

Литература

1. Беспрозванных В.В. Жизненный цикл трематоды *Pneumonoeces nanchangensis* major Yamaguti, 1939 (Plagiorchiidae), паразита легких лягушек, в Приморском крае // Паразитология. 2000; 34(1): 63-65.
2. Беспрозванных В.В. Фауна, биология, экология партенит и церкарий трематод моллюсков рода *Juga* (Rachycolidae) из рек Приморского края. Владивосток: Дальнаука, 2000; 120 с.
3. Беспрозванных В.В. Жизненный цикл трематоды *Halipegus japonicus* (Halipegidae) в условиях Приморского края // Вестник зоологии. 2007; 41(1): 137-145.
4. Беспрозванных В.В. Жизненный цикл трематод *Neodiplostomum oriolinum* (Diplostomatidae) в условиях Приморского края (Россия) // Вестник зоологии. 2009; 43(2): 99-105. DOI: 10.2478/v10058-009-0005-y
5. Израильская А.В. Фауна, биология и пути циркуляции трематод, развивающихся с участием лёгочных моллюсков сем. Planorbidae юга Дальнего Востока России. Дис. канд. биол. наук. Владивосток: Федеральный научный Центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии Дальневосточного отделения Российской академии наук, 2022; 171 с.
6. Старобогатов Я.И., Прозорова Л.А., Богатов В.В., Саенко Е.М. Определитель пресноводных беспозвоночных России и сопредельных территорий. Т. 6. Моллюски, полихеты, немеритины. СПб.: Наука, 2004; 422 с.
7. Щелканов Е.М., Тишина Е.А., Мануков Ю.И., Сапрыкин В.П. Биотрансформация ксенобиотиков моллюсками (Mollusca L., 1758) – индикаторами загрязнения водных экосистем // Географическая среда и живые системы. – 2024. – № 1. – С. 154-181. DOI: 10.18384/2712-7621-2024-1-154-181
8. Besprozvannykh V.V., Atopkin D.M., Ermolenko A.V., et al. Life-cycle and genetic characterization of *Astiotrema odhneri* Bhalariao, 1936 sensu Cho & Seo 1977 from the Primorsky Region (Russian Far East) // Parasitology International. 2015; 64: 533-539. DOI: 10.1016/j.parint.2015.07.008
9. Besprozvannykh V.V., Rozhkovskiy K.V., Ermolenko A.V., Izraelskaya A.V. *Diplostomum meyeri* Pande, 1937 and *D. japonicus* (Yamaguti, 1936): morphology of developmental stages and molecular data // Helminthologia. 2018; 55(1): 60-69. DOI: 10.1515/helm-2017-0049
10. Chai J. Human intestinal flukes. From discovery to treatment and control. Netherlands: Springer, 2019; 549 p.
11. Izraelskaya A.V., Besprozvannykh V.V., Tatonova Y.V., et al. Developmental stages of *Notocotylus magniovatus* Yamaguti, 1934, *Catantropis vietnamensis* n. sp., *Pseudocatantropis dvoryadkini* n. sp., and phylogenetic relationships of Notocotylidae Lühe, 1909 // Parasitology Research. 2019; 118: 469-481. DOI: 10.1007/s00436-018-6182-2
12. Izraelskaya A.V., Besprozvannykh V.V., Tatonova Y.V. *Echinostoma chankensis* nom. nov., other *Echinostoma* spp. and *Isthmiophora hortensis* in East Asia: Morphology, molecular data and phylogeny within Echinostomatidae // Parasitology. 2021; 148(11): 1366-1382. DOI: 10.1017/S0031182021000950
13. Izraelskaya A.V., Besprozvannykh V.V. *Neodiplostomum* cf. *seoulense* (Seo, Rim, Lee, 1964) sensu Pyo et al., 2014 (Trematoda: Diplostomidae Poirier, 1886): morphology, life cycle, and phylogenetic relationships // Journal of Helminthology. 2023; 28: e61. DOI: 10.1017/S0022149X23000408
14. Izraelskaya A.V., Tatonova Y.V., Belousova Y.V. New genus and two new species of Notocotylidae Lühe, 1909 (Digenea), from Russia: Morphomolecular data // Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research. 2024; 2024: 5550780. DOI: 10.1155/2024/5550780

Сведения об ответственном авторе:

Израильская Анна Владимировна - к.б.н., н.с. НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора, Владивосток, Россия; с.н.с. ФНЦ биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН, Владивосток, Россия; e-mail: anna.kharitonova92@yandex.ru

УДК: 577.212.3:578.5:578.833.29

DOI: 10.62963/2073-2899-2025-50-94-99

СИСТЕМА ПРАЙМЕРОВ ДЛЯ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ОРТОХАНТАВИРУСА СЕУЛ

^{1,2}О.В. Иунихина, ¹А.Б. Потт, ¹В.А. Лубова, ¹А.Л. Шутикова, ¹А.А. Белик,
^{1,2}М.Ю. Щелканов

¹ НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора, Владивосток, Российская Федерация

² Школа медицины и наук о жизни Дальневосточного федерального университета, Владивосток, Российская Федерация

Геморрагическая лихорадка с почечным синдромом (ГЛПС) – природно-очаговая вирусная инфекция широко распространенная на территории Российской Федерации. Ортохантавирус Сеул (*Orthohantavirus seoulense*), один из возбудителей ГЛПС, – единственный убиквитарно распространенный ортохантавирус, патогенный для человека, ассоциирован с серыми крысами (*Rattus norvegicus*). В работе представлены результаты подбора и верификации системы праймеров для полногеномного секвенирования *O. seoulense*.

Ключевые слова: ортохантавирус Сеул, ГЛПС, праймеры, полногеномное секвенирование, нанопоровая технология секвенирования

PRIMER SYSTEM FOR THE COMPLETE GENOME SEQUENCING OF ORTHOHANTAVIRUS SEOUL

^{1,2}O.V. Iunikhina, ¹A.B. Pott, ¹V.A. Lubova, ¹A.L. Shutikova, ¹A.A. Belik, ^{1,2}M.Y. Shchelkanov

¹G.P. Somov Institute of Epidemiology and Microbiology of Rospotrebnadzor, Vladivostok, Russian Federation

²School of Medicine and Life Sciences, Far Eastern Federal University, Vladivostok, Russian Federation

Hemorrhagic fever with renal syndrome (HFRS) is a natural focal viral infection widespread in the Russian Federation. *Orthohantavirus Seoul* (*Orthohantavirus seoulense*), one of etiological agents of HFRS, is the only ubiquitously widespread orthohantavirus pathogenic to humans associated with brown rats (*Rattus norvegicus*). The paper presents the results of the selection and verification of a primer system for the *O. seoulense* complete genome sequencing.

Keywords: *orthohantavirus seoulense*, HFRS, primers, complete genome sequencing, nanopore sequencing technology.

Ортохантавирусы (Bunyavirales: Hantaviridae, *Orthohantavirus*) – род вирусов (Virae), включающий этиологические агенты геморрагической лихорадки с почечным синдромом (ГЛПС) человека, которая представляет актуальную угрозу санитарно-эпидемиологическому благополучию населения в Российской Федерации [8, 10, 13]. ГЛПС относится к числу природно-очаговых заболеваний [15, 16, 19]: её природные очаги связаны с ареалом обитания грызунов из семейств Muridae и Cricetidae, которые являются природным резервуаром возбудителей [29, 30]. Зоонозный и эпидемиологический потенциал хантавирусов, связанных с рукокрылыми (Chiroptera) и насекомоядными (Eulipotyphla), в настоящее время, достоверно не установлен [18, 33]. Особое внимание специалистов привлекают хантавирусы из родов *Loanvirus* и *Mobavirus*: в силу особенностей физиологии рукокрылых [20-23], циркулирующие среди них вирусы способны с использованием промежуточного хозяина проникать в популяцию человека с развитием опасных эпидемий – в качестве примера можно назвать бетакоронавирусы (Nidovirales: Coronaviridae, *Betacoronavirus*) SARS-CoV [14], MERS-CoV [17], SARS-CoV-2 [24].

Единственным патогенным для человека убиквитарно распространённым ортохантавирусом является *Orthohantavirus seoulense*¹, циркулирующий в популяциях серых крыс (*Rattus norvegicus*) [8, 10, 27]. Филогенетическая близость штаммов *O. seoulense* из европейских стран и Юго-Восточной Азии обусловлена глобальной экспансией *R. norvegicus* благодаря развитию глобальной транспортной сети, международной торговли и миграции населения [30, 31]. Считается, что инфекция, вызванная *O. seoulense*, клинически выражена легче по сравнению с *O. hantanense*, природным резервуаром которого являются мыши рода *Apodemus*, однако до 6% случаев протекает в тяжёлой форме, в том числе – у беременных [3, 7]. Изоляты *O. seoulense*, полученные от больных людей и серых крыс на территории Владивостокского городского округа (ВГО) отличаются от вирусов из КНР и Южной Кореи, но близок к вирусам из стран Юго-Восточной Азии, откуда могли быть завезены морским путём [25, 29, 32].

Случаи ГЛПС, ассоциированные с *O. seoulense*, регистрируются в Приморском крае с 1992 г. по настоящее время, в основном – ВГО, где сформирован городской эпидемиологический очаг [4, 5, 11, 12]. По результатам многолетнего эпизоотологического мониторинга инфицированность серых крыс регистрируется на таких социально-значимых объектах, как причалы торгового порта, рыбного хаба и судоремонтных заводов, предприятия общественного питания, детские сады, жилые дома, общежития некоторых высших учебных заведений и т.п. [2, 6].

В настоящее время, на российском Дальнем Востоке выявлен второй очаг ГЛПС, ассоциированной *O. seoulense*, в г. Хабаровск. Филогенетический анализ фрагментов S и L-сегментов РНК ха-

¹ Наряду с традиционными названиями вирусов, мы будем использовать бинарную номенклатуру [28], рекомендованную ICTV (International Committee on the Taxonomy of Viruses – Международным комитетом по таксономии вирусов).

баровских изолятов показал их отличие от штаммов из г. Владивостока и близость к вирусам из КНР [26].

Целью данной работы является разработка и апробация системы праймеров для полногеномного секвенирования *O. seoulense*.

Материалы и методы

Для верификации системы праймеров для полногеномного секвенирования *O. seoulense* были использованы два прототипных штамма, выделенные от *R. norvegicus* с известной геномной последовательностью: Seo-80-39 (GenBank ID: S-сегмент NC_005236, M-сегмент S47716, L-сегмент NC_005238) и SR-11 (GenBank ID: S-сегмент OK500098.1, M-сегмент OK500097.1, L-сегмент OK500098.1), а также штамм R-6357-15, выделенный от больного человека (Приморский край) из коллекции НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора [1, 11, 12].

Для каждого сегмента генома были подобраны и синтезированы олигонуклеотиды-праймеры длиной 16-26 нуклеотидов: 4 пары для S-сегмента, 9 пар для M-сегмента и 16 пар для L-сегмента. Актуальность подобранных праймеров верифицировали с использованием нуклеотидных последовательностей *O. seoulense*, содержащихся в международной базе молекулярно-генетических данных GenBank, из различных географических регионов. Для проверки олигонуклеотидов на наличие палиндромов, образование возможных вторичных шпильчатых структур, процент GC-оснований и расчёт термодинамических свойств использовали сервер BlastN (NCBI, США).

Выделение вирусной РНК и получение кДНК осуществляли с помощью наборов «РИБО-преп» и «Реверта-L» соответственно согласно инструкции производителя (ЦНИИЭ, Россия). Полимеразную цепную реакцию (ПЦР) с «горячим стартом» проводили с использованием коммерческого набора БиоМастер HS-Taq ПЦР (×2) (Биолабмикс, Россия).

Аналитический электрофорез в 1,5% агарозном геле и визуализацию амплифицированных фрагментов кДНК проводили, как было описано ранее [9].

Полногеномное секвенирование проводили на нанопоровом секвенаторе MinION (Oxford Nanopore, Великобритания) с набором реактивов Midnight RT-PCR, штрихкодирование образцов для библиотек секвенирования выполняли с помощью набора Rapid Barcoding Kit 96 (Oxford Nanopore, Великобритания) в соответствии с инструкциями производителя. Для каждого из сегментов генома исследуемых образцов амплификация с праймерами проводилась отдельно. Непосредственно перед началом секвенирования амплифицированные образцы соединяли, создавая смесь, включающую в себя для каждого из образцов праймеры ко всем трем сегментам. Приготовленные библиотеки секвенировали с помощью MinION с использованием проточной кюветы FLO-MIN106 (R9.4) в течение 12 ч. Бейсколлинг осуществлялся с помощью программного пакета MinkNOW (Oxford Nanopore, Великобритания), удаление из прочитанных последовательностей фрагментов, соответствующих баркодам, осуществлялось с помощью программного пакета Porechop, сборка конечных последовательностей по референсным осуществлялась с помощью программного пакета CLC Genomics Workbench 23 (Qiagen, Нидерланды).

Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей проводили после множественного выравнивания с использованием программы MAFFT v7.475 методом «ближайших соседей» средствами программного пакета MEGA v11.0.13 при уровне bootstrap-поддержки в 1000 повторов. Визуализацию полученных данных осуществляли с помощью сервиса iTOL v6.

Результаты и обсуждение

С целью оптимизации условий постановки ПЦР был проведен ряд предварительных экспериментов, после чего для каждой группы праймеров нами была скорректирована температура отжига, количество реакционных циклов и необходимые концентрации кДНК и праймеров.

Анализ данных электрофореза показал, что для исследуемого образца получен один ПЦР-продукт, соответствующей длины (~ 600 п.н.) и отсутствие неспецифических продуктов реакции.

Последовательности всех сегментов прототипных штаммов SR-11 и Seo 80-39 после проведения секвенирования с применением нанопоровой технологии были успешно собраны. Филогенетический анализ отсеквенированных нами образцов *O. seoulense* показал, что штамм SR-11 относится к группе японских штаммов, тогда как Seo 80-39 является представителем корейской группы, что подтверждает уже известные сведения о этих вирусах.

В дальнейшем для получения полногеномной последовательности был выбран штамм R-6357-15 из коллекции НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора. Данный штамм был выделен из сгустка крови больного ГЛПС и по результатам реакций нейтрализации и ПЦР был идентифицирован, как *O. seoulense*.

Филогенетический анализ полноразмерных последовательностей сегментов РНК исследуемого штамма выявил близость S- и L-сегментов к вирусу к штамму из Японии, а M-сегмента – к штаммам из Южной Кореи (рис. 1). По результатам полногеномного секвенирования штамм был переименован в SEOV/Russia_Vladivostok/R-6357-15/2024 и был размещены в базах данных VGARus (ID prim001780) и GenBank (S_PV031654, M_PV031655, L_PV031656).

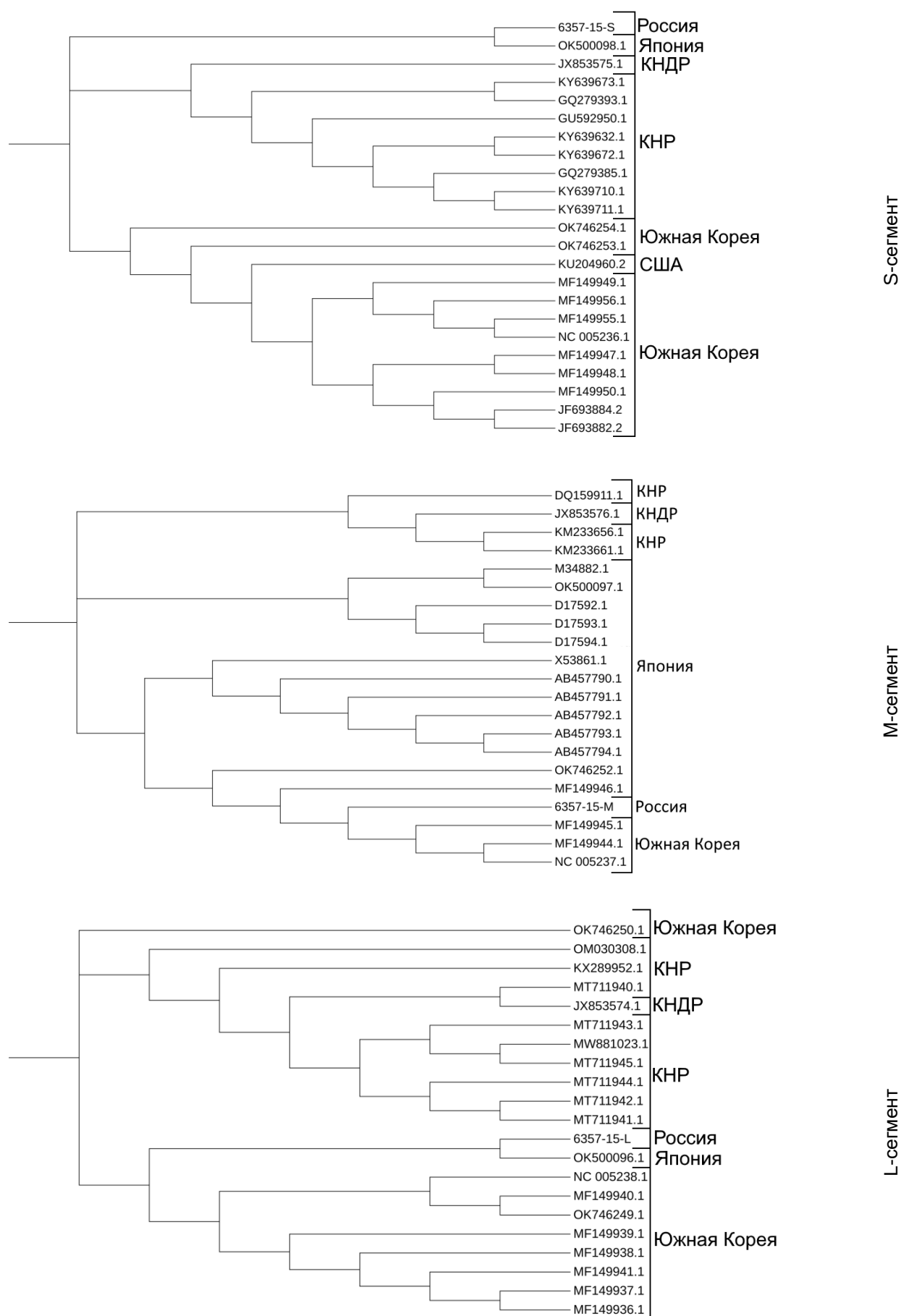


Рис. 1. Филогенетический анализ полноразмерных нуклеотидных последовательностей сегментов штамма SEOV/Russia_Vladivostok/R-6357-15/2024.

Заключение

С помощью разработанной и апробированной системы праймеров для полногеномного секвенирования *O. seoulense* были получены нуклеотидные последовательности всех трёх сегментов штамма SEOV/Russia_Vladivostok/R-6357-15/2024 и установлена его близость с вариантами из Японии и Южной Кореи. Данный штамм был выделен от больного с диагнозом ГЛПС, не посещавшего ВГО и заразившегося в п. Сергеевка (Пограничного района Приморского края). Случаи инфекции, вызванные *O. seoulense* в сельских районах Приморского края единичны и требуют более пристального изучения [25, 32]. Возможное генетическое разнообразие и широкое распространение *O. seoulense* в популяции природных носителей на территории Дальнего Востока России может быть обусловлено выгодным географическим положением для грузопотока всеми видами транспорта не только из стран Восточной и Юго-Восточной Азии, но и всего мира.

Литература

1. Запорожец Т.С., Беседнова Н.Н., Калинин А.В. и др. 80 лет на страже биологической безопасности у восточных рубежей России // Здоровье населения и среда обитания. 2021; (5): 5-15. DOI: 10.35627/2219-5238/2021-338-5-5-15
2. Иунихина О.В., Потт А.Б., Панкратов Д.В., Щелканов М.Ю. Актуальность геморрагической лихорадки с почечным синдромом для юга российского Дальнего Востока // Дальневосточный журнал инфекционной патологии. 2023; 45(45): 122-123.
3. Иванис В.А., Иунихина О.В., Попов А.Ф. и др. Клинико-эпидемиологические аспекты геморрагической лихорадки с почечным синдромом в Приморском крае // Тихоокеанский медицинский журнал. 2024; 4(98): 76-81. DOI: 10.34215/1609-1175-2024-4-76-81
4. Компанец Г.Г., Кушнарева Т.В., Максема И.Г. и др. Эпидемиологическая ситуация и меры неспецифической профилактики ГЛПС в очагах циркуляции вируса Сеул // Дальневосточный журнал инфекционной патологии. 2008; 13: 187-188.
5. Компанец Г.Г., Максема И.Г., Иунихина О.В. и др. Особенности функционирования смешанного очага хантавирусной инфекции на территории Владивостокского городского округа // Тихоокеанский медицинский журнал. 2010; 3(41): 40-43.
6. Кузнецова Н.А., Компанец Г.Г., Иунихина О.В. Характерные особенности эпидемиологии геморрагической лихорадки с почечным синдромом в антропоургическом очаге хантавирусной инфекции // Международный журнал прикладных и фундаментальных исследований. 2016; 2-1: 21-24.
7. Максема И.Г., Афанасьева В.В., Слонова Р.А. и др. Геморрагическая лихорадка с почечным синдромом у беременных женщин в Приморском крае // Эпидемиология и инфекционные болезни. 2013; 2: 47-50.
8. Медицинская вирусология / Ред.: академик Д.К. Львов. М.: МИА, 2008; 655 с.
9. Потт А.Б., Иунихина О.В., Щелканов М.Ю. Подбор системы праймеров для полногеномного секвенирования ортохантавируса Hantaan (Hantaviridae, Bunyavirales) // В сб.: Ветеринарные и биологические аспекты в диагностике и лечении диких животных. Материалы Национальной (Всероссийской) научно-практической конференции (Уссурийск, Россия; 31 марта 2023 г.). Уссурийск: Приморский ГАУ, 2023; 80-83.
10. Руководство по вирусологии. Вирусы и вирусные инфекции человека и животных / Ред.: академик Д.К. Львов. М.: МИА, 2013; 1200 с.
11. Слонова Р.А., Компанец Г.Г., Подогова Л.М. и др. Циркуляция хантавируса Сеул в популяциях синантропных грызунов и его значение в заболеваемости геморрагической лихорадкой с почечным синдромом в Приморском крае // Вопросы вирусологии. 1999; 5: 213-217.
12. Слонова Р.А., Компанец Г.Г., Сокотун С.А. и др. Характеристика эпидемического процесса хантавирусной инфекции в очагах циркуляции вирусов Хантаан и Сеул // Тихоокеанский медицинский журнал. 2001; 2: 52-54.
13. 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
14. Щелканов М.Ю., Колобухина Л.В., Львов Д.К. Коронавирусы человека (Nidovirales, Coronaviridae): возросший уровень эпидемической опасности // Лечащий врач. 2013; 10: 49-54.
15. Щелканов М.Ю., Львов Д.К. Экология: история становления основных концепций // В сб.: Новые и возвращающиеся инфекции в системе биобезопасности Российской Федерации. М.: Изд-во Первого МГМУ им. И.М. Сеченова, 2014; 6-20.
16. Щелканов М.Ю., Аристов В.А., Чумаков В.М., Львов Д.К. Историография термина «природный очаг» // В сб.: Новые и возвращающиеся инфекции в системе биобезопасности Российской Федерации. М.: Изд-во Первого МГМУ им. И.М. Сеченова, 2014; 21-32.
17. Щелканов М.Ю., Ананьев В.Ю., Кузнецов В.В., Шуматов В.Б. Эпидемическая вспышка Ближневосточного респираторного синдрома в Республике Корея (май-июль 2015 г.): причины, динамика, выводы // Тихоокеанский медицинский журнал. 2015; (3): 89-93.

18. Щелканов М.Ю., Дунаева М.Н., Москвина Т.В. и др. Каталог вирусов рукокрылых (2020) // Юг России: экология, развитие. 2020; 15. 3(56): 6-30. DOI: 10.18470/1992-1098-2020-3-6-30
19. Щелканов М.Ю., Леонова Г.Н., Галкина И.В., Андрюков Б.Г. У истоков концепции природной очаговости // Здоровье населения и среда обитания. 2021; (5): 16-25. DOI: 10.35627/2219-5238/2021-338-5-16-25
20. Щелканов М.Ю., Табакаева Т.В., Любченко Е.Н. и др. Рукокрылые: общая характеристика отряда. Владивосток: Изд-во ДВФУ, 2021; 130 с. DOI: 10.24866/7444-5119-6
21. Щелканов М.Ю., Табакаева Т.В., Щелканов Е.М. и др. Паукообразные-эктопаразиты рукокрылых. Владивосток: Изд-во ДВФУ, 2022; 126 с. DOI: 10.24866/7444-5377-0
22. Щелканов М.Ю., Табакаева Т.В., Щелканов Е.М. и др. Насекомые-эктопаразиты рукокрылых. Владивосток: Изд-во ДВФУ, 2022; 242 с. DOI: 10.24866/7444-5404-3
23. Щелканов М.Ю., Татонова Ю.В., Табакаева Т.В. и др. Эндопаразиты рукокрылых: нематоды. Владивосток: Изд-во ДВФУ, 2023; 112 с. DOI: 10.61726/5457.2024.48.27.001
24. Щелканов М.Ю. Этиология COVID-19 // В кн.: COVID-19: от этиологии до вакцинопрофилактики. М.: ГЭОТАР-Медиа, 2023; 11-53.
25. Яшина Л.Н., Сметанникова Н.А., Компанец Г.Г. и др. Молекулярная эпидемиология патогенных хантавирусов на Дальнем Востоке России, 2015-2018 гг. // Проблемы особо опасных инфекций. 2019; 4: 102-108. DOI: 10.21055/0370-1069-2019-4-102-108
26. Яшина Л.Н., Сметанникова Н.А., Здановская Н.И. и др. Новый очаг хантавируса Сеул на Дальнем Востоке России // Проблемы особо опасных инфекций. 2024; 3: 170-177. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-3-170-177
27. Clement J., LeDuc J.W., McElhinney L.M., et al. Clinical characteristics of ratborne Seoul hantavirus disease // Emer. Infect. Dis. 2019; 25(2): 387-388. DOI:10.3201/eid2502.181643
28. Khotimchenko Yu.S., Shchelkanov M.Yu. Viruses of the Ocean: On the shores of the aqua incognita. Horizons of taxonomic diversity // Russian Journal of Marine Biology. 2024; 50(1): 1-24. DOI: 10.1134/S106307402401005X
29. Lvov D.K., Shchelkanov M.Yu., Alkhovsky S.V., Deryabin P.G. Zoonotic viruses of Northern Eurasia. Taxonomy and Ecology. Academic Press, 2015; 452 p.
30. Plyusnin A., Morzunov S.P. Virus evolution and genetic diversity of hantaviruses and their rodent hosts // Curr. Top. Microbiol. Immunol. 2001; 256: 47-75. DOI: 10.1007/978-3-642-56753-7_4
31. Plyusnina A., Heyman P., Baert K., et al. Genetic characterization of Seoul hantavirus originated from norway rats (*Rattus norvegicus*) captured in Belgium // J. Med. Virol. 2012; 84(8): 1298-1303. DOI: 10.1002/jmv.23321
32. Yashina L.N., Hay J., Smetannikova N.A., et al. Hemorrhagic fever with renal syndrome in Vladivostok City, Russia // Front. Pub. Health. 2021; 9: 620279. DOI: 10.3389/fpubh.2021.620279
33. Zhang Y.Z. Discovery of hantaviruses in bats and insectivores and the evolution of the genus Hantavirus // Virus Res. 2014; 187: 15-21. DOI: 10.1016/j.virusres.2013.12.035

Сведения об ответственном авторе:

Иунихина Ольга Викторовна - к.м.н., заведующая лабораторией природно-очаговых вирусных инфекций НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора, Владивосток, Россия; доцент кафедры эпидемиологии, микробиологии и паразитологии Школы медицины и наук о жизни ДВФУ, Владивосток, Россия; e-mail: olga_iun@inbox.ru.

УДК: 619:616.9:578.832.1-036.22(571.61/.64)"2022/2025"
DOI: 10.62963/2073-2899-2025-50-99-104

ЦИРКУЛЯЦИЯ ВЫСОКОПАТОГЕННОГО ГРИППА ПТИЦ А/Н5N1 ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ПОД- ГРУППЫ 2.3.4.4В НА РОССИЙСКОМ ДАЛЬНЕМ ВОСТОКЕ

^{1,2}О.В. Иунихина, ^{1,2}М.Н. Дунаева, ¹А.А. Белик, ^{1,2}Ю.А. Белов, ¹А.Б. Потт,
¹М.Ф. Трофимова, ³Е.М. Щелканов, ¹А.И. Белов, ¹Д.В. Панкратов,
^{1,2}М.Ю. Щелканов

¹ НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора,
Владивосток, Российская Федерация