УДК: 575.22:578.833.28(571.6)
DOI: 10.62963/2073-2899-2024-47-60-63

КАКОЙ ГЕНОТИП ВИРУСА ЗАПАДНОГО НИЛА ПОЛУЧИТ РАСПРОСТРАНЕНИЕ НА ЮГЕ РОССИЙСКОГО ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА?

А.Б. Потт[1], А.Л. Шутикова[1], В.А. Лубова[1], Е.П. Фоменко [1,2], О.В. Иунихина[1,2], М.Ю. Щелканов[1,2]
[1]НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора, Владивосток, Российская Федерация;
[2]Дальневосточный федеральный университет, Владивосток, Российская Федерация

В работе описана современная генотипическая структура вируса Западного Нила (ВЗН). Формулируются гипотезы возможности распространения различных генотипов ВЗН на территории юга российского Дальнего Востока. Делается вывод о том, что генотип 1а является наиболее вероятным кандидатом для распространения в этом регионе.
Ключевые слова: *вирус Западного Нила, ВЗН, Flaviviridae, Flavivirus, генотип, Дальний Восток*.

WHAT GENOTYPE OF WEST NILE VIRUS WILL SPREAD IN THE SOUTH OF THE RUSSIAN FAR EAST?

A.B. Pot[1], A.L. Shutikova[1], V.A. Lubova[1], E.P. Fomenko[1,2], O.V. Iunikhina[1,2], M.Yu.Shchelkanov[1,2]
[1]G.P. Somov Institute of Epidemiology and Microbiology, Russian Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, Vladivostok, Russia;
[2]Far Eastern Federal University, Vladivostok, Russia.

The paper describes the modern genotypic structure of the West Nile virus (WNV). Hypotheses are formulated about the possibility of the spread of various WNV genotypes in the territory of the south of the Russian Far East. It is concluded that genotype 1a is the most likely candidate for distribution in this region.
Keywords: *West Nile virus, WNV, Flaviviridae, Flavivirus, genotype, Far East*.

Вирус Западного Нила (ВЗН) (Amarillovirales:Flaviviridae, *Orthoflavivirus*), принадлежащий к экологической группе арбовирусов, является этиологическим агентом смертельно опасного заболевания человека и животных – лихорадки Западного Нила (ЛЗН) [3, 4, 12, 17, 29].

Природные очаги [23, 24] ЛЗН расположены в Африке, Южной Азии, южном поясе Северной Евразии, Австралии и Океании, а с 1999-2000 гг. – в Северной Америке [17, 29]. Эффективными переносчиками ВЗН являются более 40 видов кровососущих комаров (Diptera:Culicidae); ведущая роль принадлежит орнитофильным видам рода *Culex* [14, 27, 28].Иксодовые (Ixodida:Ixodidae) и аргасовые клещи (Ixodida: Argasidae) также способны принимать участие в поддержании циркуляции ВЗН, но не имеют эпидемического значения [15, 17].Природным резервуаром ВЗН в природе являются дикие птицы: среди представителей водно-околоводного экологического комплекса основную роль играют бакланы (Suliformes: Phalacrocoracidae,*Phalacrocorax* spp.), лысухи (Gruiformes: Rallidae,*Fulica atra*), поганки (Podicipediformes: Podicipedidae, *Podiceps* spp.), фламинго (Phoenicopteriformes: Phoenicopteridae,*Phoenicopterus* spp.), цапли (Pelecaniformes Ardeidae, *Ardea* spp.), кулики (Charadriiformes: Charadrii), чайки (Charadriiformes:Laridae) и крачки (Charadriiformes:Sternidae); наземного – врановые (Passeriformes: Corvidae), воробьиные (Passeriformes: Passeridae) и голубиные (Columbiformes: Columbidae) [1, 7, 10, 14, 18]. У инфицированных птиц иногда наблюдаются симптомы энцефалита и летальные исходы, но, как правило, выявляется вирусемия (достаточная по напряженности для заражения питающихся на них комаров) и длительная персистенция вируса в органах с периодическим появлением вируса в крови в высоких титрах. Именно поэтому миграция птиц представляется реальным механизмом переноса вируса ВЗН на большие расстояния [1, 27, 28]. В научной литературе встречаются данные о выделении штаммов ВЗН от мышевидных грызунов, зайцев, лошадей, коров, собак, лемуров и других млекопитающих, аллигаторов и озёрных лягушек [2, 17, 29].

В настоящее время, известны шесть генотипов ВЗН, а генотип 1 дополнительно подразделяется на три группы: 1a, 1b и 1c. Генотип 1a (прототипный штамм Eg101) распространён на большей части Африканского континента, в Южной Европе, на юге европейской части России, в Западной Сибири, Синьцзян-Уйгурском автономном районе Китая и Северной Америке; 1b (ранее известный как самостоятельный вирус Кунджин) – в Австралии и близлежащих островах Океании (MRM61C); 1c (бывший генотип 5) – на полуострове Индостан (Ig2266); 2 – долгое время считался эндемиком Южной Африки (H422) и острова Мадагаскар, однако в 2004-2005 гг. был обнаружен в Венгрии (Hu-03), а летом 2007 г. вызвал эпидемическую вспышку в Волгограде (Reb_VLG_07_H); 3 – известен по единственному штамму WNV97-103 (Robensburg) из комаров *Culex pipiens* в Южной Моравии; 4 – изолирован из иксодовых клещей *Dermacentor marginatus* в западной части Северного Кавказа (LEIV-Krd88-190); 6 – лишён статуса генотипа, так как до сих пор для него известны лишь фрагментарные сиквенсы генома; 7 и 8 – в Западной Африке, в Сенегале (соответственно, Koutango ArD96655/1993/SN из иксодид *Rhipicephalus guilhoni* и ArD94343/1992/SN из *Culex perfuscus*) [1, 7, 25-27, 30].

В начале XXI века ареал ВЗН претерпел заметные изменения вследствие климатических изменений [11, 21], возрастающей антропогенной нагрузки и адаптации схем циркуляции вируса к синантропным условиям [6, 8, 13], а также интенсификации транспортных потоков (в частности, предполагается, что именно с балластными водами в трюмах кораблей вирусофорные комары занесли ВЗН на Американский континент) [17, 28]. При этом, различные генотипы ВЗН демонстрируют различную способность к расширению своего ареала [1, 25, 27, 30].

Всего за период 1997-2022 гг. в России официально зарегистрировано 3072 случая ЛЗН. Интенсивность эпидемического процесса в многолетней динамике характеризуется наличием тенденции к небольшому росту и подъемами заболеваемости с интервалом от года до 8 лет [20]. В эпидемический сезон 2023 г. в Российской Федерации зарегистрировано 210 случаев ЛЗН, в том числе 9 завозных случаев из Мальдивской Республики, Турции, США, Таиланда. Случаи заболеваний диагностированы в 24 субъектах 6 Федеральных округов [16]. В Приморском крае изучение ВЗН проводилось в рамках эколого-вирусологического мониторинга, и серологическая разведка показала наличие этого вируса в природных биоценозах [5, 9, 22]. Генотип 1a ВЗН был идентифицирован в образцах крови от мёртвых чёрных грифов (*Aegypius monachus*), обнаруженных в заповеднике «Кедровая Падь» в 2004 г. [19], однако штаммы изолированы не были, а ген E был секвенирован лишь частично (GenBank ID DQ059554.1, DQ059556.1-DQ059559.1), поэтому эти данные следует рассматривать как предварительные.

С теоретической точки зрения, на юге российского Дальнего Востока может появиться генотип 1b в результате заноса дикими птицами-дальними мигрантами (например, куликами) вдоль Дальневосточно-Притихоокеанского миграционного русла из зимовочных ареалов на территории Малаккского полуострова и части Океании, примыкающей к Австралии с севера. Для подтверждения этой гипотезы следует включать в программы эколого-вирусологического обследования куликов и массово контактирующих с ними чаек и крачек в крупных хабах на побережье залива Петра Великого и озере Ханка. Учитывая высокую экологическую пластичность, которую демонстрирует в последние годы генотип 2, его появление на юге российского Дальнего Востока возможно с вирусофорными комарами в балластных ёмкостях кораблей (сами, комары, конечно, не выживут, но могут успеть заразить при питании местных птиц). Наиболее вероятно распространение в Приморье генотипа 1a, циркуляция которого надёжно установлена в Западной Сибири и северо-западных районах Китая, и который с перелётными птицами легко достигает Приморья. Естественным барьером служит тот факт, что в сторону Приморья перелётные птицы движутся ранней весной, когда активность кровососущих комаров либо невелика, либо отсутствует вовсе. Гораздо более вероятен занос с птицами в середине лета, когда происходит радиальный разлёт ставших на крыло сеголетних особей (что наиболее характерно, например, для цапель). Кроме того, нельзя исключать, что в южной части Уссурийской тайги циркулирует собственный уникальный генотип ВЗН, учитывая высокий уровень биоразнообразия и эндемизма этого региона.

Литература

1. Анищенко М. и др. Молекулярные маркеры патогенности вируса Западного Нила // Вопросы вирусологии. – 2010. - Т.55, №1. – С. 4-10.

2. Бутенко А.М. Лихорадка Западного Нила // РЭТ-инфо. – 2004. - №2. – С. 45-53.

3. Васильев А.В. и др. Заражаемость сельскохозяйственных животных вирусом Западного Нила в Астраханской области по данным серологического обследования (2001-2004 гг.) // Вопросы вирусологии. – 2005. – Т.50, №6. – С.36-41.

4. Вышемирский О.И. и др. Выделение вируса лихорадки Западного Нила от больного, умершего от менингоэнцефалита в период эпидемической вспышки в Волгоградской области в 2000 г. // Вопросы вирусологии. – 2001. – Т.46, №4. – С. 33-34.

5. Запорожец Т.С. и др. 80 лет на страже биологической безопасности у восточных рубежей России // Здоровье населения и среда обитания. – 2021. №5. – С. 5-15.

6. Ковтунов А.И. и др. Заболеваемость и заражаемость населения Астраханской области лихорадкой Западного Нила в 2002 году // Вопросы вирусологии. – 2003. – Т.48, №5. –С. 9-11.

7. Кононова Ю.В. и др. Генотипирование вируса Западного Нила в популяциях диких птиц наземного и древесно-кустарникового комплексов на территориях Барабинской лесостепи и Кулундинской степи (2003-2004 гг.) // Вопросы вирусологии. – 2006. - Т.51, №4. – С.19-23.

8. Краснова Е.М. и др. Эпидемиологический мониторинг лихорадки Западного Нила в Волгоградской области // Вопросы вирусологии. - 2001. - Т.46, №4. –С.27-31.

9.. Львов Д.К. и др. Атлас распространения возбудителей природноочаговых вирусных инфекций на территории Российской Федерации. – Москва, 2001. - 192 с.

10. Львов Д.К. и др. Особенности циркуляции вируса лихорадки Западного Нила (Flaviviridae, Flavivirus) и некоторых других арбовирусов в экосистемах дельты Волги, Волго-Ахтубинской поймы и сопредельных аридных ландшафтов (2000-2002) // Вопросы вирусологии. – 2004. – Т.49, №3. – С.45-51.

11. Львов Д.К. и др. Влияние климатических факторов на циркуляцию природноочаговых вирусных инфекций в Северной Евразии // В сб.: Изменение климата и здоровье населения России в XXI веке. Труды международного семинара (Москва, Россия, 5-6 апреля 2004 г.). М.: АдамантЪ. - 2004. – С.84-105.

12. Львов Д.К. и др. Клиническая картина и алгоритм диагностики Крымской-Конго геморрагической лихорадки и лихорадки Западного Нила. Методическое пособие. М.: ГУ НИИ вирусологии им. Д.И. Ивановского РАМН, 2006. 15 с.

13. Львов Д.К. и др. Серологический мониторинг арбовирусных инфекций в дельте реки Кубань (данные 2006–2007 гг.) // Вопросы вирусологии. – 2008. – Т.53, №4. – С.30-35.

14. Львов Д.Н. и др. Популяционные взаимодействия вируса Лихорадки Западного Нила (Flaviviridae, Flavivirus) с членистоногими переносчиками, позвоночными животными, людьми в среднем и нижнем поясах дельты Волги, 2001-2006 // Вопросы вирусологии. - 2009. – Т.54, №2. – С.36-43.

15. Онищенко Г.Г. и др. Мероприятия по борьбе с лихорадкой Западного Нила на территории Российской Федерации. Методические указания МУ 3.1.3.2600-10 (утв. Главным государственным санитарным врачом РФ 19 апреля 2010 г.). М., 2010. 45 с.

16. Путинцева Е.В. и др. Лихорадка Западного Нила в Российской Федерации в 2022 г., прогноз заболеваемости на 2023 г. // Проблемы особо опасных инфекций. – 2023. - №1. – С. 75-84.

17. Руководство по вирусологии. Вирусы и вирусные инфекции человека и животных / Ред.: академик Д.К. Львов. М.: МИА. – 2013. - 1200 с.

18. Терновой В.А. и др. Выявление вируса Западного Нила в птицах на территории Барабинской и Кулундинской низменностей (западносибирский пролётный путь) в летне-осенний период 2002 г. // Вопросы вирусологии. -2004 – Т.49, №3. – С. 52-56.

19. Терновой В.А. и др. Генотипирование вируса Западного Нила, выявленного у птиц на юге Приморского края в течение 2003-2004 гг. // Молекулярная генетика, микробиология и вирусология. – 2006. -№4. – С. 30-35.

20. Топорков А.В., Путинцева Е.В., Удовиченко С.К. Лихорадка Западного Нила как актуальная угроза здоровью: история изучения и меры профилактики в России // Анализ риска здоровью. – 2023. - №3. – С.138-149.

21. Щелканов М.Ю. и др. Роль эколого-вирусологического районирования в прогнозировании влияния климатических изменений на ареалы арбовирусов // Вестник РАМН. – 2006. - №2. - С.22-25.

22. Щелканов М.Ю. и др. Комплексный эколого-вирусологический мониторинг на территории Приморского края в 2003-2006 гг. // Вопросы вирусологии.- 2007. - Т.52, №5. – С.33-37.

23. Щелканов М.Ю. и др. Историография термина «природный очаг» // В сб.: Новые и возвращающиеся инфекции в системе биобезопасности Российской Федерации. Учебно-методическое пособие. М.: Изд-во Первого МГМУ им. И.М. Сеченова. – 2014. – С.21-32.

24. Щелканов М.Ю. и др. У истоков концепции природной очаговости // Здоровье населения и среда обитания. – 2021. - №5. – С.16-25.

25. Fall G., et al. Biological and phylogenetic characteristics of West African lineages of West Nile virus // PLoS Negl. Trop. Dis. – 2017. – V.11, N11.- e0006078.

26. Guo Y., et al. Recovery and genetic characterization of a West Nile virus isolate from China // Virol. Sin. - 2021. – V.36, N1. – P.113-121.

27. Lvov D.K., et al. West Nile virus and other zoonotic viruses in Russia: examples of emerging-reemerging situations // Arch. Virol. – 2004. - (Suppl. 18). –P. 85-96.

28. Lvov D.K., et al. West Nile and other emerging-reemerging viruses in Russia // In: Emerging Biological Threat. Series I. Life and Behavior Sciences. Amsterdam. -IOS Press. – 2005. – P.33-42.

29. Lvov D.K., et al. Zoonotic viruses of Northern Eurasia. Taxonomy and Ecology. -Academic Press, 2015. - 452 p.
30. May F.J., et al. Phylogeography of West Nile virus: from the cradle of evolution in Africa to Eurasia, Australia, and the Americas // J. Virol. – 2011. –V.85, N6.- P.2964-2974.

Сведения об ответственномавторе:
ПоттАнастасияБорисовна *– научныйсотрудниклабораториизоонозныхвирусныхинфекцийФГБНУ «НИИэпидемиологии и микробиологии имени Г.П. Сомова» Роспотребнадзора, Владивосток, Россия; тел. +7 (924) 734-8265; e-mail: pott_a.b@mail.ru*