

Обзорная статья / Review article

УДК 578.82/.83

DOI: 10.18470/1992-1098-2024-3-3



Вирусы рукокрылых (Chiroptera) России и сопредельных стран

Александр В. Жигалин

Национальный исследовательский Томский государственный университет, Томск, Россия

Дагестанский государственный университет, Махачкала, Россия

Контактное лицо

Александр В. Жигалин, кандидат биологических наук; заведующий лабораторией, лаборатория мониторинга биоразнообразия, Национальный исследовательский Томский государственный университет; 634050 Россия, г. Томск, пр. Ленина, 36; доцент, кафедра экологии, Дагестанский государственный университет; 367001 Россия, г. Махачкала, ул. Дахадаева, 21. Тел. +9832391744

Email alex-zhigalin@mail.ruORCID <https://orcid.org/0000-0003-4661-0560>**Формат цитирования**

Жигалин А.В. Вирусы рукокрылых (Chiroptera) России и сопредельных стран // Юг России: экология, развитие. 2024. Т.19, N 3. С. 35-43.

DOI: 10.18470/1992-1098-2024-3-3

Получена 11 марта 2024 г.

Прошла рецензирование 14 мая 2024 г.

Принята 26 августа 2024 г.

Резюме

Цель: провести анализ разнообразия вирусов рукокрылых России и сопредельных стран. Выявить основных переносчиков этих патогенов, возможные пути заноса на территорию РФ.

В настоящее время в России от рукокрылых получены РНК последовательности 36 Coronaviridae, 8 Rhabdoviridae и 3 Astroviridae. Из сопредельных стран РНК/ДНК последовательности вирусов у рукокрылых Норвегии (n=2), Финляндии (n=14), Польше (n=42), Украине (n=8), Грузии (n=46), Казахстане (n=29), Китае (n=5645) и Японии (n=109). Обнаруженные последовательности относятся к 30 семействам. Абсолютное большинство последовательностей относится к семейству Coronaviridae (62,96 %). Увеличение числа полученных последовательностей за прошедший год наблюдается в России и Китае.

Имеющиеся данные о вирусах рукокрылых России, указывают на необходимость разработки и реализации государственной междисциплинарной программы, посвященной этой проблеме. Наибольшую опасность представляют Rhabdoviridae, смертность после инфицирования которыми, зафиксирована в России и прилегающих территориях. Полученные данные указывают на то, что основными переносчиками вирусов являются представители родов *Eptesicus*, *Myotis*, *Nyctalus*, *Rhinolophus*, *Vespertilio*. Риск обмена и передачи вирусов наиболее вероятен между западной частью России и европейскими странами.

Ключевые слова

Рукокрылые, вирусы, инфекции, коронавирусы, биобезопасность.

Bat (Chiroptera) viruses of Russia and neighboring countries

Alexander V. Zhigalin

National Research Tomsk State University, Tomsk, Russia
Dagestan State University, Makhachkala, Russia

Principal contact

Alexander V. Zhigalin, Candidate of Biological Sciences, Head, Biodiversity Monitoring Laboratory, National Research Tomsk State University; 36 Lenina St, Tomsk, Russia, 634050 & Associate Professor, Institute of Ecology and Sustainable Development, Dagestan State University; 21 Dakhadaeva St, Makhachkala, Russia 367001. Tel. +79832391744
Email alex-zhigalin@mail.ru
ORCID <https://orcid.org/0000-0003-4661-0560>

How to cite this article

Zhigalin A.V. Bat (Chiroptera) viruses of Russia and neighboring countries. *South of Russia: ecology, development*. 2024; 19(3):35-43. (In Russ.)
DOI: 10.18470/1992-1098-2024-3-3

Received 11 March 2024
Revised 14 May 2024
Accepted 26 August 2024

Abstract

Aim. To analyze the diversity of bat viruses in Russia and neighboring countries. To identify the main vectors of these pathogens and possible ways of introduction into the territory of the Russian Federation.

In Russia the RNA sequences of 36 Coronaviridae, 8 Rhabdoviridae and 3 Astroviridae have been obtained from bats. In neighboring countries, RNA/DNA sequences of viruses in bats have been found in Norway (2), Finland 14), Poland 42), Ukraine (8), Georgia (46), Kazakhstan (29), China (5.645) and Japan (109). The dsequences which have been discovered belong to 30 families (Table 1). An increase in the number of sequences obtained over the past year has been observed in Russia and China. The absolute majority of sequences belong to the Coronaviridae family (62.96 %).

The available data on bat viruses in Russia indicate the need to develop and implement a state interdisciplinary programme dedicated to this problem. The greatest danger is posed by Rhabdoviridae: mortalities after infection have been recorded in Russia. The data obtained also indicate that the main vectors of viruses are representatives of the genera *Eptesicus*, *Myotis*, *Nyctalus*, *Rhinolophus* and *Vespertilio*. The risk of virus exchange and transmission is most likely to be between the western part of Russia and European countries.

Key Words

Bats, viruses, infections, coronaviruses, rabies.

ВВЕДЕНИЕ

До середины прошлого века большинство рукокрылых не относили к числу животных, имеющих особое эпидемиологическое значение [1]. К концу XX в. было установлено, что не только кровососущие, но и насекомоядные виды рукокрылых, в том числе в Евразии, являются переносчиками лиссавирусов, заражение которыми приводит к летальному исходу у людей [2].

С начала нынешнего столетия внимание к рукокрылым, как источнику опасных для человека вирусов, значительно обострилось. Последнее обусловлено получением данных о том, что ряд новых зоонозных инфекций возник непосредственно при участии рукокрылых [3]. Как следствие, появилось несколько обзорных работ о вирусах рукокрылых и их потенциальной опасности [4; 5]. К настоящему времени

разработано несколько оценочных моделей, направленных на выявление территорий, где с разной вероятностью могут появиться вирусы, способные преодолеть межвидовой барьер и перейти от рукокрылых к человеку [6]. На территории России и прилегающих стран, такая вероятность не велика. Вместе с тем обобщающей информации о вирусах рукокрылых рассматриваемой территории, которая занимает северо-восточную часть Палеарктики, в последние годы не было представлено.

ОБСУЖДЕНИЕ

В соответствии с открытой базой данных «ZOVER» [7] и литературными источниками, в России на данный момент от рукокрылых получено 47 генетических последовательностей вирусов (рис. 1).

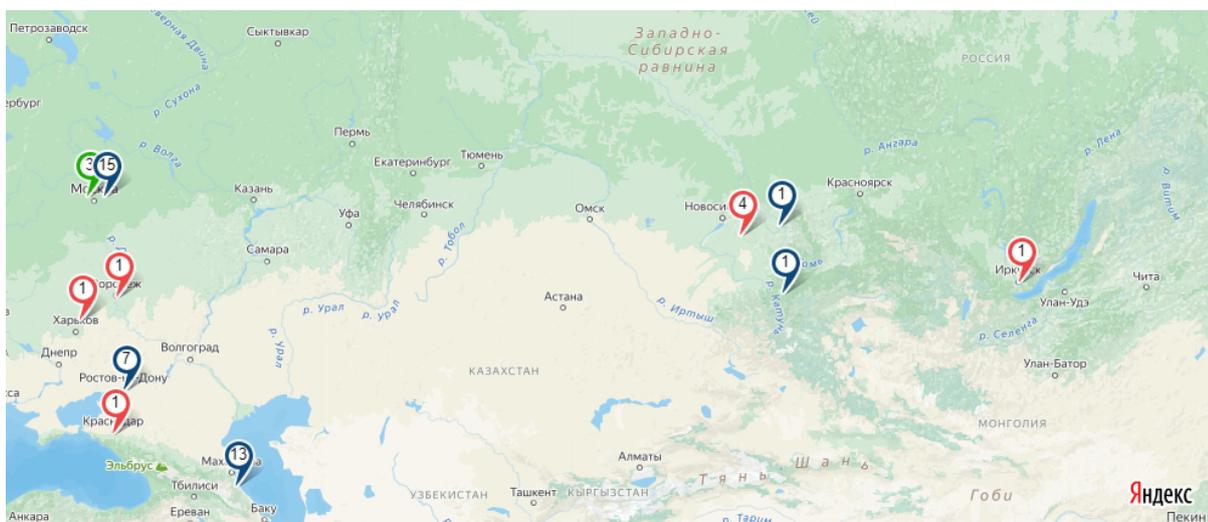


Рисунок 1. Места получения последовательностей РНК вирусов от рукокрылых в России

Figure 1. Sites from which virus RNA sequences from bats have been obtained in Russia

Примечание: зеленый цвет – Astroviridae, синий цвет – Coronaviridae, красный цвет – Rhabdoviridae; цифра – количество полученных последовательностей вирусов

Note: green indicates Astroviridae, blue indicates Coronaviridae, red indicates Rhabdoviridae; numbers indicate the number of virus sequences obtained

Большая часть последовательностей (n=36) принадлежит Coronaviridae. Они обнаружены у *Pipistrellus kuhlii* из Ростовской области (Genbank: OR052074.1, OR052075.1, OR052076.1, OR147947.1, OR147948.1), *Pipistrellus nathusii* [8], *Myotis brandtii* (Genbank: OQ725983.1), *Myotis daubentonii* (Genbank: OQ725984.1, OQ725985.1, OQ725986.1), *Nyctalus noctula* (Genbank: OR052073.1) из Москвы и Московской области, *Myotis petax* с Кемеровской области, *Myotis ikonnikovi* из Республики Алтай [9], *Rhinolophus ferrumequinum* и *Rhinolophus hipposideros* с Краснодарского края [10], *Rhinolophus ferrumequinum* из Дагестана [9].

Наибольшее разнообразие коронавирусов рукокрылых получено на Северном Кавказе у подковоносов. Установлено, что выявленные там коронавирусы имеют наибольшее сходство с формами из Ближнего Востока, иных территорий Кавказа и Европы [9; 10]. Коронавирусы ночниц из Сибири схожи с таковыми из Европы и Восточной Азии [9].

Astroviridae обнаружены в 3 случаях у *Nyctalus noctula* из Москвы (Genbank: OR552430.1, OR552421.1, OR552431.1).

РНК рбдовирусов (n=8) выделена от *Eptesicus serotinus* из Белгородской и Воронежской областей [11], *Myotis petax* (Genbank: DQ860256.1, DQ860249.1, DQ860254.1) и *Plecotus ognevi* (Genbank: DQ860255.1) из Новосибирской области, *Murina hilgendorfi* из Иркутской области [2], *Miniopterus schreibersii* из Краснодарского края [12].

В стране отмечено наличие четырех видов лиссавирусов. На Кавказе у длиннокрыла обнаружен лиссавирус западно-кавказских летучих мышей WCBV [12]. На иных территориях европейской части страны отмечен лиссавирус европейских летучих мышей 1 типа линии EBLV-1a [11]. В Восточной Сибири и на Дальнем Востоке распространен лиссавирус Иркут IRKV [2]. Формы из Новосибирской области идентифицированы как вирус бешенства RABV [7].

За историю наблюдений в России установлено 6 случаев инфицирования людей после контакта с летучими мышами. Все случаи заболевания были вызваны лиссавирусами. В 1 случае (Белгородская область) вирусом EBLV-1, в остальных (Иркутская и Амурская области, Приморский край) – IRTV [2; 13].

В настоящее время, имеющиеся данные о вирусносительстве рукокрылых России, обладают бессистемным характером.

Для реализации комплексных исследований, которые будут решать научные, социальные и экономические задачи, требуется формирование отдельной государственной программы исследований. Она должна удовлетворять следующий минимум условий:

1. Охватывать территорию всей страны, где обитают рукокрылые. Это обстоятельство исходит, в том числе, из того, что часть особей рукокрылых не совершает миграций. Они круглогодично привязаны к урбанизированным территориям и районам с подземными укрытиями. На них они имеют возможность не только проводить активный период жизни, но и зимовать. Отлов и исследование таких особей не возможно на путях миграций. Более того, урбанизированные территории и подземные образования (пещеры и штольни) – зона постоянного риска контакта рукокрылых с людьми.
2. Реализовываться несколькими институтами. Это обусловлено направленностью разных организаций и наличием у них доступа к работе с патогенами разных групп опасности. Данное условие позволит анализировать одну пробу на весь возможный спектр патогенов. Это особенно актуально ввиду того, что многие виды рукокрылых внесены в Красные книги, их излишнее беспокойство и изъятие из популяции противоречит природоохранной политике государства.
3. Быть междисциплинарной. Выявление разнообразия патогенов и их филогении, установление их опасности для человека и животных, выявление путей миграций хозяев, роль паразитов рукокрылых в эпидемических процессах, моделирование эпидемических процессов, установление путей контактов людей с рукокрылыми и их характера – это очевидный минимум научных проблем, которые требуют решения в ближайшее время от ученых разной специализации.
4. Иметь устойчивость. Есть множество естественных причин, как например, цикличность биологических и экологических процессов, которые будут препятствовать получению желаемых данных в кратчайшие сроки и следовать строго намеченному плану.
5. Быть длительной. Учитывая масштаб имеющихся проблем, их осязаемое решение невозможно менее чем за 5 лет активной работы.

Из сопредельных стран РНК/ДНК последовательности вирусов у рукокрылых обнаружены в Норвегии (n=2), Финляндии (n=14), Польше (n=42), Украине (n=8), Грузии (n=46), Казахстане (n=29), Китае (n=5645) и Японии (n=109). Обнаруженные последовательности относятся к 30 семействам (табл. 1). Абсолютное большинство последовательностей относится к семейству *Coronaviridae* (62,96 %).

За последний год количество полученных последовательностей в рамках базы «ZOVER» [7], увеличилось в России (+261 %) и Китае (+1,08 %). Очевидный многократный прогресс в выявлении вирусов у рукокрылых России обусловлен, во многом, научным афтершоком от последней коронавирусной инфекции.

Впервые за прошедший год у рукокрылых рассматриваемого региона обнаружены представители

семейств *Arenaviridae*, *Orthomyxoviridae* и *Phenuiviridae*. Во всех случаях находки были сделаны в Китае. Важно отметить, что часто их носителем был восточный нетопырь *Pipistrellus abramus*, северная граница ареала которого проходит по югу российского Дальнего Востока.

При всем обнаруженном разнообразии вирусов рукокрылых, рассматриваемой территории, необходимо учитывать, что наибольшую опасность для человека представляют рабдовирусы. На всей территории их доля из общего числа вирусов составляет 1,88 %. За прошедший год количество обнаруженных последовательностей этого семейства, увеличилось на 0,44 %.

В Китае большая часть вирусов обнаружена у переносчиков, относящихся к семейству *Rhinolophidae*, в остальных странах к семейству *Vespertilionidae*. В целом, чаще всего переносчики вирусов относятся к родам *Eptesicus*, *Myotis*, *Nyctalus*, *Rhinolophus*, *Vespertilio*.

Важнейшим аспектом распространения вирусов рукокрылыми является способность последних совершать длительные миграции. К настоящему времени данные о миграциях рукокрылых России достаточно скудны.

Первая наиболее полная работа, отражающая результаты мечения рукокрылых в России, вышла во второй половине прошлого века [14], где отражены наиболее длинные пути миграций шести видов (рис. 2).

В начале нынешнего века вышла обзорная работа, обобщающая все данные о миграциях рукокрылых Европы, в том числе России [15]. Представленные материалы указывают на преимущество непродолжительных перелетов большинства видов внутри Западной и Центральной Европы, где получена большая часть информации. Рукокрылые из России, проводящие летний период в Средней полосе страны, мигрируют в страны Черного и Средиземного моря (рис. 3).

Таксономическое разнообразие рукокрылых России не столь велико, как в ряде соседних стран. В настоящее время в России и на прилегающих к ней территориях зарегистрировано около 56 видов из 4 семейств.

Наибольшее таксономическое разнообразие наблюдается на Северном Кавказе и юге Дальнего Востока [16; 17]. Достаточно велико разнообразие на Южном Урале и в Южной Сибири, что обусловлено разнообразием ландшафтов и наличием подземных убежищ [18]. По мере продвижения на север, количество видов уменьшается.

Важным аспектом структуры хироптерофауны России является ее сильное различие на западе и востоке. Урал и Западно-Сибирская равнина представляется естественным барьером для распространения многих видов, включая криптические [19]. Преодолевают этот барьер такие виды как *Nyctalus noctula*, *Vespertilio murinus*, *Eptesicus nilssonii*, *Myotis dasycneme*. Они могут выступать в роли естественного моста для вирусов запада и востока страны.

Схожая фаунистическая картина наблюдается в распространении эктопаразитов рукокрылых [20], которые также выступают в роли переносчиков инфекций опасных для человека [21].

Таблица 1. Количество и доля обнаруженных ДНК/РНК последовательностей вирусов у рукокрылых России и сопредельных стран
Table 1. The number and proportion of detected DNA/RNA virus sequences in bats of Russia and neighboring countries

Семейства вирусов Family of viruses	Россия Russia		Норвегия Norway		Финляндия Finland		Польша Poland		Украина Ukraine		Грузия Georgia		Казахстан Kazakhstan		Китай China		Япония Japan		Всего Total			
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%		
Adenovirid	1	3,4	121	2,14	12	11	134	2,26														
Anelloviridae			1	0,02			1	0,02													1	0,02
Arenaviridae			1	0,02			1	0,02													1	0,02
Astroviridae	3	6,4	536	9,5			557	9,37													557	9,37
Bornaviridae			2	0,04			2	0,03													2	0,03
Caliciviridae			58	1,03			58	0,98													58	0,98
Circoviridae			2	25			197	3,49	7	6,4	206	3,47									206	3,47
Coronaviridae	36	76,6	9	64,3	5	11,9	1	12,5	46	100	26	89,7	3538	62,67	80	73,4	3741	62,96			3741	62,96
Filoviridae							19	0,34													19	0,32
Flaviviridae							43	0,76													43	0,74
Genomoviridae							1	0,02													1	0,02
Hantaviridae					3	7,1															32	0,54
Herpesviridae							71	1,26													71	1,19
Herpesviridae							6	0,11													9	0,15
Herpesviridae							107	1,9													109	1,83
Orthomyxoviridae							1	0,02													1	0,02
Nairoviridae							1	3,4													1	0,02
Papillomaviridae							14	0,25													14	0,24
Paramyxoviridae							164	2,91													164	2,76
Parvoviridae							125	2,21													125	2,1
Peribunyaviridae							2	0,04													2	0,03
Phenuiviridae							16	0,28													16	0,27
Picobirnaviridae							2	0,04													2	0,03
Picornaviridae					1	12,5															109	1,83
Polyomaviridae							242	4,29													243	4,09
Poxviridae							1	0,02													1	0,02
Reoviridae							146	2,59													147	2,47
Retroviridae							13	0,23													13	0,22
Rhabdoviridae	8	17	2	100	5	35,7	16	38,1	4	50	1	3,4	74	1,31	2	1,8	112	1,88			112	1,88
Togaviridae							7	0,12													7	0,12
Всего / Total	47		2		14		42		8		29		46		109		5645				7	0,12

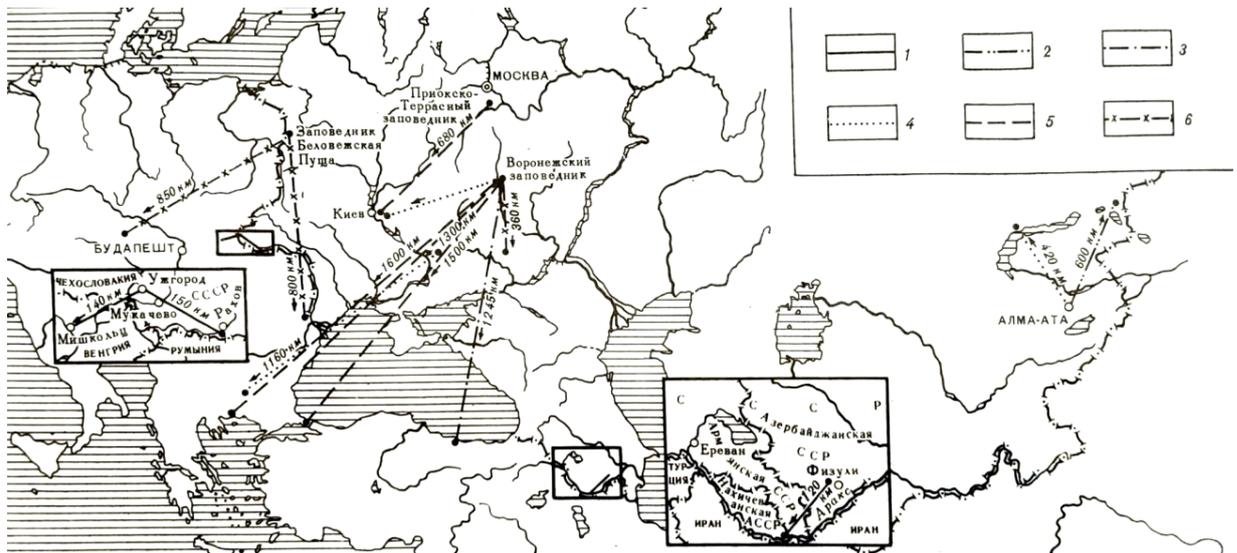


Рисунок 2. Места находок рукокрылых разных видов, окольцованных в СССР [14]

Figure 2. Sites of bats of various species banded in the USSR [14]

Примечание: 1 – *Minioterus schreibersii*, 2 – *Nyctalus noctula*, 3 – *Nyctalus leisleri*, 4 – *Pipistrellus pipistrellus*, 5 – *Pipistrellus nathusii*, 6 – *Vespertilio murinus*

Note: 1 – *Minioterus schreibersii*, 2 – *Nyctalus noctula*, 3 – *Nyctalus leisleri*, 4 – *Pipistrellus pipistrellus*, 5 – *Pipistrellus nathusii*, 6 – *Vespertilio murinus*

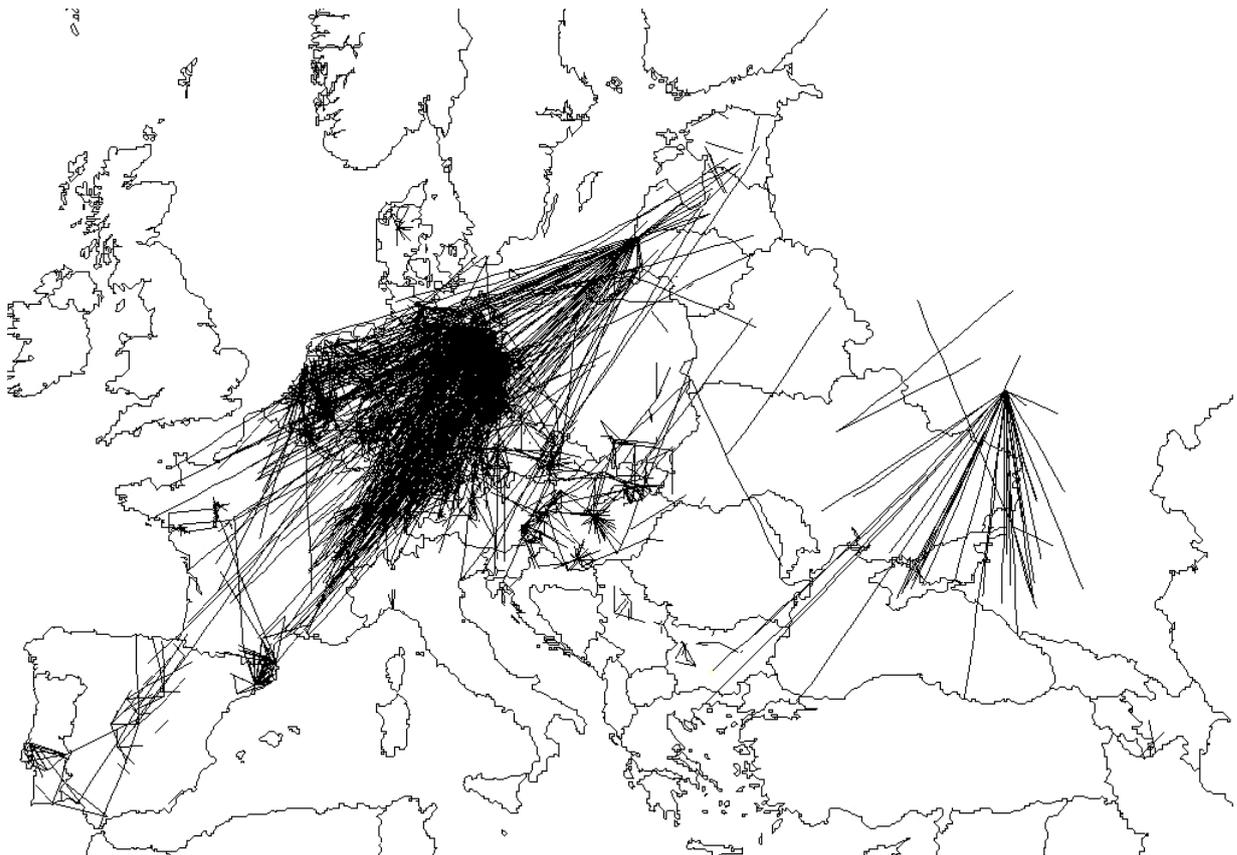


Рисунок 3. Изображение наиболее длительных миграций рукокрылых в Европе [15]

Figure 3. Trajectories of all documented long-distance movements of bats banded in Europe [15]

Учитывая распространение рукокрылых, их миграционные пути, а также сходство хироптерофауны регионов, обмен вирусами и их передача наиболее вероятны между европейскими странами и западной частью России. Участвовать в переносе патогенов на этих территориях могут представители не менее

5 родов. На Кавказе и в Крыму наибольший риск исходит от представителей родов *Myotis* и *Rhinolophus*. Ввиду сходства фауны летучих мышей Урала и Сибири с таковой в Казахстане, возможен обмен и занос вирусов представителями родов *Myotis*, *Eptesicus*, *Vespertilio* (рис. 4).



Рисунок 4. Рода рукокрылых и возможные пути обмена и передачи ими вирусов в разных частях России и сопредельных стран

Figure 4. Genera of bats and possible ways of exchanging and transmitting viruses in different parts of Russia and neighboring countries

Несмотря на соседство России с Китаем, где обнаружено максимальное разнообразие вирусов рукокрылых, из-за слабого сходства хироптерофаун этих стран, обмен вирусами и их передача имеет невысокую вероятность. Она значима только для северо-востока Китая и юга российского Дальнего Востока.

Виды из родов *Miniopterus* и *Murinus* в России и на сопредельных территориях, как правило, имеют низкую численность, вместе с тем, они участвуют в распространении лиссавирусов. В связи с этим их стоит отнести к числу родов, имеющих особое эпидемиологическое значение.

В последние годы инвазии летучих мышей в России отмечались в Центральной части России [22], на Урале и в Сибири [23; 24]. Учитывая наблюдаемое изменение климата, в ближайшее время можно ожидать рост числа переносчиков, способных занести на территорию России новые патогены.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В России и сопредельных странах у рукокрылых обнаружены последовательности РНК/ДНК вирусов, относящихся к 30 семействам. Большая часть из них относится к *Coronaviridae*. За прошедший год количество полученных последовательностей отмечается в России и Китае.

В России исследования разнообразия вирусов рукокрылых носит бессистемный характер, что не позволяет получить полную картину и решить наиболее важные, с точки зрения эпидемиологии, вопросы.

Наибольшую опасность имеет инфицирование *Rhabdoviridae*, заражение которыми фиксировалось в России и на сопредельных территориях.

Основными переносчиками вирусов в России являются представители родов *Eptesicus*, *Myotis*, *Nyctalus*, *Rhinolophus*, *Vespertilio*. *Nyctalus noctula*, *Vespertilio murinus*, *Eptesicus nilssonii*, *Myotis dasycneme* способны переносить вирусы с запада страны на восток и наоборот.

Учитывая большое сходство хироптерофауны западной части России с европейскими странами, риск

обмена и передачи вирусов наиболее велик на этих территориях.

БЛАГОДАРНОСТЬ

Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда № 22-74-00047, <https://rscf.ru/project/2274-00047/>.

ACKNOWLEDGMENT

The work was carried out with the support of the Russian Science Foundation grant № 22-74-00047, <https://rscf.ru/project/2274-00047/>.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Медицинская териология: грызуны, хищные, рукокрылые / отв. ред. В. В. Кучерук. Москва: Наука, 1989. 272 с.
2. Ботвинкин А.Д. Смертельные случаи заболевания людей бешенством в Евразии после контактов с рукокрылыми // *Plecotus et al.* 2011. N 14. С. 75–86.
3. Han B.A., Kramer A.M., Drake J.M. Global patterns of zoonotic disease in mammals // *Trends in parasitology*. 2016. V. 32. N 7. P. 565–577.
4. Щелканов М.Ю., Дунаева М.Н., Москвина Т.В., Воронова А.Н., Кононова Ю.В., Воробьева В.В., Галкина И.В., Янович В.А., Гаджиев А.А., Шестопапов А.М. Каталог вирусов рукокрылых (2020) // Юг России: экология, развитие. 2020. Т. 15. N 3. С. 6–30. <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2020-3-6-30>
5. Шестопапов А.М., Кононова Ю.В., Гаджиев А.А., Гуляева М.А., Моранди М., Алексеев А.Ю., Джамалутдинов Д.М., Щелканов М.Ю. Биоразнообразие и эпидемиологический потенциал коронавирусов (*Nidovirales: Coronaviridae*) рукокрылых // Юг России: экология, развитие. 2020. Т. 5. N 2. С. 17–34. <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2020-2-17-34>
6. Olival K.J., Hosseini P.R., Zambrana-Torrel C., Ross N., Bogich T.L., Daszak P. Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals // *Nature*. 2017. V. 546. N 7660. P. 646–650.
7. ZOVER: the database of zoonotic and vector-borne viruses. 2012–2024. URL: <http://www.mgc.ac.cn/cgi-bin/ZOVER/main.cgi> (дата обращения: 19.08.2024)

8. Korneenko E.V., Samoilo A.E., Artyushin I.V., Kaptelova V.V., Dudorova A.V., Dedkov V.G., Speranskaya A.S., Akimkin V.G. Metagenomic analysis of viruses in bat fecal samples from Moscow region reveals the whole genome sequences of Mastadenovirus and Alphacoronavirus // *FEBS Open Bio*. 2021. V. 11. N S1. P. 120–120.
9. Яшина Л.Н., Жигалин А., Абрамов С.А., Лучникова Е.М., Сметаниникова Н.А., Дупал Т.А., Кривопалов А.В., Вдовина Е.Д., Свирин К.А., Гаджиев А.А., Малышев Б.С. Выявление коронавирусов (Coronaviridae) у рукокрылых на территории Северного Кавказа и юга Западной Сибири // *Вопросы вирусологии*. 2024. Т. 69. N 2. С. 255–265. <https://doi.org/10.36233/0507-4088-233>
10. Alkhovsky S., Lenshin S., Romashin A., Vishnevskaya T., Vyshemirsky O., Bulycheva Y., Lvov D., Gitelman A. SARS-like Coronaviruses in Horseshoe Bats (*Rhinolophus* spp.) in Russia // *Viruses*. 2022. T. 14, N 1. P. 113. <https://doi.org/10.3390/v14010113>
11. Troupin C., Picard-Meyer E., Dellicour S., Casademont I., Kergoat L., Lepelletier A., Dacheux L., Baele G., Monchâtre-Leroy E., Cliquet F., Lemey P., Bourhy H. Host genetic variation does not determine spatio-temporal patterns of European bat 1 lyssavirus // *Genome biology and evolution*. 2017. V. 9. N 11. P. 3202–3213. <https://doi.org/10.1093/gbe/evx236>
12. Kuzmin I.V., Wu X., Tordo N., Rupprecht C.E. Complete genomes of Aravan, Khujand, Irkut and West Caucasian bat viruses, with special attention to the polymerase gene and non-coding regions // *Virus research*. 2008. V. 136. N 1-2. P. 81–90.
13. Полещук Е.М., Тагакова Д.Н., Сидоров Г.Н., Орлова Т.С., Гордейко Н.С., Кайсаров А.Ж. Случаи летальной лиссавирусной инфекции у людей после контактов с рукокрылыми на Дальнем востоке России в 2019–2021 гг. // *Вопросы вирусологии*. 2023. Т. 68. N 1. С. 45–58. <https://doi.org/10.36233/0507-4088-156>
14. Итоги мечения млекопитающих / ред. В.Е. Соколов. Москва: Наука, 1980. 302 с.
15. Hutterer R., Ivanova T., Meyer-Cords C., Rodrigues L. Bat migrations in Europe: a review of banding data and literature. Münster: BfN-Schriftenvertrieb im Landwirtschaftsverlag, 2005. 162 p.
16. Павлинов И.Я., Лисовский А.А. Млекопитающие России: систематико-географический справочник. Москва: КМК, 2012. 604 с.
17. Иваницкий А.Н., Алексеев А.Ю. Распространение рукокрылых в субтропических районах Черноморья и прилегающих территориях // *Юг России: экология, развитие*. 2023. Т. 18. N 4. С. 8–30. <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2023-4-8-30>
18. Жигалин А.В., Гаджиев А.А., Даудова М.Г., Салимханов Н.Г., Шестопалов А.М. Экология рукокрылых Алтае-Саянской горной страны юга Сибири // *Юг России: экология, развитие*. 2019. N 1. С. 9–25. <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2019-1-9-25>
19. Orlova M.V., Orlov O.L. Attempt to define the complexes of bat ectoparasites in the boreal Palaearctic region // *Vestnik zoologii*. 2015. V. 49. N 1. P. 75–86.
20. Orlova M.V., Orlov O.L., Kazakov D.V., Zhigalin A.V. Approaches to the identification of ectoparasite complexes of bats (Chiroptera: Vespertilionidae, Miniopteridae, Rhinolophidae, Molossidae) in the Palaearctic // *Entomological Review*. 2017. V. 97. P. 684–701. <https://doi.org/10.1134/S001387381705013X>
21. Орлова М.В., Кононова Ю.В. Возбудители инфекционных заболеваний, ассоциированные со специфическими эктопаразитами рукокрылых (Chiroptera) (обзор литературных данных) // *Паразитология*. 2018. Т. 52. N 2. С. 137–153.
22. Стрелков П.П. Расширение ареалов палеарктическими рукокрылыми (Chiroptera, Mammalia) как пример инвазии в антропогенных биотопах // *Биологические инвазии в водных и наземных экосистемах*. 2004. С. 202–207.
23. Zhigalin A.V., Khritankov A.M. Change in the boundary of distribution range of the common noctule *Nyctalus noctula* Schreber, 1775 (Mammalia, Chiroptera, Vespertilionidae) in Siberia // *Russian journal of biological invasions*. 2016. V. 7. P. 152–155. <https://doi.org/10.1134/S2075111716020156>
24. Zhigalin A. New data on David's myotis *Myotis davidii* (Peters, 1869) (Mammalia, Chiroptera, Vespertilionidae) in Siberia and the Urals // *Biodivers Data Journal*. 2019. V. 7. e34211. <https://doi.org/10.3897/BDJ.7.e34211>

REFERENCES

- Kucheruk V.V. ed. *Meditinskaya teriologiya: gryzuny, khishchnye, rukokrylye* [Medical theriology: rodents, carnivores, bats]. Moscow, Nauka Publ, 1989, 272 p. (In Russian)
- Botvinkin A.D. Fatal human cases of rabies in Eurasia after contacts with bats. *Plecotus et al.* 2011, no. 14, pp. 75–86. (In Russian)
- Han B.A., Kramer A.M., Drake J.M. Global patterns of zoonotic disease in mammals. *Trends in parasitology*, 2016, vol. 32, no. 7, pp. 565–577. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2016.04.007>
- Shchelkanov M.Yu., Dunaeva M.N., Moskvina T.V., Voronova A.N., Kononova Yu.V., Vorobyeva V.V., Galkina I.V., Yanovich V.A., Gadzhiev A.A., Shestopalov A.M. Catalogue of bat viruses (2020). *South of Russia: ecology, development*, 2020, vol. 15, no. 3, pp. 6–30. (In Russian) <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2020-3-6-30>
- Shestopalov A.M., Kononova Yu.V., Gadzhiev A.A., Gulyaeva M.A., Vasfi M.M., Alekseev A.Yu., Jamalutdinov J.M., Shchelkanov M.Yu. Biodiversity and epidemic potential of Chiropteran coronaviruses (Nidovirales: Coronaviridae). *South of Russia: ecology, development*, 2020, vol. 15, no. 2, pp. 17–34. (In Russian) <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2020-2-17-34>
- Olival K.J., Hosseini P.R., Zambrana-Torrel C., Ross N., Bogich T.L., Daszak P. Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals. *Nature*, 2017, vol. 546, no. 7660, pp. 646–650. <https://doi.org/10.1038/nature22975>
- ZOVER: the database of zoonotic and vector-borne viruses. 2012–2024. URL: <http://www.mgc.ac.cn/cgi-bin/ZOVER/main.cgi> (accessed 19.08.2024)
- Korneenko E.V., Samoilo A.E., Artyushin I.V., Kaptelova V.V., Dudorova A.V., Dedkov V.G., Speranskaya A.S., Akimkin V.G. Metagenomic analysis of viruses in bat fecal samples from Moscow region reveals the whole genome sequences of Mastadenovirus and Alphacoronavirus. *FEBS Open Bio*. 2021, vol. 11, no. S1, pp. 120–120.
- Yashina L.N., Zhigalin A., Abramov S.A., Luchnikova E.M., Smetannikova N.A., Dupal T.A., Krivopalov A.V., Vdovina E.D., Svirin K.A., Gadzhiev A.A., Malyshev B.S. Detection of coronaviruses (Coronaviridae) in bats in the North Caucasus and South of Western Siberia. *Problems of Virology*, 2024, vol. 69, no. 2, pp. 255–265. (In Russian) <https://doi.org/10.36233/0507-4088-233>
- Alkhovsky S., Lenshin S., Romashin A., Vishnevskaya T., Vyshemirsky O., Bulycheva Y., Lvov D., Gitelman A. SARS-like Coronaviruses in Horseshoe Bats (*Rhinolophus* spp.) in Russia. *Viruses*, 2022, vol. 14, no. 1, p. 113. <https://doi.org/10.3390/v14010113>
- Troupin C., Picard-Meyer E., Dellicour S., Casademont I., Kergoat L., Lepelletier A., Dacheux L., Baele G., Monchâtre-Leroy E., Cliquet F., Lemey P., Bourhy H. Host genetic variation does not determine spatio-temporal patterns of European bat 1 lyssavirus. *Genome biology and evolution*, 2017, vol. 9, no. 11, pp. 3202–3213. <https://doi.org/10.1093/gbe/evx236>

12. Kuzmin I.V., Wu X., Tordo N., Rupprecht C.E. Complete genomes of Aravan, Khujand, Irkut and West Caucasian bat viruses, with special attention to the polymerase gene and non-coding regions. *Virus research*. 2008, vol. 136, no. 1-2, pp. 81–90.
13. Poleshchuk E.M., Tagakova D.N., Sidorov G.N., Orlova T.S., Gordeiko N.S., Kaisarov A.Zh. Cases of lethal lyssavirus infection in humans after contact with bats in the Far East of Russia in 2019–2021. *Problems of Virology*, 2023, vol. 68, no. 1, pp. 45–58. (In Russian) <https://doi.org/10.36233/0507-4088-156>
14. Sokolov V.E. ed. *Itogi mecheniya mlekopitayushchikh* [The results of tagging mammals]. Moscow, Nauka Publ., 1980, 302 p. (In Russian)
15. Hutterer R., Ivanova T., Meyer-Cords C., Rodrigues L. Bat migrations in Europe: a review of banding data and literature. Münster: BfN-Schriftenvertrieb im Landwirtschaftsverlag, 2005, 162 p.
16. Pavlinov I.Ya. Lisovskii A.A. *Mlekopitayushchie Rossii: sistematiko-geograficheskii spravochnik* [Mammals of Russia: systematic and geographical reference]. Moscow, KMK Publ., 2012, 604 p. (In Russian)
17. Ivanitzky A.N., Alekseev A.Yu. Distribution of bats in the subtropical regions of the Black Sea coast and adjacent territories. *South of Russia: ecology, development*, 2023, vol. 18, no. 4, pp. 8–30. (In Russian) <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2023-4-8-30>
18. Zhigalin A.V., Gadzhiev A.A., Daudova M.G., Salimkhanov N.G., Shestopalov A.M. Ecology of bats of the Altai-Sayan mountain country of Southern Siberia. *South of Russia: ecology, development*, 2019, no. 1, pp. 9–25. (In Russian) <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2019-1-9-25>
19. Orlova M.V., Orlov O.L. Attempt to define the complexes of bat ectoparasites in the boreal Palaearctic region. *Vestnik zoologii*. 2015, vol. 49, no. 1, pp. 75–86.
20. Orlova, M. V., Orlov, O. L., Kazakov, D. V., Zhigalin, A. V. Approaches to the identification of ectoparasite complexes of bats (Chiroptera: Vespertilionidae, Miniopteridae, Rhinolophidae, Molossidae) in the Palaearctic. *Entomological Review*, 2017, vol. 97, pp. 684–701. <https://doi.org/10.1134/S001387381705013X>
21. Orlova M.V., Kononova Yu.V. Pathogens of infectious diseases associated with specific ectoparasites of bats (Chiroptera) (review of literature data). *Parazitologiya* [Parasitology]. 2018, vol. 52, no. 2, pp. 137–153. (In Russian)
22. Strelkov P.P. Range extension of Palearctic bats (Chiroptera, Mammalia) as an example of invasion in anthropogenic habi-tats. In: *Biologicheskie invazii v vodnykh i nazemnykh ekosistemakh* [Biological Invasions in Aquatic and Terrestrial Ecosystems]. Moscow, KMK Publ., 2004, pp. 202–207. (In Russian)
23. Zhigalin A.V., Khritankov A.M. Change in the boundary of distribution range of the common noctule *Nyctalus noctula* Schreber, 1775 (Mammalia, Chiroptera, Vespertilionidae) in Siberia. *Russian journal of biological invasions*, 2016, vol. 7, pp. 152–155. <https://doi.org/10.1134/S2075111716020156>
24. Zhigalin A. New data on David's myotis *Myotis davidii* (Peters, 1869) (Mammalia, Chiroptera, Vespertilionidae) in Siberia and the Urals. *Biodivers Data Journal*, 2019, vol. 7, e34211. <https://doi.org/10.3897/BDJ.7.e34211>

КРИТЕРИИ АВТОРСТВА

Александр В. Жигалин написал рукопись и несет ответственность при обнаружении плагиата и самоплагиата или других неэтических проблем.

AUTHOR CONTRIBUTIONS

Alexander V. Zhigalin wrote the manuscript and is responsible for plagiarism, self-plagiarism and other ethical transgressions.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Автор заявляет об отсутствии конфликта интересов.

NO CONFLICT OF INTEREST DECLARATION

The author declare no conflict of interest.

ORCID

Александр В. Жигалин / Alexander V. Zhigalin <https://orcid.org/0000-0003-4661-0560>