

## ПРИЛОЖЕНИЯ

к статье «Однонуклеотидные полиморфизмы в геноме вирусов клещевого энцефалита и Западного Нила при тройной природной инфекции у садовой камышовки (*Acrocephalus dumetorum*)»  
Е.П. Пономарева, В.А. Терновой, Е.В. Протопопова, Н.Л. Тупота, В.Б. Локтев

**Приложение 1.** Олигонуклеотидные праймеры, использованные для определения полной нуклеотидной последовательности ВКЭ

Название олигонуклеотида	Последовательность олигонуклеотида, 5'→3'
1F	AGATTTTCTTGACGTGCR TGCGTTTG
19F	TGCGTTTGCTCCGGAYAAG
240R	CCCAKCATGCGCATCAAC
551F	TGGARAATGGCACCTGTGT
557R	GCCAGIATCACACAGGTGCCAT
835R	TTCTCCAGACCCATCCYCAAC
1087R	GRGTCAAGCCACACITCCAT
2138F	GTCAYCAATGGTTCCAAAAAGG
2367R	TTYCTCATGTT CAGGCC
2714F	ATCTCACAGTRGTGGTGGACAA
2815R	CAGATCATTG AITGGCCCCA
3246F	AGAACAIGTGAAAGGRCCATGG
3368R	GGRATIACCTTGCCACTCTCTG
3760F	CAGGCTGTGTTTGAGYTGAGGG
3988R	CITGCTGTGTCATGAGR GCCAT
4249F	CTGGCCAGCGGCATGATSCG
4249R	CGSATCATGCCGCTGGCCAG
4752F	GATGTGGCAYGTGACGAG
4755R	CYCCTCTCGTCACITGCCAC
5080F	GARACCTACGTCAGCAGCAT
5227R	TGGCGAATRAGCTCCGGGAG
5449F	TGGGARGTAGCAATCATGGA
5787R	TCACTCTGGAGTAGTCCTTTTCA
6027F	CTCTGGACAGTGTGATGA
6027R	TCATCATCACACTGTCCAGAG
6543F	CTACACRCTIATG CATGAGG
6592R	CCTCTGGRGCATC ICTCTC
6916F	TTTCTGGAGAAGACYAAGGC
7075R	TTGGTCTGMAGTTGGTGIAT
7318F	GTCTTYTTCTCIGCAATGGT
7318R	ACCATTGCMGAGAAIAAGAC
7905F	TGGATGTGGAAGRGGCGGCTG
7905R	CAGCCGCCYCTTCCACATCCA
8473F	GAGGACAAGGTGAAIGAAMAAGA
8580R	GCGGTAGCTGCCAGTAC
9091R	CTCCCIAGCCACATGTACCA
9850F	TGCCGAGACCAAGATGAACT
10736F	CGACGCAICMTCCATGAAG
10736R	CTTCATGGAIGRTGCGTCC
11118R	AGCGGGTGT TTTCCGAGTCACWCA

**Приложение 2. Олигонуклеотидные праймеры, использованные для определения полной нуклеотидной последовательности ВЗН**

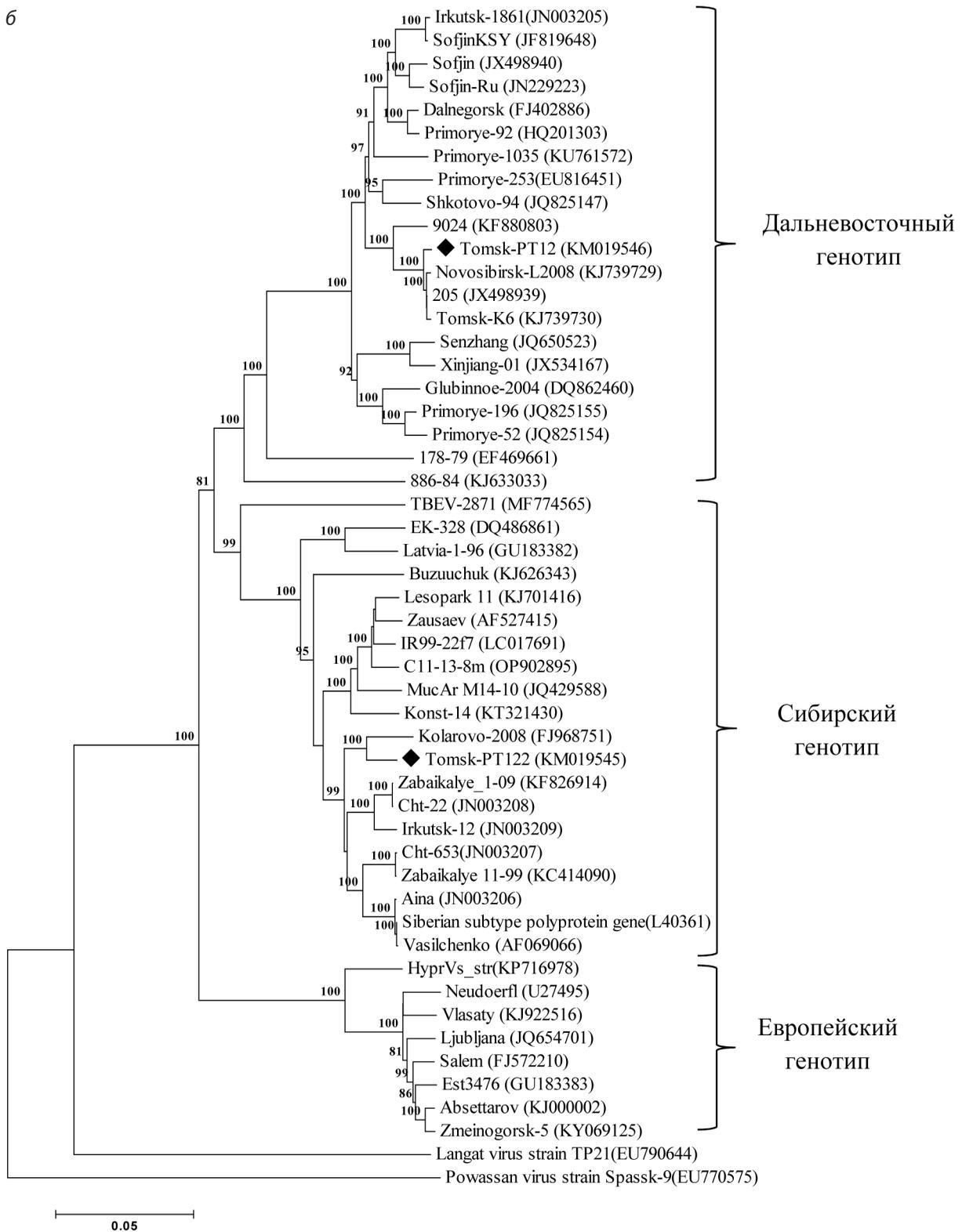
Название олигонуклеотида	Последовательность олигонуклеотида, 5'→3'
1F	GTAGTTCGCCTGTGTGAGCTGAC
357R	TTCTTAAAACTCAGAAGGTGTTTCAT
233F	TTGTGTTGGCTCTCTTGGCGTTCCT
640R	CAGCCGACAGCACTGGACATTCATA
466F	CGCGGATCCGTTACCCTCTTAAGTCCAAGG
1436R	TGAATCTYCCWGCCTGAGTGGC
1410F	TGGAGCCACTCAGGCWGGGAGATTCA
2123R	ACCACTATGTATGAGTCTCCAAA
1932F	TGTGGTGTGGAATTGCAGTAC
3176R	ATCCATCGCCCCACAAGGT
2962F	ACTCGGATGTTCTGAAGGTC
4214R	GCAAACATCAAGCCGACAGC
4214F	GCTGTCGGCTTGATGTTTGC
4654R	CGAGCAGCCCACGAGTCATG
4464F	TGGAAACTTCCAGCTCATGAATG
5555R	ATGAATATTGCCGCCGCTCC
5418F	GCTGATGTCTCCTCACAGGGT
6029R	TACTCATCACCAACTTGCGACGGA
5906F	CAACCATCATAACAGAAGGAGAAGGGA
6593R	ATTCTGTGAGCTCTTCTCCTTTCT
6505F	GAGGTCCTGGGAAAGATGCC
6956R	CTGCTTATGCTACTCTTGGTCTT
6956F	AAGACCAAGAGTGACATAAGCAG
7765R	TGCGGTACCTAGTGAAGTCC
7715F	GGAAAGAAAGACTCAACCAGATG
8546R	TCACGCCTGAGTCGTTCAATCCT
8521F	AACAGGATTGAACGACTCAGGC
9102R	TCTGCTTCCCTTGGCCTTTC
9073F	GCCATNTGGTTCATGTGGCTYGGAGC
10318R	CTATGATTGCTCGGACCTGGTTG
10213F	GGGAAACGTGAAGACATCTGGTG
11021R	AGATCCTGTGTCTCGCACCACC

**Приложение 3.** Филогенетические деревья,  
построенные для нуклеотидных последовательностей ВЗН Tomsk/bird/2006/A4 и ВКЭ PT12 и PT122

*a*



6



Филогенетические деревья, построенные для нуклеотидных последовательностей ВЗН Tomsk/bird/2006/A4 (a), ВКЭ PT12 и PT122 (б), выделенных из садовой камышовки (*A. dumetorum*), отловленной в Томской области в 2006 г.

Анализ проведен методом максимального правдоподобия с использованием 2-параметрической модели Кимуры. Индексы поддержки рассчитаны для 1000 повторов. ◆ – исследованные изоляты.

#### Приложение 4

Потенциальная возможность рекомбинации между различными генотипами ВКЭ предсказана методами биоинформатики (Джиоев и др., 2015). Более того, анализ генома изолята РТ122 ВКЭ, выполненный посредством пакета из семи программ (Recombination detection programs) для предсказания сайтов рекомбинации, дал возможность предположить, что РТ122 ВКЭ является рекомбинантом между несколькими представителями сибирского генотипа ВКЭ с уровнем достоверной значимости, равной 0.05 (Джиоев и др., 2021). По всей вероятности, геном РТ122 сформирован из последовательностей, характерных для трех изолятов сибирского генотипа ВКЭ. Так, в формировании района генома 7187-9772 bp участвовали изоляты, схожие со штаммами Kolarovo-2008 (FJ968751) и Aina (JN003206). Сайт рекомбинации 8389-9398 bp представлен геномными последовательностями, характерными для изолятов Kolarovo-2008 и Irkutsk-12 (JN003209). Интересно отметить, что штамм Kolarovo-2008 был выделен в пригороде Томска из клеща *Ixodes pavlovskyi* в 2008 г., а штаммы Aina (1963 г.) и Irkutsk-14 (2010 г.) были изолированы от больных в Иркутском регионе. Это говорит о том, что временные и географические различия, характерные для этих трех родительских штаммов ВКЭ, предопределяют достаточно сложный механизм возникновения рекомбинации внутри сибирского генотипа ВКЭ в природных условиях. Тем не менее места гнездования садовой камышовки локализуются в Северной Евразии, включая южные регионы Западной и Восточной Сибири. Совпадение ареалов ВКЭ и садовой камышовки создает принципиальные возможности для распространения ортофлавирусов в этих географических регионах и обеспечивает вероятность и возможность рекомбинации генетически различных вариантов ВКЭ в организме этой птицы.

#### Список литературы / References

- Джиоев Ю.П., Парамонов А.И., Рева О.Н., Букин Ю.С., Козлова И.В., Демина Т.В., Ткачев С.Е., Злобин В.И. Детекция потенциальных сайтов рекомбинации вируса клещевого энцефалита методами сравнительной геномики. *Вопросы вирусологии*. 2015;60(3):44-49
- [Dzhioev Yu.P., Paramonov A.I., Reva O.N., Bukin Yu.S., Kozlova I.V., Demina T.V., Tkachev S.E., Zlobin V.I. Detection of potential sites of recombination in the Tickborne encephalitis virus by the methods of comparative genomics. *Voprosy Virusologii = Problems of Virology*. 2015;60(3):44-49 (in Russian)]
- Джиоев Ю.П., Парамонов А.И., Козлова И.В., Ткачев С.Е., Демина Т.В., Верховина М.М., Локтев В.Б., Букин Ю.С., Дорошенко Е.К., Лисак О.В., Сунцова О.В., Савинова Ю.С., Степаненко Л.А., Киселев Д.О., Злобин В.И. Реконструкция сайтов рекомбинации в геномах штаммов сибирского генотипавируса клещевого энцефалита методами биоинформатики. В: Эволюция клещевого энцефалита (с момента открытия возбудителя по настоящее время). М.: ТФП, 2021:105-113. doi 10.48359/978-5-6046253-0-9.2021.29.63.001
- [Dzhioev Yu.P., Paramonov A.I., Kozlova I.V., Tkachev S.E., Demina T.V., Verkhovina M.M., Loktev V.B., Bukin Yu.S., Doroshchenko E.K., Lisak O.V., Suntsova O.V., Savinova Yu.S., Stepanenko L.A., Kiselev D.O., Zlobin V.I. Reconstruction of recombinant sites of the Siberian genotype strains of tick-borne encephalitis virus by bioinformatics methods. In: Evolution of Tick-borne Encephalitis (from the Discovery of the Pathogen to the Present). Moscow: TFP Publ., 2021:105-113. doi 10.48359/978-5-6046253-0-9.2021.29.63.001 (in Russian)]