

DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-140-147

УДК 616.98:578.8

П.А. Мочалкин^{1,2}, В.Г. Акимкин³, С.В. Углева³, Е.С. Морозкин³, Е.А. Блинова³, К.А. Сычева³,
Д.Д. Скрипниченко³, Т.А. Бондаренко³, Ю.О. Эпик³, М.Т. Макенов³, А.А. Казак⁴, А.К. Попова⁴,
М.А. Скотарева⁵, О.В. Иванова⁵, Б.Р. Гарифуллин⁵, Н.В. Попов⁶

Сочетанная циркуляция хантавирусов Пуумала, Тула, Сивис на территории Республики Башкортостан

¹ГБУЗ «Республиканский центр дезинфекции», Уфа, Российская Федерация; ²ФГБОУ ВО «Башкирский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации, Уфа, Российская Федерация; ³ФБУН «Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии», Москва, Российская Федерация; ⁴Управление Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по Республике Башкортостан, Уфа, Российская Федерация; ⁵ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Республике Башкортостан», Уфа, Российская Федерация; ⁶ФКУН «Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб», Саратов, Российская Федерация

Цель работы – изучение видового разнообразия патогенных и непатогенных хантавирусов, циркулирующих в популяциях мелких млекопитающих на территории Республики Башкортостан, с помощью молекулярно-генетических методов. **Материалы и методы.** Индивидуальные пробы мелких млекопитающих протестированы с помощью вложенной ПЦР с использованием родоспецифичных праймеров, амплифицирующих участок L-сегмента хантавирусов. Полученные продукты ПЦР секвенированы методом Сэнгера с внутренних праймеров вложенной ПЦР. Для образцов, содержащих вирус Пуумала, секвенированы фрагменты S-, M- и L-сегментов вирусного генома методом Сэнгера. Построение филогенетических деревьев выполнялось с помощью программы MEGA X. **Результаты и обсуждение.** Из 300 исследованных проб млекопитающих, добытых в 2023 г. на территории Республики Башкортостан, обнаружены 14 проб, содержащих РНК хантавирусов Сивис (8), Тула (3), Пуумала (3). Циркуляция непатогенного хантавируса Сивис и условно-патогенного хантавируса Тула на территории Республики Башкортостан установлена впервые. Циркуляция хантавируса Сивис установлена в популяциях обыкновенной бурозубки (*Sorex araneus*) и малой бурозубки (*S. minutus*), хантавируса Тула – в популяциях полевки обыкновенной (*Microtus arvalis*). В результате филогенетического анализа обосновано реассортационное происхождение одного из генетических вариантов хантавируса Пуумала на территории Республики Башкортостан. Обсуждены предпосылки к формированию сочетанных природных очагов хантавирусов Пуумала, Сивис, Тула на территории республики.

Ключевые слова: геморрагическая лихорадка с почечным синдромом, хантавирусы Пуумала, Сивис, Тула, сочетанная циркуляция, заболеваемость.

Корреспондирующий автор: Мочалкин Павел Александрович, e-mail: marketing@dez-ufa.ru.

Для цитирования: Мочалкин П.А., Акимкин В.Г., Углева С.В., Морозкин Е.С., Блинова Е.А., Сычева К.А., Скрипниченко Д.Д., Бондаренко Т.А., Эпик Ю.О., Макенов М.Т., Казак А.А., Попова А.К., Скотарева М.А., Иванова О.В., Гарифуллин Б.Р., Попов Н.В. Сочетанная циркуляция хантавирусов Пуумала, Тула, Сивис на территории Республики Башкортостан. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2024; 2:140–147. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-140-147
Поступила 29.02.2024. Принята к публ. 14.03.2024.

P.A. Mochalkin^{1,2}, V.G. Akimkin³, S.V. Ugleva³, E.S. Morozkin³, E.A. Blinova³, K.A. Sycheva³,
D.D. Skripnichenko³, T.A. Bondarenko³, Yu.O. Epik³, M.T. Makenov³, A.A. Kazak⁴, A.K. Popova⁴,
M.A. Skotareva⁵, O.V. Ivanova⁵, B.R. Garifullin⁵, N.V. Popov⁶

Combined Circulation of Puumala, Tula, Seewis Hantaviruses in the Territory of the Republic of Bashkortostan

¹Republican Center for Disinfection, Ufa, Russian Federation;
²Bashkir State Medical University of the Ministry of Health of the Russian Federation, Ufa, Russian Federation;
³Central Research Institute of Epidemiology, Moscow, Russian Federation;
⁴Rospotrebnadzor Administration in the Republic of Bashkortostan, Ufa, Russian Federation;
⁵Center of Hygiene and Epidemiology in the Republic of Bashkortostan, Ufa, Russian Federation;
⁶Russian Research Anti-Plague Institute "Microbe", Saratov, Russian Federation

Abstract. The aim of the work was to study the species diversity of pathogenic and non-pathogenic hantaviruses circulating in populations of small mammals in the Republic of Bashkortostan using molecular-genetic methods. **Materials and methods.** Individual samples from small mammals were tested by the nested PCR using genus-specific primers that amplify the L segment of hantaviruses. The resulting PCR products were sequenced by the Sanger's method from internal nested PCR primers. For samples containing Puumala virus, fragments of the S, M, and L segments of the viral genome were sequenced using Sanger's method. The construction of phylogenetic trees was carried out using the MEGA X software. **Results and discussion.** Out of 300 examined samples of small mammals collected on the territory of the Republic of Bashkortostan in 2023, 14 samples have been found positive for the presence of hantavirus RNA: Seewis (8), Tula (3), Puumala (3). The circulation of the non-pathogenic hantavirus Seewis and the opportunistic hantavirus Tula has been established for the first time in the Republic of Bashkortostan. The circulation of the Seewis hantavirus has been confirmed in populations of the common shrew (*Sorex araneus*) and the pygmy shrew (*S. minutus*); the Tula hantavirus – in populations of the common vole (*Microtus arvalis*). Results of phylogenetic analysis substantiate the reassortment origin of one of the genetic variants of the Puumala hantavirus on the territory of the Republic of Bashkortostan. The prerequisites for the formation of combined natural foci of hantaviruses Puumala, Seewis, and Tula on the territory of the Republic of Bashkortostan are discussed.

Key words: hemorrhagic fever with renal syndrome, Puumala, Seewis, Tula hantaviruses, combined circulation, morbidity.

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

Funding: The authors declare no additional financial support for this study.

Bioethics: All stages of the research complied with the legislation of the Russian Federation, international ethical standards and regulatory documents of the institution.

Corresponding author: Pavel A. Mochalkin, e-mail: marketing@dez-ufa.ru.

Citation: Mochalkin P.A., Akimkin V.G., Ugleva S.V., Morozkin E.S., Blinova E.A., Sycheva K.A., Skripnichenko D.D., Bondarenko T.A., Epik Yu.O., Makenov M.T., Kazak A.A., Popova A.K., Skotareva M.A., Ivanova O.V., Garifullin B.R., Popov N.V. Combined Circulation of Puumala, Tula, Seewis Hantaviruses in the Territory of the Republic of Bashkortostan. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2024; 2:140–147. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2024-2-140-147

Received 29.02.2024. Accepted 14.03.2024.

Mochalkin P.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7415-1299>
 Akimkin V.G., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8139-0247>
 Ugleva S.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1322-0155>
 Morozkin E.S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8407-2623>
 Blinova E.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9083-4137>
 Sycheva K.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9083-4137>
 Skripnichenko D.D., ORCID: <https://orcid.org/0009-0004-7514-3724>

Bondarenko T.A., ORCID: <https://orcid.org/0009-0006-1552-8512>
 Epik Yu.O., ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-9020-1967>
 Makenov M.T., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6835-4572>
 Ivanova O.V., ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-5329-2409>
 Garifullin B.R., ORCID: <https://orcid.org/0009-0004-6013-3996>
 Popov N.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4099-9261>

В Приволжском федеральном округе на территории Республики Башкортостан (РБ) расположен один из активных природных очагов геморрагической лихорадки с почечным синдромом (ГЛПС) в Российской Федерации, характеризующийся постоянно высоким уровнем эпидемических проявлений [1, 2]. В многолетнем аспекте доля случаев заражения ГЛПС в РБ достигает от 14,1 до 35,9 % от общероссийских показателей. Первые случаи заболевания людей, клинически идентифицированные как ГЛПС, зарегистрированы в РБ в 1955 г. [3]. С 1957 г. здесь ежегодно имели место многочисленные случаи заражения ГЛПС. В 90-х гг. прошлого столетия показатели заболеваемости достигали 60–100 на 100 тыс. населения, число заболевших практически ежегодно достигало 2–3 тыс. человек. Наиболее значительная вспышка зарегистрирована здесь в 1997 г. (9403 больных), когда заболеваемость достигла 224 случаев на 100 тыс. населения [4]. В XXI столетии высокие показатели заболеваемости ГЛПС отмечены в 2009 г. (80,37 на 100 тыс. населения), 2014 г. (81,67 на 100 тыс. населения) и 2022 г. (74,8 на 100 тыс. населения) [5]. В настоящее время ГЛПС регистрируется в 53 районах (из 54) и 12 городах (из 14) в границах лесной, лесостепной и степной ландшафтно-географических зон РБ. Заболеваемость ГЛПС в РБ ассоциирована с вирусом Пуумала, основным резервуаром которого в природных очагах и источником заражения людей является рыжая полевка (*Myodes glareolus*) [6, 7]. Динамика заболеваемости ГЛПС во многом определяется соответствующими показателями относительного числа инфицированных особей этого вида [8]. Вплоть до 2021 г. в РБ регистрировали циркуляцию только хантавируса вида Пуумала, хотя в 1990-х гг. при исследовании иммунологическими методами сывороток крови больных ГЛПС были обнаружены антитела к хантавирусу Добрава-Белград [9]. В 2021 г. при исследовании мелких млекопитающих методом ПЦР с набором реагентов ООМ-119 «ОМ-Скрин-ГЛПС-РВ» установлена циркуляция хантавируса Добрава-Белград (Куркино) в Бирском, Благовещенском,

Гафурийском, Ишимбайском, Краснокамском, Чишминском административных районах, городах Уфа и Октябрьский. Хантавирус Добрава-Белград (Куркино) зарегистрирован в пробах полевого материала от полевой, лесной, желтогорлой мыши, обыкновенной, рыжей полевки и полевки-экономки [10]. Учитывая наличие природных очагов хантавирусов Тула в европейской части России [11, 12] и Сивис в Восточной и Западной Сибири [13], предположительно формирование сочетанных природных очагов различных видов патогенных и непатогенных хантавирусов на территории РБ. В пользу этой гипотезы свидетельствует и тот факт, что резервуарные хозяева хантавирусов Пуумала (рыжая полевка, *M. glareolus*), Добрава-Белград (Куркино) (полевая мышь, *Apodemus agrarius*), Сивис (близкородственные виды бурузубок: *Sorex araneus*, *S. tundrensis* и *S. daphaenodon*), Тула (обыкновенная полевка, *Microtus arvalis*) являются фоновыми видами на большей части территории РБ. В 2023 г. для проверки гипотезы о наличии на территории РБ сочетанных природных очагов хантавирусов Пуумала, Добрава-Белград (Куркино), Сивис, Тула выполнен поиск и изучение их генетического многообразия в популяциях мелких млекопитающих на территории РБ.

Цель исследования – изучение видового разнообразия патогенных и непатогенных хантавирусов, циркулирующих в популяциях мелких млекопитающих на территории РБ, с помощью молекулярно-генетических методов.

Материалы и методы

Сбор полевого материала проводили в соответствии с МР 3.1.0211-20 «Отлов, учет и прогноз численности мелких млекопитающих и птиц в природных очагах инфекций». В осенний период 2023 г. на энзоотичной по ГЛПС территории РБ отработано 5025 ловушко-ночей, отловлено 300 экз. мелких млекопитающих 12 видов. Доминирующими видами мелких млекопитающих в осенний период 2023 г. являлись лесная мышь (118 экз.), обыкновенная

(52 экз.) и рыжая (43 экз.) полевки, полевая мышь (35 экз.), бурозубка обыкновенная (28 экз.).

Образцы легочной ткани мелких млекопитающих гомогенизировали в 0,9 % растворе натрия хлорида с помощью гомогенизатора QIAGEN TissueLyser с приготовлением 10 % суспензии. Экстракцию РНК проводили с использованием набора реагентов «РИБО-преп» (ФБУН ЦНИИЭ, Москва, Россия) согласно инструкции производителя. Пробы анализировали методом ОТ-ПЦР с гибридизационно-флуоресцентной детекцией в режиме реального времени с помощью тест-системы для выявления и дифференциации РНК вирусов Пуумала и Добрава-Белград, разрабатываемой на базе ФБУН «Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии» Роспотребнадзора. Для получения кДНК из образцов использовали набор «Реверта L» (ФБУН ЦНИИЭ, Москва, Россия) согласно инструкции производителя. Все образцы протестированы с помощью вложенной ПЦР с использованием родоспецифичных праймеров, амплифицирующих участки L-сегмента хантавирусов [14]. Полученные ампликоны секвенированы методом Сэнгера с внутренних праймеров вложенной ПЦР с использованием набора BigDye Terminator v1.1 (Thermo Fisher Scientific, Остин, Техас, США) на генетическом анализаторе Applied Biosystems 3500xL (Applied Biosystems, Фостер-Сити, Калифорния, США).

Для образцов, выявленных методом ОТ-ПЦР как содержащие вирус Пуумала, экстракция РНК прове-

дена повторно методом фенол-хлороформенной экстракции с использованием набора «РИБО-золь-АМ» (ФБУН ЦНИИЭ, Москва, Россия) согласно инструкции производителя.

Аmplification проводили согласно описанной ранее методике [15]. Для визуализации результатов амплификации выполнен электрофорез в 1,7 % агарозном геле. Для каждого из образцов фрагменты S-, M- и L-сегментов секвенированы методом Сэнгера с использованием праймеров PL-f11/PL-r11, PM-f3/PM-r3, PS-f3/PS-r3 [15].

Для первичной обработки данных секвенирования использовалось программное обеспечение DNASTAR Lasergene SeqMan версии 7.0.0. Полученные последовательности дополнены последовательностями из базы данных GenBank. Для филогенетического анализа последовательности предварительно выравнены с использованием алгоритма Muscle в программе MEGA X. Построение филогенетических деревьев выполнялось с использованием метода Neighbour Joining со значением Bootstrap 1000 с помощью программы MEGA X.

Результаты и обсуждение

В результате эпизоотологического мониторинга энзоотичных по ГЛПС территорий РБ в осенний период 2023 г. получены образцы легких от 300 млекопитающих. Результаты тестирования образцов с использованием двух ПЦР-методик представлены в табл. 1.

Таблица 1 / Table 1

Результаты ПЦР-тестирования образцов легких мелких млекопитающих, добытых в осенний период 2023 г. в РБ
Results of PCR study of lung samples from small mammals caught in the Republic of Bashkortostan in the autumn of 2023

Вид Species	Количество пойманных особей Number of collected specimens	Вложенная ПЦР (родовые праймеры на хантавирусы) Nested PCR (generic primers for hantaviruses)	ОТ-ПЦР в реальном времени для выявления РНК вирусов Пуумала/Добрава Real-time RT-PCR for the detection of RNA of Puumala/Dobrava viruses
Полевка рыжая Bank vole	43	3	3 (обнаружена РНК Пуумала) 3 (Puumala RNA detected)
Полевка-экономка Root vole	5	0	0
Полевка красная Northern red-backed vole	2	0	0
Полевка обыкновенная Common vole	52	3	0
Кутора обыкновенная Eurasian water shrew	1	0	0
Мышь желтогорлая Yellow-necked mouse	9	0	0
Мышь домовая House mouse	2	0	0
Мышь лесная Wood mouse	118	0	0
Мышь полевая Striped field mouse	35	0	0
Мышь-малютка Harvest mouse	2	0	0
Бурозубка обыкновенная Common shrew	28	7	0
Бурозубка малая Pygmy shrew	3	1	0

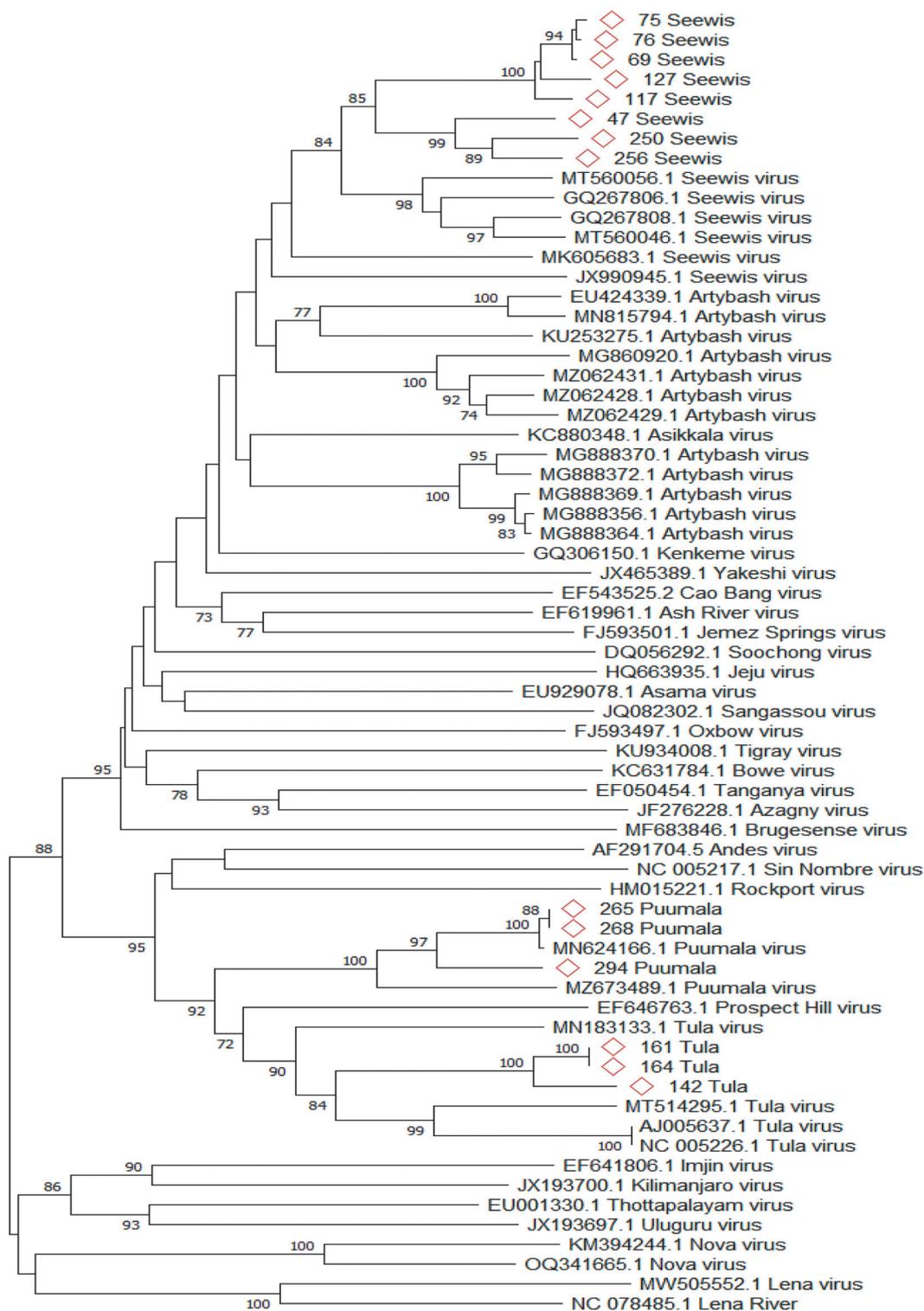


Рис. 1. Филогенетическое дерево, построенное на основании выравнивания фрагмента L-сегмента

Fig. 1. Phylogenetic tree based on the alignment of L segment fragment

Зараженность мелких млекопитающих хантавирусами составила 7,0 % для рыжих полевков, 5,8 % для обыкновенных полевков, 25,0 % для бурозубок обыкновенных и 33,3 % для малых бурозубок.

Положительные образцы секвенированы с праймерами, фланкирующими фрагмент L-сегмента длиной 347–348 нуклеотидов. На основании полученных последовательностей и последовательностей из

базы данных GenBank построено филогенетическое дерево, позволяющее определить их видовую принадлежность (рис. 1).

Филогенетический анализ показал наличие вирусов Сивис, Тула и Пуумала среди полученных образцов (рис. 1). Результаты секвенирования вирусных последовательностей представлены в табл. 2.

Таблица 2 / Table 2

Данные о результатах секвенирования хантавирусов в мелких млекопитающих, отловленных в осенний период 2023 г. в РБ

Results of sequencing of hantaviruses in small mammals captured in the Republic of Bashkortostan in the autumn of 2023

№ образца проб полевого материала No. of the field material sample	Название вида мелких млекопитающих, источника изоляции хантавируса Name of small mammal species, source of hantavirus isolation	Вид хантавируса Hantavirus species	Сегмент, длина, нт Segment, length, nt	GenBank, ID
47	Бурозубка обыкновенная Common shrew	Сивис Seewis	L, 348	PP375544
69	Бурозубка обыкновенная Common shrew	Сивис Seewis	L, 348	PP375545
75	Бурозубка обыкновенная Common shrew	Сивис Seewis	L, 348	PP375546
76	Бурозубка обыкновенная Common shrew	Сивис Seewis	L, 348	PP375547
117	Бурозубка обыкновенная Common shrew	Сивис Seewis	L, 348	PP375548
127	Бурозубка обыкновенная Common shrew	Сивис Seewis	L, 348	PP375549
142	Полевка обыкновенная Common vole	Тула Tula	L, 347	PP375541
161	Полевка обыкновенная Common vole	Тула Tula	L, 347	PP375542
164	Полевка обыкновенная Common vole	Тула Tula	L, 347	PP375543
250	Бурозубка малая Pygmy shrew	Сивис Seewis	L, 348	PP375550
256	Бурозубка обыкновенная Common shrew	Сивис Seewis	L, 348	PP375551
265	Полевка рыжая Bank vole	Пуумала Puumala	L, 347	PP375539
			L, 491	PP375552
			M, 502	PP375556
			S, 503	PP375559
268	Полевка рыжая Bank vole	Пуумала Puumala	L, 347	PP375540
			L, 491	PP375553
			M, 502	PP375557
294	Полевка рыжая Bank vole	Пуумала Puumala	S, 503	PP375558
			L, 347	PP375538
			L, 491	PP375554
			M, 502	PP375555
			S, 503	PP375560

Таким образом, данное исследование показало совпадение результатов работы методики ОТ-ПЦР для выявления РНК вирусов Пуумала/Добрава и вложенной ПЦР с использованием родоспецифичных праймеров с последующим секвенированием.

Для образцов № 265, 268 и 294 получены последовательности вируса Пуумала, соответствующие каждому из трех сегментов геномной РНК. Для построения дендрограмм также использованы последовательности из базы данных GenBank. Филогенетические деревья построены на основании выравниваний, соответствующих 491 нуклеотиду L-сегмента, 502 нуклеотидам M-сегмента и 357 нуклеотидам S-сегмента, соответствующим кодирующим частям последовательностей (рис. 2).

Различия в топологии филогенетических деревьев по L- и M-сегментам свидетельствуют о реас-

сортационном событии, произошедшем на территории РБ. Малая длина полученных последовательностей не позволяет также исключить, что данные различия получились в результате рекомбинации. Что касается S-сегмента, длина последовательности в 357 нуклеотидов не позволяет делать выводы на основании дендрограммы с недостаточным разрешением узлов. Внутривидовая реассортация между различными генетическими вариантами хантавируса Пуумала согласуется с литературными данными [16–19].

Циркуляция хантавируса Сивис установлена в популяциях обыкновенной бурозубки (*S. araneus*) на территории Уфы, Кармаскалинского и Калтасинского районов, а также малой бурозубки (*S. minutus*) на территории н.п. Юматово Уфимского района; хантавируса Тула – в популяциях полевки обыкновенной

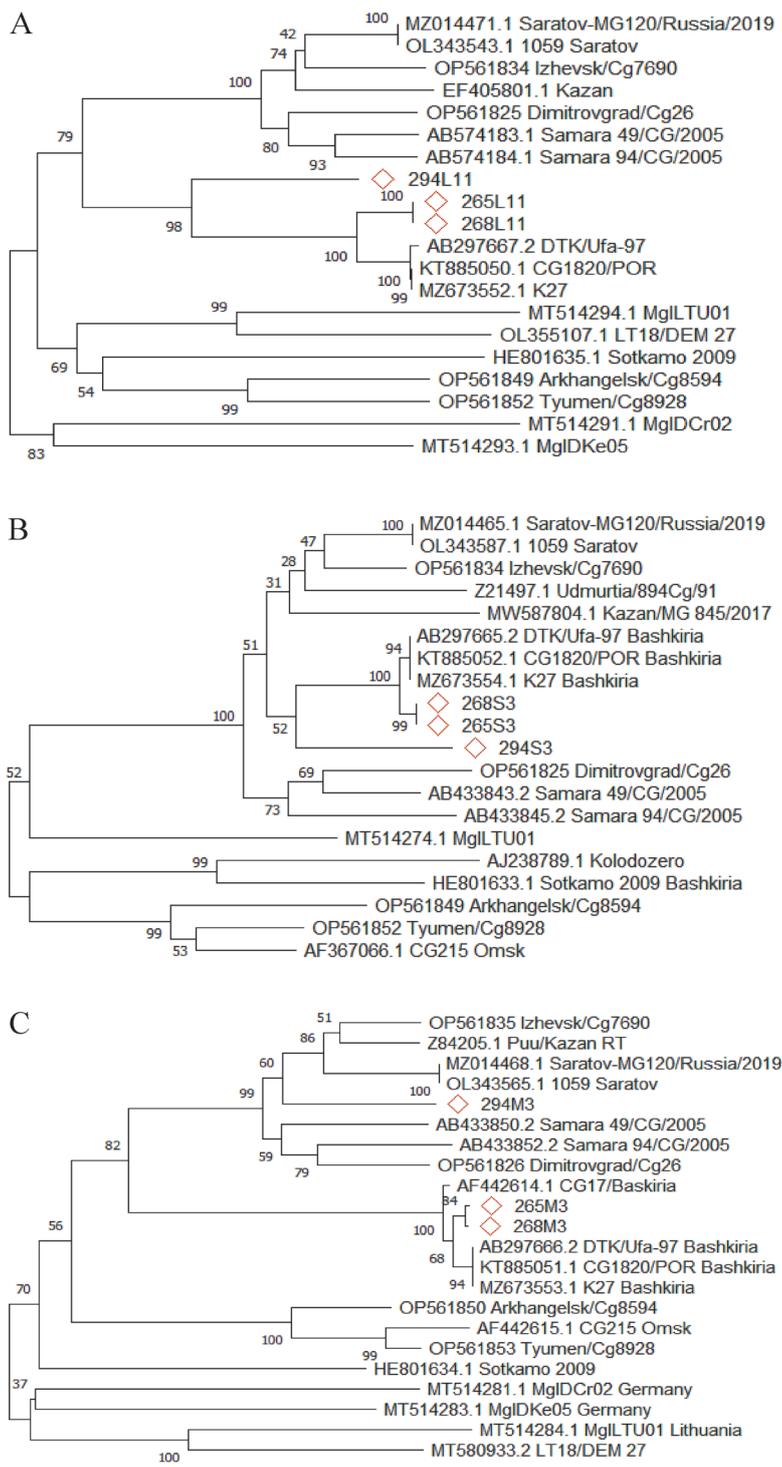


Рис. 2. Филогенетические деревья, построенные на основании выравниваний:

A – 491 нуклеотид L-сегмента (частичная открытая рамка считывания, OPC); B – 502 нуклеотида M-сегмента (частичная OPC); C – 357 нуклеотидов S-сегмента (частичная OPC); последовательности, полученные в этом исследовании, выделены маркировкой

Fig. 2. Phylogenetic trees based on alignments:

A – 491 nucleotides of the L segment (partial open reading frame, ORF); B – 502 nucleotides of the M segment (partial ORF); C – 357 nucleotides of the S segment (partial ORF); sequences obtained in this study are marked with icons

(*M. arvalis*) на территории Калтасинского района (табл. 3).

Таким образом, циркуляция хантавирусов Пуумала, Сивис, Тула подтверждена генетическими методами в популяциях мелких млекопитающих, которые являются их природными резервуарами, то есть результаты исследований полностью согласуются с литературными данными [12, 13, 20]. Полученные результаты также свидетельствуют о формировании сочетанных природных очагов хантавирусов Пуумала, Сивис, Тула на территории РБ. Циркуляция непатогенных и условно-патогенных видов хантави-

русов Сивис и Тула впервые установлена на территории РБ и оценка эпидемиологических последствий их сочетанной циркуляции требует дополнительных исследований. В этом плане особый эпидемиологический интерес представляет регистрация хантавируса Сивис на территории Уфы и сельских населенных пунктов Уфимского, Кармаскалинского и Калтасинского районов, что усиливает риски заражения этим вирусом человека.

Несмотря на то, что случаев заражения хантавирусом Сивис не зарегистрировано, а для хантавируса Тула подтверждены лишь единичные случаи заболе-

Таблица 3 / Table 3

Видовой спектр мелких млекопитающих, инфицированных хантавирусами, по городам и административным районам РБ в осенний период 2023 г.

Species spectrum of small mammals infected with hantaviruses, distributed by different regions and cities of the Republic of Bashkortostan, collected in the autumn of 2023

Название хантавируса Hantavirus	Видовое название мелкого млекопитающего Mammal species	Количество зараженных особей, экз. Number of infected specimens, pcs	Название города, административного района City, administrative region
Сивис Seewis	Бурозубка обыкновенная Common shrew	7	г. Уфа, Кармаскалинский (н.п. Кармаскалы, н.п. Кабаково), Калтасинский Ufa, Karmaskalinsky region (Karmaskaly settlement, Kabakovo settlement), Kaltasinsky region
	Бурозубка малая Pygmy shrew	1	Уфимский (н.п. Юматово) Ufimsky region (Umatovo settlement)
Тула Tula	Полевка обыкновенная Common vole	3	Калтасинский Kaltasinsky region
Пуумала Puumala	Полевка рыжая Bank vole	3	г. Октябрьский, Уфимский (н.п. Черкассы) Oktyabrsky city, Ufimsky region (Cherkassy settlement)

вания ГЛПС [21, 22], потенциальная эпидемическая опасность территории РБ при сочетанной циркуляции хантавирусов Сивис, Тула и Пуумала значительно возросла.

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

Финансирование. Авторы заявляют об отсутствии дополнительного финансирования при проведении данного исследования.

Биоэтика. Все стадии исследования соответствовали законодательству РФ, международным этическим нормам и нормативным документам учреждения.

Список литературы

1. Савицкая Т.А., Иванова А.В., Исаева Г.Ш., Решетникова И.Д., Трифонов В.А., Зиятдинов В.Б., Магеррамов Ш.В., Хусаинова Р.М., Транквилевский Д.В. Анализ эпидемиологической ситуации по геморрагической лихорадке с почечным синдромом в Российской Федерации в 2022 г. и прогноз ее развития на 2023 г. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2023; 1:85–95. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-1-85-95.
2. Малеев В.В., Токмалаев А.К., Кожевникова Г.М., Голуб В.П., Половинкина Н.А., Харламова Т.В., Коннов В.В., Барышева И.В., Емероле К.Ч. Хантавирусная инфекция. Успехи и проблемы. *Инфекционные болезни.* 2021; 19(1):110–8. DOI: 10.20953/1729-9225-2021-1-110-118.
3. Tkachenko E.A., Ishmukhametov A.A., Dzagurova T.K., Bernshtein A.D., Morozov V.G., Siniugina A.A., Kurashova S.S., Balkina A.S., Tkachenko P.E., Kruger D.H., Klempa B. Hemorrhagic fever with renal syndrome, Russia. *Emerg. Infect. Dis.* 2019; 25(12):2325–8. DOI: 10.3201/eid2512.181649.
4. Мочалкин П.А., Мочалкин А.П., Степанов Е.Г., Фарвазова Л.А., Попов Н.В., Немцова С.Н. Особенности динамики заболеваемости геморрагической лихорадкой с почечным синдромом в Республике Башкортостан. *Дезинфекционное дело.* 2021; 2:44–50. DOI: 10.35411/2076-457X-2021-2-44-50.
5. Мочалкин П.А., Мочалкин А.П., Фарвазова Л.А., Попов Н.В., Девятков М.Ю. О циклических проявлениях динамики заболеваемости геморрагической лихорадкой с почечным синдромом в Российской Федерации. *Дезинфекционное дело.* 2023; 2:57–66. DOI: 10.35411/2076-457X-2023-2-57-66.
6. Транквилевский Д.В. Об инфицированности мелких млекопитающих возбудителями зоонозов в Российской Федерации. *Здоровье населения и среда обитания – ЗНССО.* 2016; 10:53–6.
7. Ткаченко Е.А., Ишмухаметов А.А. История изучения этиологии геморрагической лихорадки с почечным синдромом. *Медицинский совет.* 2017; 4:86–92. DOI: 10.21518/2079-701X-2017-4-86-92.
8. Иванова А.В., Сафронов В.А., Попов Н.В., Куклев Е.В. Эпидемиологическое районирование территории Приволжского

федерального округа по уровню потенциальной эпидемической опасности природных очагов геморрагической лихорадки с почечным синдромом. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2020; 1:91–6. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-1-91-96.

9. Ткаченко Е.А., Дзагурова Т.К., Бернштейн А.Д., Коротина Н.А., Окулова Н.М., Мутных Е.С., Иванов А.П., Ишмухаметов А.А., Юничева Ю.В., Пиликова О.М., Морозов В.Г., Транквилевский Д.В., Городин В.Н., Бахтина В.А., Соцкова С.Е. Геморрагическая лихорадка с почечным синдромом (история, проблемы и перспективы изучения). *Эпидемиология и вакцинопрофилактика.* 2016; 15(3):23–34. DOI: 10.31631/2073-3046-2016-15-3-23-34.

10. Мочалкин П.А., Мочалкин А.П., Казак А.А., Фарвазова Л.А., Скотарева М.А., Иванова О.В., Попов Н.В. К вопросу формирования сочетанных природных очагов хантавирусов Пуумала и Добрава-Белград в Республике Башкортостан. *Пест-менеджмент.* 2022; 1:5–12. DOI: 10.25732/PM.2022.121.1.001.

11. Малецкая О.В., Таран Т.В., Прислегина Д.А., Платонов А.Е., Дубянский В.М., Волынкина А.С., Василенко Н.Ф., Тохов Ю.Н., Цапко Н.В. Природно-очаговые вирусные лихорадки на юге европейской части России. Геморрагическая лихорадка с почечным синдромом. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2019; 4:79–84. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-4-79-84.

12. Schlegel M., Kindler E., Essbauer S.S., Wolf R., Thiel J., Groschup M.H., Heckel G., Oehme R.M., Ulrich R.G. Tula virus infections in the Eurasian water vole in Central Europe. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2012; 12(6):503–13. DOI: 10.1089/vbz.2011.0784.

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

14. Klempa B., Fichet-Calvet E., Lecompte E., Auste B., Aniskin V., Meisel H., Denys C., Koivogui L., ter Meulen J., Krüger D.H. Hantavirus in African wood mouse, Guinea. *Emerg. Infect. Dis.* 2006; 12(5):838–40. DOI: 10.3201/eid1205.051487.

15. Blinova E., Deviatkin A., Kurashova S., Balovneva M., Volgina I., Valdokhina A., Bulanenko V., Popova Y., Belyakova A., Dzagurova T. A fatal case of haemorrhagic fever with renal syndrome in Kursk Region, Russia, caused by a novel Puumala virus clade. *Infect. Genet. Evol.* 2022; 102:105295. DOI: 10.1016/j.meegid.2022.105295.

16. Castel G., Chevenet F., Razzauti M., Murri S., Marianneau P., Cosson J.F., Tordo N., Plyusnin A. Phylogeography of Puumala orthohantavirus in Europe. *Viruses.* 2019; 11(8):679. DOI: 10.3390/v11080679.

17. Blinova E., Deviatkin A., Makenov M., Popova Y., Dzagurova T. Evolutionary formation and distribution of Puumala virus genome variants, Russia. *Emerg. Infect. Dis.* 2023; 29(7):1420–4. DOI: 10.3201/eid2907.221731.

18. Kabwe E., Davidyuk Y., Shamsutdinov A., Garanina E., Martynova E., Kitaeva K., Malisheni M., Isaeva G., Savitskaya T., Urbanowicz R.A., Morzunov S., Katongo C., Rizvanov A., Khaiboullina S. Orthohantaviruses, emerging zoonotic pathogens. *Pathogens.* 2020; 9(9):775. DOI: 10.3390/pathogens9090775.

19. Klempa B. Reassortment events in the evolution of hantaviruses. *Virus Genes.* 2018; 54(5):638–46. DOI: 10.1007/s11262-018-1590-z.

20. Garanina S.B., Platonov A.E., Zhuravlev V.I., Murashkina A.N., Yakimenko V.V., Korneev A.G., Shipulin G.A. Genetic diver-

sity and geographic distribution of hantaviruses in Russia. *Zoonoses Public Health*. 2009; 56(6-7):297–309. DOI: 10.1111/j.1863-2378.2008.01210.x.

21. Hofmann J., Kramer S., Herrlinger K.R., Jeske K., Kuhns M., Weiss S., Krüger D.H. Tula virus as causative agent of hantavirus disease in immunocompetent person, Germany. *Emerg. Infect. Dis.* 2021; 27(4):1234–7. DOI: 10.3201/eid2704.203996.

22. Reynes J.M., Carli D., Boukezia N., Debruyne M., Herti S. Tula hantavirus infection in a hospitalised patient, France, June 2015. *Euro Surveill.* 2015; 20(50). DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2015.20.50.30095.

References

1. Savitskaya T.A., Ivanova A.V., Isaeva G.Sh., Reshetnikova I.D., Trifonov V.A., Ziatdinov V.B., Magarramov Sh.V., Khusainova R.M., Trankvilevsky D.V. [Analysis of the epidemiological situation on hemorrhagic fever with renal syndrome in the Russian Federation in 2022 and forecast of its development for 2023]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2023; (1):85–95. DOI: 10.21055/0370-1069-2023-1-85-95.

2. Maleev V.V., Tokmalaev A.K., Kozhevnikova G.M., Golub V.P., Polovinkina N.A., Kharlamova T.V., Konnov V.V., Barysheva I.V., Emerole K.Ch. [Hantavirus infection. Achievements and challenges]. *Infektsionnye Bolezni [Infectious Diseases]*. 2021; 19(1):110–8. DOI: 10.20953/1729-9225-2021-1-110-118.

3. Tkachenko E.A., Ishmukhametov A.A., Dzagurova T.K., Bernshtein A.D., Morozov V.G., Siniugina A.A., Kurashova S.S., Balkina A.S., Tkachenko P.E., Kruger D.H., Klempa B. Hemorrhagic fever with renal syndrome, Russia. *Emerg. Infect. Dis.* 2019; 25(12):2325–8. DOI: 10.3201/eid2512.181649.

4. Mochalkin P.A., Mochalkin A.P., Stepanov E.G., Farvazova L.A., Popov N.V., Nemtsova S.N. [Features of the dynamics of hemorrhagic fever with renal syndrome incidence in the Republic of Bashkortostan]. *Dezinfektsionnoe Delo [Disinfection Affairs]*. 2021; (2):44–50. DOI: 10.35411/2076-457X-2021-2-44-50.

5. Mochalkin P.A., Mochalkin A.P., Farvazova L.A., Popov N.V., Devyatkov M.Yu. [On the cyclical manifestations of the dynamics of the incidence of hemorrhagic fever with renal syndrome in the Russian Federation]. *Dezinfektsionnoe Delo [Disinfection Affairs]*. 2023; (2):57–66. DOI: 10.35411/2076-457X-2023-2-57-66.

6. Trankvilevsky D.V. [Concerning infection of small mammals with pathogens of zoonoses in the Russian Federation]. *Zdorov'e Naseleniya i Sreda Obitaniya [Public Health and Life Environment]*. 2016; (10):53–6.

7. Tkachenko E.A., Ishmukhametov A.A. [History of the study of hemorrhagic fever infection with renal syndrome]. *Meditsinsky Sovet [Medical Council]*. 2017; (4):86–92. DOI: 10.21518/2079-701X-2017-4-86-92.

8. Ivanova A.V., Safronov V.A., Popov N.V., Kuklev E.V. [Epidemiological zoning of the Volga Federal District territory by the level of potential epidemic hazard of hemorrhagic fever with renal syndrome natural foci]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2020; (1):91–6. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-1-91-96.

9. Tkachenko E.A., Dzagurova T.K., Bernshtein A.D., Korotina N.A., Okulova N.M., Mutnykh E.S., Ivanov A.P., Ishmukhametov A.A., Yunicheva Yu.V., Pilikova O.M., Morozov V.G., Trankvilevsky D.V., Gorodin V.N., Bakhtina V.A., Sotskova S.E. [Hemorrhagic fever with renal syndrome (history, problems and research perspectives)]. *Epidemiologiya i Vaktsinoprofilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2016; 15(3):23–34. DOI: 10.31631/2073-3046-2016-15-3-23-34.

10. Mochalkin P.A., Mochalkin A.P., Kazak A.A., Farvazova L.A., Skotareva M.A., Ivanova O.V., Popov N.V. [To the issue of generation of combined natural foci of Puumala and Kurkino hantaviruses in the Republic of Bashkortostan]. *Pest-Management*. 2022; (1):5–12. DOI: 10.25732/PM.2022.121.1.001.

11. Maletskaya O.V., Taran T.V., Prisleгина D.A., Platonov A.E., Dubyansky V.M., Volynkina A.S., Vasilenko N.F., Tokhov Yu.N., Tsapko N.V. [Natural focal viral fevers in the south of the European part of Russia. Hemorrhagic fever with renal syndrome]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2019; (4):79–84. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-4-79-84.

12. Schlegel M., Kindler E., Essbauer S.S., Wolf R., Thiel J., Groschup M.H., Heckel G., Oehme R.M., Ulrich R.G. Tula virus infections in the Eurasian water vole in Central Europe. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2012; 12(6):503–13. DOI: 10.1089/vbz.2011.0784.

13. Yashina L.N., Abramov S.A., Dupal T.A., Yakimenko V.V., Tantshev 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. DOI: 10.21055/0370-1069-2018-4-89-93.

14. Klempa B., Fichet-Calvet E., Lecompte E., Auste B., Aniskin V., Meisel H., Denys C., Koivogui L., ter Meulen J., Krüger D.H. Hantavirus in African wood mouse, Guinea. *Emerg. Infect. Dis.* 2006; 12(5):838–40. DOI: 10.3201/eid1205.051487.

15. Blinova E., Deviatkin A., Kurashova S., Balovneva M., Volgina I., Valdokhina A., Bulanenko V., Popova Y., Belyakova A., Dzagurova T. A fatal case of haemorrhagic fever with renal syndrome in Kursk Region, Russia, caused by a novel Puumala virus clade. *Infect. Genet. Evol.* 2022; 102:105295. DOI: 10.1016/j.meegid.2022.105295.

16. Castel G., Chevenet F., Razzauti M., Murri S., Marianneau P., Cosson J.F., Tordo N., Plyusnin A. Phylogeography of Puumala orthohantavirus in Europe. *Viruses*. 2019; 11(8):679. DOI: 10.3390/v11080679.

17. Blinova E., Deviatkin A., Makenov M., Popova Y., Dzagurova T. Evolutionary formation and distribution of Puumala virus genome variants, Russia. *Emerg. Infect. Dis.* 2023; 29(7):1420–4. DOI: 10.3201/eid2907.221731.

18. Kabwe E., Davidiyuk Y., Shamsutdinov A., Garanina E., Martynova E., Kitaeva K., Malisheni M., Isaeva G., Savitskaya T., Urbanowicz R.A., Morzunov S., Katongo C., Rizvanov A., Khaiboullina S. Orthohantaviruses, emerging zoonotic pathogens. *Pathogens*. 2020; 9(9):775. DOI: 10.3390/pathogens9090775.

19. Klempa B. Reassortment events in the evolution of hantaviruses. *Virus Genes*. 2018; 54(5):638–46. DOI: 10.1007/s11262-018-1590-z.

20. Garanina S.B., Platonov A.E., Zhuravlev V.I., Murashkina A.N., Yakimenko V.V., Korneev A.G., Shipulin G.A. Genetic diversity and geographic distribution of hantaviruses in Russia. *Zoonoses Public Health*. 2009; 56(6-7):297–309. DOI: 10.1111/j.1863-2378.2008.01210.x.

21. Hofmann J., Kramer S., Herrlinger K.R., Jeske K., Kuhns M., Weiss S., Krüger D.H. Tula virus as causative agent of hantavirus disease in immunocompetent person, Germany. *Emerg. Infect. Dis.* 2021; 27(4):1234–7. DOI: 10.3201/eid2704.203996.

22. Reynes J.M., Carli D., Boukezia N., Debruyne M., Herti S. Tula hantavirus infection in a hospitalised patient, France, June 2015. *Euro Surveill.* 2015; 20(50). DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2015.20.50.30095.

Authors:

Mochalkin P.A. Republican Center for Disinfection; 127/1, Mingazheva St., Ufa, 450005, Republic of Bashkortostan, Russian Federation; e-mail: dezufa@dez-ufa.ru. Bashkir State Medical University of the Ministry of Health of the Russian Federation; 3, Lenina St., Ufa, 450008, Republic of Bashkortostan, Russian Federation.

Akimkin V.G., Ugleva S.V., Morozkin E.S., Blinova E.A., Sycheva K.A., Skripnichenko D.D., Bondarenko T.A., Epik Yu.O., Makenov M.T. Central Research Institute of Epidemiology. 3a, Novogireevskaya St., Moscow, 111123, Russian Federation. E-mail: crie@pcr.ru.

Kazak A.A., Popova A.K. Rosпотребнадзор Administration in the Republic of Bashkortostan. 58, Richard Sorge St., Ufa, 450054, Republic of Bashkortostan, Russian Federation. E-mail: rpnr@02.rosпотребнадzor.ru.

Skotareva M.A., Ivanova O.V., Garifullin B.R. Center of Hygiene and Epidemiology in the Republic of Bashkortostan. 7, Shafieva St., Ufa, 450054, Republic of Bashkortostan, Russian Federation. E-mail: fguz@02.rosпотребнадzor.ru.

Popov N.V. Russian Research Anti-Plague Institute “Microbe”. 46, Universitetskaya St., Saratov, 410005, Russian Federation. E-mail: rusrap@microbe.ru.

Об авторах:

Мочалкин П.А. Республиканский центр дезинфекции; Российская Федерация, 450005, Республика Башкортостан, Уфа, ул. Мингажева, 127/1; e-mail: dezufa@dez-ufa.ru. Башкирский государственный медицинский университет; Российская Федерация, 450008, Республика Башкортостан, Уфа, ул. Ленина, 3.

Акимкин В.Г., Углева С.В., Морозкин Е.С., Блинова Е.А., Сычева К.А., Скрипниченко Д.Д., Бондаренко Т.А., Эпик Ю.О., Макенов М.Т. Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии. Российская Федерация, 111123, Москва, ул. Новогиреевская, 3а. E-mail: crie@pcr.ru.

Казак А.А., Попова А.К. Управление Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека по Республике Башкортостан. Российская Федерация, 450054, Республика Башкортостан, Уфа, ул. Рихарда Зорге, 58. E-mail: rpnr@02.rosпотребнадzor.ru.

Скотарева М.А., Иванова О.В., Гарифуллин Б.Р. Центр гигиены и эпидемиологии в Республике Башкортостан. Российская Федерация, 450054, Республика Башкортостан, Уфа, ул. Шафиева, 7. E-mail: fguz@02.rosпотребнадzor.ru.

Попов Н.В. Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб». Российская Федерация, 410005, Саратов, ул. Университетская, 46. E-mail: rusrap@microbe.ru.