

Summary

Introduction: West Nile fever is a zoonotic, vector-borne viral infection caused by West Nile virus. The possibility of persistence of West Nile virus in overwintering mosquitoes in regions with a temperate climate is of great importance for understanding the mechanisms of pathogen circulation.

Objective: To detect West Nile virus in mosquitoes during the inter-epizootic period in the Volgograd Region.

Materials and methods: In 2013–2021, we collected overwintering mosquitoes in different locations of the Volgograd Region using a battery-powered aspirator with a Krishtal's trap to detect West Nile virus RNA in them using a real-time reverse transcription polymerase chain reaction. An isolate (WNV Volgograd_016/19) was obtained from sample 016/19 (*Cx. pipiens*, collected on April 2, 2019) with detected West Nile virus RNA using a VERO cell culture. After that, total RNA was isolated from the filtered cell supernatant of that isolate. Metagenomic sequencing of the sample was performed using a high-throughput Illumina MiSeq sequencer, Illumina Inc.

Results: In total, we collected 4,070 mosquitoes in wintering shelters and tested 157 pools of the insects for West Nile virus RNA. The latter was detected in two pools of *Culex pipiens* and in one pool of *Anopheles maculipennis* complex. The phylogenetic analysis showed that the WNV Volgograd_016/19 strain isolated from the pool of wintering mosquitoes belonged to lineage 2 of West Nile virus. We also established its belonging to the monophyletic clade of West Nile virus strains isolated in the Volgograd, Astrakhan, and Rostov regions in the years 2007 and 2018–2020.

Conclusions: We were first to detect West Nile virus in overwintering mosquitoes in the Volgograd Region. Our findings confirm the hypothesis that lineage 2 strains of encephalitic West Nile virus persist in mosquitoes during the inter-epizootic period and can be transmitted from mosquito to bird in springtime as one of the mechanisms of forming autochthonous foci in WNV endemic areas of the Russian Federation in the absence of the annual import of this infection.

Keywords: West Nile fever, West Nile virus, inter-epizootic period, *Culex pipiens*, *Anopheles maculipennis* complex, overwintering mosquitoes.

For citation: Borodai NV, Nesgovorova AV, Fomina VK, Mendygaliyeva AK, Baturin AA, Antonov AS, Avdiusheva EF, Molchanova EV, Nikitin DN, Putintseva EV. Detection of West Nile virus in overwintering mosquitoes in the Volgograd Region. *Zdorov'e Naseleniya i Sreda Obitaniya*. 2022;30(4):70–76. (In Russ.) doi: <https://doi.org/10.35627/2219-5238/2022-30-4-70-76>

Author information:

✉ Natalia V. Borodai, Senior Researcher, Epizootiological Monitoring Sector, Volgograd Plague Control Research Institute; e-mail: borodai.nat@yandex.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2076-5276>.

Anna V. Nesgovorova, Researcher, Epizootiological Monitoring Sector, Volgograd Plague Control Research Institute; e-mail: vari2@sprint-v.com.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5810-8864>.

Valeria K. Fomina, Researcher, Epizootiological Monitoring Sector, Volgograd Plague Control Research Institute; e-mail: vari2@sprint-v.com.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6081-4052>.

Aina K. Mendygaliyeva, Researcher, Epizootiological Monitoring Sector, Volgograd Plague Control Research Institute; e-mail: vari2@sprint-v.com.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3862-9133>.

Artem A. Baturin, Researcher, Genetic Testing Laboratory, Volgograd Plague Control Research Institute; e-mail: vari2@sprint-v.com.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9510-7246>.

Aleksandr S. Antonov, Researcher, Laboratory of Bioinformatics Analysis, Volgograd Plague Control Research Institute; e-mail: vari2@sprint-v.com.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9342-7211>.

Elena F. Avdiusheva, Researcher, Laboratory of Bioinformatics Analysis, Volgograd Plague Control Research Institute; e-mail: vari2@sprint-v.com.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5440-1470>.

Elena V. Molchanova, Cand. Sci. (Biol.), Senior Researcher, Laboratory of Arbovirus Infections, Volgograd Plague Control Research Institute; e-mail: vari2@sprint-v.com.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3722-8159>.

Dmitrii N. Nikitin, Researcher, Laboratory of Epidemiological Analysis and Anti-Epidemic Support, Volgograd Plague Control Research Institute; e-mail: vari2@sprint-v.com.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6940-0350>.

Elena V. Putintseva, Cand. Sci. (Med.), Leading Researcher, Laboratory of Epidemiological Analysis and Anti-Epidemic Support, Volgograd Plague Control Research Institute; e-mail: vari2@sprint-v.com.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9368-6165>.

Author contributions: study conception and design: Borodai N.V., Nikitin D.N.; data collection: Nesgovorova A.V., Fomina V.K., Mendygaliyeva A.K., Baturin A.A., Antonov A.S., Avdiusheva E.F., Molchanova E.V.; analysis and interpretation of results: Borodai N.V., Nesgovorova A.V., Fomina V.K., Mendygaliyeva A.K., Molchanova E.V., Putintseva E.V.; literature review: Borodai N.V.; draft manuscript preparation: Borodai N.V., Nikitin D.N. All authors reviewed the results and approved the final version of the manuscript.

Compliance with ethical standards: The study protocol was approved by the Bioethics Committee of Volgograd Plague Control Research Institute, Minutes No. 2 of June 15, 2020.

Funding: The authors received no financial support for the research, authorship, and/or publication of this article.

Conflict of interest: The authors declare that there is no conflict of interest.

Received: October 7, 2021 / Accepted: April 4, 2022 / Published: April 29, 2022

Введение. Лихорадка Западного Нила (ЛЗН) – зоонозная трансмиссивная вирусная инфекция, вызываемая вирусом Западного Нила (ВЗН). В природе ВЗН поддерживается в энзоотическом цикле между птицами и кровососущими комарами (Diptera, Culicidae). Случайными (тупиковыми) хозяевами могут быть люди, лошади и другие млекопитающие. У человека ЛЗН протекает в виде острого лихорадочного заболевания с симптомами общей интоксикации, умеренного полиаденита, головными и мышечными болями, в ряде случаев с развитием серозного менингита и менингоэнцефалита [1]. На эндемичных по ЛЗН территориях с тропическим и субтропическим климатом циркуляция ВЗН может происходить круглогодично. В регионах с умеренным климатом передача вируса горизонтально позвоночным хозяевам происходит только летом и осенью. В настоящее время ВЗН – наиболее распространенный в Северной Америке и Европе патоген, переносчиками которого являются комары. По данным Референс-центра по мониторингу за возбудителем лихо-

радки Западного Нила в Российской Федерации, за период 1997–2020 гг. зарегистрировано 2964 случая заболевания лихорадкой Западного Нила в 35 субъектах. Механизмы поддержания ВЗН в межэпизootический период и распространения инфекции весной на эндемичных территориях мало изучены. Особый интерес для исследователей представляют комары, которые переживают зимний период в состоянии диапаузы в различных убежищах. ВЗН в местных популяциях диапаузирующих *Culex pipiens* f. *pipiens* обнаружен в США в Нью-Йорке, Нью-Джерси и Пенсильвании [2–5]. Результаты исследований в долине Сакраменто в Калифорнии показали, что инфицированные самки рода *Culex* могут выживать в течение зимы и, возможно, передавать ВЗН по завершении диапаузы в конце зимы или ранней весной как вертикально, так и горизонтально [6]. В Европе РНК ВЗН у зимующих комаров *Cx. pipiens* обнаружена в Чехии, в регионе Южная Моравия [7]. На территории Российской Федерации подобных исследований не проводилось. Данные

о возможности сохранения ВЗН у зимующих комаров в межэпизоотический период имеют большое значение для понимания циркуляции патогена на эндемичных территориях.

Цель и задачи исследования. Целью исследования является оценка возможности сохранения вируса Западного Нила в комарах в межэпизоотический период в Волгоградской области. Для достижения поставленной цели решались следующие задачи: проведение скрининга на наличие РНК ВЗН и определение уровня инфицированности зимующих комаров, проведение углубленных молекулярно-генетических исследований генома возбудителя ЛЗН.

Материалы и методы. Сбор комаров проводился в г. Волгограде, Среднеахтубинском и Руднянском районах Волгоградской области в 2013–2021 гг. после осенних заморозков и в феврале – начале апреля (таблица). Диапаузирующих самок комаров собирали со стен и потолков погребов, овощехранилищ, омшаника, колодцев с помощью аккумуляторного аспиратора (BioQuip Products) и стеклянной ловушки Кришталя (ООО «Химпром»). Пойманных комаров транспортировали в термоконтейнерах («Термо-Конт МК») с хладоэлементами в лабораторию, обезбуживали в морозильной камере при температуре -20°C в течение 5–7 минут и определяли до вида по руководству А.В. Гудевича [8] с помощью стереомикроскопа (Stemi 2000C, Carl Zeiss). Комаров одного вида фасовали на холоде от 2 до 30 особей в микроцентрифужные пробирки (Eppendorf), которые хранили в морозильной камере при -80°C . Затем готовили суспензии пулов комаров в физиологическом растворе и проводили выявление РНК вируса Западного Нила методом ОТ-ПЦР с использованием набора реагентов «АмплиСенс WNV-FL» (ФБУН «ЦНИИ эпидемиологии» Роспотребнадзора) в соответствии с инструкцией производителя. Установление генотипа ВЗН в положительных пробах проводили методом ОТ-ПЦР в режиме реального времени с использованием 3 пар праймеров и 3 зондов (патенты РФ: № 2715625 от 02.03.2020; № 2715617 от 02.03.2020; № 2737396 от 30.11.2020). Комаров вида *Cx. pipiens* не подвергали анализу с целью выявления различий между внутривидовыми формами: *f. pipiens* и *f. molestus*.

Выделение вируса из проб пулов комаров, в которых была обнаружена РНК ВЗН, проводили с использованием культуры клеток Vero. Для этого клетки выращивали в среде DMEM (Биолот) с добавлением 10 % эмбриональной бычьей сыворотки (Sigma Aldrich, USA), 1 % L-глутамина (Gibco) и 1 % антибиотика/антимикотика (Sigma Aldrich) при 37°C , 5,5 % CO_2 и 70 % влажности. В качестве поддерживающей среды использовалась та же среда с добавлением 2 % эмбриональной бычьей сыворотки. Подготовленный монослой клеточной культуры Vero заражали пробами надосадочной жидкости суспензии комаров согласно классическому протоколу [9].

Для получения углубленной молекулярно-генетической характеристики геноварианта ВЗН, выделенного в зимующих комарах, из отфильтрованного клеточного супернатанта полученного вирусного изолята была выделена тотальная РНК, с которой и проводилась последующая работа по секвенированию. Метагеномное секвенирование образца проводили согласно методике Moser

et al., 2016 [10], с авторскими изменениями на высокопроизводительном секвенаторе Illumina MiSEQ (Illumina Inc.). Анализ полученных данных осуществляли с помощью программных продуктов Cutadapt 2.9 [11], Samtools 1.9, Bcftools 1.9, bwa 0.7.17-r1188 [12] и SPAdes v3.11.1 [13], объединенных в конвейеры при помощи собственных скриптов, реализованных на языке Python 3. Для построения множественных выравниваний последовательностей геномов использовали MAFFT v7.271 [14]. Филогенетический анализ осуществляли с помощью программного пакета Mega X [15], для визуализации результатов использовали web-сервис iTOL [16].

Результаты. За период с 2013 по 2021 г. в Волгоградской области в зимовочных убежищах было собрано 4070 комаров: 3602 – *Cx. pipiens*, 468 – комплекса *An. maculipennis*. Места сборов, количество особей и результаты исследований на наличие РНК ВЗН зимующих комаров, собранных в Волгоградской области с 2013 по 2021 г., представлены в таблице. На наличие РНК ВЗН исследовано 136 пулов комаров вида *Cx. pipiens* и 21 пул – комплекса *An. maculipennis*. С 2013 по 2018 г. и в 2021 г. положительных на наличие РНК ВЗН пулов обнаружено не было. РНК ВЗН выявлена: в 1 пуле комаров вида *Cx. pipiens* и в 1 пуле комплекса *An. maculipennis*, собранных 02.04.2019 в погребе дачи СНТ «Колос», и 1 пуле комаров *Cx. pipiens*, собранных 26.02.2020 в погребе усадьбы на хуторе Сахарный. Оба зимовочных убежища расположены на территории Волго-Ахтубинской поймы в Среднеахтубинском районе области.

В результате вирусологического исследования трех проб пулов комаров, в которых была обнаружена РНК ВЗН, удалось получить вирусный изолят из одной (WNV Volgograd_016/19).

Филогенетический анализ показал, что полученный изолят ВЗН, выделенный из пула зимующих комаров (*Cx. pipiens*, 02.04.2019), принадлежал ко второму генотипу вируса Западного Нила. Установлена его принадлежность к монофилетической кладе геновариантов ВЗН, выделенных на территории Волгоградской, Астраханской и Ростовской областей в 2007, 2018–2020 гг. (рис. 1).

Обсуждение. При исследовании инфицированности возбудителем ЛЗН позвоночных животных и членистоногих в 2013–2021 гг. на территории Волгоградской области РНК ВЗН выявлена в 13 из 914 проб органов диких птиц (1,42 %), в 1 из 1229 проб органов мелких млекопитающих (0,08 %), в 146 из 6820 проб кровососущих комаров (2,14 %) и 7 из 1996 проб иксодовых клещей (0,35 %). При исследовании сывороток крови домашних птиц и лошадей методом ИФА антитела к ВЗН обнаружены в 25 из 49 (51 %) и в 181 из 300 (60 %) исследованных проб соответственно. Эпизоотий ЛЗН среди птиц – основных резервуаров и лошадей – тупиковых хозяев в этот период не зарегистрировано. Основными резервуарами являются врановые и лимнофильные птицы, эффективными переносчиками – комары видов *Culex pipiens* и *Culex modestus*. Вероятно, при высокой дозе заражения второстепенными переносчиками могут являться комары видов *Aedes vexans*, *Aedes caspius*, *Aedes dorsalis*, массовый выплод которых происходит в пойменных водоемах в конце мая – июне.

Комары родов *Anopheles* и *Culex* зимуют на стадии имаго, и численность диапаузирующих

Таблица. Места сборов, количество особей и результаты исследований на наличие РНК ВЗН зимующих комаров, собранных в Волгоградской области с 2013 по 2021 г.

Table. Collection sites and the number of overwintering mosquitoes collected and tested for West Nile virus (WNV) RNA in the Volgograd Region in 2013–2021

Дата сбора / Collection date (dd.mm.yyyy)	Место сбора / Collection site	Координаты места сбора / Collection site coordinates		Зимовочное убежище / Overwintering shelter	Вид / Species	Количество особей / Number of mosquitoes	Пудов / Pools	Положитель- ные / Detected WNV positive
		N	E					
09.03.2013	о. Сарпинский / Sarpinsky Island	48.607387	44.536846	погреб / cellar	<i>к. An. maculipennis</i>	20	2	0
					<i>Cx. pipiens</i>	18	3	0
10.03.2013	о. Сарпинский / Sarpinsky Island	48.613909	44.526659	погреб / cellar	<i>Cx. pipiens</i>	41	3	0
				погреб / cellar	<i>к. An. maculipennis</i>	2	1	0
20.10.2013	о. Сарпинский / Sarpinsky Island	48.613909	44.526659	погреб / cellar	<i>Cx. pipiens</i>	140	6	0
17.03.2014	Питомник НИПЧИ / VPCR nursery	48.715131	44.784519	овощехранили- ще / vegetable warehouse	<i>Cx. pipiens</i>	2	1	0
29.03.2014	о. Сарпинский / Sarpinsky Island	48.613909	44.526659	погреб / cellar	<i>Cx. pipiens</i>	67	6	0
27.10.2014	с. Осички / Osichki Village	50.951625	44.499790	омшаник / bee wintering shed	<i>к. An. maculipennis</i>	253	10	0
				колодец / well	<i>Cx. pipiens</i>	12	1	0
04.04.2015	о. Сарпинский / Sarpinsky Island	48.613909	44.526659	погреб / cellar	<i>Cx. pipiens</i>	80	4	0
04.04.2015	о. Сарпинский / Sarpinsky Island	48.607387	44.536846	погреб / cellar	<i>Cx. pipiens</i>	38	2	0
09.11.2016	о. Сарпинский / Sarpinsky Island	48.613909	44.526659	погреб / cellar	<i>Cx. pipiens</i>	484	16	0
20.10.2017	Питомник НИПЧИ / VPCR nursery	48.715131	44.784519	овощехранили- ще / vegetable warehouse	<i>Cx. pipiens</i>	100	4	0
				овощехранили- ще / vegetable warehouse	<i>к. An. maculipennis</i>	6	1	0
23.10.2018	Питомник НИПЧИ / VPCR nursery	48.715131	44.784519	овощехранили- ще / vegetable warehouse	<i>Cx. pipiens</i>	270	9	0
				овощехранили- ще / vegetable warehouse	<i>к. An. maculipennis</i>	80	3	0
08.11.2018	п. Майский / Maysky Village	48.551588	44.18612	колодец / well	<i>Cx. pipiens</i>	7	1	0
26.03.2019	п. Сакко и Ванцетти / Sacco and Vanzetti Village	48.509927	44.504493	погреб / cellar	<i>Cx. pipiens</i>	10	1	0
28.03.2019	п. Колхозная Ахтуба / Kolkhoznaya Akhtuba Village	48.714760	44.811811	погреб / cellar	<i>Cx. pipiens</i>	6	1	0
02.04.2019	п. Горьковский / Gorkovsky Village	48.689452	44.328706	погреб / cellar	<i>Cx. pipiens</i>	5	1	0
02.04.2019	Дачи Бакалда / Bakalda cottages	48.648770	44.552548	погреб / cellar	<i>Cx. pipiens</i>	370	13	1
				погреб / cellar	<i>к. An. maculipennis</i>	5	1	1
		48.651515	44.550491	колодец / well	<i>Cx. pipiens</i>	71	3	0
06.04.2019	о. Сарпинский / Sarpinsky Island	48.613909	44.526659	погреб / cellar	<i>Cx. pipiens</i>	582	20	0
11.11.2019	Питомник НИПЧИ / VPCR nursery	48.715131	44.784519	овощехранили- ще / vegetable warehouse	<i>Cx. pipiens</i>	330	11	0
				овощехранили- ще / vegetable warehouse	<i>к. An. maculipennis</i>	30	1	0
11.11.2019	х. Сахарный / Sakharny Village	48.683818	44.625473	погреб / cellar	<i>Cx. pipiens</i>	480	13	0
				погреб / cellar	<i>к. An. maculipennis</i>	72	2	0
26.02.2020	х. Сахарный / Sakharny Village	48.683818	44.625473	погреб / cellar	<i>Cx. pipiens</i>	180	6	1
12.04.2020	Дачи Бакалда / Bakalda cottages	48.648770	44.552548	погреб / cellar	<i>Cx. pipiens</i>	150	5	0
18.03.2021	х. Сахарный / Sakharny Village	48.683818	44.625473	погреб / cellar	<i>Cx. pipiens</i>	5	1	0
22.03.2021	Дачи Бакалда / Bakalda cottages	48.648770	44.552548	погреб / cellar	<i>Cx. pipiens</i>	154	5	0
ИТОГО / TOTAL						4070	157	3

Abbreviation: VPCR, Volgograd Plague Control Research Institute of the Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing (Rospotrebnadzor), Volgograd, Russian Federation.

самок к весне уменьшается более чем на 95 %. Рост популяций комаров этих родов в течение лета происходит постепенно, численность достигает максимума в конце июля — августе, т. е. в сезон передачи ВЗН. Комары рода *Anopheles* предпочитают питаться на млекопитающих, что ограничивает их роль в передаче ВЗН. Напротив, виды рода *Culex*, в частности *Culex pipiens* L. и *Culex modestus* Fic., распространены в очагах ЛЗН на юге России, питаются как на птицах, так и на млекопитающих. Кроме того, комары *Cx. pipiens* и *Cx. modestus* более восприимчивы к ВЗН и способны к более эффективной передаче вируса, чем комары *Aedes vexans*, *Aedes caspius*, *Aedes dorsalis*. Приведенные данные позволяют считать именно комаров рода *Culex* основными переносчиками ВЗН на территории России [17]. В Волгоградской области имаго комаров комплекса *An. maculipennis*, неавтогенной формы *Cx. pipiens* (f. *pipiens*) и *Cx. modestus* зимуют в состоянии диапаузы в естественных и искусственных убежищах (рис. 2). В урбанизированных биотопах это могут быть погреба, колодцы, омшаники, в природных — пещеры, норы животных, различные укрытия в прикорневой части деревьев, тростника и т. п.

Поскольку большинство самок, которые входят в состояние диапаузы, не питаются кровью, их инфицирование ВЗН должно происходить посредством вертикальной передачи вируса.

Неопровержимым доказательством того, что вертикально инфицированные осенью самки *Cx. pipiens* f. *pipiens*, пережившие зиму в состоянии диапаузы, способны следующей весной инициировать заражение, являются результаты исследований, проведенные в 2006 г. Anderson J.F. и Main A.J. [18]. Они описали горизонтальную передачу ВЗН инфицированной по вертикали самкой, находившейся в диапаузе более 5 месяцев, и пришли к выводу, что в умеренном климате передача ВЗН у *Cx. pipiens* f. *pipiens* от поколения к поколению является важным средством, позволяющим вирусу сохраняться в зимний период и в последующем вызывать эпизоотии в весенне-летний период. Вероятно редко может также осуществляться и альтернативный механизм, при котором самки перед наступлением диапаузы питаются инфицированной кровью, переживают зиму и передают ВЗН весной [19].

При исследовании 157 пулов комаров, собранных в зимовочных убежищах Волгоградской области в период с 2013 по 2021 г., в 3 пулах обнаружена РНК ВЗН. Общий уровень инфицированности зимующих в Волгоградской области комаров составил 1,9 %. Аналогичный показатель при исследованиях в Нью-Йорке составил 0,1 % [2], в Южной Моравии — 0,5 % [7]. Выявление РНК ВЗН и получение вирусного изолята (WNV Volgograd_016/19) из зимующих комаров может

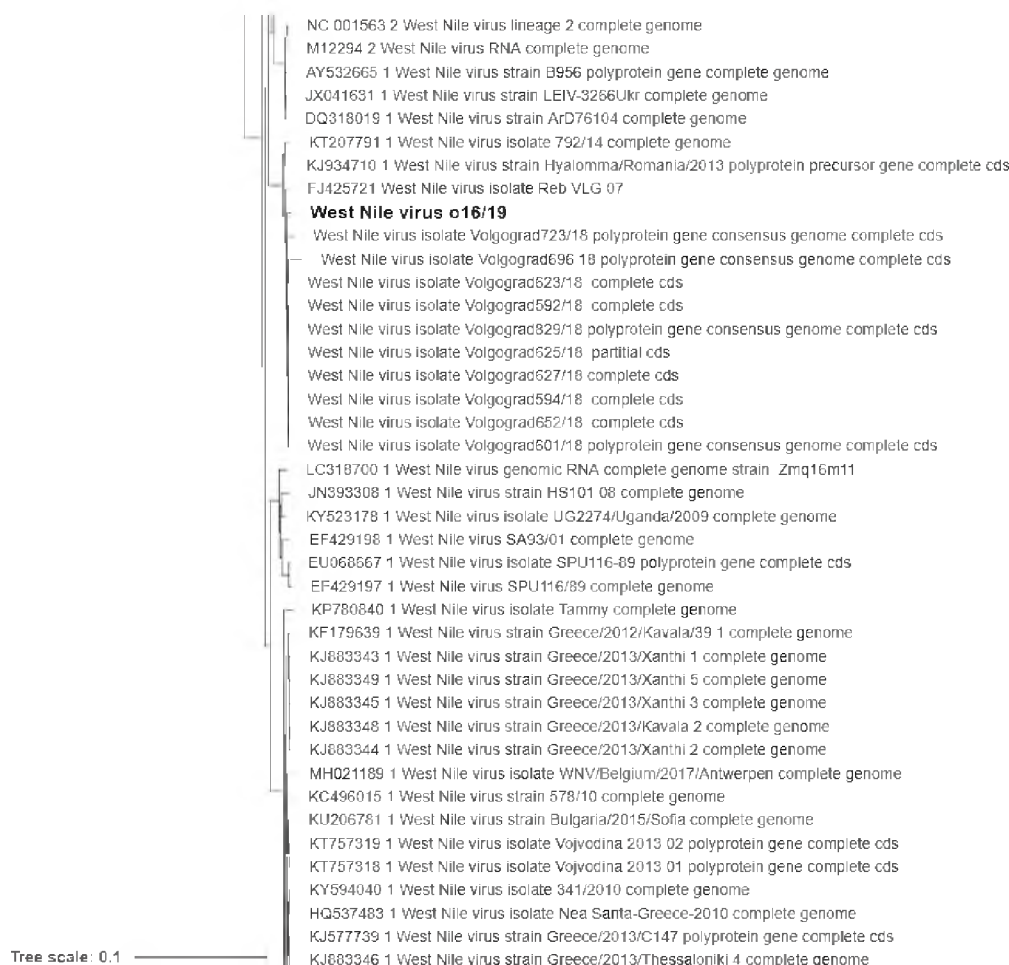


Рис. 1. Дендрограмма, построенная на основе выравненных последовательностей геномов ВЗН, кодирующих вирусный полипротеин методом присоединения соседей с бутстрепом = 1000

Fig. 1. A dendrogram built on the basis of aligned West Nile virus genomes' sequences encoding a viral polyprotein by adding neighbors method with bootstrap = 1,000

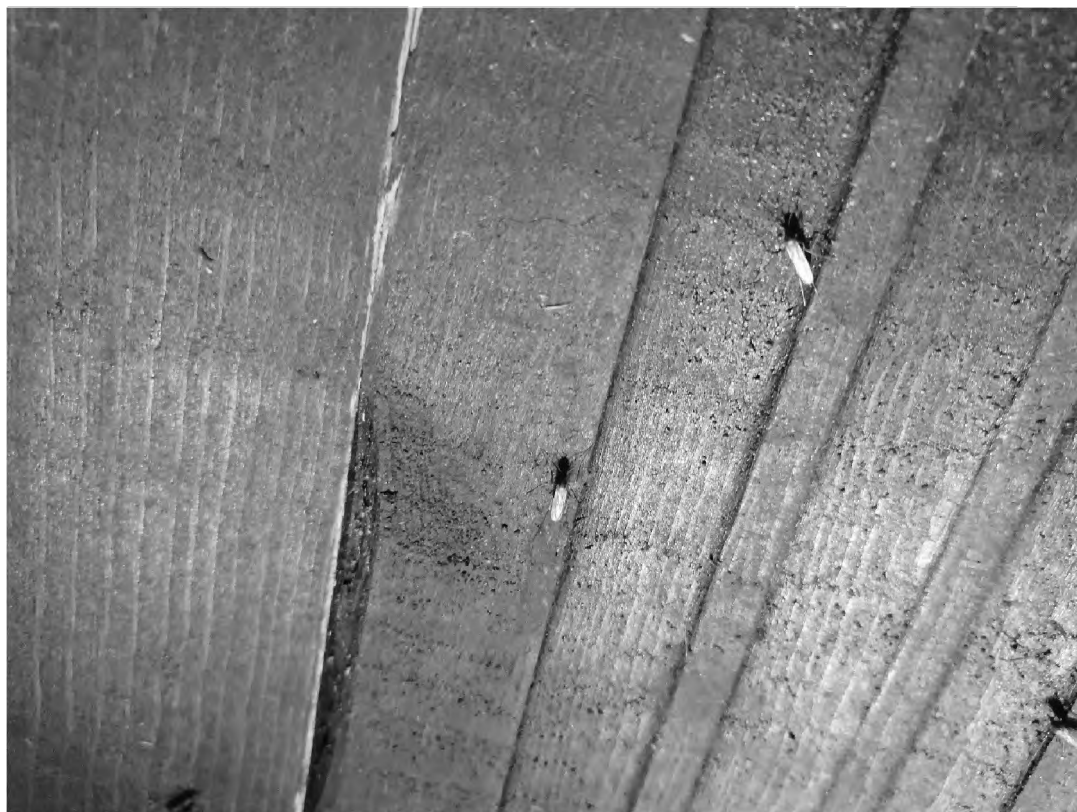


Рис. 2. Диапаузирующие самки *Cx. pipiens* в погребе усадьбы на хуторе Сахарный, Среднеахтубинский район Волгоградской области, 2020 г.

Fig. 2. Diapausing *Culex pipiens* females in the cellar of a homestead in the Sakharny village, Sredneakhtubinsky district of the Volgograd Region, 2020

указывать на возможность длительного сохранения вируса в комарах в межэпизоотический период на эндемичных по ЛЗН территориях Российской Федерации. Типирование ВЗН методом ОТ-ПЦР позволило установить наличие второго генотипа в одном из трех положительных пулов зимующих комаров.

Наши исследования подтверждают предположение о том, что циркуляция ВЗН второго генотипа на эндемичных территориях юга европейской части России поддерживается за счет местной популяции вируса, существующей уже довольно продолжительное время. Так, специалистами Референс-центра по мониторингу за возбудителем ЛЗН получены последовательности геномов 11 изолятов ВЗН из образцов полевого и клинического материала в 2019 г. (4 – все из Волгоградской области) и полевого материала в 2020 г. (2 – Астраханская область, 4 – Волгоградская область, 1 – Ростовская область). Филогенетический анализ показал, что все секвенированные изоляты принадлежат ко второму генотипу ВЗН и формируют отдельную кластерную группу, генетически разобщенную со штаммами вируса, выявленными в аналогичный период времени на территориях стран Центральной Европы, Балканского и Средиземноморского регионов. Топология филогенетического дерева указывает на наличие ближайшего единого общего предка у выделенных изолятов ВЗН второго генотипа, существовавшего не позднее 2007 г. Это подтверждают и данные сравнительного анализа нуклеотидных последовательностей, показавшие у всех изолятов 2018–2020 гг. сходный специ-

фический характер аминокислотных замен, затронувших в основном неструктурные гены. Предположение, что вирусная популяция периодически привносится на данные территории, в настоящее время не находит подтверждения, хотя и не может быть полностью исключено ввиду малого числа исследованных изолятов [20].

Заключение. В Волгоградской области впервые ВЗН обнаружен у зимующих комаров. Результаты этих исследований подтверждают гипотезу о персистенции ВЗН второго генотипа у комаров в течение межэпизоотического периода и возможности передачи ВЗН от комара к птице в весенний период как одного из механизмов формирования местных очагов без ежегодного заноса вируса на эндемичных по ЛЗН территориях Российской Федерации. Однако необходимы дальнейшие исследования резервуаров и переносчиков для углубленного анализа циркуляции ВЗН в Российской Федерации.

Список литературы

1. Викторов Д.В., Смелянский В.П., Липницкий А.В. и др. Лихорадка Западного Нила. Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Федеральное казенное учреждение здравоохранения «Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт». Волгоград: Волга-Пресс, 2017. 304 с.
2. Nasci RS, Savage HM, White DJ, et al. West Nile virus in overwintering *Culex* mosquitoes, New York City, 2000. *Emerg Infect Dis.* 2001;7(4):742-744. doi: 10.3201/eid0704.010426

