–553. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2017.03.002.

**Leilya Khuzzatovna Shigapova** — Research Fellow at the Research Laboratory "Molecular Virology" Kazan (Volga region) Federal University; elibrary Author ID 1013884, ORCID 0000-0001-6292-6560; shi-leyla@yandex.ru.

**Nurislam Maratovich Shaikhutdinov** — Master at Skolkovo Institute of Science and Technology (Skoltech); ORCID 0000-0003-3863-356X; nurislam.shaikhutdinov@gmail.com.



**Елена Ильясовна Шагимарданова** — кандидат биологических наук, доцент кафедры зоологии и общей биологии Казанского (Приволжского) федерального университета; Московский клинический научный центр имени А.С. Логинова; elibrary Author ID 593202, ORCID 0000-0003-2339-261X; rjuka@mail.ru.

**Ирина Валерьевна Козлова** — доктор медицинских наук, руководитель лаборатории молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики Научного центра проблем здоровья семьи и репродукции человека; elibrary Author ID 127797, ORCID 0000-0002-6324-8746; diwerhoz@rambler.ru.

**Валерий Викторович Якименко** — доктор биологических наук, руководитель лаборатории арбовирусных инфекций Омского НИИ природно-очаговых инфекций Роспотребнадзора; elibrary Author ID 96207, ORCID 0000-0001-9088-3668; vyakimenko78@yandex.ru.

**Оксана Васильевна Лисак** — младший научный сотрудник; elibrary Author ID 550186, ORCID 0000-0003-3909-7551; lisak.liza@rambler.ru;

**Елена Константиновна Дорошенко** — кандидат биологических наук, научный сотрудник; elibrary Author ID 181040, ORCID 0000-0002-8209-616X; doroshchenko-virus@mail.ru; **Ольга Владимировна Сунцова** — кандидат биологических наук, научный сотрудник; elibrary Author ID 158182, ORCID 0000-0003-4057-2890; olga\_syntsova@list.ru. Лаборатория молекулярной эпидемиологии и генетической диагностики Научного центра проблем здоровья семьи и репродукции человека.

**Юрий Павлович Джиоев** — кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, ассистент кафедры патологической физиологии и клинической лабораторной диагностики Иркутского государственного медицинского университета; elibrary Author ID 95405, ORCID 0000-0001-5410-5113; alanir07@mail.ru.

**Владимир Игоревич Злобин** — доктор медицинских наук, профессор кафедры микробиологии, вирусологии и иммунологии ИГМУ, главный научный сотрудник лаб. механизмов популяционной изменчивости патогенных микроорганизмов отдела арбовирусов и экспериментального производства Института вирусологии им. Д.И. Ивановского (НИЦ ЭМ). НИЦ эпидемиологии и микробиологии имени Н.Ф. Гамалеи, Москва (НИЦ ЭМ); elibrary Author ID 95407, ORCID 0000-0002-0164-5113; vizlobin@mail.ru.

**Сергей Евгеньевич Ткачѳв** — кандидат биологических наук, доцент кафедры генетики (КФУ), ведущий научный сотрудник, руководитель научно-исследовательской лаборатории «Молекулярная вирусология» Казанского (Приволжского) федерального университета; elibrary Author ID 88697, ORCID 0000-0001-7767-380X; sergey.e.tkachev@mail.ru; тел.: +7913910-7305.

**Elena Pyasovna Shagimardanova** — Cand. Sc. {Biology}, Associate Professor of the Department of Zoology and General Biology at Kazan (Volga region) Federal University, Moscow Clinical Scientific Center named after A.S. Loginov; elibrary Author ID 593202, ORCID 0000-0003-2339-261X; rjuka@mail.ru.

**Irina Valerievna Kozlova** — Doctor habil. of Medicine, Head of the Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Diagnostics at Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems; elibrary Author ID 127797, ORCID 0000-0002-6324-8746; diwerhoz@rambler.ru.

**Valery Viktorovich Yakimenko** — Doctor of Biological Sciences, Head of the Laboratory of Arbovirus Infections at Omsk Research Institute of Natural Focal Infections, Rospotrebnadzor; elibrary Author ID 96207, ORCID 0000-0001-9088-3668; vyakimenko78@yandex.ru.

**Oksana Vasilievna Lisak** — Junior Research Fellow; elibrary Author ID 550186, ORCID 0000-0003-3909-7551; lisak.liza@rambler.ru; **Elena Konstantinovna Doroshchenko** — Cand. Sc. {Biology}, Research Fellow; elibrary Author ID 181040, ORCID 0000-0002-8209-616X; doroshchenko-virus@mail.ru; **Olga Vladimirovna Suntsova** — Cand. Sc. {Biology}, Research Fellow; elibrary Author ID 158182, ORCID 0000-0003-4057-2890; olga\_syntsova@list.ru. Laboratory of Molecular Epidemiology and Genetic Diagnostics Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems.

**Yuri Pavlovich Dzhioev** — Cand. Sc. {Biology}, Leading Research Fellow, Assistant of the Department of Pathological Physiology and Clinical Laboratory Diagnostics at Irkutsk State Medical University; elibrary Author ID 95405, ORCID 0000-0001-5410-5113; alanir07@mail.ru.

**Vladimir Igorevich Zlobin** — Doctor habil. of Medicine, Professor of the Department of Microbiology, Virology and Immunology of the Irkutsk State Medical University; Chief Research Fellow of the Laboratory of Mechanisms of Pathogenic Microorganisms Population Variability, the Department of Arboviruses and Experimental Production of D.I. Ivanovsky Institute of Virology. National Research Center for Epidemiology and Microbiology named after Honorary Academician N.F. Gamaleya of the Ministry of Health of the Russian Federation; elibrary Author ID 95407, ORCID 0000-0002-0164-5113; vizlobin@mail.ru.

**Sergey Evgenievich Tkachev** — Cand. Sc. {Biology}, Associate Professor of the Department of Genetics, KFU, Senior Research Fellow, Head of Research Laboratory "Molecular Virology" Kazan (Volga region) Federal University; elibrary Author ID 88697, ORCID 0000-0001-7767-380X; sergey.e.tkachev@mail.ru.

Статья поступила в редакцию 27.08.2024 г.