

DOI: 10.21055/0370-1069-2018-4-89-93

УДК 578.833.29(571.1/5)

Л.Н. Яшина¹, С.А. Абрамов², Т.А. Дупал², В.В. Якименко³, А.К. Танцев³, Б.С. Малышев¹,
М.Ю. Карташов¹

ХАНТАВИРУСЫ В ПОПУЛЯЦИЯХ НАСЕКОМОЯДНЫХ НА ТЕРРИТОРИИ СИБИРИ

¹ФБУН «Государственный Научный Центр вирусологии и биотехнологии «Вектор», р.п. Кольцово, Российская Федерация;²Институт систематики и экологии животных СО РАН, Новосибирск, Российская Федерация; ³ФБУН «Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций», Омск, Российская Федерация

Цель работы: исследование хантавирусов в новом природном резервуаре – насекомоядных, их многообразие и распространения на территории Западной и Восточной Сибири. **Материалы и методы.** Бурозубки рода *Sorex* (71 особь) отловлены на территории Республики Алтай, Алтайского, Красноярского краев и Омской области. Все образцы выделенных РНК проанализированы методом обратной транскрипции – полимеразной цепной реакции с последующим секвенированием. **Результаты и выводы.** Генотипированы 12 РНК изолятов вируса, выделенных от двух видов бурозубок – обыкновенной (*S. araneus*) и бурой (*S. roboratus*). Анализ последовательностей L- и S-сегментов вирусного генома выявил циркуляцию двух видов хантавирусов. В Алтайском крае у бурой бурозубки (*S. roboratus*) обнаружен вирус Кенкеме (KKMV), ранее найденный в географически удаленных точках Республики Саха и Китая. Новые очаги циркуляции вируса Сивис (SWSV) среди обыкновенных бурозубок (*S. araneus*) установлены на территории Омской области, Алтайского и Красноярского краев. Суммируя новые и ранее полученные данные, можно заключить, что хантавирусы в популяциях насекомоядных широко распространены на территории Российской Федерации. Установленная на территории Сибири широкая циркуляция вирусов SWSV и KKMV дает веские основания для исследования роли выявленных вирусов в патологии человека.

Ключевые слова: хантавирус, насекомоядные, Сибирь.

Корреспондирующий автор: Яшина Людмила Николаевна, e-mail: yashina@vector.nsc.ru.

Для цитирования: Яшина Л.Н., Абрамов С.А., Дупал Т.А., Якименко В.В., Танцев А.К., Малышев Б.С., Карташов М.Ю. Хантавирусы в популяциях насекомоядных на территории Сибири. Проблемы особо опасных инфекций. 2018; 4:89–93. DOI: 10.21055/0370-1069-2018-4-89-93

L.N. Yashina¹, S.A. Abramov², T.A. Dupal², V.V. Yakimenko³, A.K. Tantsev³, B.S. Malyshev¹,
M.Yu. Kartashov¹

Hantaviruses in Insectivore Populations in Siberia

¹State Research Center of Virology and Biotechnology “Vector”, Koltsovo, Novosibirsk Region, Russian Federation;²Institute of Systematics and Ecology of Animals, RAS Siberian Branch, Novosibirsk, Russian Federation;³Omsk Research Institute of Natural-Foci Infections, Omsk, Russian Federation

Abstract. Objective of the study was investigation of hantaviruses in a new natural reservoir – insectivores, their diversity and geographic distribution in the Western and Eastern Siberia. **Materials and methods.** Sorex shrews (71 specimens) were captured in Altai Republic, Altai, and Krasnoyarsk Territories, and Omsk Region. All samples were analyzed for hantavirus RNA using reverse transcription polymerase chain reaction with subsequent sequencing. **Results and conclusions.** A total of 12 viral RNA isolates from two *Sorex* species (*S. araneus* and *S. roboratus*) were genetically typed. Sequence analysis of the partial L and S segments identified two distinct hantaviruses. Kenkeme (KKMV) virus was detected in a flat-skulled shrew (*S. roboratus*) in Altai Territory. This virus was previously found in geographically remote sites in the Sakha Republic and China. New foci of Seewis virus circulation among common shrews (*S. araneus*), were found in the Omsk Region, Altai and Krasnoyarsk Territories. Previously published and new findings suggest that hantaviruses among shrews are widely distributed over the Russian Federation territory. The widespread circulation of SWSV and KKMV throughout Siberia is an important argument for investigation of their role in human infections.

Key words: hantavirus, insectivores, Siberia.

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

Corresponding author: Liudmila N. Yashina, e-mail: yashina@vector.nsc.ru.

Citation: Yashina L.N., Abramov S.A., Dupal T.A., Yakimenko V.V., Tantsev A.K., Malyshev B.S., Kartashov M.Yu. Hantaviruses in Insectivore Populations in Siberia. Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]. 2018; 4:89–93. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2018-4-89-93

Received 11.10.18. Accepted 29.11.18.

Хантавирусы (род *Orthohantavirus* семейства *Bunyaviridae*) принадлежат к числу наиболее важных зоонозных патогенов человека, передающихся воздушно-пылевым путем, и, поэтому, являются объектом усиливающегося изучения во всем мире [1]. Данные о видовом разнообразии хантавирусов, круге их млекопитающих хозяев и распространении являются ключевыми при разработке стратегии борьбы с

инфекцией. В течение 30 лет после открытия первого хантавируса грызуны отряда *Rodentia* считались основным природным резервуаром хантавирусов. Исследования последних лет установили, что хантавирусы могут инфицировать более широкий круг млекопитающих хозяев, в частности насекомоядных подотряда *Soricomorpha* (кроты и бурозубки) и рукокрылых отряда *Chiroptera* (летучие мыши) [2].

Начиная с 2007 г. началось активное изучение хантавирусов в новых природных резервуарах, их видового состава, распространения и патогенного потенциала. Эти исследования привели к открытию 24 новых хантавирусов среди насекомых и 5 видов хантавирусов среди летучих мышей в географически удаленных районах на трех континентах [3]. Наиболее важным фактом явилось доказательство инфицирования людей хантавирусами, циркулирующими среди насекомых и рукокрылых в Индии и Африке [4, 5].

Особенности экологии насекомых и рукокрылых являются серьезной предпосылкой для заражения людей вирусами, которые инфицируют этих млекопитающих [6]. Насекомоядные (бурозубки) хорошо приспосабливаются к антропогенным ландшафтам и могут использовать предметы человеческого обихода в своих целях. В пригородных лесах, где преимущественно расположены дачные общества и ведется хозяйственная деятельность человека (по обработке участков, сбору грибов, ягод и орехов), численность насекомых сравнима с численностью грызунов. Эти экологические особенности могут приводить к заражению людей вирусами насекомых.

Установленная патогенность для человека ряда хантавирусов, циркулирующих в популяциях насекомых, дает основание для изучения их видового разнообразия и распространения среди насекомых на территории РФ. В настоящее время в отдельных регионах азиатской части России в популяциях бурозубок рода *Sorex* установлена циркуляция четырех видов хантавирусов: Seewis (SWSV), Altai (ALTV), Artybash (ARTV), Kenkeme (KKMV) [7, 8, 9, 10].

Целью исследования явилось дальнейшее изучение циркуляции хантавирусов среди насекомых на территории Западной и Восточной Сибири, их видового состава и распространения.

Материалы и методы

Экспедиции по отлову мелких млекопитающих и сбору образцов биоматериала проведены в различных ландшафтах Западной и Восточной Сибири (Республике Алтай, Алтайском и Красноярском краях, Омской области) в период 2007–2009 и 2017 гг.

Отлов мелких млекопитающих и отбор образцов осуществляли в соответствии с протоколом и рекомендациями по безопасной работе согласно МУ 3.1.1029-01. Отобранные ткани легких помещали в жидкий азот, либо в стабилизирующий раствор RNeasy (QIAGEN GmbH, Германия) для последующего выделения РНК и ее анализа методом обратной транскрипции – полимеразной цепной реакции (ОТ-ПЦР). Для подтверждения таксономической принадлежности бурозубок, определенной экспертами-зоологами, проведено определение и сравнение с базой данных GenBank фрагмента гена цитохрома b

митохондриальной ДНК зверьков.

Вирусную кДНК синтезировали с использованием обратной транскриптазы RevertAid Premium (Thermo Scientific, США) и родоспецифического праймера HPS (5'-TAGTAGTAGACTCC). Продукты двухраундовой амплификации получали с использованием двух серий праймеров по стандартному протоколу с использованием Hot start Taq ДНК-полимеразы производства фирмы «Сибэнзим» (Новосибирск). Первая серия праймеров и условия проведения реакции описаны ранее [11], вторая серия праймеров выбрана авторами и описана в [10].

Выравнивание нуклеотидных последовательностей осуществляли с помощью алгоритма MUSCLE в программе MEGA7. Для построения филогенетических деревьев использован метод максимального правдоподобия (Maximum Likelihood) с моделью эволюции Tamura-Nei. Вычисления проводили для 500 итераций.

Результаты и обсуждение

Мелкие млекопитающие отловлены на территории Республики Алтай, Алтайского и Красноярского краев и Омской области. Всего собраны образцы тканей от 71 особи бурозубок рода *Sorex*, из которых обыкновенных бурозубок (*Sorex araneus*) – 50 особей; бурых бурозубок (*S. roboratus*) – 2, равнозубых бурозубок (*S. isodon*) – 10, средних бурозубок (*S. caecutiens*) – 8, малых бурозубок (*S. minutus*) – 1.

Все образцы протестированы методом ОТ-ПЦР с использованием родоспецифических праймеров для L-сегмента генома. Хантавирусная РНК была выявлена в образцах от 12 бурозубок, отловленных в исследованных ключевых участках: озеро Телецкое (Республика Алтай), Солтон и Покровка (Алтайский край), Парная и Средняя Шушь (Красноярский край), Река Шишь (Омская область) (таблица). РНК-положительные образцы из новых очагов далее анализировали с использованием праймеров к S-сегменту генома. Полученные нуклеотидные последовательности депонированы в банке данных GenBank под номерами MG279208-MG279218, MK005196-MK005200. Филогенетический анализ частичной 426-нуклеотидной последовательности гена цитохрома b, идентифицировал носителей вируса как *S. araneus* и *S. roboratus* (номера в банке данных MG279219-MG279221, GQ355606-GQ355620).

Анализ последовательностей L- (2968–3313 н.о.) и S-сегментов (407–1243 н.о.) генома новых РНК изолятов от *S. araneus* показал их принадлежность к вирусу SWSV, ранее выявленному от обыкновенной бурозубки на территории Европы и в Сибири [10, 12]. Установлено, что новые вирусные последовательности близки к сибирским генетическим вариантам вируса SWSV и отличаются от опубликованных РНК изолятов вируса на 2,2–10,2 % по нуклеотидным (0–1,7 % по кодируемым аминокислотным) последовательностям L-сегмента, на 1,4–8,9 % (0–0,4 %) для

Места и даты отлова бурозубок рода *Sorex*, исследованных на наличие РНК хантавирусовSites and dates of catching *Sorex* shrews examined and analyzed for the presence of Hantavirus RNA

Регион	Сайт отлова	Год	<i>Sorex</i> species	Число РНК+/исследованных
Алтайский край	Солтон	2007	<i>S. roboratus</i>	1/1
		2008	<i>S. araneus</i>	1/5
	Покровка		<i>S. isodon</i>	0/1
			<i>S. caecutiens</i>	0/1
Красноярский край	Средняя Шушь	2008	<i>S. araneus</i>	2/13
			<i>S. isodon</i>	0/4
	Парная	2008	<i>S. araneus</i>	4/14
Республика Алтай	Телецкое	2008	<i>S. caecutiens</i>	0/2
			<i>S. roboratus</i>	0/1
			<i>S. araneus</i>	0/6
			<i>S. isodon</i>	0/3
		2009	<i>S. caecutiens</i>	0/5
			<i>S. isodon</i>	0/1
			<i>S. minutus</i>	0/1
			<i>S. araneus</i>	1/5
Омская область	Река Шишь	2017	<i>S. araneus</i>	2/4
	Верх. Аев	2017	<i>S. araneus</i>	0/3
Итого:				12/71

S-сегмента, тогда как от географически удаленного вируса SWSV из Швейцарии более чем на 16,0 (1,7 %) и на 20,2 % (1,2 %) соответственно. Выравнивание и сравнение последовательностей между собой позволило установить уровень вариабельности геномов новых сибирских изолятов вируса SWSV 3,3–12,0 % (0–1,7 %) для L-сегмента и 0,9–3,7 % (0–0,8 %) для S-сегмента.

Филогенетический анализ, основанный на фрагментах 837 н.о. S-сегмента генома, выявил группирование изолятов вируса SWSV по географическому принципу (рисунок). Анализ на основе фрагментов 346 н.о. L-сегмента разделяет РНК изоляты из одного места отлова на отдельные подгруппы, которые, как предполагалось ранее [10], соответствуют различным расам их носителя *S. araneus*. Так, изоляты SWSV из Красноярского края филогенетически разделены на две подгруппы: (Parn-Sa1197, Parn-Sa1212) и (Parn-Sa1191, Parn-Sa1196, Parn-Sa1220), что подтверждается и относительно высоким уровнем межгруппового различия нуклеотидных последовательностей L-сегмента, достигающим 12 %.

Анализ вирусных последовательностей, полученных из тканей легких *S. roboratus*, отловленной в окрестностях пос. Солтон (Алтайский край), продемонстрировал их принадлежность к вирусу KKMV. Для нового РНК изолята Solton-Sr54 в дополнение к фрагменту L-сегмента получена полноразмерная последовательность S-сегмента генома, составляющая 1640 н.о. Кодированная нуклеокапсидный белок по-

следовательность S-сегмента образца Solton-Sr54 отличалась от ранее опубликованных штаммов KKMV MSB148794 из Республики Саха на 13,6 % и KKMV Fuyan SR326 из Китая на 16,9 %. Различие аминокислотных последовательностей составляло 3,0 и 3,6 % соответственно. Филогенетический анализ показал группирование российских штаммов KKMV из Алтайского края и Республики Саха отдельно от штамма из Китая.

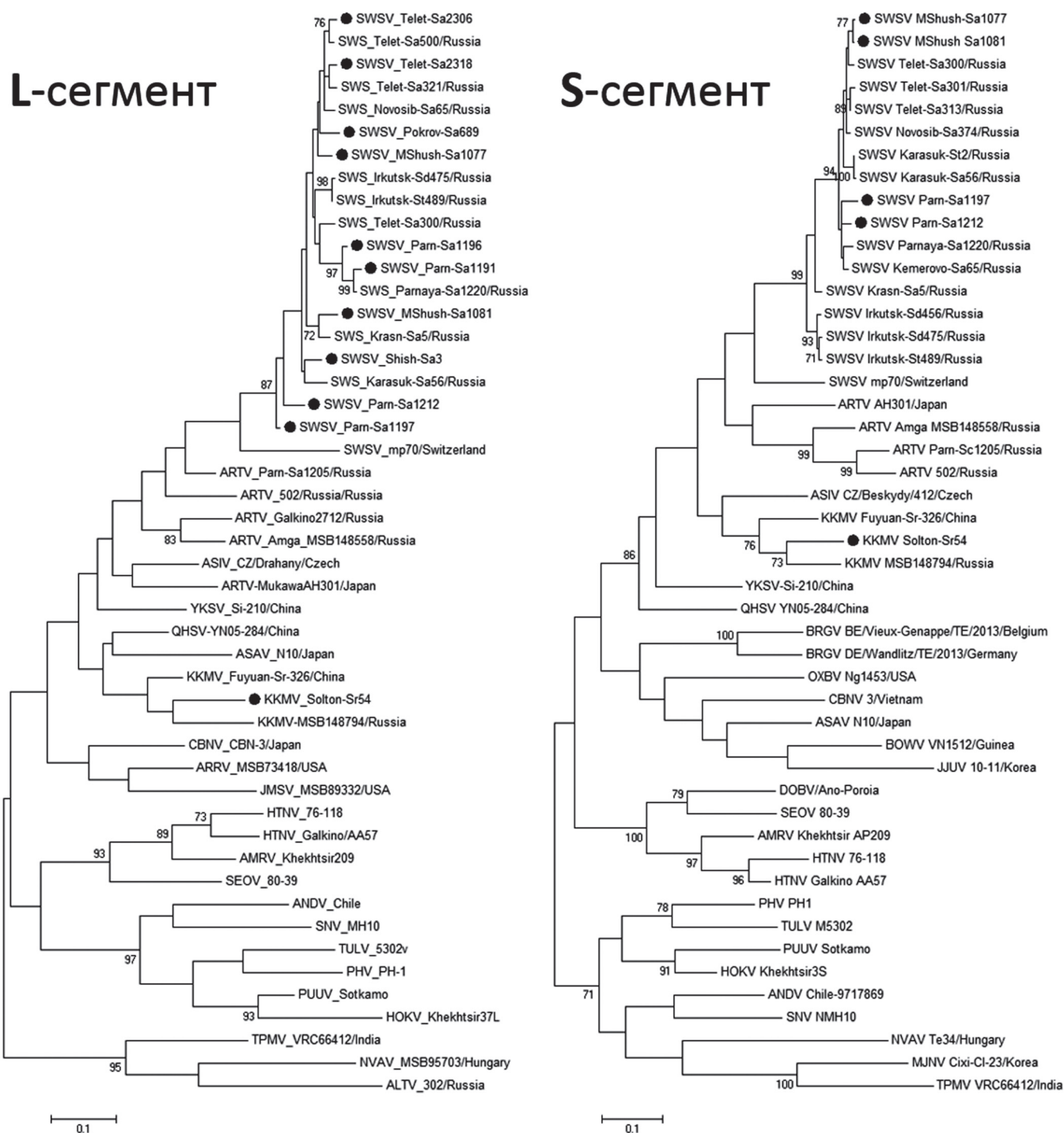
Проведенное исследование дополнило ранее полученные данные по изучению хантавирусов среди новых природных носителей, насекомоядных, на территории Российской Федерации. К настоящему времени выявлена циркуляция четырех видов хантавирусов, ассоциированных с бурозубками рода *Sorex* [7, 8, 9, 10].

На территории Сибири установлено широкое распространение вируса SWSV, открытого в 2007 г. в Швейцарии. Показано, что вирус SWSV встречается у нескольких близкородственных видов бурозубок рода *Sorex*: *S. araneus*, *S. tundrensis* и *S. daphaenodon* [10]. Очаги циркуляции вируса SWSV выявлены в Республике Алтай, Красноярском крае, Кемеровской, Новосибирской областях и в окрестностях городов Новосибирск и Иркутск. Основываясь на выявлении SWSV на территории Европы (Швейцария, Венгрия и Финляндия) [12], Сибири [10] и европейской части России, сделано предположение о широком распространении вируса SWSV на территории географического распространения евроазиатской обыкновенной бурозубки от Центральной и Северной Европы до Восточной Сибири. Вновь полученные данные подтверждают эту гипотезу. Очаги циркуляции вируса SWSV найдены на севере Омской области (р. Шишь), в Алтайском (Покровка) и Красноярском (р. Средняя Шушь) краях.

Вирус KKMV впервые выявлен на территории Республики Саха от *S. roboratus* [8]. Позднее этот вирус обнаружен в Китае от того же вида природного носителя [2]. Новая находка вируса KKMV на территории Алтайского края свидетельствует о его широком распространении не только в северо-восточной части Азии, но, подобно вирусу SWSV, по всей территории распространения его носителя – бурой бурозубки. Вирус ARTV впервые обнаружен в Республике Алтай. Последующие исследования установили циркуляцию вируса ARTV в популяциях средних бурозубок в Красноярском крае, Республике Саха, Хабаровском крае и в Японии [7]. Вирус ALTV выделен от обыкновенной бурозубки лишь в Республике Алтай (GenBank EU424341).

Суммируя новые и ранее полученные данные можно заключить, что три из четырех вирусов (SWSV, ARTV, KKMV) широко распространены на территории России, так как каждый из вирусов выявлен в географически удаленных точках ареалов их природных носителей (*S. araneus*, *S. caecutiens*, *S. roboratus*).

Вопрос о патогенном потенциале новых ханта-



Филогенетические деревья, отображающие взаимосвязи исследованных сибирских изолятов хантавирусов (●) и штаммов из других регионов мира. Деревья построены на основе L- и S-сегментов генома длиной 346 и 837 н.о., соответственно, с использованием метода максимального правдоподобия, индексы поддержки рассчитаны для 500 повторов

Phylogenetic trees reflecting relations between the studied Siberian isolates of hantaviruses (●) and the strains from other regions of the world. The trees are drawn on the basis of L and S genome segments, the length of 346 and 837 bp, respectively, using maximum likelihood method; indexes of support are calculated for 500 repeats

вирусов на территории Российской Федерации остается открытым. Однако исследования патогенности для людей новых хантавирусов, ассоциированных с насекомоядными и рукокрылыми, активно продолжаются в других регионах мира. Так, серологическое доказательство инфицирования людей хантавирусами от насекомоядных было получено при ис-

следовании сывороток больных с лихорадками неясной этиологии из Африки, среди которых выявлены сыворотки, содержащие специфические антитела к хантавирусам Bowe (BOWV) и Uluguru (ULUV), выделенным от насекомоядных [4]. Установленная на территории Сибири широкая циркуляция вирусов SWSV, KKMV и ARTV дает веские основания для

исследования роли выявленных вирусов в патологии человека.

Результаты исследований были получены в рамках выполнения государственного задания Роспотребнадзора № 141-00069-18-01.

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

Список литературы

1. Jonsson C.B., Figueiredo L.T., Vapalahti O. A global perspective on hantavirus ecology, epidemiology, and disease. *Clin. Microbiol. Rev.* 2010; 23(2):412–41. DOI: 10.1128/CMR.00062-09.
2. Guo W.P., Lin X.D., Wang W., Tian J.H., Cong M.L., Zhang H.L., Wang M.R., Zhou R.H., Wang J.B., Li M.H., Xu J., Holmes E.C., Zhang Y.Z. Phylogeny and origins of hantaviruses harbored by bats, insectivores, and rodents. *PLoS Pathog.* 2013; 9(2):e1003159. DOI: 10.1371/journal.ppat.1003159.
3. Holmes E.C., Zhang Y.Z. The evolution and emergence of hantaviruses. *Curr. Opin. Virol.* 2015; 10:27–33. DOI: 10.1016/j.coviro.2014.12.007.
4. Heinemann P., Tia M., Alabi A., Anon J.C., Auste B., Essbauer S., Gnionsahe A., Kigninlman H., Klempa B., Kraef C., Kruger N., Leendertz F.H., Ndhatz-Sanogo M., Schaumburg F., Witkowski P.T., Akoua-Koffi C.G., Kruger D.H. Human Infections by Non-Rodent-Associated Hantaviruses in Africa. *J. Infect. Dis.* 2016; 214(10):1507–11. DOI:10.1093/infdis/jiw401.
5. Okumura M., Yoshimatsu K., Kumperasart S., Nakamura I., Ogino M., Taruishi M., Sugdee A., Pattamadilok S., Ibrahim I., Erlina S., Agui T., Yanagihara R., Arikawa J. Development of serological assays for Thottapalayam virus, an insectivore-born hantavirus. *Clin. Vaccine Immunol.* 2007; 14(2):173–81. DOI: 10.1128/CI.00347-06.
6. Соколов И.И., редактор. Млекопитающие фауны СССР. Л.: Наука; 1963. Т. 1. 638 с.
7. 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.
8. Kang H.J., Arai S., Hope A.G., Cook J.A., Yanagihara R. Novel hantavirus in flat-skulled shrew (*Sorex roboratus*). *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2010; 10(6):593–7. DOI: 10.1089/vbz.2009.0159.
9. Papa A., Vaheri A., LeDuc J.W., Kruger D.H., Avšič-Županc T., Arikawa J., Song J.W., Markotic A., Clement J., Liang M., Li D., Yashina L.N., Jonsson C.B., Schmaljohn C.S. Meeting report: Tenth International Conference on Hantaviruses. *Antiviral Res.* 2016; 133:234–41. DOI: 10.1016/j.antiviral.2016.08.015.
10. Yashina L.N., Abramov S.A., Gutorov V.V., Dupal T.A., Krivopalov A.V., Panov V.V., Danchinova G.A., Vinogradov V.V., Luchnikova E.M., Hay J., Kang H.J., Yanagihara R. Seewis virus: phylogeography of a shrew-borne hantavirus in Siberia, Russia. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2010; 10(6):585–91. DOI: 10.1089/vbz.2009.0154.
11. Klempa B., Fichet-Calvet E., Lecompte E., Auste B., Aniskin V., Meisel H. Hantavirus in African wood mouse, Guinea. *Emerg. Infect. Dis.* 2006; 12:838–40. DOI: 10.3201/eid1205.051487.
12. Kang H.J., Arai S., Hope A.G., Song J.W., Cook J.A., Yanagihara R. Genetic diversity and phylogeography of Seewis virus in the Eurasian common shrew in Finland and Hungary. *Virol. J.* 2009; 6:208. DOI: 10.1186/1743-422X-6-208.

References

1. Jonsson C.B., Figueiredo L.T., Vapalahti O. A global perspective on hantavirus ecology, epidemiology, and disease. *Clin. Microbiol. Rev.* 2010; 23(2):412–41. DOI: 10.1128/CMR.00062-09.

2. Guo W.P., Lin X.D., Wang W., Tian J.H., Cong M.L., Zhang H.L., Wang M.R., Zhou R.H., Wang J.B., Li M.H., Xu J., Holmes E.C., Zhang Y.Z. Phylogeny and origins of hantaviruses harbored by bats, insectivores, and rodents. *PLoS Pathog.* 2013; 9(2):e1003159. DOI: 10.1371/journal.ppat.1003159.
3. Holmes E.C., Zhang Y.Z. The evolution and emergence of hantaviruses. *Curr. Opin. Virol.* 2015; 10:27–33. DOI: 10.1016/j.coviro.2014.12.007.
4. Heinemann P., Tia M., Alabi A., Anon J.C., Auste B., Essbauer S., Gnionsahe A., Kigninlman H., Klempa B., Kraef C., Kruger N., Leendertz F.H., Ndhatz-Sanogo M., Schaumburg F., Witkowski P.T., Akoua-Koffi C.G., Kruger D.H. Human Infections by Non-Rodent-Associated Hantaviruses in Africa. *J. Infect. Dis.* 2016; 214(10):1507–11. DOI: 10.1093/infdis/jiw401.
5. Okumura M., Yoshimatsu K., Kumperasart S., Nakamura I., Ogino M., Taruishi M., Sugdee A., Pattamadilok S., Ibrahim I., Erlina S., Agui T., Yanagihara R., Arikawa J. Development of serological assays for Thottapalayam virus, an insectivore-born hantavirus. *Clin. Vaccine Immunol.* 2007; 14(2):173–81. DOI: 10.1128/CI.00347-06.
6. Sokolov I.I., editor. [Mammals of the Fauna of USSR]. L.: "Nauka", 1963. Vol. 1. 638 p.
7. 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.
8. Kang H.J., Arai S., Hope A.G., Cook J.A., Yanagihara R. Novel hantavirus in flat-skulled shrew (*Sorex roboratus*). *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2010; 10(6):593–7. DOI: 10.1089/vbz.2009.0159.
9. Papa A., Vaheri A., LeDuc J.W., Kruger D.H., Avšič-Županc T., Arikawa J., Song J.W., Markotic A., Clement J., Liang M., Li D., Yashina L.N., Jonsson C.B., Schmaljohn C.S. Meeting report: Tenth International Conference on Hantaviruses. *Antiviral Res.* 2016; 133:234–41. DOI: 10.1016/j.antiviral.2016.08.015.
10. Yashina L.N., Abramov S.A., Gutorov V.V., Dupal T.A., Krivopalov A.V., Panov V.V., Danchinova G.A., Vinogradov V.V., Luchnikova E.M., Hay J., Kang H.J., Yanagihara R. Seewis virus: phylogeography of a shrew-borne hantavirus in Siberia, Russia. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2010; 10(6):585–91. DOI: 10.1089/vbz.2009.0154.
11. Klempa B., Fichet-Calvet E., Lecompte E., Auste B., Aniskin V., Meisel H. Hantavirus in African wood mouse, Guinea. *Emerg. Infect. Dis.* 2006; 12:838–40. DOI: 10.3201/eid1205.051487.
12. Kang H.J., Arai S., Hope A.G., Song J.W., Cook J.A., Yanagihara R. Genetic diversity and phylogeography of Seewis virus in the Eurasian common shrew in Finland and Hungary. *Virol. J.* 2009; 6:208. DOI: 10.1186/1743-422X-6-208.

Authors:

Yashina L.N., Malyshev B.S., Kartashov M.Yu. State Scientific Centre of Virology and Biotechnology "Vector". Kol'tsovo, Novosibirsk Region, 630559, Russian Federation. E-mail: vector@vector.nsc.ru.

Abramov S.A., Dupal T.A. Institute of Systematics and Ecology of Animals, RAS Siberian Branch, Novosibirsk, Russian Federation.

Yakimenko V.V., Tantssev A.K. Omsk Research Institute of Natural-Foci Infections. Omsk, Russian Federation.

Об авторах:

Яшина Л.Н., Малышев Б.С., Карташов М.Ю. Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор». Российская Федерация, 630559, Новосибирская обл., п. Колыцово. E-mail: vector@vector.nsc.ru.

Абрамов С.А., Дунал Т.А. Институт систематики и экологии животных СО РАН, Новосибирск, Российская Федерация.

Якименко В.В., Танцев А.К. Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций. Омск, Российская Федерация.

Поступила 11.10.18.

Принята к публ. 29.11.18.