

DOI: 10.21055/0370-1069-2018-4-15-19

УДК 578.883.29

**Д.К. Львов, С.В. Альховский****ОТРЯД BUNYAVIRALES**

*Институт вирусологии им. Д.И. Ивановского, ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф. Гамалеи» Министерства здравоохранения Российской Федерации, Москва, Российская Федерация*

В 2017 г. Международным комитетом по таксономии вирусов (International Committee on Taxonomy of Viruses, ICTV) установлен и утвержден новый отряд *Bunyavirales*, который объединил эволюционно связанные вирусы, чей геном представлен сегментированной линейной одноцепочечной РНК отрицательной или амбисенс (ambisense) полярности. В настоящее время отряд *Bunyavirales* включает 10 семейств вирусов, которые инфицируют позвоночных животных, беспозвоночных (членистоногие) и растения. На территории Северной Евразии изолировано не менее 41 зоонозного буньявируса, многие из которых имеют значение в патологии человека. В настоящем обзоре представлен состав семейств, входящих в порядок *Bunyavirales*, и представлен список зоонозных буньявирусов, циркулирующих на территории Северной Евразии с указанием их современного таксономического положения. Большинство из них являются арбовирусами, экологически связанными с разными видами комаров или аргасовых и иксодовых клещей.

**Ключевые слова:** Буньявирусы, таксономия вирусов, Международный комитет по таксономии вирусов.

**Корреспондирующий автор:** Львов Дмитрий Константинович, e-mail: dk\_lvov@mail.ru.

**Для цитирования:** Львов Д.К., Альховский С.В. Отряд *Bunyavirales*. Проблемы особы опасных инфекций. 2018; 4:15–19. DOI: 10.21055/0370-1069-2018-4-15-19

**D.K. Lvov, S.V. Alkhovsky*****Bunyavirales* Order**

*D.I. Ivanovsky Institute of Virology, N.F. Gamaleya National Research Center on Microbiology and Epidemiology of Ministry of Health of the Russian Federation, Moscow, Russian Federation*

**Abstract.** In 2017 the International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV) established and approved a new order *Bunyavirales* that unite evolutionarily related viruses whose genome is represented by a segmented linear single-stranded RNA of negative or ambisense polarity. Currently, the order *Bunyavirales* includes 10 families that infect vertebrate animals, invertebrates (arthropods), and plants. At least 41 zoonotic bunyaviruses, including pathogenic for human, were isolated on the territory of Northern Eurasia. This review presents the data on the composition of the families belonging to the order *Bunyavirales* and a list of zoonotic bunyaviruses, isolated in Northern Eurasia, indicating their modern taxonomy. Most of them are arboviruses, associated with different species of mosquitoes or ticks.

**Key words:** bunyaviruses, virus taxonomy, International Committee on Taxonomy of Viruses.

**Conflict of interest:** The authors declare no conflict of interest.

**Funding:** The work was funded by Russian Foundation for Basic Research; research project 18-04-01302a.

**Corresponding author:** Dmitry K. Lvov, e-mail: dk\_lvov@mail.ru.

**Citation:** Lvov D.K., Alkhovsky S.V. *Bunyavirales* Order. Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2018; 4:15–19. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2018-4-15-19

Received 30.11.18. Revised 10.12.18. Accepted 13.12.18.

Lvov Dmitry Konstantinovich, dk\_lvov@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8176-6582>  
Alkhovsky Sergey Vladimirovich, salkh@ya.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6913-5841>

В марте 2017 г. Международным комитетом по таксономии вирусов (International Committee on Taxonomy of Viruses, ICTV) установлен новый отряд *Bunyavirales*, который объединил более 500 эволюционно связанных вирусов, чей геном представлен сегментированной, линейной РНК отрицательной или амбисенс (ambisense) полярности [1]. Отряд *Bunyavirales* сформирован на основе бывшего семейства *Bunyaviridae*, а статус входящих в его состав родов *Orthobunyavirus*, *Nairovirus*, *Phlebovirus*, *Hantavirus* и *Tospovirus* повышен до семейства. Семейства реорганизованы и переименованы в *Peribunyaviridae*, *Nairoviridae*, *Phenuiviridae*, *Hantaviridae* и *Tospoviridae* соответственно. Кроме этого, в состав отряда *Bunyavirales* включены че-

тыре вновь образованных семейства вирусов растений (*Fimoviridae*) и членистоногих (*Feraviridae*, *Jonviridae*, *Phasmaviridae* и *Wupedeviridae*) [1, 2]. Необходимость преобразования семейства *Bunyaviridae* в отряд *Bunyavirales* обусловлена открытием ряда новых вирусов, а также накопленными в последние годы генетическими данными для ранее неклассифицированных буньявирусов. В настоящее время отряд *Bunyavirales* включает 10 семейств вирусов, которые инфицируют позвоночных животных, беспозвоночных (членистоногие) и растения. Вместе с тем, отряд *Bunyavirales* вошел в состав таксонов более высокого ранга, установленных в 2018 г. для вирусов с РНК геномом отрицательной полярности – класс *Ellioviricetes*, подтип

*Polyploviricotina*, тип *Negarnaviricota* (<https://talk.ictvonline.org/taxonomy/>). В настоящем обзоре представлены данные о структуре семейств, входящих в отряд *Bunyavirales* (табл. 1).

Семейство *Peribunyaviridae* сформировано путем включения рода *Orthobunyavirus* и вновь образованного рода *Herbevirus*, объединяющего несколько новых видов комариных буньявирусов [3–5]. Вирусы Тягия, Инко и Хатанга, принадлежащие виду *California encephalitis orthobunyavirus* (*Orthobunyavirus*, *Peribunyaviridae*), широко распространены в России и вызывают спорадические случаи и вспышки гриппоподобных заболеваний с пневмонией и симптомами поражения ЦНС в лесной ландшафтной зоне [6, 7].

Семейство *Nairoviridae* включает единственный род *Orthonaïrovirus*. К нему принадлежит распространенный на юге России и в Центральной Азии вирус Крымской-Конго геморрагической лихорадки (*Crimean-Congo hemorrhagic fever orthonaïrovirus*), а также вирусы – возбудители лихорадок Иссык-Куль (*Keterah orthonaïrovirus*) и Тамды (*Tamdy orthonaïrovirus*) [7].

Семейство *Phenuiviridae* сформировано путем объединения рода *Phlebovirus*, ранее независимого рода вирусов растений *Tenuivirus* [8] и двух вновь сформированных родов вирусов членистоногих – *Goukovirus* и *Phasivirus* [9]. К *Phlebovirus* принадлежат вирусы москитных лихорадок, циркуляция которых зарегистрирована в субтропической зоне пограничных с Россией государствах Центральной

Азии. Из клещевых флебовирусов, вызывающих заболевания человека, на юге России циркулирует вирус Бханжа (*Bhanja phlebovirus*) [7].

Семейство *Hantaviridae* включает единственный род *Orthohantavirus*, который объединяет несколько видов вирусов, вызывающих геморрагическую лихорадку с почечным синдромом (ГЛПС) и ряд близкородственных им вирусов, значение которых в патологии человека пока не установлено.

Семейство *Tospoviridae* включает единственный род *Orthotospovirus*, который объединяет 11 видов вирусов растений.

Три новых семейства *Feraviridae*, *Jonviridae* и *Phasmaviridae* (каждый включает по одному роду) сформированы для классификации недавно открытых новых буньявирусов членистоногих [4, 10, 11].

Новое семейство *Timoviridae* сформировано для включения в состав отряда ранее независимого рода вирусов растений *Emaravirus* [11–15].

Новое семейство *Wupedeviridae* включает род *Wumivirus* с единственным известным видом вируса, обнаруженным у членистоногих [4].

На территории Северной Евразии циркулирует не менее 41 зоонозного буньявируса, многие из которых имеют серьезное значение в патологии человека (табл. 2). Возможную связь с патологией человека многих буньявирусов еще предстоит выяснить.

**Финансирование.** Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ, проект № 18-04-01302а.

Таблица 1/Table 1

Структура отряда *Bunyavirales* [1]  
The structure of the *Bunyavirales* order[1]

Семейство	Род	Прототипный вид рода	Число видов, утвержденных ICTV*	Хозяева
<i>Feraviridae</i>	<i>Orthoferavirus</i>	<i>Ferac orthoferavirus</i>	1	Членистоногие
<i>Timoviridae</i>	<i>Emaravirus</i>	<i>European mountain ash ringspot-associated emaravirus</i>	9	Растения
<i>Hantaviridae</i>	<i>Orthohantavirus</i>	<i>Hantaan orthohantavirus</i>	42	Позвоночные (грызуны, насекомоядные, человек)
<i>Jonviridae</i>	<i>Orthojonvirus</i>	<i>Jonchet orthojonvirus</i>	1	Членистоногие
<i>Nairoviridae</i>	<i>Orthonaïrovirus</i>	<i>Dugbe orthonaïrovirus</i>	14	Позвоночные (птицы, летучие мыши, человек); членистоногие (клещи)
<i>Peribunyaviridae</i>	<i>Herbevirus</i>	<i>Herbert herbevirus</i>	4	Членистоногие
	<i>Orthobunyavirus</i>	<i>Bunyamwera orthobunyavirus</i>	49	Позвоночные (птицы, приматы, человек и др.); членистоногие (комары, мокрецы)
<i>Phasmaviridae</i>	<i>Orthophasmavirus</i>	<i>Kigluai phantom orthophasmavirus</i>	6	Членистоногие
<i>Phenuiviridae</i>	<i>Goukovirus</i>	<i>Gouleako goukovirus</i>	3	Членистоногие
	<i>Phasivirus</i>	<i>Badu phasivirus</i>	4	Членистоногие
	<i>Phlebovirus</i>	<i>Rift Valley fever phlebovirus</i>	10	Позвоночные (птицы, обезьяны, человек и др.); членистоногие (комары, клещи, москиты)
	<i>Tenuivirus</i>	<i>Rice stripe tenuivirus</i>	7	Растения
<i>Tospoviridae</i>	<i>Orthotospovirus</i>	<i>Tomato spotted wilt orthotospovirus</i>	11	Растения
<i>Wupedeviridae</i>	<i>Wumivirus</i>	<i>Millipede wumivirus</i>	1	Членистоногие

Примечание: \*ICTV – International Committee on Taxonomy of Viruses (Международный комитет по таксономии вирусов).

Таблица 2/Table 2

Вирусы отряда *Bunyavirales*, изолированные на территории Северной Евразии и их современное таксономическое положениеViruses of the *Bunyavirales* order, isolated in the territory of North Eurasia and their current taxonomy position

Семейство	Род	Вид	Вирус	Номер в GenBank	Экосистема или биоценоз	Патогенность для человека	Переносящий	Ссылка
<i>Hantaviridae</i>	<i>Orthohantavirus</i>	<i>Amga orthohantavirus</i>	Артыбаш (ARTV)	EU424339-40	Насекомоядные	?	-	[16]
			Seewis (SWSV)	KY651022-24		?	-	
		<i>Dobrava-Belgrade orthohantavirus</i>	Добрача (DOBV)	NC_005233-35	Грызуны	+	-	
			Сочи	JF920148-50		+	-	
		<i>Seoul orthohantavirus</i>	Сеул (SEOV)	NC_005236-38	Грызуны	+	-	
		<i>Tula orthohantavirus</i>	Адлер (ADLV)	KP013572, KP013580	Грызуны	?	-	
			Тула (TULV)	NC_005226-28		?	-	
		<i>Puumala orthohantavirus</i>	Пуумала (PUUV)	NC_005223-25	Грызуны	+	-	[7, 17-19]
			Уфа (UFAV)	AB29765-67		?	-	
		<i>Hantaan orthohantavirus</i>	Хантаан (HTNV)	NC_00518-21	Грызуны	+	-	
			Амур (AMRV)	AB620028-30		+	-	
		<i>Khabarovsk orthohantavirus</i>	Хабаровск (KHAV)	NC_034518-19, NC_034527	Грызуны	+	-	
			Топографов (TOPV)	AJ011646-47, AL011649		-	-	
<i>Nairoviridae</i>	<i>Orthonairovirus</i>	<i>Artashat orthonairovirus</i>	Артшат (ARTSV)	KP792744-46	Сухие субтропики; норы грызунов	-	Аргасовые клещи	[7, 20]
		<i>Keterah orthonairovirus</i>	Иссык-Куль (ISKV)	KF892055-57	Летучие мыши	+	Аргасовые клещи	[7]
			Узун-Агач (UZAV)	KP792741-43		-		
		<i>Qalyub orthonairovirus</i>	Геран (GRNV)	KP792714-16	Сухие субтропики; норы грызунов	-	Аргасовые клещи	[7, 20]
		<i>Chim orthonairovirus</i>	Чим (CHIMV)	KP792711-13	Сухие субтропики; норы грызунов	-	Аргасовые клещи	[7, 20]
		<i>Crimean-Congo hemorrhagic fever orthonairovirus</i>	Крымской-Конго геморрагической лихорадки (CCHFV)	NC005300-02	Сухая степь; пастбища	+	Иксодовые клещи	[7]
		<i>Hughes orthonairovirus</i>	Каспий (CASV)	KP792708-10	Субарктика; гнездовья колониальных морских птиц	-	Аргасовые клещи	[7, 20]
		<i>Sakhalin orthonairovirus</i>	Сахалин (SAKV)	KP792720-22	Субарктика; гнездовья колониальных морских птиц	-	Иксодовые клещи	[7, 20]
			Парамушир (PMRV)	KP792717-19		-		
		<i>Tamdy orthonairovirus</i>	Тамды (TAMV)	KP792726-28	Сухая степь; пастбища	+	Иксодовые клещи	[7, 20]
			Бурана (BURV)	KP792705-07		-		
<i>Peribunyaviridae</i>	<i>Orthobunyavirus</i>	<i>Bunyamwera orthobunyavirus</i>	Анадырь (ANADV)	KM496335-37	Тайга, смешанные и лиственные леса, лесостепь	-	Комары	[7, 21]
			Батай (BATV)	JX846595-97		+		
		<i>California encephalitis orthobunyavirus</i>	Инко (INKV)	KT288269-71		-	Комары	[6]
			Тягиня (TAHV)	HM036208-10		+		
			Хатагна (KHTV)	KT288293-95		-		
Неклассифицированные			Хурдун (KHURV)	KF981633-35	Дельта Волги	-	Н.д.**	[7, 22]
<i>Phenuiviridae</i>	<i>Phlebovirus</i>	<i>Uukuniemi phlebovirus</i>	Уукуниеми (UUKV)	NC_005220-21, NC_005214	Тайга	-	Иксодовые клещи	[7, 23]
			Залив Терпени (ZTV)	KF892040-42	Субарктика; гнездовья колониальных морских птиц	-		
		<i>Sandfly fever Naples phlebovirus</i>	Москитная лихорадка Неаполь (SFNV)	HM566169-71	Субтропики	+	москиты	[7, 24]
			Москитная лихорадка Сицилия (SFSV)	NC_006318-20		-		
		<i>Bhanja phlebovirus*</i>	Бханжа (BHAV)	NC_027142	Субтропики; пастбища	+	Иксодовые клещи	[7, 25]
			Раздан (RAZV)	KC335496-98		-		
		<i>Manawa phlebovirus*</i>	Командоры (COMV)	KF892049-51	Субарктика; гнездовья колониальных морских птиц	-	Иксодовые клещи	[7]
		<i>Grand Arbo phlebovirus*</i>	Гиссар (GISV)	KJ425423-25	Гнездовья птиц	-	Аргасовые клещи	[7]
		<i>Kaisodi phlebovirus*</i>	Хасан (KHAV)	KF8922046-8	Тайга	-	Иксодовые клещи	[7]

Примечание: \*Виды, в настоящее время не утверждены ICTV; \*\*Синоним: вирус Ахтуба; н.д. – нет данных.

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

### Список литературы

1. Calisher C.H., Charrel R.N., Choi I.R., Clegg C.S., de la Torre J.C., Delwart E., DeRisi J.L., Di Bello P.L., Di Serio F., Digiaro M., Dolja V.V., Drosten C., Druciarek T.Z., Du J., Ebihara H., Elbeaino T., Gergerich R.C., Gillis A.N., Gonzalez J.J., Haenni A.L., Hepojoki J., Hetzel U., Ho T., Hóng N., Jain R.K., Jansen van Vuren P., Jin Q., Jonson M.G., Junglen S., Keller K.E., Kemp A., Kipar A., Kondov N.O., Koonin E.V., Kormelink R., Korzyukov Y., Krupovic M., Lambert A.J., Laney A.G., LeBreton M., Lukashevich I.S., Markleitz M., Markotter W., Martelli G.P., Martin R.R., Mielke-Ehret N., Mühlbach H.P., Navarro B., Ng T.F.F., Nunes M.R.T., Palacios G., Paweska J.T., Peters C.J., Plyusnin A., Radoshitzky S.R., Romanowski V., Salmenperä P., Salvato M.S., Sanfaçon H., Sasaya T., Schmaljohn C., Schneider B.S., Shirako Y., Siddell S., Sironen T.A., Stenglein M.D., Storm N., Sudini H., Tesh R.B., Tzanetakis I.E., Uppala M., Vapalahti O., Vasilakis N., Walker P.J., Wáng G., Wáng L., Wáng Y., Wéi T., Wiley M.R., Wolf Y.I., Wolfe N.D., Wú Z., Xu W., Yang L., Yáng Z., Yeh S.D., Zhāng Y.Z., Zhèng Y., Zhou X., Zhū C., Zirkel F., Kuhn J.H. Taxonomy of the family Arenaviridae and the order Bunyavirales: update 2018. *Arch Virol.* 2018; 163(8):2295–310. DOI: 10.1007/s00705-018-3843-5.
2. Plyusnin A., Beaty B.J., Elliott R.M., Goldbach R., Kormelink R., Lundkvist A. Family Bunyaviridae. In: A.M. King, M.J. Adams, E.B. Carstens, E.J. Lefkowitz, eds. Virus taxonomy: classification and nomenclature of viruses: ninth report of the International Committee on Taxonomy of Viruses. London: Elsevier; 2012. P. 725–41.
3. Markleitz M., Zirkel F., Rwego I.B., Heidemann H., Trippner P., Kurth A., Kallies R., Briese T., Lipkin W.I., Drosten C., Gillespie T.R., Junglen S. Discovery of a unique novel clade of mosquito-associated bunyaviruses. *J. Virol.* 2013; 87(23):12850–65. DOI: 10.1128/JVI.01862-13.
4. Li C.X., Shi M., Tian J.H., Lin X.D., Kang Y.J., Chen L.J., Qin X.C., Xu J., Holmes E.C., Zhang Y.Z. Unprecedented genomic diversity of RNA viruses in arthropods reveals the ancestry of negative-sense RNA viruses. *Elife.* 2015; 4:e05378. DOI: 10.7554/eLife.05378.
5. Jansen van Vuren P., Wiley M.R., Palacios G., Storm N., Markotter W., Birkhead M., Kemp A., Paweska J.T. Isolation of a novel orthobunyavirus from bat flies (*Eucampsipoda africana*). *J. Gen Virol.* 2017; 98(5):935–45. DOI: 10.1099/jgv.0.000753.
6. Лаврентьев М.В., Прилипов А.Г., Львов С.Д., Львов Д.К. Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей штаммов вируса Хатанга – нового представителя серокомплекса Калифорнийского энцефалита, изолированных в различных регионах Российской Федерации. *Вопросы вирусологии.* 2008; 53(6):25–9.
7. Lvov D.K., Shchelkanov M.Y., Alkhovsky S.V., Deryabin P.G. Zoonotic viruses of Northern Eurasia. *Taxonomy and Ecology*. London: Academic Press; 2015. 452 p.
8. Shirako Y., Falk B.W., Haenni A.L. Genus – Tenuivirus. In: A.M.Q. King, M.J. Adams, E.B. Carstens, E.J. Lefkowitz, eds. Virus Taxonomy: Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses. San Diego: Elsevier Academic Press; 2012. P. 771–6.
9. Markleitz M., Handrick S., Grasse W., Kurth A., Lukashev A., Drosten C., Ellerbrok H., Leendertz F.H., Pauli G., Junglen S. Gouléako virus isolated from West African mosquitoes constitutes a proposed novel genus in the family Bunyaviridae. *J. Virol.* 2011; 85(17):9227–34. DOI: 10.1128/JVI.00230-11.
10. Ballinger M.J., Bruenn J.A., Hay J., Czechowski D., Taylor D.J. Discovery and evolution of bunyavirids in arctic phantom midges and ancient bunyavirid-like sequences in insect genomes. *J. Virol.* 2014; 88(16):8783–94.
11. Mühlbach H.P., Mielke-Ehret N. Genus – Emaravirus. In: A.M.Q. King, M.J. Adams, E.B. Carstens, E.J. Lefkowitz, eds. Virus Taxonomy. San Diego: Elsevier; 2012. P. 767–69.
12. Markleitz M., Zirkel F., Kurth A., Drosten C., Junglen S. Evolutionary and phenotypic analysis of live virus isolates suggests arthropod origin of a pathogenic RNA virus family. *Proc. Natl Acad Sci USA.* 2015; 112(24):7536–41.
13. Di Bello P.L., Laney A.G., Druciarek T., Ho T., Gergerich R.C., Keller K.E., Martin R.R., Tzanetakis I.E. A novel emaravirus is associated with redbud yellow ringspot disease. *Virus Res.* 2016; 222:41–7. DOI: 10.1016/j.virusres.2016.05.027.
14. Elbeaino T., Digiaro M., Uppala M., Sudini H. Deep sequencing of dsRNAs recovered from mosaic-diseased pigeonpea reveals the presence of a novel emaravirus: pigeonpea sterility mosaic virus 2. *Arch. Virol.* 2015; 160(8):2019–29.
15. Zheng Y., Navarro B., Wang G., Wang Y., Yang Z., Xu W., Zhu C., Wang L., Serio F.D., Hong N. Actinidia chlorotic ringspot-associated virus: a novel emaravirus infecting kiwifruit plants. *Mol. Plant. Pathol.* 2017; 18(4):569–81. DOI: 10.1111/mpp.12421.
16. Arai S., Kang H.J., Gu S.H., Ohdachi S.D., Cook J.A., Yashina L.N., Tanaka-Taya K., Abramov S.A., Morikawa S., Okabe N., Oishi K., Yanagihara R. Genetic Diversity of Artybash Virus in the Laxmann's Shrew (*Sorex caecutiens*). *Vector Borné Zoonotic Dis.* 2016; 16(7):468–75. DOI: 10.1089/vbz.2015.1903.
17. Tkachenko E.A., Witkowski P.T., Radosa L., Dzagurova T.K., Okulova N.M., Yunicheva Y.V., Yasilenko L., Morozov VG., Malkin G.A., Krüger D.H., Klempa B. Adler hantavirus, a new genetic variant of Tula virus identified in Major's pine voles (*Microtus majori*) sampled in southern European Russia. *Infect. Genet. Evol.* 2015; 29:156–63. DOI: 10.1016/j.meegid.2014.11.018.
18. Dzagurova T.K., Witkowski P.T., Tkachenko E.A., Klempa B., Morozov V.G., Auste B., Zavora D.L., Iunicheva I.V., Mutnich E.S., Kruger D.H. Isolation of sochi virus from a fatal case of hantavirus disease with fulminant clinical course. *Clin. Infect. Dis.* 2012; 54(1):e1–4. DOI: 10.1093/cid/cir746.
19. Ткаченко Е.А., Дзагурова Т.К., Ткаченко П.Е. Хантавирусы: экология, молекулярная биология, морфология, патогенез и диагностика хантавирусных инфекций. *Молекулярная медицина.* 2009; (5):36–41.
20. Alkhovsky S.V., Lvov D.K., Shchetinin A.M., Deriabin P.G., Shchelkanov M.Y., Aristova V.A., Morozova T.N., Gitelman A.K., Palacios G.F., Kuhn J.H. Complete Genome Coding Sequences of Artashat, Burana, Caspiy, Chim, Geran, Tamdy, and Üzün-Agach Viruses (*Bunyavirales: Nairoviridae: Orthonairovirus*). *Genome Announc.* 2017; 5(40):e01098-17. DOI: 10.1128/genomeA.01098-17.
21. Щетинин А.М., Львов Д.К., Альховский С.В., Щелканов М.Ю., Аристова В.А., Морозова Т.Н., Гительман А.К., Дерябин П.Г., Ботиков А.Г. Молекулярно-генетическая характеристика штаммов вируса Бата (BATV-Bata virus) и нового вируса Анадырь (ANADV – Anadyr virus) группы Буньявирес (*Bunyaviridae, Orthobunyavirus*), выделенных на территории России. *Вопросы вирусологии.* 2014; 59(6):16–22.
22. Альховский С.В., Щетинин А.М., Львов Д.К., Щелканов М.Ю., Дерябин П.Г., Львов Д.Н., Самохвалов Е.И., Гительман А.К., Ботиков А.Г. Вирус Хурдун (KHURV): новый вирус рода *Orthobunyavirus* (*Bunyaviridae*). *Вопросы вирусологии.* 2013; 58(4):10–3.
23. Palacios G., Savji N., Travassos da Rosa A., Guzman H., Yu X., Desai A., Rosen G.E., Hutchison S., Lipkin W.I., Tesh R. Characterization of the Ukuuniemi virus group (Phlebovirus: Bunyaviridae): evidence for seven distinct species. *J. Virol.* 2013; 87(6):3187–95. DOI: 10.1128/JVI.02719-12.
24. Palacios G., Tesh R.B., Savji N., Travassos da Rosa A.P., Guzman H., Bussetti A.V., Desai A., Ladner J., Sanchez-Seco M., Lipkin W.I. Characterization of the Sandfly fever Naples species complex and description of a new Karimabad species complex (genus *Phlebovirus*, family *Bunyaviridae*). *J. Gen. Virol.* 2014; 95(Pt 2):292–300. DOI: 10.1099/vir.0.056614-0.
25. Dilcher M., Alves M.J., Finkeisen D., Hufert F., Weidmann M. Genetic characterization of Bhanja virus and Palma virus, two tick-borne phleboviruses. *Virus Genes.* 2012; 45(2):311–5.

### References

1. Calisher C.H., Charrel R.N., Choi I.R., Clegg C.S., de la Torre J.C., Delwart E., DeRisi J.L., Di Bello P.L., Di Serio F., Digiaro M., Dolja V.V., Drosten C., Druciarek T.Z., Du J., Ebihara H., Elbeaino T., Gergerich R.C., Gillis A.N., Gonzalez J.J., Haenni A.L., Hepojoki J., Hetzel U., Ho T., Hóng N., Jain R.K., Jansen van Vuren P., Jin Q., Jonson M.G., Junglen S., Keller K.E., Kemp A., Kipar A., Kondov N.O., Koonin E.V., Kormelink R., Korzyukov Y., Krupovic M., Lambert A.J., Laney A.G., LeBreton M., Lukashevich I.S., Markleitz M., Markotter W., Martelli G.P., Martin R.R., Mielke-Ehret N., Mühlbach H.P., Navarro B., Ng T.F.F., Nunes M.R.T., Palacios G., Paweska J.T., Peters C.J., Plyusnin A., Radoshitzky S.R., Romanowski V., Salmenperä P., Salvato M.S., Sanfaçon H., Sasaya T., Schmaljohn C., Schneider B.S., Shirako Y., Siddell S., Sironen T.A., Stenglein M.D., Storm N., Sudini H., Tesh R.B., Tzanetakis I.E., Uppala M., Vapalahti O., Vasilakis N., Walker P.J., Wáng G., Wáng L., Wáng Y., Wéi T., Wiley M.R., Wolf Y.I., Wolfe N.D., Wú Z., Xu W., Yang L., Yáng Z., Yeh S.D., Zhāng Y.Z., Zhèng Y., Zhou X., Zhū C., Zirkel F., Kuhn J.H. Taxonomy of the family Arenaviridae and the order Bunyavirales: update 2018. *Arch Virol.* 2018; 163(8):2295–310. DOI: 10.1007/s00705-018-3843-5.
2. Plyusnin A., Beaty B.J., Elliott R.M., Goldbach R., Kormelink R., Lundkvist A. Family Bunyaviridae. In: A.M. King, M.J. Adams, E.B. Carstens, E.J. Lefkowitz, eds. Virus taxonomy: classification and nomenclature of viruses: ninth report of the International Committee on Taxonomy of Viruses. London: Elsevier; 2012. P. 725–41.
3. Markleitz M., Zirkel F., Rwego I.B., Heidemann H., Trippner P., Kurth A., Kallies R., Briese T., Lipkin W.I., Drosten C., Gillespie T.R., Junglen S. Discovery of a unique novel clade of mosquito-associated bunyaviruses. *J. Virol.* 2013; 87(23):12850–65. DOI: 10.1128/JVI.01862-13.

4. Li C.X., Shi M., Tian J.H., Lin X.D., Kang Y.J., Chen L.J., Qin X.C., Xu J., Holmes E.C., Zhang Y.Z. Unprecedented genomic diversity of RNA viruses in arthropods reveals the ancestry of negative-sense RNA viruses. *Elife*. 2015; 4:e05378. DOI: 10.7554/eLife.05378.
5. Jansen van Vuren P., Wiley M.R., Palacios G., Storm N., Markotter W., Birkhead M., Kemp A., Paweska J.T. Isolation of a novel orthobunyavirus from bat flies (*Eucampsipoda africana*). *J. Gen Virol*. 2017; 98(5):935–45. DOI: 10.1099/jgv.0.000753.
6. Lavrent'ev M.V., Prilipov A.G., L'Vov S.D., L'Vov D.K. Phylogenetic analysis of the nucleotide sequences of Chatanga virus strains, the new representative of California encephalitis serocomplex, isolated in different regions of the Russian Federation. *Voprosy Virusologii*. 2008; 53(6):25–9.
7. Lvov D.K., Shchelkanov M.Y., Alkhovsky S.V., Deryabin P.G. Zoonotic viruses of Northern Eurasia. *Taxonomy and Ecology*. London: Academic Press; 2015. 452 p.
8. Shirako Y., Falk B.W., Haenni A.L. Genus – Tenuivirus. In: A.M.Q. King, M.J. Adams, E.B. Carstens, E.J. Lefkowitz, eds. Virus Taxonomy: Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses. San Diego: Elsevier Academic Press; 2012. P. 771–6.
9. Marklewitz M., Handrick S., Grasse W., Kurth A., Lukashev A., Drosten C., Ellerbrok H., Leendertz F.H., Pauli G., Junglen S. Gouléako virus isolated from West African mosquitoes constitutes a proposed novel genus in the family *Bunyaviridae*. *J. Virol*. 2011; 85(17):9227–34. DOI: 10.1128/JVI.00230-11.
10. Ballinger M.J., Bruenn J.A., Hay J., Czechowski D., Taylor D.J. Discovery and evolution of bunyavirids in arctic phantom midges and ancient bunyavirid-like sequences in insect genomes. *J. Virol*. 2014; 88(16):8783–94.
11. Mühlbach H.P., Mielke-Ehret N. Genus – Emaravirus. In: A.M.Q. King, M.J. Adams, E.B. Carstens, E.J. Lefkowitz, eds. Virus Taxonomy. San Diego: Elsevier; 2012. P. 767–69.
12. Marklewitz M., Zirkel F., Kurth A., Drosten C., Junglen S. Evolutionary and phenotypic analysis of live virus isolates suggests arthropod origin of a pathogenic RNA virus family. *Proc. Natl Acad Sci USA*. 2015; 112(24):7536–41.
13. Di Bello P.L., Laney A.G., Druciarek T., Ho T., Gergerich R.C., Keller K.E., Martin R.R., Tzanetakis I.E. A novel emaravirus is associated with redbud yellow ringspot disease. *Virus Res*. 2016; 222:41–7. DOI: 10.1016/j.virusres.2016.05.027.
14. Elbeaino T., Digiaro M., Uppala M., Sudini H. Deep sequencing of dsRNAs recovered from mosaic-diseased pigeonpea reveals the presence of a novel emaravirus: pigeonpea sterility mosaic virus 2. *Arch. Virol*. 2015; 160(8):2019–29.
15. Zheng Y., Navarro B., Wang G., Wang Y., Yang Z., Xu W., Zhu C., Wang L., Serio F.D., Hong N. Actinidia chlorotic ringspot-associated virus: a novel emaravirus infecting kiwifruit plants. *Mol. Plant. Pathol*. 2017; 18(4):569–81. DOI: 10.1111/mpp.12421.
16. Arai S., Kang H.J., Gu S.H., Ohdachi S.D., Cook J.A., Yashina L.N., Tanaka-Taya K., Abramov S.A., Morikawa S., Okabe N., Oishi K., Yanagihara R. Genetic Diversity of Artybash Virus in the Laxmann's Shrew (*Sorex caecutiens*). *Vector Borne Zoonotic Dis*. 2016; 16(7):468–75. DOI: 10.1089/vbz.2015.1903.
17. Tkachenko E.A., Witkowski P.T., Radosa L., Dzagurova T.K., Okulova N.M., Yunicheva Y.V., Vasilenko L., Morozov VG., Malkin G.A., Krüger D.H., Klempa B. Adler hantavirus, a new genetic variant of Tula virus identified in Major's pine voles (*Microtus majori*) sampled in southern European Russia. *Infect. Genet. Evol*. 2015; 29:156–63. DOI: 10.1016/j.meegid.2014.11.018.
18. Dzagurova T.K., Witkowski P.T., Tkachenko E.A., Klempa B., Morozov V.G., Auste B., Zavora D.L., Yunicheva I.V., Mutnich E.S., Krüger D.H. Isolation of sochi virus from a fatal case of hantavirus disease with fulminant clinical course. *Clin. Infect. Dis*. 2012; 54(1):e1–4. DOI: 10.1093/cid/cir746.
19. Tkachenko E.A., Dzagurova T.K., Tkachenko P.E. Hantaviruses: ecology, molecular biology, morphology, pathogenesis and diagnostics of hantavirus infections. *Molekul'arnaya meditsina*. 2009; (5):36–41.
20. Alkhovsky S.V., Lvov D.K., Shchetinin A.M., Deriabin P.G., Shchelkanov M.Y., Aristova V.A., Morozova T.N., Gitelman A.K., Palacios G.F., Kuhn J.H. Complete Genome Coding Sequences of Artashat, Burana, Caspiy, Chim, Geran, Tamdy, and Uzun-Agach Viruses (*Bunyavirales: Nairoviridae: Orthonaurovirus*). *Genome Announc*. 2017; 5(40):e01098-17. DOI: 10.1128/genomeA.01098-17.
21. Shchetinin A.M., L'vov D.K., Al'khovsky S.V., Shchelkanov M.Y., Aristova V.A., Morozova T.N., Gitelman A.K., Deryabin P.G., Botikov A.G. Complete genome analysis of the Batai virus (BATV) and the new Anadyr virus (ANADV) of the Bunyamwera group (*Bunyaviridae, Orthobunyavirus*) isolated in Russia. *Voprosy Virusologii*. 2014; 59(6):16–22.
22. Al'kovskhovskii S.V., Shchetinin A.M., L'Vov D.K., Shchelkanov M.I., Deriabin P.G., L'Vov D.N., Samokhvalov E.I., Gitelman A.K., Botikov A.G. The Khurdun virus (KHURV): a new representative of the orthobunyavirus (Bunyaviridae). *Voprosy virusologii*. 2013; 58(4):10–3.
23. Palacios G., Savji N., Travassos da Rosa A., Guzman H., Yu X., Desai A., Rosen G.E., Hutchison S., Lipkin W.I., Tesh R. Characterization of the Uukuniemi virus group (Phlebovirus: Bunyaviridae): evidence for seven distinct species. *J. Virol*. 2013; 87(6):3187–95. DOI: 10.1128/JVI.02719-12.
24. Palacios G., Tesh R.B., Savji N., Travassos da Rosa A.P., Guzman H., Bussetti A.V., Desai A., Ladner J., Sanchez-Seco M., Lipkin W.I. Characterization of the Sandfly fever Naples species complex and description of a new Karimabad species complex (genus *Phlebovirus*, family *Bunyaviridae*). *J. Gen. Virol*. 2014; 95(Pt 2):292–300. DOI: 10.1099/vir.0.056614-0.
25. Dilcher M., Alves M.J., Finkeisen D., Hufert F., Weidmann M. Genetic characterization of Bhanja virus and Palma virus, two tick-borne phleboviruses. *Virus Genes*. 2012; 45(2):311–5.

**Authors:**

Lvov D.K., Alkhovsky S.V. D.I. Ivanovsky Institute of Virology, N.F. Gamaleya National Research Center on Microbiology and Epidemiology of Ministry of Health of the Russian Federation, Moscow, Russian Federation. E-mail: dk\_lvov@mail.ru.

**Об авторах:**

Львов Д.К., Альховский С.В. Институт вирусологии им. Д.И. Ивановского, ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф. Гамалеи» Министерства здравоохранения Российской Федерации, Москва, Российская Федерация. E-mail: dk\_lvov@mail.ru.

Поступила 30.11.18.

Отправлена на доработку 10.12.18.

Принята к публ. 13.10.18.