

Сведения о выполненных работах и полученных научных результатах
в период с 01.07.2023 г. по 30.06.2024 г.

по проекту «Насекомоядные млекопитающие (*Eulipotyphla*, *Chiroptera*)
Северного Кавказа - природный резервуар хантавирусов»,
поддержанному Российским научным фондом

Соглашение № 22-74-00047

Руководитель: Жигалин Александр Владимирович, канд. биол. наук

Во второй год реализации проекта проведены экспедиционные работы в равнинной, предгорной, низкогорной, среднегорной и высокогорной части Северного Кавказа на территории Республик Дагестан, Ингушетия и Северная Осетия - Алания. Полевые работы включали отлов рукокрылых *Chiroptera* паутиными сетями, регистрация *Chiroptera* ультразвуковыми автоматическими датчиками, отлов насекомоядных *Eulipotyphla* давилками Геро и ловчими канавками с конусами, обследование подземных укрытий (пещер, штолен, заброшенных строений) с использованием фотоловушек. От всех отловленных насекомоядных и части рукокрылых проводился отбор проб на наличие хантавирусов с их дальнейшим анализом в лабораторных условиях.

Материалы полевых работ позволили установить новые места обитания видов, внесенных в региональные и федеральную Красные книги: *Crocidura leucodon* и *Vespertilio murinus* в Республике Ингушетия; *Rhinolophus ferrumequinum* и *Rhinolophus hipposideros* в Республиках Ингушетия и Северная Осетия; *Myotis blythii* в Республике Ингушетия.

Проведено метрическое измерение подземных укрытий рукокрылых на территории Республики Дагестан, информация о которых отсутствовала в литературе. Изучено 3 пещеры и 2 штольни. Зафиксированы разрушения подземных укрытий ввиду схода селей, которые использовались рукокрылыми как места выведения потомства.

Получены оригинальные данные о суточной активности *R. ferrumequinum*, *R. hipposideros* и *M. blythii*, сроки их весенней и осенней миграций.

Анализ проб на наличие хантавирусов позволил выявить 4 положительные пробы, в которых присутствовал вид Артезиан (ATSV), выявленный ранее на территории Республики Крым у малых белозубок (*Crocidura suaveolens*). Новые последовательности были идентичны друг другу и получены от животных. Филогенетический анализ показал группирование вируса ATSV с хантавирусами Azagny (AZGV), Tangania (TGNV), Bowe (BOWV), Jeju (JJUV), обнаруженными ранее в Африке и Азии (Корея) среди других видов носителей, принадлежащих к подсемейству *Crocidurinae*. Продолжено филогенетическое исследование сегментов генома предполагаемого нового вируса Самур (SAMV) (<https://nauka.tass.ru/nauka/17820727>; <https://poisknews.ru/themes/biologiya/neizvestnyj-hantavirus-u-nasekomoyadnyh-na-kavkaze-vyyavili-uchyonye>); <https://www.riatomsk.ru/article/20230524/hantavirus-nasekomoyadnie-tgu>) ;