



<https://doi.org/10.29326/2304-196X-2025-14-3-241-248>
УДК 619:578.824.11:575.8(470.45)

Филогенетический анализ изолятов вируса бешенства, выделенных от животных на территории Волгоградской области

С. А. Чупин¹, Е. В. Чернышова¹, Р. С. Чернышев¹, К. Н. Груздев¹, А. Н. Спиридонов¹, А. В. Варкентин¹, Н. А. Назаров¹, И. Д. Зарва², А. Д. Ботвинкин²

¹ ФГБУ «Федеральный центр охраны здоровья животных» (ФГБУ «ВНИИЗЖ»), ул. Гвардейская, 6, мкр. Юрвец, г. Владимир, 600901, Россия

² ФГБОУ ВО «Иркутский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации (ФГБОУ ВО ИГМУ Минздрава России), ул. Красного Восстания, 1, г. Иркутск, 664003, Россия

РЕЗЮМЕ

Введение. Нижнее Поволжье, в том числе Волгоградская область, вплоть до настоящего времени относится к числу наиболее неблагополучных по бешенству регионов России. Сведения о генетическом разнообразии возбудителя бешенства в современный период для Волгоградской области представлены недостаточно, поэтому филогенетический анализ изолятов вируса бешенства из этого региона представляется актуальной научной задачей.

Цель исследования. Проведение филогенетического анализа современных изолятов вируса бешенства, выделенных от животных на территории Волгоградской области, на основании полноразмерной последовательности гена нуклеопротеина.

Материалы и методы. Использовали головной мозг животных с диагнозом «бешенство». Анализ полученных нуклеотидных последовательностей гена нуклеопротеина вируса бешенства проводили с помощью байесовского метода строгих молекулярных часов. Ландшафтно-географическая карта Natural Earth использована для описания пространственного распределения изолятов возбудителя бешенства.

Результаты. Определена полноразмерная последовательность гена нуклеопротеина 13 изолятов вируса бешенства из Волгоградской области. Филогенетический анализ позволил установить, что представители популяции возбудителя бешенства из этого региона относятся к различным генетическим вариантам группы С, сформировавшимся в разное время. Генетическое родство с изолятами из Казахстана, Молдовы, центральных и южных регионов России, с Украины свидетельствует об интенсивном перемещении вируса бешенства на юге европейской части России. В то же время разные варианты вируса бешенства обнаружены на левом и правом берегах Волги.

Заключение. Все изученные изоляты возбудителя бешенства из Волгоградской области принадлежали к генетической группе С и отличались высоким генетическим разнообразием вариантов.

Ключевые слова: вирус бешенства, филогенетический анализ, генетическая группа С, Волгоградская область

Благодарности: Работа выполнена в рамках государственного задания «Выявление возбудителей трансграничных заболеваний животных, изучение их биологических свойств, особенностей заноса и распространения болезней, вызываемых данными возбудителями».

Для цитирования: Чупин С. А., Чернышова Е. В., Чернышев Р. С., Груздев К. Н., Спиридонов А. Н., Варкентин А. В., Назаров Н. А., Зарва И. Д., Ботвинкин А. Д. Филогенетический анализ изолятов вируса бешенства, выделенных от животных на территории Волгоградской области. *Ветеринария сегодня*. 2025; 14 (3): 241–248. <https://doi.org/10.29326/2304-196X-2025-14-3-241-248>

Конфликт интересов: Груздев К. Н. является главным редактором журнала «Ветеринария сегодня», но не имеет никакого отношения к решению опубликовать эту статью. Рукопись прошла принятую в журнале процедуру рецензирования. Об иных конфликтах интересов авторы не заявляли.

Для корреспонденции: Чупин Сергей Александрович, канд. биол. наук, ведущий научный сотрудник референтной лаборатории по бешенству и BSE ФГБУ «ВНИИЗЖ», ул. Гвардейская, 6, мкр. Юрвец, г. Владимир, 600901, Россия, chupin@arriah.ru

Phylogenetic analysis of rabies virus isolates recovered from animals in Volgograd Oblast

Sergei A. Chupin¹, Elena V. Chernyshova¹, Roman S. Chernyshev¹, Konstantin N. Gruzdev¹, Artem N. Spiridonov¹, Andrey V. Varkentin¹, Nikolay A. Nazarov¹, Ivan D. Zarva², Aleksandr D. Botvinkin²

¹ Federal Centre for Animal Health, 6 Gvardeyskaya str., Yur'evets, Vladimir 600901, Russia

² Irkutsk State Medical University, 1 Krasnogo Vosstaniya str., Irkutsk 664003, Russia

ABSTRACT

Introduction. The Lower Volga region, including the Volgograd Oblast, remains one of Russia's most rabies-affected areas to date. Data on the genetic diversity of rabies viruses (RABVs) currently circulating in the Volgograd Oblast are insufficient, making phylogenetic analysis of RABV isolates from this region a relevant scientific objective.

Objective. The study aims to conduct a phylogenetic analysis of current RABV isolates recovered from animals in the Volgograd Oblast, based on the full-length nucleoprotein gene sequence.

Materials and methods. Brain tissue samples from animals diagnosed with rabies were used. The obtained nucleotide sequences of the RABV nucleoprotein gene were analyzed using the Bayesian strict molecular clock method. The spatial distribution of RABV isolates was described using Natural Earth physical map.

Results. Full-length nucleoprotein gene sequencing was performed for 13 RABV isolates collected in the Volgograd Oblast. Phylogenetic analysis revealed that the RABV population in this region comprises distinct genetic variants of genetic group C, formed at different times. Genetic relationship to the isolates from Kazakhstan, Ukraine, Moldova and Central/Southern Russia indicates intensive RABV circulation in Southern European Russia. Notably, distinct virus variants were detected on the left and right banks of the Volga River.

Conclusion. All studied RABV isolates collected in the Volgograd Oblast belonged to genetic group C and exhibited high genetic diversity among variants.

Keywords: rabies virus (RABV), phylogenetic analysis, genetic group C, Volgograd Oblast

Acknowledgements: The study was conducted within the state assignment "Detection of animal transboundary disease pathogens, study of their biological properties, and investigation of the entry and spread patterns of diseases caused by these pathogens".

For citation: Chupin S. A., Chernyshova E. V., Chernyshev R. S., Gruzdev K. N., Spiridonov A. N., Varkentin A. V., Nazarov N. A., Zarva I. D., Botvinkin A. D. Phylogenetic analysis of rabies virus isolates recovered from animals in Volgograd Oblast. *Veterinary Science Today*. 2025; 14 (3): 241–248. <https://doi.org/10.29326/2304-196X-2025-14-3-241-248>

Conflict of interests: Gruzdev K. N. is the editor-in-chief of the "Veterinary Science Today" journal, but was not involved into the decision making process related to this article publication. The manuscript has passed the review procedure accepted in the journal. The authors did not declare any other conflicts of interests.

For correspondence: Sergei A. Chupin, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, Reference Laboratory for Rabies and BSE, Federal Centre for Animal Health, 6 Gvardeyskaya str., Yur'evets, Vladimir 600901, Russia, chupin@arriah.ru

ВВЕДЕНИЕ

Применение молекулярно-генетических исследований в эпизоотологии существенно расширило возможности надзора за зоонозными инфекциями. Сведения о внутривидовом разнообразии и степени родства генетических линий возбудителей инфекционных болезней, полученные в результате филогенетического анализа нуклеотидных последовательностей отдельных генов и полных геномов, несут в себе ценную информацию о происхождении патогенов, особенностях их пространственного распространения и значении в патологии человека и животных. Сформировались и активно развиваются новые направления исследований и практической деятельности – молекулярная эпидемиология и геномный эпидемиологический надзор [1, 2].

На территории Российской Федерации выявлено несколько генетических групп вируса бешенства, имеющих различную географическую привязку [3, 4, 5, 6, 7]. Представители генетической группы С («степная») [3] распространены наиболее широко и в настоящее время занимают территории от Восточной Европы до юга Сибири, Казахстана и Северо-Восточного Китая [6, 8, 9, 10, 11]. С середины XX века основным резервуаром вируса бешенства на этой территории является лисица (*Vulpes vulpes*). Предполагалось, что эпизоотии «лисьего» бешенства начались в 1939 г. в Восточной Пруссии (Польский коридор) и за 20–30 лет распространились на запад (до Франции и Бельгии) и на восток (в Прибалтику, на Украину, в Белоруссию и западные регионы России) [12, 13]. На картограммах хорошо прослеживается последовательное распространение «лисьего» бешенства в европейской части бывшего СССР [14]. В начале XXI века эпизоотии среди лисиц распространились на регионы Сибири (в Красноярский край и Забайкалье), которые оставались благополучными по бешенству на протяжении нескольких десятилетий [7, 15].

В 1942 г. была описана вспышка бешенства среди диких животных в дельте Волги [13]. Считается, что этот

район, наряду с Восточной Пруссией, послужил одним из центров распространения «лисьего» бешенства в СССР [13, 16]. Нижнее Поволжье, в том числе Волгоградская область, вплоть до настоящего времени относится к числу наиболее неблагополучных по бешенству регионов России [7, 16]. Практически вся территория Волгоградской области энзоотична [17, 18]. Первичным резервуаром вируса бешенства здесь считается лисица, хотя в последние десятилетия до 38% всех зафиксированных случаев заболевания приходилось на собак и кошек, тогда как доля диких животных не превышала 25% [19]. Известно, что в 4 из 6 зарегистрированных после 2000 г. случаев бешенства у людей заражение произошло от собак и кошек [7, 20]. Опубликованы нуклеотидные последовательности гена нуклеопротеина (гена N) всего двух изолятов вируса бешенства от животных из Волгоградской области, которые были отнесены к генетической группе С [3]. Сведения о генетическом разнообразии возбудителя бешенства в современный период для Волгоградской области представлены недостаточно, поэтому филогенетический анализ изолятов вируса из этого региона представляется актуальной научной задачей.

Целью работы являлось проведение филогенетического анализа современных изолятов вируса бешенства, выделенных от животных на территории Волгоградской области, на основании полноразмерной последовательности гена N.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Изучено 13 изолятов вируса бешенства, выделенных от животных на территории Волгоградской области в 2018–2021 гг. (табл. 1, рис. 1).

Выделение РНК из головного мозга животных и наработку в полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией двух перекрывающихся фрагментов генома, содержащих полноразмерный ген N вируса бешенства, с последующей очисткой и нуклеотидным секвенированием по Сэнгеру осуществляли согласно ранее опубликованному протоколу [5]. Полученные

Таблица 1

Сведения об изолятах вируса бешенства, выделенных от животных на территории Волгоградской области

Table 1

Information on RABV isolates recovered from animals in the Volgograd Oblast

№ п/п	Полное название изолята	Координаты населенных пунктов		Год	Животное-хозяин	Номер в GenBank
		широта	долгота			
1	490_2/2018/Volgograd	50,19760	42,69182	2018	собака	OP311892
2	490_4/2018/Volgograd	49,98861	46,68835	2018	собака	OP311893
3	1563/2018/Volgograd	50,99677	44,35670	2018	собака	OP311840
4	1299/138/2021/Volgograd	51,07931	42,51306	2021	КРС*	OP311869
5	1299/139/2021/Volgograd	50,08529	45,40216	2021	собака	OP311870
6	1299/141/2021/Volgograd	48,38944	42,35912	2021	собака	OP311871
7	1299/142/2021/Volgograd	48,09285	42,59016	2021	КРС	OP311872
8	1299/143/2021/Volgograd	50,24182	41,83726	2021	собака	OP311873
9	1299/144/2021/Volgograd	49,85802	42,33575	2021	собака	OP311874
10	1299/145/2021/Volgograd	49,35021	45,07359	2021	куница**	OP311875
11	1299/146/2021/Volgograd	49,73250	43,48296	2021	КРС	OP311876
12	1299/147/2021/Volgograd	48,24536	42,64595	2021	кошка	OP311877
13	1299/148/2021/Volgograd	49,85802	42,33575	2021	волк***	OP311878

* КРС – крупный рогатый скот (cattle); ** куница – *Martes sp.*; *** волк – *Canis lupus*.

последовательности экспортировали в международную базу данных GenBank (номера доступа в GenBank представлены в таблице 1).

При выполнении филогенетического анализа использовали байесовский подход с применением пакета программ Bayesian Evolutionary Analysis Sampling Trees (BEAST X) [21]. Предварительно с помощью компьютерной программы Mega X оценивали модель, подходящую для построения филогенетического дерева, с определением байесовского коэффициента (BIC) и скорректированного коэффициента Акаике (AICc). По результатам теста была выбрана модель Хасегава – Кишино – Яно с гамма-распределением 4-й категории (HKY + G; BIC = 21 360,059; AICc = 17 664,682) [22]. Филогенетическое дерево, отражающее апостериорную (эмпирическую, лат. *a posteriori*) вероятность времени образования внутренних (предковых) и терминальных узлов с 95%-м доверительным интервалом (95% ДИ), конструировали методом строгих молекулярных часов, устанавливая гетерохронную калибровку до года выделения образца, модель случайного начального дерева с постоянным размером популяции, длину марковской цепи Монте-Карло (MCMC) 1×10^8 с частотой дискретизации 1×10^5 . Апостериорную прогностическую проверку проводили для всех таксонов, принадлежащих генетической группе С вируса бешенства.

Достоверность MCMC оценивали в программе Tracer при анализе выходных данных BEAST X [23].

Дерево аннотировали с помощью утилиты Tree-Annotator и установленных параметров устранения выбросов (burn-in = 10%, 10 000 000 состояний), максимальной достоверности клада (MCC) и сохранения заданной длины.

Визуализацию филогенетического дерева выполняли в программе FigTree v1.4.5 [24].

Для картографирования использована программа QGIS 3.2.1 и электронная ландшафтно-географическая

карта Natural Earth. Точки на карту наносили по географическим координатам населенных пунктов, в которых выявлены случаи бешенства.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Была определена полноразмерная нуклеотидная последовательность гена N (1353 н.) 13 полевых изолятов вируса бешенства, выделенных от животных на территории десяти районов Волгоградской области в период с 2018 по 2021 г. Места выявления изолятов представлены на карте (рис. 1).

Согласно предварительному анализу, все изученные изоляты относятся к генетической группе С вируса бешенства. Поэтому для построения филогенетического дерева из базы данных GenBank были взяты полноразмерные последовательности всех имеющихся изолятов этой группы, выявленных на территории РФ, с известным годом обнаружения. Кроме того, анализ изучаемых последовательностей на наличие близкородственных последовательностей с помощью поисковой системы BLAST (Basic Local Alignment Search Tool, <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) позволил определить близкородственные изоляты, выявленные в Казахстане, Молдове, Польше и на Украине. Они также были включены в филогенетический анализ. Для наглядного представления группы С среди других генетических вариантов вируса были включены по несколько изолятов из других генетических групп, циркулирующих на территории Европы и европейской части России (кроме представителей клада Arctic-related ввиду очень отдаленного генетического родства). Таким образом, в филогенетическое дерево было включено 178 полноразмерных последовательностей гена N вируса бешенства, из них 121 последовательность принадлежала представителям генетической группы С. Для лучшей читаемости рисунка группы изолятов, не имеющих близкого генетического родства с изучаемыми изолятами, были

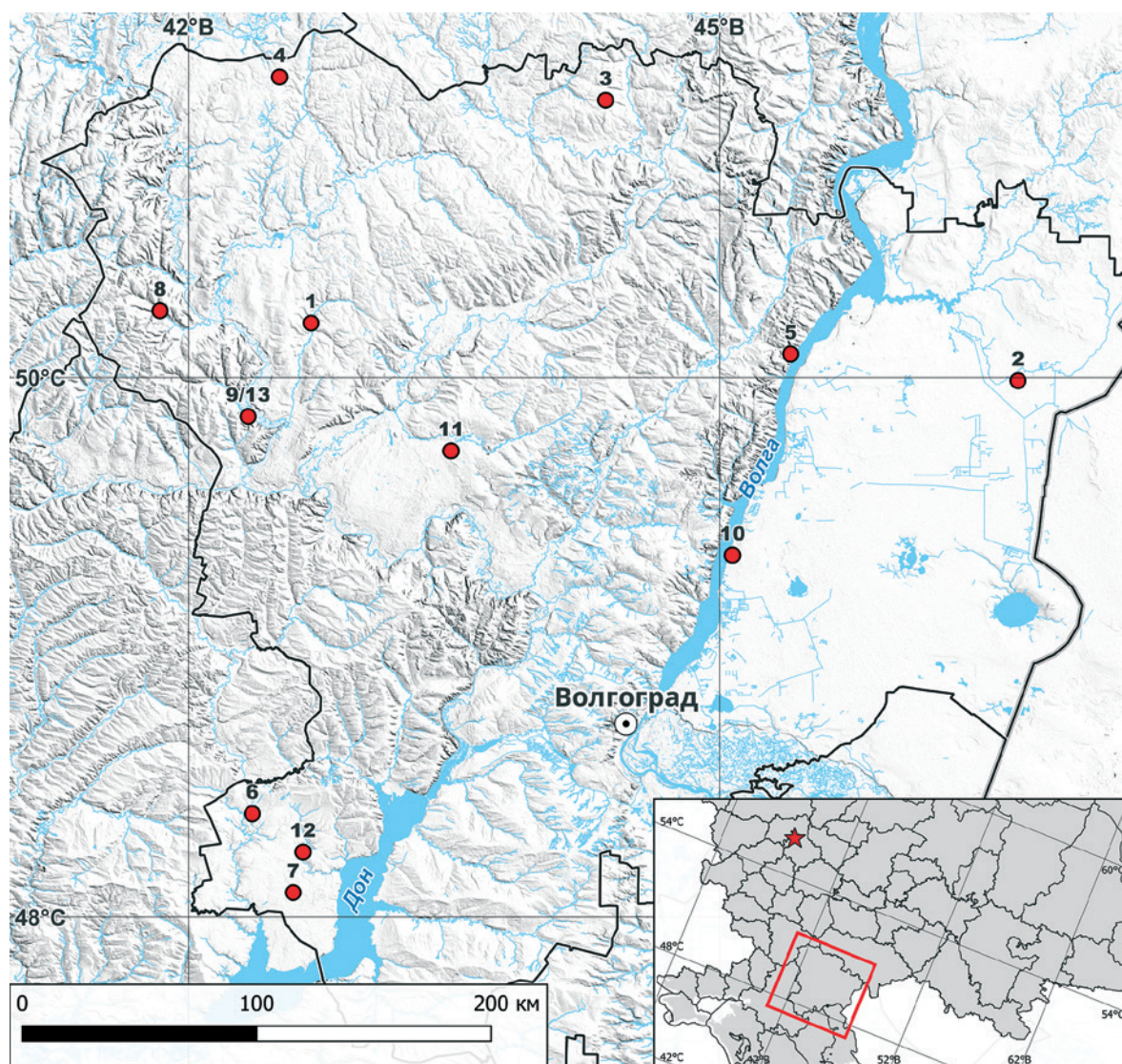


Рис. 1. Распределение выделенных от животных изолятов вируса бешенства по территории Волгоградской области (цифрами обозначены изоляты, указанные в таблице 1)

Fig. 1. Distribution of RABV isolates collected from animals in the Volgograd Oblast (the isolates listed in Table 1 are numbered)

«свернуты» (англ. collapsed). Полученное филогенетическое дерево представлено на рисунке 2.

Согласно топологии дерева все изучаемые изоляты относятся к генетической группе С, современный ареал которой в пределах Российской Федерации простирается от западных границ и областей средней полосы европейской части страны до степных и лесостепных территорий Сибири, повсеместно уходя за границы России на юге [3, 6, 5, 11]. Вирус бешенства генетической линии С в Волгоградской области выделяли как от диких плотоядных, так и от домашних и сельскохозяйственных животных.

Все изученные изоляты уникальны по сравнению с выявленными ранее, в том числе и из Волгоградской области, и образуют несколько групп с высокой оценкой апостериорной вероятности (ОАВ) друг с другом и с ранее изученными изолятами из российских и зарубежных регионов.

Так, изолят 490_4/2018/Volgograd проявляет значительное сходство (99,85%) с изолятом Rab-8-4, выявленным в Туркестанской области Казахстана. Предпо-

ложительное время существования последнего общего предка (ПВСПОП) для этой группы – 2015,9 г. (95% ДИ – от 2012,1 до 2016,93 г.), ОАВ группы – 1,0.

Изоляты 1299/143/2021/Volgograd и 1299/148/2021/Volgograd проявляют наибольшее родство с изолятами, выявленными ранее во Владимирской, Липецкой, Нижегородской и Рязанской областях (более 98,67%). ПВСПОП для этой группы – 2007,95 г. (95% ДИ – от 2002,48 до 2009,67 г.), ОАВ группы – 1,0.

Группа изолятов (490_2/2018/Volgograd, 1299/138/2021/Volgograd, 1299/139/2021/Volgograd, 1563/2018/Volgograd) проявляет наибольшее родство (более 98,9%) с изолятами, выявленными ранее в Нижегородской и Липецкой областях (но уже с другими, чем в предыдущих случаях). ПВСПОП для этой группы – 2001,43 г. (95% ДИ – от 1994,02 до 2002,65 г.), ОАВ группы – 1,0.

Еще пять изолятов из Волгоградской области (1299/142/2021/Volgograd, 1299/147/2021/Volgograd, 1299/141/2021/Volgograd, 1299/144/2021/Volgograd, 1299/146/2021/Volgograd) образуют группу с высокой

ОАВ (1,0) с изолятами из Белгородской, Липецкой, Рязанской, Смоленской, Курской, Нижегородской, Московской областей, а также с изолятами, выявленными на территории других государств – Молдовы, Украины и Польши. Примечательно, что эта относительно плотная в генетическом отношении группа занимает чрезвычайно обширный ареал, простирающийся как минимум с севера на юг на 1000 км и с запада на восток на 2000 км. ПВСПОП для этой группы – 1996,13 г. (95% ДИ – от 1989,12 до 2003,42 г.).

Изолят 1299/145/2021/Volgograd генетически значительно отличается от других волгоградских изолятов и наибольшее (хотя и не слишком близкое) родство проявляет с изолятами, выявленными в Астраханской области (98,74%). Он образует группу, поддержанную высокой ОАВ (0,98), с изолятами вируса бешенства, выявленными в Оренбургской и Астраханской областях, а также в Казахстане. ПВСПОП для этой группы – 1978.98 г. (от 1974.35 до 1983.97 г.).

Два изолята (2070f и 2072f), выявленные в Волгоградской области I. V. Kuzmin et al. [3] в 2003 г., значительно отличаются от изучаемых изолятов из этого региона. Изолят 2070f образует группу с изолятом 1350/2008/Krasnodar из Краснодарского края (ОАВ – 1,0; ПВСПОП – 1984,33 г.; 95% ДИ – от 1977,17 до 1989,78 г.), а у изолята 2072f, хотя и наблюдается генетическое родство с изолятом 2070f (99,1%), однако эта группа имеет очень низкую поддержку ОАВ – 0,19.

Количество исследованных изолятов от разных групп животных примерно соответствует структуре заболеваемости за 2020–2024 гг. Более половины из них получены от собак и кошек (табл. 2).

Таким образом, основной характеристикой популяции вируса бешенства в Волгоградской области является сильно выраженная гетерогенность, возможно, максимальная для регионов, изученных на данный момент достаточно хорошо. При этом практически все представители волгоградской популяции возбудителя бешенства имеют близких родственников в других регионах России и зарубежья, что говорит об активном

перемещении вируса. Согласно литературным данным, нарастание эпизоотической напряженности имело место в Волгоградской области в 1988, 1991, 1997, 1998 и 2001 гг. [17]. Представители волгоградской популяции

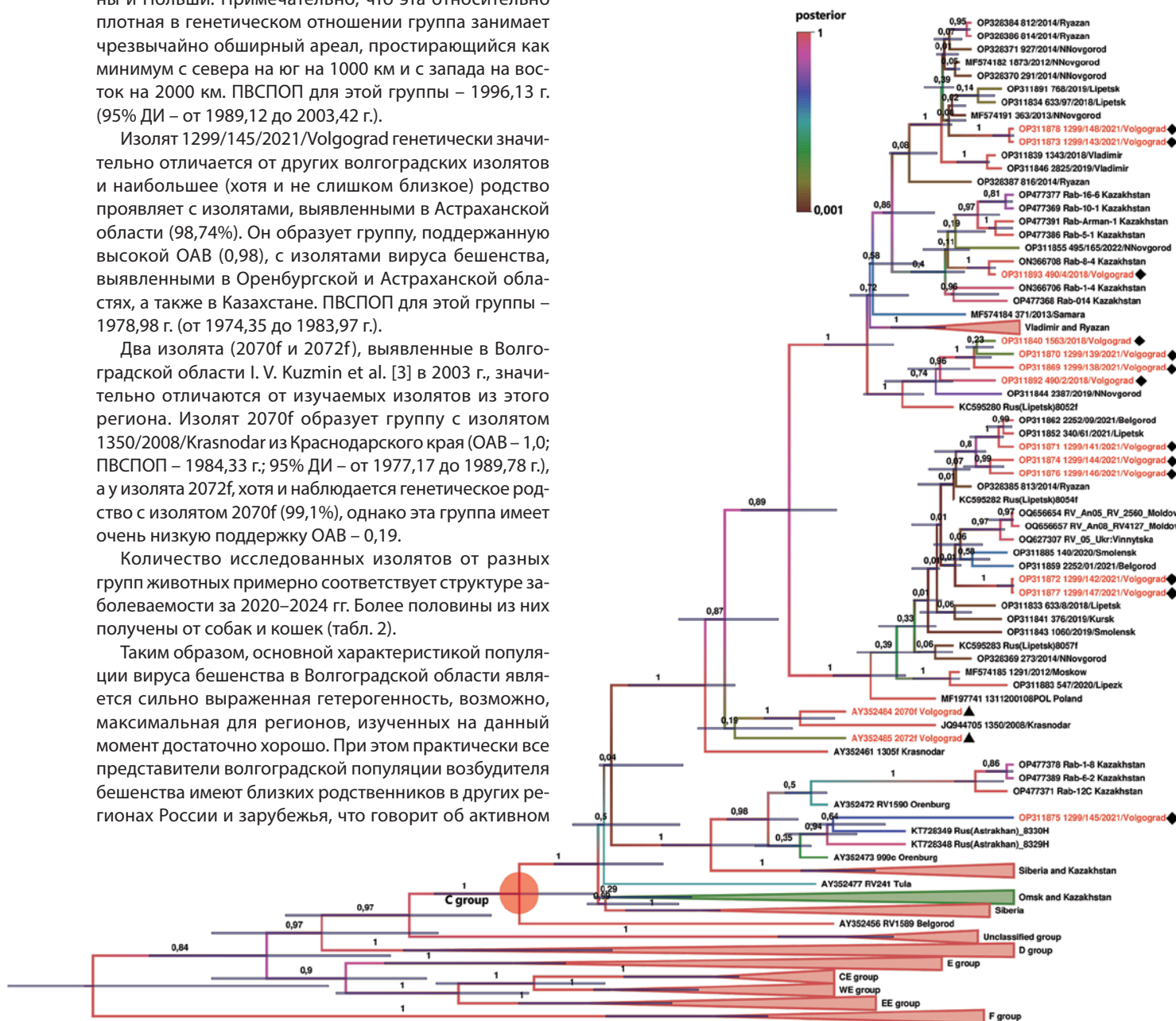


Рис. 2. Филогенетическое дерево, построенное с использованием полноразмерной нуклеотидной последовательности гена N вируса бешенства и алгоритма строгих молекулярных часов. Изоляты, выделенные от животных на территории Волгоградской области, обозначены красным шрифтом. Цифрами от 0 до 1 даны значения апостериорной вероятности выделения той или иной группы; этот же показатель обозначен цветом ветвей (расшифровка цвета дана на дополнительной шкале).

Горизонтальная временная шкала внизу показывает годы существования последнего общего предка для той или иной группы, в узлах дерева синей полосой показаны 95% ДИ для этого значения. Розовым кругом обозначен последний общий предок представителей генетической группы С. Черными ромбами маркированы изучаемые изоляты, треугольниками – два ранее изученных изолята, выделенных на территории Волгоградской области

Fig. 2. Phylogenetic tree constructed using the full-length nucleotide sequence of RABV N gene and a strict molecular clock algorithm. Isolates collected from animals in the Volgograd Oblast are highlighted in red. Numbers (0–1) indicate posterior probability values for specific groups; the same parameter is indicated with the color of branches (see color scale for interpretation). The horizontal timeline at the bottom shows the estimated years of the most recent common ancestor for this or that group, with blue bars at nodes representing 95% confidence intervals for this value. The pink circle marks the most recent common ancestor of genetic group C. Black diamonds denote the studied isolates, while triangles represent two previously characterized isolates from the Volgograd Oblast

Таблица 2
Сведения о подтверждении бешенства у животных в Волгоградской области (2020–2024*) и источниках получения изолятов вируса для филогенетического анализа

Table 2
Data on rabies confirmation in animals from the Volgograd Region (2020–2024*) and sources of virus isolates for phylogenetic analysis

Категории животных	Подтверждено случаев бешенства		Исследовано изолятов	
	<i>n</i>	%	<i>n</i>	%
Сельскохозяйственные животные (крупный рогатый скот, мелкий рогатый скот, лошадь)	42	23,3	3	23,1
Домашние плотоядные (собака, кошка)	109	60,6	8	61,5
Дикие плотоядные (лисица, волк и др.)	29	16,1	2	15,4
Итого	180	100	13	100

* Данные за 9 мес. 2024 г. (data for 9 months of 2024).

вируса бешенства относятся к разным генетическим вариантам, которые сформировались в разное время, на что указывает предположительный возраст последнего общего предка для этих вариантов. Возможно, пики эпизоотической напряженности совпадают по времени с распространением новых вариантов, после чего они «закрепляются» среди восприимчивых хозяев на определенной территории, продолжают эволюционировать и к настоящему времени дают такой пестрый генетический профиль популяции.

Обращают на себя внимание особенности локализации разных подгрупп вируса бешенства. Волгоградская область занимает срединную часть юго-востока Русской (Восточно-Европейской) равнины в пределах трех природных зон: лесостепной, степной и полупустынной [25]. Изоляты, собранные в лесостепных и степных районах северной части Волгоградской области на правом берегу Волги (490_2/2018/Volgograd, 1563/2018/Volgograd, 1299/138/2021/Volgograd, 1299/139/2021/Volgograd, 1299/143/2021/Volgograd, 1299/144/2021/Volgograd, 1299/148/2021/Volgograd), имеют генетическое родство с изолятами из Среднего Поволжья и центральных регионов России. Вероятно, этому способствует отсутствие естественных барьеров для миграций диких плотоядных в северном направлении. Смежные территории характеризуются достаточно высокой численностью лисицы [26]. Изоляты вируса бешенства 1299/141/2021/Volgograd, 1299/142/2021/Volgograd, 1299/147/2021/Volgograd, имеющие сходство с изолятами, обнаруженными на Украине, в Молдове, Польше, западных и центральных регионах европейской части России, выявлены в юго-западной части Волгоградской области на правом берегу Цимлянского водохранилища. Изоляты с левобережья Волги (490_4/2018/Volgograd, 1299/145/2021/Volgograd) генетически близки к изолятам с территорий, граничащих с Волгоградской областью на юге и востоке, что обусловлено общностью ландшафтов с полупустынями и сухими степями Казахстана и Астраханской области. Широкие водные преграды (Цимлянское, Волгоградское водохранилища и Волго-Донской канал), пересекающие всю область с северо-востока на юго-запад, замерзают на 2–3 мес. в году [25] и в течение большей части года представляют естественный барьер для распростра-

нения бешенства. В нашем распоряжении было всего 2 изолята с левобережья Волги, но оба отличались от изолятов с правого берега. Так, изолят 1299/145/2021/Volgograd, выявленный в Быковском районе Волгоградской области, группируется с изолятами, обнаруженными в Оренбургской и Астраханской (точное место происхождения изолятов неизвестно) областях, а также в Казахстане. Изолят 490/4/2018/Volgograd, выявленный в Палласовском районе Волгоградской области, имеет несколько близкородственных изолятов из Казахстана и один (что составляет единственное исключение) – из Нижегородской области. Районы с наиболее высокими показателями заболеваемости животных бешенством (Николаевский, Быковский, Ленинский, Октябрьский) [19] расположены на левом берегу Волги. Волго-Ахтубинская пойма, по-видимому, служит значимым экологическим руслом, связывающим Волгоградскую и Астраханскую области, что подтверждается генетическим сходством изолятов с этих территорий (1299/145/2021/Volgograd). Ограниченное количество исследованных изолятов не позволяет сделать более определенных выводов. Тем не менее полученные результаты заслуживают внимания для продолжения исследований и планирования мероприятий по оральной вакцинации лисиц.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Все изученные изоляты вируса бешенства, выделенные от животных на территории Волгоградской области, отнесены к генетической группе С. В пределах этой линии популяция возбудителя бешенства в Волгоградской области отличается чрезвычайно высокой генетической вариабельностью. Генетическое родство изолятов из этого региона с изолятами из Казахстана, Молдовы, центральных и южных регионов России, с Украины свидетельствует об интенсивном перемещении хозяев вируса бешенства. Это обстоятельство необходимо учитывать при организации противозооотических мероприятий.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Жебрун А. Б. От молекулярной к геномной и метагеномной эпидемиологии. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2014; 91 (3): 91–100. <https://elibrary.ru/vobdlt>
2. Акимкин В. Г., Семенов Т. А., Хафизов К. Ф., Углева С. В., Дубоделов Д. В., Колосовская Е. Н. Стратегия геномного эпидемиологического надзора. Проблемы и перспективы. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2024; 101 (2): 163–172. <https://doi.org/10.36233/0372-9311-507>
3. Kuzmin I. V., Botvinkin A. D., McElhinney L. M., Smith J. S., Orciari L. A., Hughes G. J., et al. Molecular epidemiology of terrestrial rabies in the former Soviet Union. *Journal of Wildlife Diseases*. 2004; 40 (4): 617–631. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-40.4.617>
4. Чупин С. А., Чернышова Е. В., Метлин А. Е. Генетическая характеристика полевых изолятов вируса бешенства, выявленных на территории Российской Федерации в период 2008–2011 гг. *Вопросы вирусологии*. 2013; 58 (4): 44–49. <https://elibrary.ru/rqyqth>
5. Chupin S. A., Sprygin A. V., Zinyakov N. G., Guseva N. A., Shcherbinin S. V., Korennoy F. I., et al. Phylogenetic characterization of rabies virus field isolates collected from animals in European Russian regions in 2009–2022. *Microorganisms*. 2023; 11 (10):2526. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11102526>
6. Deviatkin A. A., Lukashov A. N., Poleshchuk E. M., Dedkov V. G., Tkachev S. E., Sidorov G. N., et al. The phylodynamics of the rabies virus in the Russian Federation. *PLoS ONE*. 2017; 12 (2):e0171855. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0171855>
7. Полещук Е. М., Сидоров Г. Н., Нашатырева Д. Н., Градобоева Е. А., Пакскина Н. Д., Попова И. В. Бешенство в Российской Федерации: информационно-аналитический бюллетень. Омск: Издательский центр КАН; 2019. 110 с. <https://elibrary.ru/bouwsw>

8. Smreczak M., Orłowska A., Trębas P., Stolarek A., Freuling C., Müller T. Re-emergence of rabies in Mazowieckie Voivodeship, Poland, 2021. *Zoonoses and Public Health*. 2023; 70 (1): 111–116. <https://doi.org/10.1111/zph.13005>
9. Picard-Meyer E., Robardet E., Moroz D., Trotsenko Z., Drozhzhe Z., Biarnais M., et al. Molecular epidemiology of rabies in Ukraine. *Archives of Virology*. 2012; 157: 1689–1698. <https://doi.org/10.1007/s00705-012-1351-6>
10. Liu Y., Zhang S., Zhao J., Zhang F., Li N., Lian H., et al. Fox- and raccoon-dog-associated rabies outbreaks in northern China. *Virologica Sinica*. 2014; 29 (5): 308–310. <https://doi.org/10.1007/s12250-014-3484-0>
11. Yessembekova G. N., Xiao Sh., Abenov A., Karibaev T., Shevtsov A., Asylulan A., et al. Molecular epidemiological study of animal rabies in Kazakhstan. *Journal of Integrative Agriculture*. 2023; 22 (4): 1266–1275. <https://doi.org/10.1016/j.jia.2022.11.011>
12. Steck F., Wandeler A. The epidemiology of fox rabies in Europe. *Epidemiologic Reviews*. 1980; 2 (1): 71–96. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.epirev.a036227>
13. Селимов М. А. Бешенство. М.: Медицина; 1978. 336 с.
14. Botvinkin A., Kosenko M. Rabies in the European parts of Russia, Belarus and Ukraine. In: *Historical Perspective of Rabies in Europe and the Mediterranean Basin*. Eds. A. A. King, A. R. Fooks, M. Aubert, A. I. Wandeler. Paris: OIE; 2004; 47–63.
15. Полещук Е. М., Сидоров Г. Н. Анализ особенностей эпизоотолого-эпидемической ситуации и риск заражения бешенством в Российской Федерации в начале XXI века. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2020; (4): 16–25. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2020-4-16-25>
16. Груздев К. Н., Метлин А. Е. Бешенство животных. 2-е изд., перераб. и доп. Владимир: ФГБУ «ВНИИЗЖ»; 2022. 442 с.
17. Авиллов В. М., Соцнев В. В., Саввин А. В., Горячев И. И., Алиев А. А. Функционирование паразитарной системы бешенства в субъектах федерации Поволжского экономического района. *Ветеринарная патология*. 2004; (3): 127–134. <https://elibrary.ru/hsoxed>
18. Савченко С. Т., Чайка А. Н., Ромасова Е. И., Масленникова Г. Ф., Махонин А. А., Фролова Г. И. и др. Состояние эпидемиологической и эпизоотологической ситуации в Волгоградской области по природно-очаговому и особо опасным инфекциям. *Инфекция и иммунитет*. 2012; 2 (1–2): 192. <https://iimmun.ru/iimm/article/view/90/89>
19. Аликова Г. А., Соцнев В. В., Авиллов В. М., Козыренко О. В., Суворин В. В., Пашкина Ю. В. и др. Зоны риска рабической инфекции в Волгоградской области. *Главные эпизоотологические параметры популяции животных: сборник научных трудов ФГБОУ ВПО НГСХА, представленных на 2-й сессии Международной научно-практической конференции (Нижний Новгород, 5–6 февраля 2014 г.)*. Т. 1. Нижний Новгород: БИКАР; 2015; 312–319. <https://elibrary.ru/tqijur>
20. Невинский А. Б., Арова А. А., Хлынина Ю. О. Клинический случай бешенства в Волгоградской области. *Инфекционные болезни в современном мире: эволюция, текущие и будущие угрозы: сборник трудов XIII Ежегодного Всероссийского конгресса по инфекционным болезням имени академика В. И. Покровского (Москва, 24–26 мая 2021 г.)*. М: Медицинское маркетинговое агентство; 2021; 120–121. <https://elibrary.ru/jgusgf>
21. Suchard M. A., Lemey P., Baele G., Ayres D. L., Drummond A. J., Rambaut A. Bayesian phylogenetic and phylodynamic data integration using BEAST 1.10. *Virus Evolution*. 2018; 4 (1):vey016. <https://doi.org/10.1093/ve/vey016>
22. Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C., Tamura K. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*. 2018; 35 (6): 1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
23. Rambaut A., Drummond A. J., Xie D., Baele G., Suchard M. A. Posterior summarization in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7. *Systematic Biology*. 2018; 67 (5): 901–904. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syy032>
24. Sauvage T., Plouviez S., Schmidt W. E., Fredericq S. TREE2FASTA: a flexible Perl script for batch extraction of FASTA sequences from exploratory phylogenetic trees. *BMC Research Notes*. 2018; 11:164. <https://doi.org/10.1186/s13104-018-3268-y>
25. Рябинина Н. О. Природа и ландшафты Волгоградской области: монография. Волгоград: ВолГУ; 2015. 370 с.
26. Кинер Т. В., Зайцев В. А. Структура ареала обыкновенной лисицы (*Vulpes vulpes* L.) в лесной зоне Восточной Европы. *Сибирский экологический журнал*. 2010; 17 (1): 163–172. <https://elibrary.ru/ldflib>
3. Kuzmin I. V., Botvinkin A. D., McElhinney L. M., Smith J. S., Orciari L. A., Hughes G. J., et al. Molecular epidemiology of terrestrial rabies in the former Soviet Union. *Journal of Wildlife Diseases*. 2004; 40 (4): 617–631. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-40.4.617>
4. Chupin S. A., Chernyshova E. V., Metlin A. E. Genetic characterization of the rabies virus field isolates detected in Russian Federation within the period 2008–2011. *Problems of Virology*. 2013; 58 (4): 44–49. <https://elibrary.ru/rqgyth> (in Russ.)
5. Chupin S. A., Sprygin A. V., Zinyakov N. G., Guseva N. A., Shcherbinin S. V., Korennoy F. I., et al. Phylogenetic characterization of rabies virus field isolates collected from animals in European Russian regions in 2009–2022. *Microorganisms*. 2023; 11 (10):2526. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11102526>
6. Deviatkin A. A., Lukashov A. N., Poleshchuk E. M., Dedkov V. G., Tkachev S. E., Sidorov G. N., et al. The phylodynamics of the rabies virus in the Russian Federation. *PLoS ONE*. 2017; 12 (2):e0171855. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0171855>
7. Poleshchuk E. M., Sidorov G. N., Nashatyeva D. N., Gradoboeva E. A., Paksina N. D., Popova I. V. Rabies in the Russian Federation: research and information newsletter. Omsk: Publishing Center KAN; 2019. 110 p. <https://elibrary.ru/bouwsu> (in Russ.)
8. Smreczak M., Orłowska A., Trębas P., Stolarek A., Freuling C., Müller T. Re-emergence of rabies in Mazowieckie Voivodeship, Poland, 2021. *Zoonoses and Public Health*. 2023; 70 (1): 111–116. <https://doi.org/10.1111/zph.13005>
9. Picard-Meyer E., Robardet E., Moroz D., Trotsenko Z., Drozhzhe Z., Biarnais M., et al. Molecular epidemiology of rabies in Ukraine. *Archives of Virology*. 2012; 157: 1689–1698. <https://doi.org/10.1007/s00705-012-1351-6>
10. Liu Y., Zhang S., Zhao J., Zhang F., Li N., Lian H., et al. Fox- and raccoon-dog-associated rabies outbreaks in northern China. *Virologica Sinica*. 2014; 29 (5): 308–310. <https://doi.org/10.1007/s12250-014-3484-0>
11. Yessembekova G. N., Xiao Sh., Abenov A., Karibaev T., Shevtsov A., Asylulan A., et al. Molecular epidemiological study of animal rabies in Kazakhstan. *Journal of Integrative Agriculture*. 2023; 22 (4): 1266–1275. <https://doi.org/10.1016/j.jia.2022.11.011>
12. Steck F., Wandeler A. The epidemiology of fox rabies in Europe. *Epidemiologic Reviews*. 1980; 2 (1): 71–96. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.epirev.a036227>
13. Selimov M. A. Rabies. Moscow: Meditsina; 1978. 336 p. (in Russ.)
14. Botvinkin A., Kosenko M. Rabies in the European parts of Russia, Belarus and Ukraine. In: *Historical Perspective of Rabies in Europe and the Mediterranean Basin*. Eds. A. A. King, A. R. Fooks, M. Aubert, A. I. Wandeler. Paris: OIE; 2004; 47–63.
15. Poleshchuk E. M., Sidorov G. N. Comparative analysis of features of epizootological and epidemic situation and risk of rabies infection in the Russian Federation in early XXI century. *Problems of Particularly Dangerous Infections*. 2020; (4): 16–25. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2020-4-16-25> (in Russ.)
16. Gruzdev K. N., Metlin A. Ye. Animal Rabies. 2nd ed., revised and expanded. Vladimir: Federal Center for Animal Health; 2022. 442 p. (in Russ.)
17. Avilov V. M., Sochnov V. V., Savvin A. V., Goryachev I. I., Aliyev A. A. Funktsionirovaniye parazitarnoy sistemy beshestva v sub'ektakh federatsii Povolzhskogo ekonomicheskogo raiona = Functioning of the rabies parasitic system in the Federal Subjects of the Volga Economic Region. *Russian Journal of Veterinary Pathology*. 2004; (3): 127–134. <https://elibrary.ru/hsoxed> (in Russ.)
18. Savchenko S. T., Chaika A. N., Romasova E. I., Maslennikova G. F., Maikhonin A. A., Frolova G. I., et al. Sostoyaniye epidemiologicheskoy i epizootologicheskoy situatsii v Volgogradskoy oblasti po prirodno-ochagovym i osobo opasnym infektsiyam = Epidemiological and epizootological situation on sylvatic cycle diseases and highly dangerous infections in Volgograd Oblast. *Russian Journal of Infection and Immunity*. 2012; 2 (1–2): 192. <https://iimmun.ru/iimm/article/view/90/89> (in Russ.)
19. Alikova G. A., Sochnov V. V., Avilov V. M., Kozlyrenko O. V., Suvorin V. V., Pashkina Yu. V., et al. Rabies infection risk zones in Volgograd region. *Glavnye epizootologicheskie parametry populyatsii zhivotnykh: sbornik nauchnykh trudov FGBOU VPO NGSKHA, predstavlenykh na 2-i sessii Mezhdunarodnoy nauchno-prakticheskoy konferentsii (Nizhnyy Novgorod, 5–6 fevralya 2014 g.)* = Key epizootological parameters of animal populations: proceedings of the Nizhny Novgorod State Agricultural Academy presented at the 2nd Session of the International Scientific-Practical Conference (Nizhny Novgorod, 5–6 February 2014). Vol. 1. Nizhny Novgorod: BIKAR; 2015; 312–319. <https://elibrary.ru/tqijur> (in Russ.)
20. Nevinskiy A. B., Arova A. A., Khllynina Yu. O. Klinicheskii sluchai beshestva v Volgogradskoy oblasti = Clinical rabies case in Volgograd Oblast. *Infektsionnye bolezni v sovremennom mire: evolyutsiya, tekushchie i budushchie ugrozy: sbornik trudov XIII Ezhogodnogo Vserossiiskogo kongressa po infektsionnym boleznyam imeni akademika V. I. Pokrovskogo (Moskva, 24–26 maya 2021 g.)* = Infectious Diseases in the Modern World: Evolution, Current and Future Threats: proceedings of the XIII Annual All-Russian Congress on Infectious Diseases named after Academician V. I. Pokrovsky (Moscow,

REFERENCES

24–26 May 2021). Moscow: Meditsinskoe marketingovoe agentstvo; 2021; 120–121. <https://elibrary.ru/jgusgf> (in Russ.)

21. Suchard M. A., Lemey P., Baele G., Ayres D. L., Drummond A. J., Rambaut A. Bayesian phylogenetic and phylodynamic data integration using BEAST 1.10. *Virus Evolution*. 2018; 4 (1):vey016. <https://doi.org/10.1093/ve/vey016>

22. Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C., Tamura K. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*. 2018; 35 (6): 1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>

23. Rambaut A., Drummond A. J., Xie D., Baele G., Suchard M. A. Posterior summarization in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7. *Systematic Biology*. 2018; 67 (5): 901–904. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syy032>

24. Sauvage T., Plouviez S., Schmidt W. E., Fredericq S. TREE2FASTA: a flexible Perl script for batch extraction of FASTA sequences from exploratory phylogenetic trees. *BMC Research Notes*. 2018; 11:164. <https://doi.org/10.1186/s13104-018-3268-y>

25. Ryabinina N. O. Nature and landscapes of Volgograd Oblast: monograph. Volgograd: Volgograd State University; 2015. 370 p. (in Russ.)

26. Kiener T. V., Zaitsev V. A. Population density and dispersal of the red fox (*Vulpes vulpes* L.) in the forest biom of Eastern Europe. *Contemporary Problems of Ecology*. 2010; 3 (1): 119–126. <https://doi.org/10.1134/S1995425510010194>

Поступила в редакцию / Received 02.06.2025

Поступила после рецензирования / Revised 16.07.2025

Принята к публикации / Accepted 04.08.2025

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ / INFORMATION ABOUT THE AUTHORS

Чупин Сергей Александрович, канд. биол. наук, ведущий научный сотрудник референтной лаборатории по бешенству и BSE, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия; <https://orcid.org/0000-0002-2114-5589>, chupin@arriah.ru

Чернышова Елена Владимировна, канд. вет. наук, заведующий референтной лабораторией по бешенству и BSE, ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия; <https://orcid.org/0000-0003-4054-8532>, chernishova@arriah.ru

Чернышев Роман Сергеевич, канд. биол. наук, младший научный сотрудник референтной лаборатории по африканской чуме свиней ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия; <https://orcid.org/0000-0003-3604-7161>, chernishev_rs@arriah.ru

Груздев Константин Николаевич, д-р биол. наук, профессор, главный научный сотрудник информационно-аналитического центра ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия; <https://orcid.org/0000-0003-3159-1969>, gruzdev@arriah.ru

Спиридонов Артем Николаевич, канд. вет. наук, руководитель информационно-аналитического центра ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия; spiridonov@arriah.ru

Варкентин Андрей Владимирович, канд. вет. наук, заведующий сектором информационно-аналитического центра ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия; <https://orcid.org/0000-0002-9732-1083>, varkentin@arriah.ru

Назаров Николай Алексеевич, канд. биол. наук, ведущий научный сотрудник референтной лаборатории по бешенству и BSE ФГБУ «ВНИИЗЖ», г. Владимир, Россия; <https://orcid.org/0000-0002-8224-2454>, nazarov_na@arriah.ru

Зарва Иван Дмитриевич, канд. мед. наук, заведующий кафедрой эпидемиологии ФГБОУ ВО ИГМУ Минздрава России, г. Иркутск, Россия; <https://orcid.org/0000-0002-4225-5998>, ivan_zarva@mail.ru

Ботвинкин Александр Дмитриевич, д-р мед. наук, профессор кафедры эпидемиологии ФГБОУ ВО ИГМУ Минздрава России, г. Иркутск, Россия; <https://orcid.org/0000-0002-1324-7374>, botvinkin_ismu@mail.ru

Sergei A. Chupin, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, Reference Laboratory for Rabies and BSE, Federal Centre for Animal Health, Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0002-2114-5589>, chupin@arriah.ru

Elena V. Chernyshova, Cand. Sci. (Veterinary Medicine), Head of Reference Laboratory for Rabies and BSE, Federal Centre for Animal Health, Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0003-4054-8532>, chernishova@arriah.ru

Roman S. Chernyshev, Cand. Sci. (Biology), Junior Researcher, Reference Laboratory for African Swine Fever, Federal Centre for Animal Health, Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0003-3604-7161>, chernishev_rs@arriah.ru

Konstantin N. Gruzdev, Dr. Sci. (Biology), Professor, Chief Researcher, Information and Analysis Centre, Federal Centre for Animal Health, Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0003-3159-1969>, gruzdev@arriah.ru

Artem N. Spiridonov, Cand. Sci. (Veterinary Medicine), Head of Information and Analysis Centre, Federal Centre for Animal Health, Vladimir, Russia; spiridonov@arriah.ru

Andrey V. Varkentin, Cand. Sci. (Veterinary Medicine), Head of Sector, Information and Analysis Center, Federal Centre for Animal Health, Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0002-9732-1083>, varkentin@arriah.ru

Nikolay A. Nazarov, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, Reference Laboratory for Rabies and BSE, Federal Centre for Animal Health, Vladimir, Russia; <https://orcid.org/0000-0002-8224-2454>, nazarov_na@arriah.ru

Ivan D. Zarva, Cand. Sci. (Medicine), Head of Department of Epidemiology, Irkutsk State Medical University, Irkutsk, Russia; <https://orcid.org/0000-0002-4225-5998>, ivan_zarva@mail.ru

Aleksandr D. Botvinkin, Dr. Sci. (Medicine), Professor of Department of Epidemiology, Irkutsk State Medical University, Irkutsk, Russia; <https://orcid.org/0000-0002-1324-7374>, botvinkin_ismu@mail.ru

Вклад авторов: Чупин С. А. – формирование идеи, формулировка и развитие ключевых целей и задач, проведение исследований, анализ и интерпретация полученных данных, подготовка и редактирование текста; Чернышова Е. В. – принятие ответственности за все аспекты работы, целостность всех частей статьи и за ее окончательный вариант; Чернышев Р. С. – применение статистических методов филогенетического анализа, подготовка рисунков, обсуждение результатов; Груздев К. Н. – научное консультирование, редактирование текста статьи; Спиридонов А. Н. – сбор статистических данных; Варкентин А. В. – сбор статистических данных; Назаров Н. А. – научное консультирование; Зарва И. Д. – подготовка рисунков, картография; Ботвинкин А. Д. – формирование идеи, формулировка и развитие ключевых целей и задач, анализ и интерпретация полученных данных, подготовка и редактирование текста.

Contribution of the authors: Chupin S. A. – conceptualization; formulation and development of key objectives and tasks, conducting research; analysis and interpretation of obtained data; text preparation and editing; Chernyshova E. V. – responsibility for all aspects of the work, ensuring integrity of all parts of the article and its final version; Chernyshev R. S. – application of phylogenetic statistical methods, preparation of figures, discussion of results; Gruzdev K. N. – scientific consulting, editing of the manuscript; Spiridonov A. N. – collection of statistical data; Varkentin A. V. – collection of statistical data; Nazarov N. A. – scientific consulting; Zarva I. D. – figure preparation, mapping; Botvinkin A. D. – conceptualization; formulation and development of key objectives and tasks; analysis and interpretation of obtained data; text preparation and editing.