

## КОРОНАВИРУСЫ, ЦИРКУЛИРУЮЩИЕ СРЕДИ ГРЫЗУНОВ И НАСЕКОМОЯДНЫХ В РЕСПУБЛИКЕ АЛТАЙ

Яшина Л.Н.<sup>1</sup>,  
Абрамов С.А.<sup>2</sup>,  
Сметанникова Н.А.<sup>1</sup>,  
Малышев Б.С.<sup>1</sup>,  
Кривопапов А.В.<sup>2</sup>,  
Дупал Т.А.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора (630559, р. п. Кольцово, Новосибирская область, Россия)

<sup>2</sup> ФГБУН Институт систематики и экологии животных СО РАН (630091, г. Новосибирск, ул. Фрунзе, 11, Россия)

Автор, ответственный за переписку:  
Яшина Людмила Николаевна,  
e-mail: yashina@vector.nsc.ru

### РЕЗЮМЕ

Коронавирусы (семейство *Coronaviridae*, роды *Alphacoronavirus* и *Betacoronavirus*) относятся к числу опасных вирусных патогенов, вызвавших три вспышки тяжёлых респираторных заболеваний SARS, MERS, COVID-19. В России данные о коронавирусах, циркулирующих в природных резервуарах, ограничены, так как исследования начались только во время пандемии COVID-19.

**Цель работы.** Исследование многообразия коронавирусов среди грызунов и насекомоядных в Республике Алтай.

**Материалы и методы.** Грызуны (67 особей) и насекомоядные (52 особи) были отловлены в 2022 г. Образцы проанализированы методом обратной транскрипции – полимеразной цепной реакции и последующим секвенированием.

**Результаты и обсуждение.** Положительными на коронавирусы оказались 4 образца от грызунов (*Myodes rutilus*, *M. glareolus*, *Apodemus peninsulae*, *A. agrarius*) и 2 образца от насекомоядного (*Crocodyra sibirica*), в которых обнаружены 3 различных коронавируса. Ассоциированные с грызунами коронавирусы отнесены к роду *Betacoronavirus*, подроду *Embecovirus* и демонстрировали филогенетическое группирование в соответствии с видом природного носителя. Нуклеотидные последовательности сибирских изолятов коронавирусов от грызунов были идентичными для носителей близкородственных видов (*M. rutilus* и *M. glareolus*, *A. agrarius* и *A. peninsulae*) и близки (> 94% гомологии) к ранее опубликованным последовательностям в каждой из групп носителей, обнаруженных на территории Новосибирской области, Европы и Китая. К роду *Betacoronavirus* отнесён и коронавирус, выявленный от насекомоядного, возможно, относящийся к новому подроду семейства *Coronaviridae*.

**Заключение.** Обнаружены 5 видов природных носителей 3 различных коронавирусов на территории Республики Алтай. Выявлен высокий уровень идентичности геномов коронавирусов от грызунов, свидетельствующий об относительно низкой скорости их эволюции.

**Ключевые слова:** коронавирус, таксономия, грызуны, насекомоядные, Сибирь

Статья поступила: 11.09.2023

Статья принята: 29.11.2023

Статья опубликована: 29.12.2023

**Для цитирования:** Яшина Л.Н., Абрамов С.А., Сметанникова Н.А., Малышев Б.С., Кривопапов А.В., Дупал Т.А. Коронавирусы, циркулирующие среди грызунов и насекомоядных в Республике Алтай. *Acta biomedica scientifica*. 2023; 8(6): 117-123. doi: 10.29413/ABS.2023-8.6.10

## CORONAVIRUSES IN RODENTS AND INSECTIVORES IN ALTAI REPUBLIC

Yashina L.N.<sup>1</sup>,  
 Abramov S.A.<sup>2</sup>,  
 Smetannikova N.A.<sup>1</sup>,  
 Malyshev B.S.<sup>1</sup>,  
 Krivopalov A.V.<sup>2</sup>,  
 Dupal T.A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> State Research Center of Virology  
 and Biotechnology "Vector"  
 (Koltsovo 630559, Novosibirsk Region,  
 Russian Federation)

<sup>2</sup> Institute of Systematics and Ecology  
 of Animals, Siberian Branch  
 of the Russian Academy of Sciences  
 (Frunze str. 11, Novosibirsk 630091,  
 Russian Federation)

Corresponding author:  
 Liudmila N. Yashina,  
 e-mail: yashina@vector.nsc.ru

## ABSTRACT

Coronaviruses (family Coronaviridae, genera Alphacoronavirus, Betacoronavirus) are dangerous viral pathogens that have caused three outbreaks of severe respiratory diseases, SARS, MERS, COVID-19. In Russia, data on coronaviruses in natural reservoirs are limited, as investigations began only during the COVID-19 pandemic.

**The aim.** To study the diversity of coronaviruses among rodents and insectivores in the Republic of Altai.

**Materials and methods.** Rodents ( $n = 67$ ) and shrews ( $n = 52$ ) were captured in 2022. Samples were analyzed by reverse transcription-polymerase chain reaction followed by sequencing.

**Results and conclusions.** Four samples from rodents (*Myodes rutilus*, *M. glareolus*, *Apodemus peninsulae*, *A. agrarius*) and two samples from an insectivore (*Crocidura sibirica*) were positive for coronaviruses, among which three different coronaviruses were detected. Rodent-borne coronaviruses are classified in the genus *Betacoronavirus*, subgenera *Embecovirus*, and have shown host associated clustering. The nucleotide sequences of Siberian coronaviruses from rodents were identical for closely related species (*M. rutilus* and *M. glareolus*, *A. agrarius* and *A. peninsulae*) and close (> 94 % homology) to previously published sequences in each of the groups of carriers found in the territory Novosibirsk region, Europe and China. The coronavirus identified from the insectivore, possibly belonging to a new subgenera of the family Coronaviridae, has also been assigned to the genus *Betacoronavirus*.

**Conclusion.** Five species of natural carriers of three different coronaviruses were detected in the Altai Republic. A high level of identity of coronaviruses genomes from rodents has been revealed, indicating a relatively low rate of their evolution.

**Key words:** coronavirus, taxonomy, rodents, shrews, Siberia

Received: 11.09.2023  
 Accepted: 29.11.2023  
 Published: 29.12.2023

**For citation:** Yashina L.N., Abramov S.A., Smetannikova N.A., Malyshev B.S., Krivopalov A.V., Dupal T.A. Coronaviruses in rodents and insectivores in Altai Republic. *Acta biomedica scientifica*. 2023; 8(6): 117-123. doi: 10.29413/ABS.2023-8.6.10

## ВВЕДЕНИЕ

Коронавирусы (семейство *Coronaviridae*, роды *Alphacoronavirus* и *Betacoronavirus*) относятся к числу опасных вирусных патогенов, вызвавших за последние два десятилетия три вспышки тяжёлых респираторных заболеваний SARS, MERS, COVID-19 [1–3]. После вспышки атипичной пневмонии SARS в 2002–2003 гг. эпидемиологические и этиологические исследования подтвердили, что SARS-CoV попала в организм человека через циветт [4]. Последующие полевые и экспериментальные исследования показали, что циветта была лишь промежуточным хозяином SARS-CoV, а летучие мыши – его естественным хозяином [5]. MERS-CoV, впервые появившийся на Ближнем Востоке в 2012 г., также происходит от летучих мышей и заражает людей через верблюдов [6]. После того, как COVID-19 был впервые обнаружен в Ухане, на основе исследования геномов не только сразу был идентифицирован его этиологический агент, новый коронавирус, позже названный SARS-CoV-2, но также была обнаружена высокая гомология вируса с известным коронавирусом от летучих мышей, выявленным в 2018 г. [3, 7, 8]. Кроме того, недавние исследования показали, что коронавирусы человека, такие как OC43, 229E, HKU1 и NL63, также происходят от летучих мышей или грызунов [9, 10].

Коронавирусы отличаются высоким генетическим разнообразием у диких мелких млекопитающих. За долгую эволюционную историю вирусы не только совместно эволюционировали со своими хозяевами, но также часто преодолевали межвидовой барьер и распространялись между видами и эволюционировали, чтобы адаптироваться к новым хозяевам [11]. В последние годы у грызунов постоянно выявляли весьма разнообразные коронавирусы, некоторые из которых циркулируют одновременно у нескольких видов грызунов или даже нескольких подсемейств [12–15]. Недавние исследования показали, что коронавирусы OC43 и HKU1, вызывающие респираторные заболевания человека, также могут быть получены от грызунов [9, 16]. Помимо грызунов, мелкие млекопитающие, такие как землеройки, которые также отличаются высоким генетическим разнообразием, также могут быть переносчиками различных коронавирусов. Недавно были обнаружены коронавирусы землероек, имеющие важное эволюционное значение [17].

Проблема исследования коронавирусов актуальна для России, поскольку эпидемиологических исследований по выявлению коронавирусов в природных резервуарах до начала пандемии не проводилось. Лишь в 2020 г. были открыты SARS-подобные коронавирусы (Khosta-1 и Khosta-2) в двух видах летучих мышей рода подковоносов в Краснодарском крае Российской Федерации и изучены их полноразмерные геномы [18]. Дальнейшие исследования показали, что рецептор-связывающий домен одного из новых коронавирусов способен использовать человеческий рецептор ACE2 и представляет потенциальную опасность для человека [19]. Ещё один коронавирус выявлен среди гладконосых летучих мышей в центральной части европейской территории России [20].

В эволюционной истории этого нового MERS-подобного коронавируса предполагается рекомбинация предковых геномов коронавирусов летучих мышей и ежей. Исследования коронавирусов среди грызунов и насекомых впервые проведены на территории Сибири (Новосибирская область) [21]. Циркуляция коронавирусов обнаружена в трёх видах грызунов и одном виде насекомых. Ассоциированные с грызунами коронавирусы относились к роду *Betacoronavirus*, демонстрировали филогенетическое группирование в соответствии с видом природного носителя и сходство с соответствующими коронавирусами из Китая и европейских стран. Среди насекомых был выявлен новый вид коронавируса, который относился к роду *Alphacoronavirus*.

## ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ

Исследование многообразия коронавирусов среди грызунов и насекомых на территории Республики Алтай.

## МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Мелких млекопитающих отлавливали на северном побережье Телецкого озера Республики Алтай (51° 47' с. ш., 87° 18' в. д.). Отлов животных осуществляли в соответствии с протоколом и рекомендациями по безопасной работе согласно методическим указаниям МУ 3.1.1029-01. утверждённым 6.04.2001; для забора смывов из ротоглотки использовали ватные зонды тампоны; кусочки прямой кишки помещали в раствор с RNA Later (QIAGEN, Германия).

Выделение РНК проводили набором «РИБО-преп» (ЦНИИ эпидемиологии, Россия) из смывов или кусочков прямой кишки. В пробирки со смывами перед выделением добавляли 0,2 мл стерильного 0,9%-го раствора NaCl. Скрининг образцов проводили методом двухраундовой обратной транскрипции – полимеразной цепной реакции (ОТ-ПЦР) с использованием RevertAid Premium РНК-полимеразы (Thermo Fisher Scientific, США), Hot Start Taq ДНК-полимеразы (Сибэнзим, Россия) по протоколу и с праймерами на консервативную область гена РНК-зависимой РНК-полимеразы (*RdRp*) коронавируса (фрагмент 397 н. о.), описанными ранее [12]. Определение нуклеотидных последовательностей каждой из цепей ампликонов проводили на автоматическом анализаторе ABI Prism 310, используя набор BigDye Terminator Cycle Sequencing kit (Applied Biosystems, США). Таксономическая идентификация коронавирусов и их природных носителей была основана на определении и сравнении с базой данных GenBank нуклеотидных последовательностей фрагментов вирусных геномов и гена цитохрома b митохондриальной ДНК носителей.

Выравнивание нуклеотидных последовательностей осуществляли с помощью алгоритма MUSCLE в программе MEGA X (Mega Software, США). Для построения филогенетического дерева использовали метод максималь-

ного правдоподобия (ML, maximum likelihood) с моделью эволюции GRT + G + I. Вычисления проводили для 500 повторов.

## РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

В сентябре 2022 г. на территории лесного участка, расположенного в окрестностях посёлка Артыбаш Республики Алтай, были отловлены 119 особей 10 видов мелких млекопитающих (табл. 1). Все отловленные животные были протестированы на наличие РНК коронавируса.

Положительными на коронавирусы оказались 3,8 % (2/52) насекомоядных и 5,9 % (4/67) грызунов (табл. 1). Вирусная РНК выявлена у 2 из 11 сибирских белозубок (*Crociodura sibirica*), 1 из 5 рыжих полёвок (*Myodes glareolus*), 1 из 15 красных полёвок (*Myodes rutilus*), 1 из 20 полевых мышей (*Apodemus agrarius*) и 1 из 15 восточно-азиатских лесных мышей (*Apodemus peninsulae*).

По результатам филогенетического анализа коронавируса, переносимые грызунами (*M. rutilus*, *M. glareolus*, *A. peninsulae* и *A. agrarius*), отнесены к подроду *Embecovirus* рода *Betacoronavirus*. Вирус, обнаруженный у представителя отряда насекомоядных, *C. sibirica*, был включён в состав рода *Betacoronavirus* и, возможно, является представителем нового подрода, так как значительно отличается от других известных коронавирусов (рис. 1).

Новые РНК-изоляты коронавируса, выявленные у грызунов, по нуклеотидным последовательностям фрагмента гена *RdRp* имеют уровень гомологии 86,7 % между изолятами от животных родов *Myodes* и *Apodemus*, идентичны для близкородственных видов *M. rutilus/M. glareolus* и *A. peninsulae/A. agrarius* и демонстрируют близкое сходство с ранее опубликованными

ми последовательностями коронавируса, обнаруженных в каждой из групп носителей. В частности для новых изолятов коронавируса от *M. glareolus/M. rutilus* (RtCoV/Mg-724/RUS/2022 и RtCoV/Mrut-816/RUS/2022) обнаружен уровень сходства 95,8 % и 93,8–94,9 % с РНК-изолятом RtCoV/Mrut-288/RUS/2021, идентифицированным от *M. rutilus* в Новосибирской области и в Германии (D\_RMU10\_1974/Myo\_gla/GER и D\_RMU10\_1919/Myo\_gla/GER) соответственно. Для сибирских изолятов коронавируса из Республики Алтай от *A. agrarius/A. peninsulae* (RtCoV/Ar-709/RUS/2022 и RtCoV/Aa-818/RUS/2022) выявлен высокий уровень гомологии (97,2 % и 98,3–98,6 % соответственно) как с изолятом RtCoV/Aa-528/RUS/2021 от *A. agrarius* из близко расположенной Новосибирской области, так и с географически удалёнными штаммами из Китая (RtAa/SX2014) и Германии (KS11\_0997/Apo\_agr/GER/2011) соответственно.

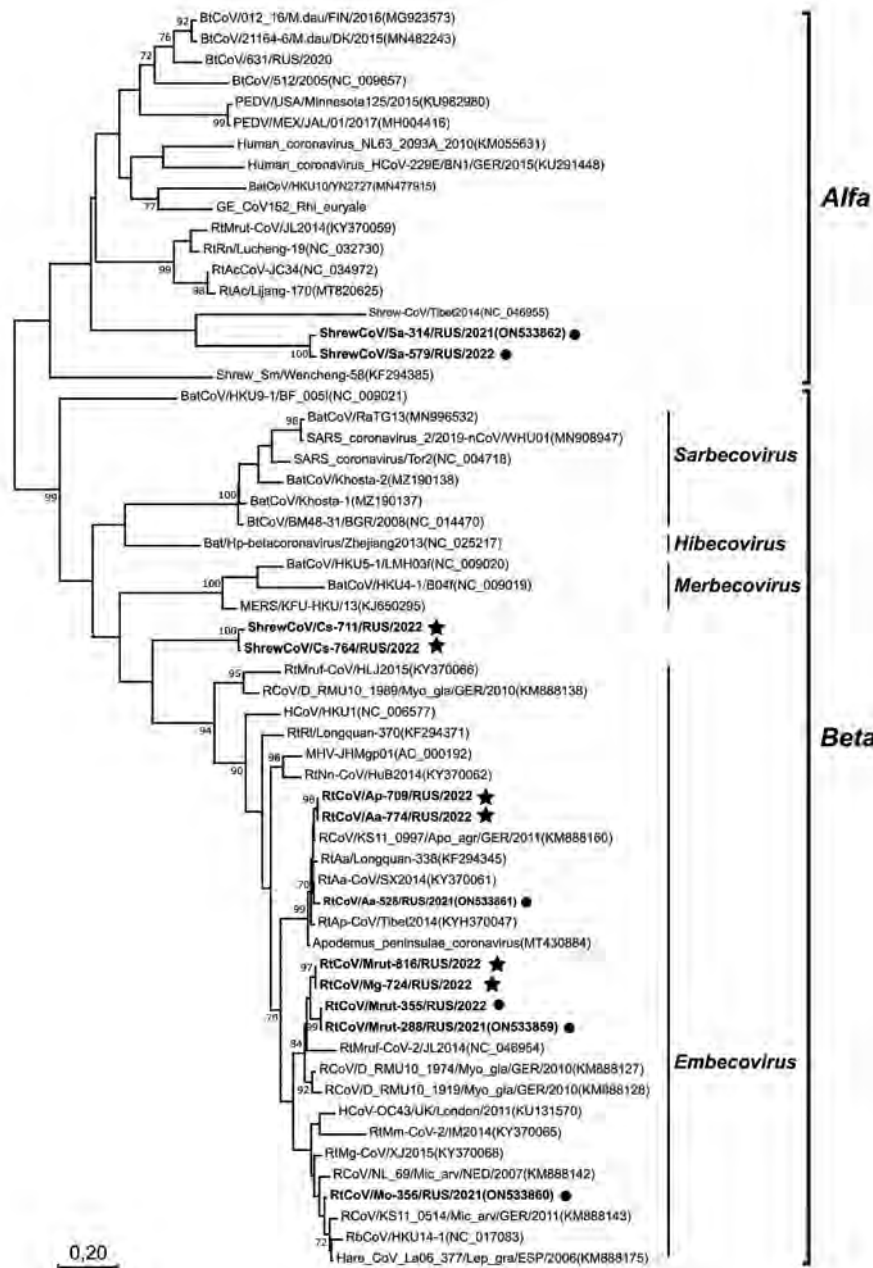
Коронавирус, обнаруженный у двух особей сибирской белозубки (ShrewCov/Cs-711/RUS/2022 и ShrewCov/Cs-764/RUS/2022), по нуклеотидной последовательности отличается более чем на 28,0 % от других представителей родов *Alfacoronavirus* и *Betacoronavirus*. Причём наибольший уровень различия (45,0 %) обнаружен с коронавирусом от другого вида насекомоядных – обыкновенной бурозубки (*Sorex araneus*) (ShrewCoV/Sa-314/RUS/2021), – циркулирующего в близко расположенной Новосибирской области. В отличие от коронавирусов, ассоциированных с грызунами, у коронавирусов от насекомоядных выявлена более высокая вариабельность геномов. Так, уровень различий последовательностей, полученных от двух Сибирских белозубок, отловленных в одном сайте, составил 2,0 %. Учитывая высокий уровень различия в консервативном гене *RdRp* с представителями других родов и видов, можно предполагать, что РНК-изолят от *C. sibirica* является представителем нового подрода рода *Betacoronavirus*. Для это-

ТАБЛИЦА 1  
ВИДОВОЙ СОСТАВ НАСЕКОМОЯДНЫХ И ГРЫЗУНОВ,  
ИССЛЕДОВАННЫХ НА НАЛИЧИЕ РНК КОРОНАВИРУСОВ

Носители	Вид	Коронавирус РНК+/исследованы
Насекомоядные	Обыкновенная бурозубка ( <i>Sorex araneus</i> )	0/39
	Равнозубая бурозубка ( <i>Sorex isodon</i> )	0/1
	Средняя бурозубка ( <i>Sorex caecutiens</i> )	0/1
	Сибирская белозубка ( <i>Crociodura sibirica</i> )	2/11
	Восточноазиатская мышь ( <i>Apodemus peninsulae</i> )	1/15
Грызуны	Полевая мышь ( <i>Apodemus agrarius</i> )	1/20
	Полёвка-экономка ( <i>Alexandromys oeconomus</i> )	0/3
	Красно-серая полёвка ( <i>Myodes rufocanus</i> )	0/9
	Красная полёвка ( <i>Myodes rutilus</i> )	1/15
	Рыжая полёвка ( <i>Myodes glareolus</i> )	1/5

TABLE 1  
PREVALENCE OF CORONAVIRUS INFECTION  
AS DETERMINED BY RT-PCR IN SHREWS AND RODENTS  
BY SPECIES





**Рис. 1.** Филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей фрагмента гена RdRp коронавирусов, соответствующих позициям 15429–15825 изолята HKU-1 (Genbank NC\_006577). Новые коронавирусы, полученные от *Myodes glareolus* (RtCoV/Mg-724/RUS/2022), *Myodes rutilus* (RtCoV/Mrut-816/RUS/2022), *Apodemus peninsulae* (RtCoV/Ap-709/RUS/2022), *Apodemus agrarius* (RtCoV/Aa-818/RUS/2022) и *Crocidura sibirica* (ShrewCoV/Cs-711/RUS/2022, ShrewCoV/Cs-764/RUS/2022), сопоставлены с известными CoV, относящимися к родам *Alphacoronavirus* и *Betacoronavirus*. Дерево построено с применением метода максимального правдоподобия и моделью эволюции GRT + G + I. Индексы поддержки рассчитаны для 500 повторов, индексы поддержки (> 70 %) отображены в соответствующих узлах. Масштабная линейка указывает количество нуклеотидных замен на сайт. Новые изоляты выделены жирным шрифтом и звёздочкой, изоляты из Новосибирской области выделены жирным шрифтом и кружком

**FIG. 1.** Maximum likelihood phylogenetic analysis of coronavirus partial RdRp gene sequences, corresponding to positions 15429–15825 on the HKU-1 isolate (Genbank Accession number NC\_006577). Novel coronavirus sequences obtained from *Myodes glareolus* (RtCoV/Mg-724/RUS/2022), *Myodes rutilus* (RtCoV/Mrut-816/RUS/2022), *Apodemus peninsulae* (RtCoV/Ap-709/RUS/2022), *Apodemus agrarius* (RtCoV/Aa-818/RUS/2022), *Crocidura sibirica* (ShrewCoV/Cs-711/RUS/2022, ShrewCoV/Cs-764/RUS/2022) were analyzed alongside CoV sequences representing the two genera – *Alphacoronavirus* and *Betacoronavirus*. The tree was generated utilizing a GRT + G + I model with 500 bootstrap replicates using the MEGAXI. Bootstrap values (> 70 %) are shown at relevant nodes. The scale bar depicts the number of nucleotide substitutions per site. Detected coronaviruses are given in bold and labeled by asterisk, coronaviruses from Novosibirsk region are given in bold font and labeled by circle

го необходимо провести секвенирование полногеномного генома и провести его анализ, согласно критериям международного комитета по таксономии вирусов [22].

Нами исследовано разнообразие коронавирусов, циркулирующих среди грызунов и насекомоядных в природном очаге, расположенном на территории Республики Алтай. Как и ранее [21], для одной и той же локации показана совместная циркуляция нескольких видов коронавирусов. Все исследованные животные были отловлены в окрестностях Телецкого научного стационара Института систематики и экологии животных СО РАН на участке леса не более 0,2 км<sup>2</sup>. На ограниченной территории была показана совместная циркуляция двух коронавирусов, переносимых грызунами, и одного коронавируса, переносимого насекомоядным хозяином – сибирской белозубкой.

Ранее было показано, что коронавирусы, ассоциированные с природными носителями, относящимися к родам *Myodes* и *Apodemus*, подразделяются на два рода: *Alfacoronavirus* и *Betacoronavirus* [15]. Новые сибирские изоляты от грызунов, отнесённые к подроду *Embecovirus* рода *Betacoronavirus*, характеризуются высокой (93,8–95,8 % и 97,2–98,3 %) гомологией с ранее известными изолятами в каждой группе, выявленными на обширной территории, включающей Европу (Германия), Сибирь (Новосибирская область) и Китай, причём последовательности из одного места отлова в Республике Алтай были идентичными. Полученные данные свидетельствуют об относительно высокой стабильности геномов коронавирусов по сравнению с другими РНК-содержащими вирусами, ассоциированными с грызунами. Так, различие последовательностей гена *RdRp* у хантавирусов (семейство *Hantaviridae*, род *Orthohantavirus*), обнаруженных в тех же видах носителей из географически удалённых регионов Сибири и Европы, составляло более 20 % [23]. Более высокий уровень различий частичных нуклеотидных последовательностей гена *RdRp* выявлен среди коронавирусов от насекомоядных. Уровень различия последовательностей от двух особей сибирских белозубок составил 2,0 %, что сопоставимо с уровнем различия РНК изолятов хантавируса Сивис из той же локации [24].

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Обнаружено 3 различных коронавируса среди 4 видов грызунов и одного вида насекомоядных, совместно обитающих в природном биотопе на территории Республики Алтай. Коронавирусы от грызунов (*M. glareolus*/*M. rutilus* и *A. agrarius*/*A. peninsulae*) отнесены к роду *Betacoronavirus* подрод *Embecovirus*, коронавирус от насекомоядного (*C. sibirica*) отнесён к роду *Betacoronavirus* и, как предполагается, относится к новому подроду. Обнаружена высокая стабильность геномов коронавирусов, ассоциированных с грызунами.

### Финансирование

Результаты исследования были получены при поддержке гранта Российского научного фонда № 22-24-00377.

### Конфликт интересов

Авторы данной статьи сообщают об отсутствии конфликта интересов.

## ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Drosten C, Günther S, Preiser W, van der Werf S, Brodt HR, Becker S, et al. Identification of a novel coronavirus in patients with severe acute respiratory syndrome. *N Engl J Med*. 2003; 348(20): 1967-1976. doi: 10.1056/NEJMoa030747
2. Bermingham A, Chand MA, Brown CS, Aarons E, Tong C, Langrish C, et al. Severe respiratory illness caused by a novel coronavirus, in a patient transferred to the United Kingdom from the Middle East, September 2012. *Euro Surveill*. 2012; 17(40): 20290.
3. Wu F, Zhao S, Yu B, Chen YM, Wang W, Song ZG, et al. A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. *Nature*. 2020; 579: 265-269. doi: 10.1038/s41586-020-2008-3
4. Guan Y, Zheng BJ, He YQ, Liu XL, Zhuang ZX, Cheung CL, et al. Isolation and characterization of viruses related to the SARS coronavirus from animals in southern China. *Science*. 2003; 302(5643): 276-278. doi: 10.1126/science.1087139
5. Lau SK, Woo PC, Li KS, Huang Y, Tsoi HW, Wong BH, et al. Severe acute respiratory syndrome coronavirus-like virus in Chinese horseshoe bats. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2005; 102(39): 14040-14045. doi: 10.1073/pnas.0506735102
6. Mohd HA, Al-Tawfiq JA, Memish ZA. Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV) origin and animal reservoir. *Virol J*. 2016; 13: 87. doi: 10.1186/s12985-016-0544-0
7. Hu B, Zeng LP, Yang XL, Ge XY, Zhang W, Li B, et al. Discovery of a rich gene pool of bat SARS-related coronaviruses provides new insights into the origin of SARS coronavirus. *PLoS Pathog*. 2017; 13(11): e1006698. doi: 10.1371/journal.ppat.1006698
8. Zhou P, Yang XL, Wang XG, Hu B, Zhang L, Zhang W, et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*. 2020; 579(7798): 270-273. doi: 10.1038/s41586-020-2012-7
9. Cui J, Li F, Shi ZL. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. *Nat Rev Microbiol*. 2019; 17(3): 181-192. doi: 10.1038/s41579-018-0118-9
10. Singh J, Pandit P, McArthur AG, Banerjee A, Mossman K. Evolutionary trajectory of SARS-CoV-2 and emerging variants. *Virol J*. 2021; 18(1): 166. doi: 10.1186/s12985-021-01633-w
11. Shi M, Lin XD, Chen X, Tian JH, Chen LJ, Li K, et al. The evolutionary history of vertebrate RNA viruses. *Nature*. 2018; 556(7700): 197-202. doi: 10.1038/s41586-018-0012-7
12. Wang W, Lin XD, Guo WP, Zhou RH, Wang MR, Wang CQ, et al. Discovery, diversity and evolution of novel coronaviruses sampled from rodents in China. *Virology*. 2015; 474: 19-27. doi: 10.1016/j.virol.2014.10.017
13. Monchatre-Leroy E, Boué F, Boucher JM, Renault C, Moutou F, Ar Gouilh M, et al. Identification of alpha and beta coronavirus in wildlife species in France: Bats, rodents, rabbits, and hedgehogs. *Viruses*. 2017; 9(12): 364. doi: 10.3390/v9120364
14. Tsoleridis T, Chappell JG, Onianwa O, Marston DA, Fooks AR, Monchatre-Leroy E, et al. Shared common ancestry of rodent Alphacoronaviruses sampled globally. *Viruses*. 2019; 11(2): 125. doi: 10.3390/v11020125

15. Wang W, Lin XD, Zhang HL, Wang MR, Guan XQ, Holmes EC, et al. Extensive genetic diversity and host range of rodent-borne coronaviruses. *Virus Evol.* 2020; 6(2): veaa078. doi: 10.1093/ve/veaa078
16. Forni D, Cagliani R, Clerici M, Sironi M. Molecular evolution of human coronavirus genomes. *Trends Microbiol.* 2017; 25(1): 35-48. doi: 10.1016/j.tim.2016.09.001
17. Wang W, Lin XD, Liao Y, Guan XQ, Guo WP, Xing JG, et al. Discovery of a highly divergent coronavirus in the Asian house shrew from China illuminates the origin of the alphacoronaviruses. *J Virol.* 2017. 91: e00764-17. doi: 10.1128/JVI.00764-17
18. Alkhovsky S, Lenshin S, Romashin A, Vishnevskaya T, Vyshemirsky O, Bulycheva Y, et al. SARS-like coronaviruses in horse-shoe bats (*Rhinolophus* spp.) in Russia, 2020. *Viruses.* 2022; 14(1): 113. doi: 10.3390/v14010113
19. Seifert SN, Bai S, Fawcett S, Norton EB, Zvezdaryk KJ, Robinson J, et al. An ACE2-dependent Sarbecovirus in Russian bats is resistant to SARS-CoV-2 vaccines. *PLoS Pathog.* 2022; 18(9): e1010828. doi: 10.1371/journal.ppat.1010828
20. Speranskaya AS, Artiushin IV, Samoilov AE, Korneenko EV, Khabudaev KV, Ilina EN, et al. Identification and genetic characterization of MERS-related coronavirus isolated from *Nathusius' pipistrelle* (*Pipistrellus nathusii*) near Zvenigorod (Moscow Region, Russia). *Int J Environ Res Public Health.* 2023; 20(4): 3702. doi: 10.3390/ijerph20043702
21. Яшина Л.Н., Сметанникова Н.А., Панов В.В. Совместная циркуляция коронавирусов среди грызунов и насекомоядных. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2023; 2: 167-172. [Yashina LN, Smetannikova NA, Panov VV. Co-circulation of coronaviruses among rodents and insectivores. *Problems of Particularly Dangerous Infections.* 2023; (2): 167-172. (In Russ.)]. doi: 10.21055/0370-1069-2023-2-167-172
22. International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV). *Taxonomy 2017.* URL: <http://talk.ictvonline.org/taxonomy> [date of access: 10.06.2023].
23. Yashina LN, Abramov SA, Dupal TA, Danchinova GA, Malyshev BS, Hay J, et al. Hokkaido genotype of Puumala virus in the grey red-backed vole (*Myodes rufocanus*) and northern red-backed vole (*Myodes rutilus*) in Siberia. *Infect Genet Evol.* 2015; 33: 304-313. doi: 10.1016/j.meegid.2015.05.021
24. Yashina LN, Abramov SA, Gutorov VV, Dupal TA, Krivopalov AV, Panov VV, et al. Seewis virus: Phylogeography of a shrew-borne hantavirus in Siberia, Russia. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2010; 10(6): 585-591. doi: 10.1089/vbz.2009.0154

#### Сведения об авторах

**Яшина Людмила Николаевна** – доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник отдела геномных исследований, ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора, e-mail: [yashina@vector.nsc.ru](mailto:yashina@vector.nsc.ru), <https://orcid.org/0000-0003-2844-7835>

**Абрамов Сергей Александрович** – кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории экологии сообществ позвоночных животных, ФГБУН «Институт систематики и экологии животных» СО РАН, e-mail: [gterio@gmail.com](mailto:gterio@gmail.com), <https://orcid.org/0000-0001-7921-6696>

**Сметанникова Наталья Анатольевна** – кандидат медицинских наук, старший научный сотрудник отдела геномных исследований, ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора, e-mail: [smetannikova@vector.nsc.ru](mailto:smetannikova@vector.nsc.ru), <https://orcid.org/0000-0002-5082-8071>

**Малышев Борис Сотиоволдиевич** – научный сотрудник отдела геномных исследований, ФБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора, e-mail: [malyshev@vector.nsc.ru](mailto:malyshev@vector.nsc.ru), <https://orcid.org/0000-0003-3004-3020>

**Кривопалов Антон Викторович** – кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории паразитологии, ФГБУН Институт систематики и экологии животных СО РАН, e-mail: [krivopalov@gmail.com](mailto:krivopalov@gmail.com), <https://orcid.org/0000-0003-4824-6061>

**Дупал Тамара Александровна** – кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории экологии сообществ позвоночных животных, ФГБУН «Институт систематики и экологии животных» СО РАН, e-mail: [gf@eco.nsc.ru](mailto:gf@eco.nsc.ru), <https://orcid.org/0000-0002-4487-1815>

#### Information about the authors

**Ljudmila N. Yashina** – Dr. Sc. (Biol.), Leading Research Officer at the Department of Genomic Research, State Research Center of Virology and Biotechnology "Vector", e-mail: [yashina@vector.nsc.ru](mailto:yashina@vector.nsc.ru), <https://orcid.org/0000-0003-2844-7835>

**Sergey A. Abramov** – Cand. Sc. (Biol.), Senior Research Officer at the Laboratory of Ecology of Vertebrate Communities, Institute of Systematics and Ecology of Animals, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, e-mail: [gterio@gmail.com](mailto:gterio@gmail.com), <https://orcid.org/0000-0001-7921-6696>

**Natalia A. Smetannikova** – Cand. Sc. (Med.), Senior Research Officer at the Department of Genomic Research, State Research Center of Virology and Biotechnology "Vector", e-mail: [smetannikova@vector.nsc.ru](mailto:smetannikova@vector.nsc.ru), <https://orcid.org/0000-0002-5082-8071>

**Boris S. Malyshev** – Research Officer at the Department of Genomic Research, State Research Center of Virology and Biotechnology "Vector", e-mail: [malyshev@vector.nsc.ru](mailto:malyshev@vector.nsc.ru), <https://orcid.org/0000-0003-3004-3020>

**Anton V. Krivopalov** – Cand. Sc. (Biol.), Senior Research Officer at the Laboratory of Parasitology, Institute of Systematics and Ecology of Animals, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, e-mail: [krivopalov@gmail.com](mailto:krivopalov@gmail.com), <https://orcid.org/0000-0003-4824-6061>

**Tamara A. Dupal** – Cand. Sc. (Biol.), Senior Research Officer at the Laboratory of Ecology of Vertebrate Communities, Institute of Systematics and Ecology of Animals, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, e-mail: [gf@eco.nsc.ru](mailto:gf@eco.nsc.ru), <https://orcid.org/0000-0002-4487-1815>