



Эпизоотическая ситуация и молекулярно-генетическая характеристика вируса бешенства, изолированного из мозга домашнего северного оленя в Якутии

Петров П.Л.¹, (✉)Смолянинов Ю.И.², Протодяконова Г.П.³, Степанюк М.А.⁴, Терновой В.А.⁴

¹Департамент ветеринарии Республики Саха (Якутия)

Якутск, Россия

²Сибирский федеральный научный центр агробιοтехнологий» Российской академии наук

Новосибирская область, р.п. Краснообск, Россия

³Арктический государственный агротехнологический университет

Якутск, Россия

⁴Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора

Новосибирская область, пгт. Кольцово, Россия

На территории Республики Саха (Якутия) в 2001–2021 гг. бешенство зарегистрировано среди лошадей, домашних северных оленей и собак. В биоматериале от диких животных вирус бешенства (*Rabies lyssavirus*) обнаружен у песцов, красных лисиц, волков, колонков, горностаев и соболей. В Арктической зоне Якутии в 2023 г. у одного из домашних северных оленей стада с проявлением клинических признаков сильного возбуждения и агрессии к людям из образца головного мозга выделен вирус бешенства. Предположено, что заражение оленя вирусом бешенства произошло при укусе больным бешенством песцом, поскольку ареал распространения этих животных в данном регионе достаточно велик. Исследования по обнаружению вируса бешенства проведены с использованием полимеразной цепной реакции, иммуноферментного анализа и метода флуоресцирующих антител. Во всех диагностических тестах диагноз на бешенство подтвержден. Из образцов, давших положительный результат, методом ПЦР выделены фрагменты нуклеиновой кислоты и проведено определение их нуклеотидных последовательностей. Анализ нуклеотидных последовательностей вирусного генома выявил филогенетическое родство выделенного изолята вируса бешенства в Арктической зоне Якутии с вирусами бешенства, циркулирующими в некоторых районах Северо-Американского континента, включая Гренландию (два изолята), Канаду (шесть) и США (три). Выделенный изолят вируса бешенства из мозга домашнего северного оленя в Арктической зоне Якутии относится к группе штаммов американского происхождения (USA1) и филогенетически близок к штаммам, изолированным в Гренландии, Канаде и США. Изучаемый изолят вируса территориально соответствует известному антигенному варианту 3, установленному ранее на севере Азиатской части России, в частности в Якутии.

Ключевые слова: бешенство, вирус, домашний северный олень, филогенетический анализ

Epizootic situation and molecular genetic characteristics of the rabies virus isolated from the brain of domestic reindeer in Yakutia

Petrov P.L.¹, (✉)Smolyaninov Yu.I.², Protodiakonova G.P.³, Stepanyuk M.A.⁴, Ternovoy V.A.⁴

¹Department of Veterinary Medicine of the Republic of Sakha (Yakutia)

Yakutsk, Russia

²Siberian Federal Scientific Centre of Agro-BioTechnologies of the Russian Academy of Sciences.

Institute of Experimental Veterinary Science of Siberia and the Far East

Krasnoobsk, Novosibirsk, Russia

³Arctic State Agrotechnological University
Yakutsk, Russia

⁴State Scientific Center of Virology and Biotechnology "Vector" of the Rospotrebnadzor
Koltsovo, Novosibirsk Region, Russia

Rabies was registered among horses, domestic reindeer and dogs on the territory of the Republic of Sakha (Yakutia) in 2001–2021. Rabies virus (*Rabies lyssavirus*) was detected in biomaterial from wild animals in Arctic foxes, red foxes, wolves, colts, ermine and sables. In the Arctic zone of Yakutia in 2023, rabies virus was isolated from a brain sample from one of the domestic reindeer of a herd showing clinical signs of severe agitation and aggression to humans. It is assumed that the reindeer was infected with rabies virus when bitten by a rabies-sick Arctic fox, as the range of distribution of these animals in the region is quite large. Rabies virus detection studies were conducted using polymerase chain reaction, enzyme immunoassay and fluorescent antibody method. The diagnosis of rabies was confirmed in all diagnostic tests. The nucleic acid fragments were isolated from the positive samples by the PCR method and their nucleotide sequences were determined. Analysis of the nucleotide sequences of the viral genome revealed phylogenetic relatedness of the isolated rabies virus isolate in the Arctic zone of Yakutia with the rabies viruses circulating in some areas of the North American continent, including Greenland (two isolates), Canada (six), and the United States (three). The isolate of the rabies virus from the brain of domestic reindeer in the Arctic zone of Yakutia belongs to the group of strains of American origin (USA1) and is phylogenetically close to the strains isolated in Greenland, Canada, and the USA. The studied virus isolate territorially corresponds to the known antigenic variant 3, established earlier in the north of the Asian part of Russia, in particular in Yakutia.

Keywords: rabies, virus, domestic reindeer, phylogenetic analysis

Для цитирования: Петров П.Л., Смолянинов Ю.И., Протодияконова Г.П., Степанюк М.А., Терновой В.А. Эпизоотическая ситуация и молекулярно-генетическая характеристика вируса бешенства, изолированного из мозга домашнего северного оленя в Якутии // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. 2024. Т. 54. № 5. С. 64–71. <https://doi.org/10.26898/0370-8799-2024-5-6>

For citation: Petrov P.L., Smolyaninov Yu.I., Protodiakonova G.P., Stepanyuk M.A., Ternovoy V.A. Epizootic situation and molecular genetic characteristics of the rabies virus isolated from the brain of domestic reindeer in Yakutia. *Sibirskii vestnik sel'skokozyaistvennoi nauki* = *Siberian Herald of Agricultural Science*, 2024, vol. 54, no. 5, pp. 64–71. <https://doi.org/10.26898/0370-8799-2024-5-6>

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.

ВВЕДЕНИЕ

По классификации Международного эпизоотического бюро (МЭБ), бешенство входит в список особо опасных. В России бешенство включено в перечень особо опасных болезней животных, по которым могут устанавливаться ограничительные и режимные противоэпидемические мероприятия (карантин)¹.

За 1991–2015 гг. в России пало и вынужденно уничтожено свыше 23,4 тыс. гол. сель-

скохозяйственных животных, заболевших бешенством, в том числе 5,5 тыс. домашних северных оленей. Экономический ущерб составил 656,8 и 49,6 млн р. соответственно [1].

Изучена молекулярно-генетическая характеристика полевых изолятов вируса бешенства, циркулирующих в организме разных видов домашних и диких животных на территории ряда регионов России, в том числе в Республике Татарстан², Кировской области [2], Владимирской, Московской, Тверской,

¹Перечень заразных, в том числе особо опасных, болезней животных, по которым могут устанавливаться ограничительные мероприятия (карантин) (с изменениями на 25 сентября 2020 года). Приказ Минсельхоза РФ от 19 декабря 2011 г. № 476.

²Гулюкин, А.М., Шабейкин А.А., Зайкова А.Н., Полякова И.В., Забережный А.Д., Хисматуллина Н.А., Самерханов И.И. Особенности эпизоотического процесса и молекулярно-генетическая характеристика изолятов вируса бешенства в Республике Татарстан // Ветеринарный врач. 2015. № 6. С. 3–11.

Нижегородской и Рязанской областях [3, 4], Красноярском крае [5], на территории Западной Сибири³, в Республике Бурятия [6], Европейском регионе России [7], Монголии и в ближайших районах Китая [8], что позволило дополнить эпизоотическую и эпидемическую ситуацию по бешенству и проводить мониторинг его распространения. С использованием молекулярно-генетических методов подтверждены случаи гибели людей от бешенства, распространенного в природных очагах [9].

По данным официальной ветеринарной статистики, на территории Республики Саха (Якутия) в 2001–2021 гг. бешенство зарегистрировано среди табунных лошадей (одна голова), домашних северных оленей (31 гол.) и прочих видов животных, включая диких. В биоматериале от диких животных в различные годы вирус бешенства (*Rabies lyssavirus*) обнаружен у красных лисиц, волков, колонков, горностаев и соболей. В 2018 г. выявлено 15 подтвержденных лабораторными методами случаев бешенства среди диких животных, в том числе у двух волков и двух песцов. Кроме того, диагноз бешенства подтвержден у 11 домашних северных оленей и у щенка собаки. Также вирус бешенства обнаружен в пробах биоматериала двух белых песцов, которые были отстреляны охотниками в рамках мониторингового исследования на территории охотничьего угодья⁴.

Цель работы – представить филогенетический анализ изолятов вируса бешенства на территории Арктической зоны России, в том числе в Якутии.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Распространение бешенства среди диких и сельскохозяйственных животных на территории Якутии за 2001–2023 гг. изучали по дан-

ным ветеринарной статистики Департамента ветеринарии Республики Саха (Якутия).

Исследования по обнаружению вируса бешенства в мозговой ткани домашнего северного оленя проведены в 2023 г. с использованием полимеразной цепной реакции (ПЦР)⁵, иммуноферментного анализа (ИФА) и метода флуоресцирующих антител (МФА)⁶ в Якутской республиканской ветеринарно-испытательной лаборатории.

ПЦР проводили в соответствии с «Инструкцией по применению набора для выявления РНК вируса бешенства методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) в реальном времени (ООО «Фракл БИО»)). Метод ИФА по выявлению антигена вируса бешенства основан на его специфическом воздействии с антирабическим антителом, иммобилизованным на твердом носителе с последующим выявлением связавшегося антигена; МФА – метод выявления антигена вируса бешенства меченым флуоресцеинизотиоциан антирабическим антителом с образованием характерных светящихся комплексов в поле зрения микроскопа.

В исследовании из биоматериала домашнего северного оленя (мозговая ткань) суммарную РНК экстрагировали с помощью Trizol reagenta (Life Technologies Corp/ThermoFisher Scientific, США) согласно инструкции производителя. Синтез к ДНК проводили с помощью набора Реверта-Л (ИнтерЛабСервис, Россия). Наличие РНК вируса бешенства определяли методом ПЦР с использованием БиоМастер LR HS-ПЦР (ООО «Биолабмикс», Россия) и специфических праймеров к нуклеотидной последовательности фрагмента гена *matrix protein Rabies lyssavirus* (2515–2771 п.н.). Использованы следующие олигонуклеотиды: F385-149 (5'-ATA GTGAAAACTGCAGGGATGAGGA-3') и

³Зайковская А.В., Терновой В.А., Аксенов В.А. Молекулярно-генетическая характеристика изолятов вирусов бешенства, выделенных на территории Западной Сибири // Вестник академии медицинских наук. 2006. № 2. С. 30–35.

⁴Форма 1-вет «Сведения о заразных болезнях животных» Департамента ветеринарии Республики Саха (Якутия) за 2001–2023 гг.

⁵Инструкция по применению набора для выявления РНК вируса бешенства методом ПЦР в реальном времени (ООО «Фракл БИО»).

⁶ГОСТ 26075–2013. Международный стандарт. Животные: Методы лабораторной диагностики бешенства (издание официальное). М.: Стандартинформ. 2014. 10 с.

R387-151 (5'-ACCCAGTTCATGCCYTTCMG). Амплификацию фрагмента 319 пар нуклеотидов проводили по следующей программе: – 95 °C – 5 сек; – 57 °C – 10 сек; – 72 °C 30 сек – 40 циклов.

Продукты ПЦР визуализировали путем электрофореза в 2%-м агарозном геле, окрашенном бромистым этидием, с использованием системы для фотодокументации гелей (GelDoc Go Imaging System, Bio-Rad, США). Полученные фрагменты ДНК очищали с использованием набора для эволюции ДНК из агарозного геля («БиоСилика», Россия) и секвенировали на приборе ABI-Prism 3500 с использованием наборов реагентов BigDye Terminator v3.1 (ThermoFisher Scientific, США).

Филогенетический анализ нуклеиновой последовательности вируса бешенства (исследованный образец – Seq5rc) проводили с использованием метода минимальной эволюции в программе MEGA7 [10] в сравнении с прототипами вирусов бешенства из базы данных GenBank^{7, 8}.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

В мае 2023 г. оленеводами одного из хозяйств Нижнеколымского улуса, территориально расположенного в Арктической зоне Якутии, отмечено необычное поведение одного из домашних северных оленей стада. По прибытии ветеринарных специалистов данное животное с проявлением клинических признаков сильного возбуждения и агрессии к людям было отстреляно с предположительным диагнозом на бешенство.

Численность песцов в тундровой зоне Якутии оценивают в 35–45 тыс. гол., выделяемость вируса бешенства из биоматериала от них составляет 32,5%⁹. По всей вероятности, заражение северного оленя произошло при укусе больным бешенством песцом.

Образцы отобранного биоматериала (головной мозг) исследованы методами ПЦР, ИФА и МФА. По всем диагностическим тестам диагноз на наличие вируса бешенства подтвержден.

Из образцов, давших положительный результат, методом ПЦР выделены фрагменты нуклеиновой кислоты и проведено определение их нуклеотидных последовательностей. Исследования выполнены в Государственном научном центре вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора (Новосибирск).

Эволюционная история вируса бешенства, изолированного из мозга домашнего северного оленя, установлена с использованием метода минимальной эволюции (ME). Эволюционный анализ проводили в программе MEGA7.

Исследованный образец – Seq5rc. В дереве использованы прототипы вируса бешенства из базы данных GenBank. Поиск в ME-дереве осуществляли в алгоритме Close-Neighbor-Interchange (CNI)¹⁰ с использованием 37 нуклеотидных последовательностей различных геновариантов вируса бешенства. Филогенетические группы вируса бешенства приведены на рисунке согласно методике, предложенной А. Метлиным с соавт. (2007) [10]. При этом выделено пять основных филогенетических групп вируса бешенства.

Анализ нуклеотидных последовательностей вирусного генома выявил филогенетическое родство выделенного нами изолята вируса бешенства в Арктической зоне Якутии с вирусами бешенства, циркулирующими в некоторых районах Северо-Американского континента, включая Гренландию (два изолята, Канаду (шесть) и США (три) (см. рисунок).

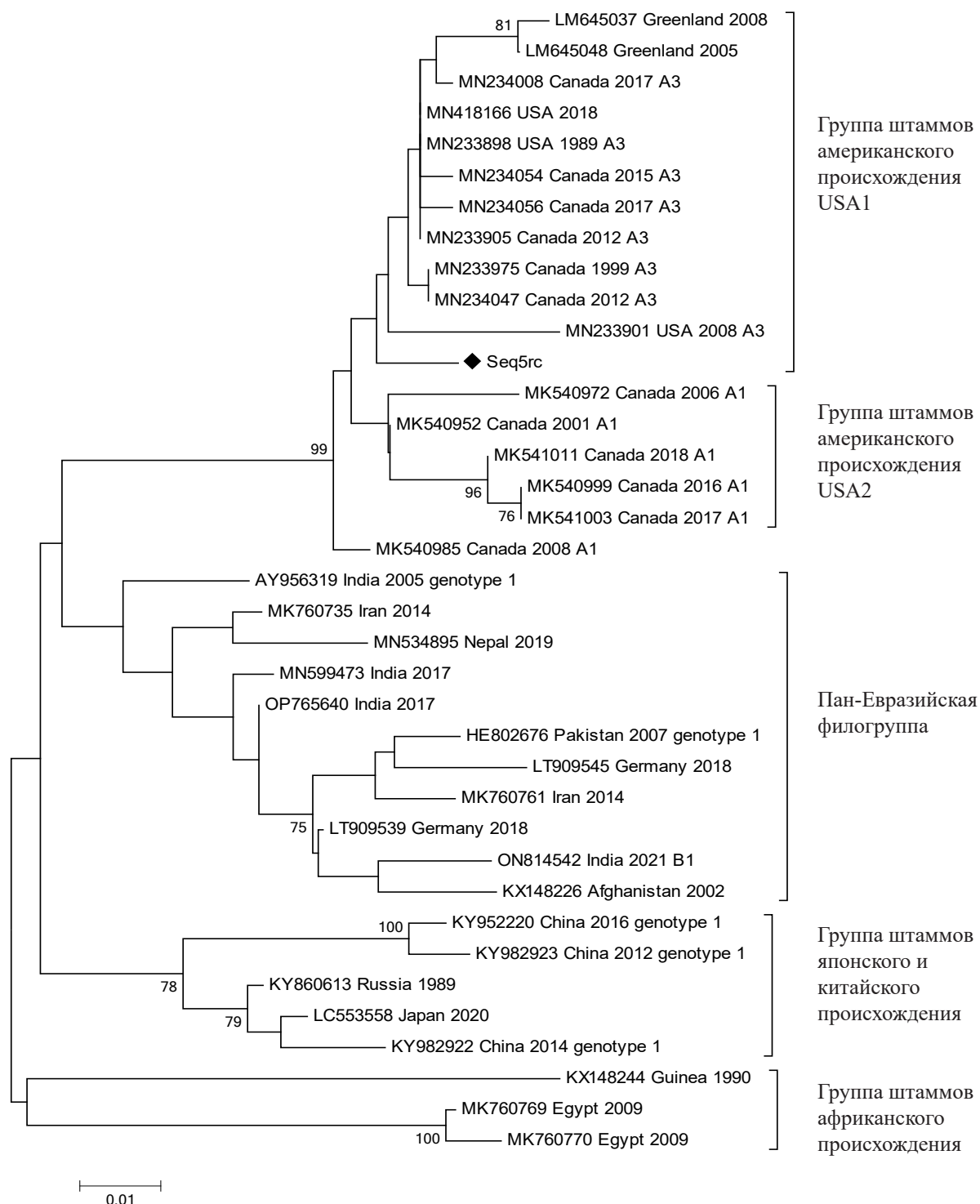
На рисунке показано оптимальное дерево с суммой длин ветвей, равных 0,52 867 549, отражающее филогенетические связи виру-

⁷Rzhetsky A., Nei M. A simple method for estimating minimum evolution trees // Molecular Biology and Evolution. 1992. N 9. P. 945–967.

⁸Metlin A., Rybakov K., Gruzdev S., Neuvonen E., Huovilainen A. Genetic heterogeneity of Russian, Estonian and Finnish field rabies viruses // Arch. Virol. 2007. Vol. 152. P. 1645–1654.

⁹Романова У.Н., Вишняков И.Ф., Бакулов И.А., Недосеков В.В., Куринов В.В. Особенности проявления рабической инфекции в Республике Саха (Якутия) // Ветеринария. 1999. № 9. С. 17–20.

¹⁰Nei M., Kumar S. Molecular Evolution and Phylogenetics // Oxford University Press. New York, 2000.



Филогенетические связи вируса бешенства, изолированного из мозга домашнего северного оленя Якутии (алгоритм «Minimum Evolution» с использованием нуклеотидных последовательностей фрагмента гена *matrix protein* (2515–2771 п.н.). Бутстреп-тест 1000 повторений)

Phylogenetic relationships of the rabies virus isolated from the brain of domestic reindeer of Yakutia (Minimum Evolution algorithm using the nucleotide sequences of the *matrix protein* gene fragment (2515-2771 bp); bootstrap test of 1000 repetitions).

са бешенства, изолированного из мозга северного оленя Якутии (алгоритм «Minimum Evolution» с использованием нуклеотидных последовательностей фрагмента гена *matrix protein* (2515–2771 п.н.). Бутстреп-тест 1000 повторений).

Н. Bourhy et al.¹¹ при изучении вопросов распространения бешенства в мировом ареале показали, что вирусы, циркулирующие в популяциях диких и домашних хищников на территории России, соответствуют двум основным филогенетическим группам вирусов – арктического и космополитного. Представители вирусов космополитной группы – обширная филогенетическая группа распространена на территориях Европы, Ближнего Востока, Ирана, Казахстана, Америки и Африканского континента.

В свою очередь, в группе арктических вирусов выделяют две обособленные подгруппы: собственно арктические – А и арктическиподобные – В¹². Аналогичные арктическиподобные полевые изоляты вируса бешенства выявлены В. Boldbaatar et al.¹³ из биоматериала от животных Монголии. Согласно молекулярно-генетическому анализу, проведенному В. Тао и et al.¹⁴, на территории Китая распространены вирусы бешенства космополитной группы, также арктическиподобной, на юге Китая – вирусы, относящиеся к отдельной группе лиссавирусов, циркулирующих в Азии. Изоляты лиссавирусов, исследованные А. Metlin et al.¹⁵, соответствовали группам С, D и E, установленным ранее I. Kuzmin et al.¹⁶

Исходя из результатов филогенетического анализа можно заключить, что выделенный нами изолят вируса бешенства из мозга до-

машнего северного оленя в Арктической зоне Якутии относится к группе штаммов американского происхождения (USA1) и филогенетически близок к штаммам, изолированным в Гренландии, Канаде и США. Изучаемый изолят вируса территориально соответствует известному антигенному варианту 3, установленному ранее на севере Азиатской части России, в частности в Якутии (см. сноску 16).

ВЫВОДЫ

1. На территории Республика Саха (Якутия) в 2001–2021 гг. бешенство зарегистрировано среди лошадей, домашних северных оленей и собак. В биоматериале от диких животных вирус бешенства (*R. lyssavirus*) обнаружен у песцов, красных лисиц, волков, колонков, горностаев и соболей.

2. В Арктической зоне Якутии в 2023 г. из биоматериала (головной мозг) домашнего северного оленя с клиническими признаками бешенства методами ПЦР, ИФА и МФА диагноз подтвержден во всех диагностических тестах. По всей вероятности, заражение оленя вирусом бешенства произошло при укусе больным бешенством песцом, ареал распространения которого в данном регионе велик.

3. Анализ нуклеотидных последовательностей вирусного генома показал филогенетическое родство выделенного изолята вируса бешенства в Арктической зоне Якутии с вирусами бешенства, циркулирующими в районах Северо-Американского континента, включая Гренландию, Канаду и США.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Гулюкин А.М., Смолянинов Ю.И., Шабейкин А.А. Экономический ущерб, причиняемый бешенством сельскохозяйственных жи-

¹¹Bourhy H., Reynes J., Dunham E., Dacheux L., Larrous F., Huong V. The origin and phylogeography of dog rabies virus // J. Gen. Virol. 2008. Vol. 89. P. 2673–2681.

¹²Metlin A., Rybakov K., Gruzdev S., Neuvonen E., Huovilainen A. Genetic heterogeneity of Russian, Estonian and Finnish field rabies viruses // Arch. Virol. 2007. Vol. 152. P. 1645–1654.

¹³Boldbaatar B., Inoue S., Tuya N., Dulam P., Batchuluun D., Sugiura N. Molecular epidemiology of rabies virus in Mongolia, 2005–2008. // J. Infect. Dis. 2010. Vol. 63. P. 358–363.

¹⁴Tao X., Tang Q., Li H., Mo Z., Zhang H., Wang D. Molecular epidemiology of rabies in Southern People's Republic of China // Emerg. Infect. Dis. 2009. Vol. 15 (8). P. 1192–1198.

¹⁵Metlin A., Rybakov K., Gruzdev S., Neuvonen E., Huovilainen A. Genetic heterogeneity of Russian, Estonian and Finnish field rabies viruses // Arch. Virol. 2007. Vol. 152. P. 1645–1654.

¹⁶Kuzmin I.V., Botvinkin A.D., McElhinney L.M., Smith S.S., Orciari L.A., Hughes G.J. Molecular epidemiology of terrestrial rabies in the former Soviet Union // J. Wildlife Dis. 2004. Vol. 40 (4). P. 617–631.

- вотных в России // RJOAS. 2016. № 8 (56). С. 34–38.
2. Зайкова О.Н., Гребенникова Т.В., Елаков А.Л., Кочергин-Никитский К.С., Алипер Т.И., Гулюкин А.М., Чучалин С.Ф. Молекулярно-генетическая характеристика геномов полевых изолятов вируса бешенства, циркулирующих на территории Кировской области // Вопросы вирусологии. 2016. № 4. С. 186–192.
 3. Зайкова О.Н., Гребенникова Т.В., Гулюкин А.М., Шабейкин А.А., Полякова И.В., Метлин А.В. Молекулярно-генетическая характеристика полевых изолятов вирусы бешенства, выделенных на территории Владимирской, Московской, Тверской, Нижегородской и Рязанской областей // Вопросы вирусологии. 2017. Т. 62. № 3. С. 101–108.
 4. Гулюкин А.М., Шабейкин А.А., Макаров В.В., Зайкова О.Н., Гребенникова Т.В., Забережный А.Д., Полякова И.В., Южаков А.Г. Особенности эпизоотического процесса и молекулярно-генетическая характеристика изолятов вируса бешенства, выявленных на территории Тверской области // Вопросы вирусологии. 2018. Т. 63. № 3. С. 115–123.
 5. Яковичи Н.В., Бондаренко А.Н., Адельшин Р.В., Носков А.К., Андаев Е.Н., Ботвинкин А.Д. Вирус бешенства в Красноярском крае: две независимых филогруппы // Дальневосточный журнал инфекционной патологии. 2019. № 37. С. 38–39.
 6. Полищук Е.М., Сидоров Г.Н., Нашатырева Д.Н. Бешенство в Российской Федерации: монография. Омск: Издательский центр, 2019. 110 с.
 7. Chupin S.A., Sprygin A.V., Zinyakov N.G., Guseva N.A., Shcherbinin S.V., Korennoy F.I., Adelshin R.V., Mazloun A., Sukharkov A.Y., Nevzorova V.V. Phylogenetic Characterization of Rabies Virus Field Isolates Collected from Animals in European Russian Regions in 2009–2022 // Microorganisms. 2023. Vol. 11. P. 2526. DOI: 10.3390/microorganisms11102526.
 8. Yakovchits N.V., Adelshin R.V., Zarva I.D., Chupin S.A., Melnikova O.V., Andaev E.I., Shulpin M.I., Metlin A.E., Botvinkin A.D. Fox rabies outbreaks in the republic of Buryatia: Connections with neighbouring areas of Russia, Mongolia and China // Transboundary and Emerging Diseases. 2021. Vol. 68. Is. 2. P. 427–434. DOI: 10.1111/tbed.13692.
 9. Ye Feng, Yuyang Wang, Hada, Deijide, Gaosuyilatu, Xin Li, Zemin Xu, Hasibagen, Amur Bulage, Linchuan Li, Sarula Yu Guo, Jihong Ma, Zhanying Kou, Sheng Sun, Liang Zhang, Tingfang Liu, Weidi Xu, Huachao Feng, Zihan Zhao, Zhongzhong Tu, Yan Liu, Changchun Tu. Diversity of rabies virus detected in Inner Mongolia, China, 2019–2021 // Transboundary and Emerging Diseases. 2022. Vol. 69. Is. 2. P. 249–253.
 10. Kumar S., Stecher G., Kumar K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets // Molecular Biology and Evolution. 2016. N 33. P. 1870–1874.
- ## REFERENCES
1. Gulyukin A.M., Smolyaninov Yu.I., Shabeikin A.A. The economic damage caused by rabies of agricultural animals in Russia. *RJOAS = RJOAS*, 2016, no. 8 (56), pp. 34–38.
 2. Zaikova O.N., Grebennikova T.V., Elakov A.L., Kochergin-Nikitskii K.S., Aliper T.I., Gulyukin A.M., Chuchalin S.F. Molecular-genetic characterization of field isolates of rabies virus circulating on the territory of the Kirov region. *Voprosy virusologii = Problems of virology*, 2016, no. 4, pp. 186–192.
 3. Zaikova O.N., Grebennikova T.V., Gulyukin A.M., Shabeikin A.A., Polyakova I.V., Metlin A.V. Molecular-genetic characterization of field isolates of rabies virus identified in the territory of Vladimir, Moscow, Tver, Nizhny Novgorod and Ryazan regions. *Voprosy virusologii = Problems of virology*, 2017, vol. 62, no. 3, pp. 101–108.
 4. Gulyukin A.M., Shabeikin A.A., Makarov V.V., Zaikova O.N., Grebennikova T.V., Zaberezhnyi A.D., Polyakova I.V., Yuzhakov A.G. Features of epizootic process and molecular-genetic characteristics of virus isolates of rabies in the Tver region. *Voprosy virusologii = Problems of virology*, 2018, vol. 63, no. 3, pp. 115–123.
 5. Yakovchits N.V., Bondarenko A.N., Adel'shin R.V., Noskov A.K., Andaev E.N., Botvinkin A.D. Rabies virus in the Krasnoyarsk Territory: two independent phylogroups. *Dal'nevostochnyi zhurnal infektsionnoi patologii = The Far Eastern Journal of Infectious Pathology*, 2019, no. 37, pp. 38–39.
 6. Polishchuk E.M., Sidorov G.N., Nashatyreva D.N. *Rabies in the Russian Federation*. Omsk: Publishing Center, 2019, 110 p.

7. Chupin S.A., Sprygin A.V., Zinyakov N.G., Guseva N.A., Shcherbinin S.V., Korennoy F.I., Adelshin R.V., Mazloun A., Sukharkov A.Y., Nevzorova V.V. Phylogenetic Characterization of Rabies Virus Field Isolates Collected from Animals in European Russian Regions in 2009–2022. *Microorganisms*, 2023, vol. 11, p. 2526. DOI: 10.3390/microorganisms11102526.
8. Yakovchits N.V., Adelshin R.V., Zarva I.D., Chupin S.A., Melnikova O.V., Andaev E.I., Shulpin M.I., Metlin A.E., Botvinkin A.D. Fox rabies outbreaks in the republic of Buryatia: Connections with neighbouring areas of Russia, Mongolia and China. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2021, vol. 68, is. 2, pp. 427–434. DOI: 10.1111/tbed.13692.
9. Ye Feng, Yuyang Wang, Hada, Deijide, Gaosuyilatu, Xin Li, Zemin Xu, Hasibagen, Amur Bulage, Linchuan Li, Sarula Yu Guo, Jihong Ma, Zhanying Kou, Sheng Sun, Liang Zhang, Tingfang Liu, Weidi Xu, Huachao Feng, Zihan Zhao, Zhongzhong Tu, Yan Liu, Changchun Tu. Diversity of rabies virus detected in Inner Mongolia, China, 2019–2021. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2022, vol. 69, is. 2, pp. 249–253.
10. Kumar S., Stecher G., Kumar K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 2016, no. 33, pp. 1870–1874.

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ

Петров П.Л., руководитель

✉ **Смолянинов Ю.И.**, доктор ветеринарных наук, профессор, главный научный сотрудник; **адрес для переписки:** Россия, 630501, Новосибирская область, р.п. Краснообск, а/я 463; e-mail: uismol@yandex.ru

Протодияконова Г.П., доктор ветеринарных наук, доцент, заведующая кафедрой

Степанюк М.А., аспирант

Терновой В.А., кандидат биологических наук, заведующий отделом

AUTHOR INFORMATION

Petr L. Petrov, Supervisor

✉ **Yury I. Smolyaninov**, Doctor of Science in Veterinary Medicine, Professor, Head Researcher; **address:** PO Box 463, Krasnoobsk, Novosibirsk Region, 630501, Russia; e-mail: uismol@yandex.ru

Galina P. Protodiakonova, Doctor of Science in Veterinary Medicine, Associate Professor, Department Head

Marina A. Stepanyuk, Post-graduate Student

Vladimir A. Ternovoy, Candidate of Science in Biology, Department Head

Дата поступления статьи / Received by the editors 30.01.2024
Дата принятия к публикации / Accepted for publication 18.03.2024
Дата публикации / Published 20.06.2024