

УДК 578.834.1

DOI: <https://doi.org/10.17816/MAJ108718>

АЛЬФАКОРОНАВИРУСЫ ИЗ ФЕКАЛИЙ ЛЕТУЧИХ МЫШЕЙ, ПОЙМАННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ МОСКВЫ И РОСТОВА-НА-ДОНУ В 2021 г.

Е.В. Корнеенко¹, А.Е. Самойлов^{1,4}, И.В. Артюшин², А.П. Юзефович², С.М. Долотова³, Е.О. Ключникова⁴, В.А. Сбарцалья⁴, А.С. Гладких⁴, В.Г. Дедков⁴, А.С. Сперанская^{1,2}

¹ Научно-исследовательский институт системной биологии и медицины, Москва, Россия;

² Московский государственный университет им. Н.В. Ломоносова, Москва, Россия;

³ Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет), Долгопрудный, Россия;

⁴ Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. Пастера Роспотребнадзора, Санкт-Петербург, Россия

Для цитирования: Корнеенко Е.В., Самойлов А.Е., Артюшин И.В., Юзефович А.П., Долотова С.М., Ключникова Е.О., Сбарцалья В.А., Гладких А.С., Дедков В.Г., Сперанская А.С. Альфакоронавирусы из фекалий летучих мышей, пойманных на территории Москвы и Ростова-на-Дону в 2021 г. // Медицинский академический журнал. 2022. Т. 22. № 2. С. 203–208. DOI: <https://doi.org/10.17816/MAJ108718>

Рукопись получена: 07.06.2022

Рукопись одобрена: 14.06.2022

Опубликована: 30.06.2022

Обоснование. Рукокрылые — своего рода резервуар большого количества вирусов, включая коронавирусы. Именно поэтому мониторинг коронавирусов в летучих мышах — актуальная на сегодняшний день задача.

Цель исследования — поиск новых вирусов семейств *Coronaviridae*, носители которых — летучие мыши, обитающие на территории Европейской части России.

Материалы и методы. Для поиска вирусов в фекалиях летучих мышей, пойманных в Москве, Московской области (Солнечногорск, Видное, Троицк, Мытищи), Калуге, Ростове-на-Дону, Йошкар-Оле в 2021 г., применяли методику выявления вирусов с помощью амплификации фрагментов геномов вирусов (участка *RdRp*, кодирующего репликазу), с последующим проведением высокопроизводительного секвенирования этих фрагментов на платформе Illumina (MiSeq, USA).

Результаты. Установлены последовательности фрагментов генов *RdRp* как минимум двух разных коронавирусов в четырех особях летучих мышей трех разных видов.

Заключение. Наши результаты демонстрируют наличие вирусов рода *Alphacoronavirus* в четырех из 17 особей. Положительные на коронавирус четыре летучие мыши, пойманные в 2021 г. на территории Москвы, Московской области и Ростова-на-Дону, оказались носителями разных изолятов одного альфакоронавируса, что позволяет предположить возможность передачи этого вируса между животными разных видов. В одной особи обнаружены фрагменты генома двух разных альфакоронавирусов.

Ключевые слова: рукокрылые как резервуары вирусов; поиск новых коронавирусов; альфакоронавирусы из фекалий рукокрылых; межвидовая передача вирусов.

ALPHACORONAVIRUSES DETECTED IN FECAL SAMPLES OF BATS CAPTURED IN MOSCOW AND ROSTOV-ON-DON IN 2021

Elena V. Korneenko¹, Andrei E. Samoilov^{1,4}, Ilya V. Artyushin², Alexander P. Yusefovich², Sofya M. Dolotov³, Ekaterina O. Klyuchnikova⁴, Valeriya A. Sbarzaglia⁴, Anna S. Gladkikh⁴, Vladimir G. Dedkov⁴, Anna S. Speranskaya^{1,2}

¹ Research Institute for Systems Biology and Medicine, Moscow, Russia;

² Lomonosov Moscow State University, Biological Department, Moscow, Russia;

³ Moscow Institute of Physics and Technology, Dolgoprudny, Moscow, Russia;

⁴ Saint-Petersburg Pasteur Institute, Federal Service on Consumers' Rights Protection and Human Well-Being Surveillance, Saint Petersburg, Russia

For citation: Korneenko EV, Samoilov AE, Artyushin IV, Yusefovich AP, Dolotov SM, Klyuchnikova EO, Sbarzaglia VA, Gladkikh AS, Dedkov VG, Speranskaya AS. Alphacoronaviruses detected in fecal samples of bats captured in Moscow and Rostov-on-Don in 2021. *Medical Academic Journal*. 2022;22(2):203–208. DOI: <https://doi.org/10.17816/MAJ108718>

Received: 07.06.2022

Accepted: 14.06.2022

Published: 30.06.2022

BACKGROUND: Bats are a reservoir of a large number of viruses, including coronaviruses. Monitoring viruses in bats is an important task.

AIM: To detect viruses belonging to *Coronaviridae* family in bats which habitat in European part of Russia.

MATERIALS AND METHODS: We used PCR amplification of viral genome fragments, followed by high-throughput sequencing.

RESULTS: *RdRp* gene fragments of at least two different alphacoronaviruses (Bat coronavirus, *Coronaviridae*) were revealed in four bats of three species.

Список сокращений

RdRp — РНК-зависимая РНК-полимераза (от англ. RNA-dependent RNA-polymerase).

CONCLUSIONS: Our results demonstrate the presence of viruses of the Alphacoronavirus genus in 4 of 17 bats. Coronavirus-positive animals were captured in 2021 in Moscow, Moscow Region and Rostov-on-Don, these four animals have been found to be carriers of different isolates of the same alphacoronavirus, which allows us to suggest the possibility of transmission of this virus between animals between different species. One animal was found as carrier of genome fragments of two different alphacoronaviruses.

Keywords: Bats as virus reservoirs; analyzing new coronaviruses; alphacoronaviruses from bat fecal samples; interspecies virus transmission

Обоснование

Известно, что рукокрылые — это природный резервуар различных вирусов [1]. Многие вирусы, переносимые летучими мышами, потенциально опасны для человека. В настоящее время описано большое количество вирусов летучих мышей, филогенетически близких к зоонозным вирусам, вызывающим такие инфекционные заболевания человека как SARS, MERS, COVID-19, Хендра, Нипах, Марбург, Эбола [2, 3]. Помимо широко известных SARS-CoV, MERS-CoV, SARS-CoV-2, у рукокрылых обнаружено большое число других коронавирусов, для некоторых показана способность инфицировать клетки человека *in vitro*, а это позволяет говорить о том, что летучие мыши служат резервуаром потенциальных патогенных коронавирусов [4]. Именно поэтому изучение видового разнообразия коронавирусов, встречающихся в организме летучих мышей, актуальная задача.

С появлением, развитием и широким распространением технологий высокопроизводительного секвенирования стали возможны регулярные исследования циркулирующих в природе вирусных сообществ. В научной литературе представлено большое количество данных о мониторинге вирусов в летучих мышах, обитающих на территориях Западной Европы (Италия, Франция, Люксембург, Словения и др.), Восточной и Западной Азии, Китая, а также в Африке и Австралии, на островах Индийского океана (см., например [5–7]). Исследования, посвященные коронавирусам, найденным в летучих мышах, обитающих на территории Российской Федерации, немногочисленны: так, недавно описаны SARS-подобные коронавирусы из рукокрылых рода *Rhinolophus*, выловленных на территории Краснодарского края [8].

В настоящей статье мы анализируем результаты обследования на наличие коронавирусов летучих мышей разных видов, пойманных в 2021 г. на территории Москвы, Московской области, а также в Ростове-на-Дону, Калуге и Йошкар-Оле.

Материалы и методы

Отлов летучих мышей проводили профессионально подготовленные сотрудники биологического факультета Московского государственного

университета им. М.В. Ломоносова; животных выпустили сразу после взятия образцов. Фекалии летучих мышей помещали в транспортную среду с муколитиком (AmpliSens, Россия) и в таком виде хранили при -70°C до начала экспериментов.

Всего проанализированы образцы фекалий от 17 рукокрылых 5 видов: *Vespertilio murinus* ($n = 9$), пойманных в Москве и Московской области (Троицк, Мытищи, Видное), *Myotis brandtii* ($n = 3$) на территории Калуги, Солнечногорска, Йошкар-Олы, *Pipistrellus nathusii* и *Nyctalus noctula* ($n = 1$) на территории Москвы, *Pipistrellus kuhlii* ($n = 3$) Ростова-на-Дону.

Экстракцию РНК производили из 140 мкл фекальной суспензии набором QIAamp Viral RNA Mini Kit (Qiagen, Germany) с элюцией в 60 мкл.

Обратную транскрипцию проводили набором Реверта-L (AmpliSens, Россия) в соответствии с инструкцией производителя.

ПЦР-скрининг на наличие в образце РНК альфа- и бетакоронавирусов проводили праймерами 5'-СТТАТGGGTTGGGATTATCC (CoV2A-F) и 5'-ТТАТААСAGАСААСGССАТСАТС (CoV2A-R), описанных в [9], но с изменениями, приведенными в [10]. Объем реакционной смеси 25 мкл, в пробирку вносили 1,2 мкл 4,4 мМ дезоксинуклеотида (дНТФ, AmpliSens, Россия), праймеры F и R — 10 пмоль в реакцию каждого, 10 мкл ПЦР-смесь 2 Blue (AmpliSens, Россия). Амплификацию проводили прибором T-100 (Bio-Rad) по программе: $94^{\circ}\text{C} - 20\text{ с}$; от $+55-47$ до $-2^{\circ}\text{C} - 20\text{ с}$; $72^{\circ}\text{C} - 30\text{ с}$ (по 2 цикла); $94^{\circ}\text{C} - 20\text{ с}$; $45^{\circ}\text{C} - 20\text{ с}$; $72^{\circ}\text{C} - 30\text{ с}$ (42 цикла); $72^{\circ}\text{C} - 10\text{ мин}$ (1 цикл); $4^{\circ}\text{C} -$ хранение.

Наличие целевых фрагментов в продуктах амплификации определяли с помощью гелеэлектрофореза.

Наработанные фрагменты очищали от реакционной смеси с помощью AMPure beads (Beckman Coulter, США). Подготовка библиотек осуществлялась набором TruSeq DNA Nano (Illumina, США). Секвенирование проводили на платформе для автоматического секвенирования MiSeq (Illumina, США) набором MiSeq Reagent Kit v3 (PE 300+300) (Illumina, США). Сборку последовательностей производили *de novo* в программе SPAdes 3.15, их анализ (сравнение с базой данных nt) — в blastn.

Характеристика последовательностей фрагментов гена *RdRp*, установленных в проанализированных образцах фекалий из летучих мышей, выловленных в 2021 г. на территории Москвы, Московской области и Ростова-на-Дону
 Characterization of *RdRp* gene fragment sequences established in analyzed fecal samples from bats captured in 2021 in Moscow, Moscow Region, and Rostov-on-Don

Вид рукокрылых	ID образца	Место сбора	Длина контига (п. н.)	Ближайшая последовательность из базы nt		
				ID	идентичность, %	описание
<i>N. noctula</i>	Bat 21-110 (9)	Москва	461	MZ218060.1	98	Bat coronavirus (<i>Bat coronavirus isolate BtCoV/7542-55/P.pyg/DK/2014</i>)
<i>P. kuhlii</i>	Bat 21-131 (11)	Ростов-на-Дону	429	MZ218060.1	98	Bat coronavirus (<i>Bat coronavirus isolate BtCoV/7542-55/P.pyg/DK/2014</i>)
<i>P. kuhlii</i>	Bat 21-132 (12)	Ростов-на-Дону	467	MZ218060.1	98	Bat coronavirus (<i>Bat coronavirus isolate BtCoV/7542-55/P.pyg/DK/2014</i>)
			326	KJ473809.1	86	Alphacoronavirus (<i>BtNv-AlphaCoV/SC2013, complete genome, China</i>)
<i>V. murinus</i>	21-186 (17)	Видное (Московская область)	461	MZ218060.1	98	<i>Bat coronavirus isolate BtCoV/7542-55/P.pyg/DK/2014</i>

Результаты

Были исследованы образцы фекалий летучих мышей от 17 особей, пойманных на территории Москвы (*V. murinus*, *P. nathusii*, *N. noctula*), Московской области — в Троицке, Мытищах и Видном (*V. murinus*), Солнечногорске (*M. brandtii*); на территории Калуги и Йошкар-Олы (*M. brandtii*), Ростова-на-Дону (*P. kuhlii*). Амплификация фрагмента гена *RdRp* коронавируса привела к положительному результату в 8 из 17 образцов; визуальный анализ результатов электрофореза продуктов амплификации показал наличие фрагментов 250 и/или 450 п. н. (пар нуклеотидов).

С помощью высокопроизводительного секвенирования и последующего анализа данных мы подтвердили наличие CoV в 4 образцах. Были получены контиги длиной 250–461 п. н. Результаты анализа собранных последовательностей с помощью blastn показали наличие во всех четырех животных вирусов, относящихся к роду *Alphacoronavirus*, причем один из четырех образцов содержал несколько вирусов (см. таблицу).

В 4 образцах был обнаружен фрагмент *RdRp*, на 98 % идентичный изоляту *Bat coronavirus isolate BtCoV/7542-55/P.pyg/DK/2014* [MZ218060.1] из малого нетопыря, пойманного в 2014 г. в Дании. Кроме того, в одном из двух образцов, полученных от *P. kuhlii* (Bat 21-132, Ростов-на-Дону), выявлена последовательность фрагмента гена *RdRp* еще одного коронавируса, схожая с *BtNv-AlphaCoV/SC2013* (86 % идентичности) из *Nyctalus*

velutinus (Китай), а также с фрагментами *RdRp* изолятов альфакоронавирусов из еще нескольких видов летучих мышей *BtCoV/20150923HWK_NC9/Neoromicia/RSA* [MG193605] из *Neoromicia capensis* (Южная Африка), *BatCoV/19RS495-11/Pipistrellus_kuhlii/Italy/2018* [MW089336] из *P. kuhlii* (Италия) и ряда др.

Обсуждение

В данном исследовании мы провели анализ вирусов в фекалиях пяти видов летучих мышей, обитающих на территории России. Поиск был ограничен коронавирусами: именно они представляют наибольший интерес, так как обладают высоким эпидемическим потенциалом. С помощью высокопроизводительного секвенирования мы подтвердили наличие нуклеиновых кислот вирусов рода *Alphacoronavirus* в 4 из 17 исследованных образцах из малого нетопыря (*P. pigmaeus*, Дания). В образце Bat 21-132 (12) из *P. kuhlii* (Ростов-на-Дону) обнаружены фрагменты гена *RdRp* (РНК-репликазы) одновременно двух вирусов рода *Alphacoronavirus*.

Во всех четырех образцах обнаружены фрагменты гена *RdRp*, которые на 98 % идентичны одной и той же последовательности *Bat coronavirus isolate BtCoV/7542-55/P.pyg/DK/2014* из малого нетопыря (*P. pigmaeus*, Дания). Образцы получены от рукокрылых трех разных видов (*P. kuhlii*, *V. murinus*, *N. noctula*), пойманных в разных регионах страны (Москве, Московской области и Ростове-на-Дону). Наличие схожих

вирусов может объясняться передачей вирусов между разными видами животных. На возможность активной циркуляции вирусов этих территорий указывают ранее сделанные находки генетически схожих вирусов в летучих мышах разных видов. Например, MERS-подобные коронавирусы, геномы которых идентичны на 98,7% (*Bat-CoV/H.savii/Italy/206645-40/2011* и *Bat-CoV/P.khulii/Italy/206645-63/2011*), найдены в 2011 г. в Италии у животных двух видов, *Hypsugo savii* и *P. khulii* [11].

Летучие мыши разных видов обитают в дневных укрытиях колониями, встречаются и многовидовые колонии. Некоторые виды совершают длительные перелетные миграции в конце лета и весной (в течение примерно двух месяцев). Дистанции миграции животных могут достигать тысяч километров. Например, для лесного нетопыря *P. nathusii* зарегистрирована миграция на расстоянии 2224 км между Латвией и Испанией [12], а также 2486 км — из России во Французские Альпы [13]. Во время миграции летучие мыши могут контактировать с особями того же вида на транзитных днянках и при спаривании, а это создает возможность для передачи вирусов популяциям разных частей ареала и разных видов.

Дополнительная информация

Источник финансирования. Данная работа поддержана Российским фондом фундаментальных исследований (№ 20-04-60561).

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов, связанного с подготовкой и публикацией статьи.

Вклад авторов. Все авторы внесли существенный вклад в разработку концепции, проведение исследования и подготовку статьи, прочли и одобрили финальную версию перед публикацией. Наибольший вклад распределен следующим образом: *Е.В. Корнеенко* — проведение экспериментальных работ, подготовка текста статьи; *А.Е. Самойлов* — проведение биоинформатического анализа данных; *И.В. Артюшин* — сбор материала, проведение биоинформатического анализа данных; *А.П. Юзефович* — сбор биологического материала; *С.М. Долотова*, *Е.О. Ключникова*, *В.А. Сбарцалья*, *А.С. Гладких* — проведение экспериментальных работ; *В.Г. Дедков* — подготовка текста статьи; *А.С. Сперанская* — руководство экспериментальной работой и анализом данных, подготовка текста статьи.

Additional information

Funding sources. This work was supported by RFBR Grant No. 20-04-60561.

Competing interests. The authors declare the absence of obvious and potential conflicts of interest related to the publication of this article.

Compliance with ethical standards. The participants in the study were informed about the aims and methodology of the study and voluntarily provided oral consent for their participation.

Authors' contribution. All authors made a significant contribution to the development of the concept and preparation of the article, read and approved the final version before publication. The largest contribution is distributed as follows: *E.V. Korneenko* — conducting experimental work, preparing the text of the article; *A.E. Samoilov* — bioinformatics; *I.V. Artyushin* — sample collection, bioinformatics; *A.P. Yusefovich* — sample collection; *S.M. Dolotova*, *E.O. Klyuchnikova*, *V.A. Sbarzaglia*, *A.S. Gladkikh* — conducting experimental work; *V.G. Dedkov* — preparing the text of the article; *A.S. Speranskaya* — supervising the experimental work and data analysis, editing the text of the article.

Список литературы

1. Moratelli R., Calisher C.H. Bats and zoonotic viruses: Can we confidently link bats with emerging deadly viruses? // Mem. Inst. Oswaldo Cruz. 2015. Vol. 110, No. 1. P. 1–22. DOI: 10.1590/0074-02760150048
2. Shi Z.L. Emerging infectious diseases associated with bat viruses // Sci. China Life Sci. 2013. Vol. 56, No. 8. P. 678–682. DOI: 10.1007/s11427-013-4517-x
3. Smith I., Wang L.F. Bats and their virome: An important source of emerging viruses capable of infecting humans // Curr. Opin. Virol. 2013. Vol. 3, No. 1. P. 84–91. DOI: 10.1016/j.coviro.2012.11.006
4. Woo P.C., Lau S.K., Lam C.S. et al. Discovery of seven novel Mammalian and avian coronaviruses in the genus deltacoronavirus supports bat coronaviruses as the gene source of alphacoronavirus and betacoronavirus and avian coronaviruses as the gene source of gammacoronavirus and deltacoronavirus // J. Virol. 2012. Vol. 86, No. 7. P. 3996–4008. DOI: 10.1128/JVI.06540-11
5. Letko M., Seifert S.N., Olival K.J. et al. Bat-borne virus diversity, spillover and emergence // Nat. Rev. Microbiol. 2020. Vol. 18, No. 8. P. 461–471. DOI: 10.1038/s41579-020-0394-z
6. Kohl C., Kurth A. European bats as carriers of viruses with zoonotic potential // Viruses. 2014. Vol. 6, No. 8. P. 3110–3128. DOI: 10.3390/v6083110
7. Phelps K.L., Hamel L., Alhmod N. et al. Bat research networks and viral surveillance: Gaps and opportunities in western Asia // Viruses. 2019. Vol. 11, No. 3. P. 240. DOI: 10.3390/v11030240
8. Alkhovsky S., Lenshin S., Romashin A. et al. SARS-like coronaviruses in horseshoe bats (*Rhinolophus* spp.) in Russia, 2020 // Viruses. 2022. Vol. 14, No. 1. P. 113. DOI: 10.3390/v14010113
9. Львов Д.К., Альховский С.В. Истоки пандемии COVID-19: экология и генетика коронавирусов (*Betacoronavirus: Coronaviridae*) SARS-CoV, SARS-CoV-2 (подрод *Sarbecovirus*), MERS-CoV (подрод *Merbecovirus*) // Вопросы вирусологии. 2020. Т. 65, № 2. С. 62–70. DOI: 10.36233/0507-4088-2020-65-2-62-70

10. Da Silva Filho L.V., Zerbinati R.M., Tateno A.F. et al. The differential clinical impact of human coronavirus species in children with cystic fibrosis // *J. Infect. Dis.* 2012. Vol. 206, No. 3. P. 384–388. DOI: 10.1093/infdis/jis274
11. Safonova M.V., Shchelkanov M.Y., Khafizov K. et al. Sequencing and genetic characterization of two strains Paramushir virus obtained from the Tyuleny Island in the Okhotsk Sea (2015) // *Ticks Tick Borne Dis.* 2019. Vol. 10, No. 2. P. 269–279. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2018.11.004
12. Moreno A., Lelli D., de Sabato L. et al. Detection and full genome characterization of two beta CoV viruses related to Middle East respiratory syndrome from bats in Italy // *Virology*. 2017. Vol. 14, No. 1. P. 239. DOI: 10.1186/s12985-017-0907-1
13. Alcalde J.T., Jiménez M., Brila I. et al. Transcontinental 2200 km migration of a Nathusius' pipistrelle (*Pipistrellus nathusii*) across Europe // *Mammalia*. 2021. Vol. 85, No. 2. P. 161–163. DOI: 10.1515/mammalia-2020-0069
14. Vasenkov D., Desmet J.-F., Popov I., Sidorchuk N. et al. Bats can migrate farther than it was previously known: a new longest migration record by Nathusius' pipistrelle *Pipistrellus nathusii* (Chiroptera: Vespertilionidae) // *Mammalia*. 2022. DOI: 10.1515/mammalia-2021-0139
5. Letko M, Seifert SN, Olival KJ, et al. Bat-borne virus diversity, spillover and emergence. *Nat Rev Microbiol.* 2020;18(8):461–471. DOI: 10.1038/s41579-020-0394-z
6. Kohl C, Kurth A. European bats as carriers of viruses with zoonotic potential. *Viruses.* 2014;6(8):3110–3128. DOI: 10.3390/v6083110
7. Phelps KL, Hamel L, Alhmodou N, et al. Bat research networks and viral surveillance: Gaps and opportunities in western Asia. *Viruses.* 2019;11(3):240. DOI: 10.3390/v11030240
8. Alkhovskiy S, Lenshin S, Romashin A, et al. SARS-Like Coronaviruses in Horseshoe Bats (*Rhinolophus* spp.) in Russia, 2020. *Viruses.* 2022;14(1):113. DOI: 10.3390/v14010113
9. Lvov DK, Alkhovskiy SV. Source of the COVID-19 pandemic: Ecology and genetics of coronaviruses (*Betacoronavirus: Coronaviridae*) SARS-CoV, SARS-CoV-2 (subgenus *Sarbecovirus*), and MERS-CoV (subgenus *Merbecovirus*). *Vopr Virusol.* 2020;65(2):62–70. DOI: 10.36233/0507-4088-2020-65-2-62-70
10. Da Silva Filho LV, Zerbinati RM, Tateno AF, et al. The differential clinical impact of human coronavirus species in children with cystic fibrosis. *J Infect Dis.* 2012;206(3):384–388. DOI: 10.1093/infdis/jis274
11. Safonova MV, Shchelkanov MY, Khafizov K, et al. Sequencing and genetic characterization of two strains Paramushir virus obtained from the Tyuleny Island in the Okhotsk Sea (2015). *Ticks Tick Borne Dis.* 2019;10(2):269–279. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2018.11.004
12. Moreno A, Lelli D, de Sabato L, et al. Detection and full genome characterization of two beta CoV viruses related to Middle East respiratory syndrome from bats in Italy. *Virology*. 2017;14(1):239. DOI: 10.1186/s12985-017-0907-1
13. Alcalde JT, Jiménez M, Brila I, et al. Transcontinental 2200 km migration of a Nathusius pipistrelle (*Pipistrellus nathusii*) across Europe. *Mammalia.* 2021;85(2):161–163. DOI: 10.1515/mammalia-2020-0069
14. Vasenkov D, Desmet J-F, Popov I, Sidorchuk N, et al. Bats can migrate farther than it was previously known: a new longest migration record by Nathusius' pipistrelle *Pipistrellus nathusii* (Chiroptera: Vespertilionidae). *Mammalia.* 2022. DOI: 10.1515/mammalia-2021-0139

References

1. Moratelli R, Calisher CH. Bats and zoonotic viruses: Can we confidently link bats with emerging deadly viruses? *Mem Inst Oswaldo Cruz.* 2015;110(1):1–22. DOI: 10.1590/0074-02760150048
2. Shi ZL. Emerging infectious diseases associated with bat viruses. *Sci China Life Sci.* 2013;56(8):678–682. DOI: 10.1007/s11427-013-4517-x
3. Smith I, Wang LF. Bats and their virome: An important source of emerging viruses capable of infecting humans. *Curr Opin Virol.* 2013;3(1):84–91. DOI: 10.1016/j.coviro.2012.11.006
4. Woo PC, Lau SK, Lam CS, et al. Discovery of seven novel Mammalian and avian coronaviruses in the genus deltacoronavirus supports bat coronaviruses as the gene source of alphacoronavirus and betacoronavirus and avian coronaviruses as the gene source of gammacoronavirus and deltacoronavirus. *J Virol.* 2012;86(7):3995–4008. DOI: 10.1128/JVI.06540-11

Информация об авторах / Information about the authors

ФБУН «Научно-исследовательский институт системной биологии и медицины» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Москва, Россия
 Scientific Research Institute for Systems Biology and Medicine, Federal Service on Consumers' Rights Protection and Human Well-Being Surveillance, Moscow, Russia

Елена Васильевна Корнеева — научный сотрудник.
 ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5877-0719>;
 e-mail: lenakorneenko0@gmail.com

Elena V. Korneenko — Research Associate.
 ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5877-0719>;
 e-mail: lenakorneenko0@gmail.com

ФБУН «Научно-исследовательский институт системной биологии и медицины» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Москва, Россия
 Scientific Research Institute for Systems Biology and Medicine, Federal Service on Consumers' Rights Protection and Human Well-Being Surveillance, Moscow, Russia

ФБУН «Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Санкт-Петербург, Россия
 Saint-Petersburg Pasteur Institute, Federal Service on Consumers' Rights Protection and Human Well-Being Surveillance, Saint Petersburg, Russia

Андрей Евгеньевич Самойлов — научный сотрудник.
 ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8284-3164>;
 Scopus Author ID: 57193001010;
 e-mail: andrei.samoilov@gmail.com

Andrei E. Samoilov — Research Associate.
 ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8284-3164>;
 Scopus Author ID: 57193001010;
 e-mail: andrei.samoilov@gmail.com

Информация об авторах / Information about the authors

ФГБОУ ВО «Московский государственный университет им. Н.В. Ломоносова», Москва, Россия

Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia

Илья Витальевич Артюшин — канд. биол. наук,
научный сотрудник.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4911-3677>;

ResearcherID: J-6941-2018;

Scopus Author ID: 35098142000;

e-mail: sometryx@gmail.com

Ilya V. Artyushin — Cand. Sci. (Biol.),

Research Associate, Biological Department.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4911-3677>;

ResearcherID: J-6941-2018;

Scopus Author ID: 35098142000;

e-mail: sometryx@gmail.com

Александр Павлович Юзефович — младший научный
сотрудник. E-mail: yuzefovich2015self@gmail.com

Alexander P. Yusefovich — Junior Research Associate.

E-mail: yuzefovich2015self@gmail.com

ФГАОУ ВО «Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет)»,
Долгопрудный, Москва, Россия

Institute of Physics and Technology, Dolgoprudny, Moscow, Russia

Софья Матвеевна Долотова — студентка.

E-mail: dolotova.sm@phystech.edu

Sofya M. Dolotova — Student.

E-mail: dolotova.sm@phystech.edu

ФБУН «Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера»
Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Санкт-Петербург, Россия
*Saint-Petersburg Pasteur Institute, Federal Service on Consumers' Rights Protection and Human Well-Being Surveillance,
Saint Petersburg, Russia*

Екатерина Олеговна Ключникова — канд. биол. наук,
младший научный сотрудник.

E-mail: Ekaterina.ibg@gmail.com

*Ekaterina O. Klyuchnikova — Cand. Sci. (Biol.),
Junior Research Associate.*

E-mail: Ekaterina.ibg@gmail.com

Валерия Александровна Сбарцалья — канд. биол. наук,
младший научный сотрудник.

E-mail: Sbarzaglia.valeriya@gmail.com

*Valeriya A. Sbarzaglia — Cand. Sci. (Biol.),
Junior Research Associate.*

E-mail: Sbarzaglia.valeriya@gmail.com

Анна Сергеевна Гладких — канд. биол. наук,
старший научный сотрудник.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6759-1907>;

ResearcherID: G-6045-2015;

e-mail: angladkikh@gmail.com

*Anna S. Gladkikh — Cand. Sci. (Biol.),
Senior Research Associate.*

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6759-1907>;

ResearcherID: G-6045-2015;

e-mail: angladkikh@gmail.com

Владимир Георгиевич Дедков — канд. мед. наук,
заместитель директора по научной работе.

E-mail: vgdedkov@gmail.com

*Vladimir G. Dedkov — MD, Cand. Sci. (Med.),
Deputy Director for Research.*

E-mail: vgdedkov@gmail.com

ФБУН «Научно-исследовательский институт системной биологии и медицины» Федеральной службы по надзору
в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Москва, Россия

*Scientific Research Institute for Systems Biology and Medicine, Federal Service on Consumers' Rights Protection and Human
Well-Being Surveillance, Moscow, Russia*

ФГБОУ ВО «Московский государственный университет им. Н.В. Ломоносова», Москва, Россия

Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia

Анна Сергеевна Сперанская — канд. биол. наук,
старший научный сотрудник.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6326-1249>;

e-mail: hanna.s.939@gmail.com

*Anna S. Speranskaya — Cand. Sci. (Biol.),
Senior Research Associate.*

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6326-1249>;

e-mail: hanna.s.939@gmail.com

✉ Контактное лицо / Corresponding author

Елена Васильевна Корнеева / Elena V. Korneenko

Адрес: Россия, 117246, Москва, Научный проезд, 18

Address: 18, Nauchniy proezd, Moscow, 117246, Russia

E-mail: lenakorneenko0@gmail.com