

**ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ РИНОВИРУСОВ НА
ТЕРРИТОРИИ САНКТ-ПЕТЕРБУРГА В 2020-2021 ГГ.**

А.Д. Ксенафонтов¹,

М.М. Писарева¹,

В. А. Едер¹,

Т.Д. Мусаева¹,

А.В. Фадеев¹,

А.Б. Комиссаров¹,

И.В. Киселева^{1,2},

Лиознов Д. А.^{1,3}

¹ФГБУ «НИИ гриппа им. А. А. Смородинцева» Минздрава России, Санкт-Петербург, Россия;

²ФГБНУ «Институт экспериментальной медицины», Санкт-Петербург, Россия.

³ФГБОУ ВО «ПСПбГМУ им. И. П. Павлова» Минздрава России

2020-2021 RHINOVIRUS GENETIC DIVERSITY IN ST. PETERSBURG

Ksenafontov A.D.^a,

Pisareva M.M.^a,

Eder V. A.^a,

Musaeva T.D.^a,

Fadeev A.V.^a,

Komissarov A.B.^a,

Kiseleva I.V.^{a,b},

Lioznov D.A.^{a,c}

^a Smorodintsev Research Institute of Influenza

^b Institute of Experimental Medicine, Saint Petersburg, Russia

^c Pavlov First Saint Petersburg State Medical University (Pavlov University), Saint Petersburg, Russia

Резюме.

Введение: Риновирусы – одни из самых распространённых респираторных вирусов. Риновирусы относятся к семейству *Picornoviridae*, роду *Enterovirus*. Они делятся на три вида: А, В, С, на которые приходится 169 типов. Риновирусы преобладают в осенние и весенние периоды, хотя они циркулируют на протяжении практически всего эпидемического сезона. Геном риновирусов представлен одноцепочечной +РНК длиной 7,2 тысячи оснований. Согласно данным литературы, наиболее распространённым видом риновирусов является риновирус А (HRV-A), затем следуют риновирусы С (HRV-C), в меньшей степени распространены риновирусы В (HRV-B).

Цель: Исследование генетического исследования риновирусов на территории Санкт-Петербурга.

Результаты: Исследование проводилось на базе лаборатории молекулярной вирусологии вирусологии НИИ гриппа им. А. А. Смородинцева. Образцы (мазки из носо- и ротоглотки) доставляли из Клинической инфекционной больницы им. С. П. Боткина, Детской городской больницы Св. Ольги и Детской городской клинической больницы №5 им. Н. Ф. Филатова. Также в работу брались амбулаторные образцы. В работу взяты образцы, поступившие с декабря 2020 г. по октябрь 2021 г. Детектирование риновирусов осуществлялось путём ПЦР в режиме реального времени. Типирование осуществлялось путём секвенирования методом Сэнгера, с праймерами, разработанными *da Costa Souza L. et al.* с соавторами (2021). Согласно данным тотального тестирования образцов, риновирусы составляют 3,2% от общего числа тестированных образцов. Из них было типировано 71, что составляет 17,03% от положительных на риновирус образцов. Наиболее распространённым оказался HRV-A (55%), среди которого был обнаружен 21 тип (самый распространённый HRV-A46 – 13%, n=5). HRV-B и HRV-C были обнаружены в равном количестве – по 23% (n=16) каждого вида от общего

числа типированных риновирусов. Среди HRV-B обнаружено 8 типов (самый распространенный HRV-B06 – 31%, n=5). Среди HRV-C обнаружено 7 типов (самые распространенные типы HRV-C42, HRV-C32 и HRV-C15 – по 19%, n=3). HRV-A выявлялся в основном у пациентов в возрасте от 18 до 65 лет (57,5%, n=23). HRV-B выявлен только у взрослых пациентов (100%, n=16). HRV-C детектирован у детей младше 2-х лет (43,75%, n=7) и у взрослых в возрасте 18-65 лет (31,25%, n=5). Иногда HRV-A и HRV-C были ассоциированы с различными синдромами поражения дыхательный путей, таких, как острый ринофарингит, ларинготрахеит, обструктивный бронхит, пневмония. HRV-B был ассоциирован с клиническими проявлениями пневмонии в семи случаях.

Выводы: На территории Санкт-Петербурга превалирует риновирус вида А. Риновирусы могут быть ассоциированы с различными синдромами поражения дыхательный путей.

Ключевые слова: риновирусы; генетическое разнообразие; виды; типы; ОРВИ; секвенирование.

Abstract.

Introduction: Rhinoviruses represent one of the most common respiratory viruses and belong to the *Picornoviridae* family, genus *Enterovirus*, being divided into three types: A, B, C, which account for 169 types. Rhinoviruses predominate in autumn and spring periods, although they circulate throughout almost entire epidemic season. The rhinovirus genome is represented by a single-stranded 7.2 thousand base-long +RNA . According to the publications, the most common rhinovirus species is rhinovirus A (HRV-A), followed by rhinoviruses C (HRV-C) and finally rhinovirus B (HRV-B).

Aim: Study rhinovirus genetic diversity in St. Petersburg.

Results: The study was conducted at the Laboratory of Molecular Virology, Smorodintsev Research Institute of Influenza. Samples (smears from the nasopharynx and oropharynx) were delivered from the S. P. Botkin Clinical Infectious Diseases Hospital, St. Olga's Children's City Hospital, N. F. Filatov Children's City Clinical Hospital No. 5. Outpatient samples were used as well. Samples received from December 2020 to October 2021 were analyzed. Detection of rhinoviruses was carried out by real-time PCR, typing - by Sanger sequencing, with primers developed by da Costa Souza L. et al. (2021). According to total specimen testing, rhinoviruses comprise 3.2% total number of specimens tested. Of these, 71 rhinoviruses were typed, representing 17.03% total number of rhinovirus-positive specimens. The most common was HRV-A (55%), among which 21 types were found (the most common HRV-A46 is **13%, n=5**). HRV-B and HRV-C were found in equal numbers - 23% (**n=16**) of each species out of total number of typed rhinoviruses. Among HRV-B, 8 types were found; the most common HRV-B06 comprised 33% (**n=5**). Among HRV-C, 7 types were found (the most common types are HRV-C42, HRV-C32 and HRV-C15 - 19% each, **n=3**). HRV-A was detected mainly in patients aged 18 to 65 years (57.5%, n=23). HRV-B was detected only in adult patients (100%, n=16). HRV-C was detected in children under 2 years of age (43.75%, n=7) and adults aged 18-65 years (31.25%, n=5). In some cases, HRV-A and HRV-C were associated with various respiratory tract syndromes such as acute nasopharyngitis, laryngotracheitis, obstructive bronchitis, and pneumonia. HRV-B was related to clinical manifestations of pneumonia in seven cases.

Conclusions: Rhinovirus type A prevails in St. Petersburg. Rhinoviruses can be associated with diverse respiratory tract syndromes.

Key words: *rhinoviruses; genetic diversity; species; types; ARD; sequencing.*

1 **Введение**

2 Риновирусы являются одними из наиболее распространенных
3 возбудителей острых респираторных вирусных инфекций (ОРВИ)
4 негриппозной этиологии [5;10;11;23;25;26;27;28;32;33;41].

5 Риновирусы циркулируют на протяжении всего эпидемического
6 сезона ОРВИ (с октября каждого года) с характерным преобладанием в
7 осенний и весенний периоды.

8 Основными клиническими признаками риновирусной инфекции
9 являются клинические проявления синдромов ринита, риносинусита или
10 ринофарингита (ринорея, заложенность носа, боли в горле, головные боли,
11 недомогание и др.) [6]. Нередко, заболевание осложняется острым средним
12 отитом [7]. Также возможно поражение нижних дыхательных путей,
13 например, бронхолит и пневмония [18; 19; 31].

14 Риновирусы представляют собой безоболочечные, сферические РНК-
15 содержащие вирусы. Согласно классификации Международного комитета по
16 таксономии вирусов, риновирусы относятся к реалму *Riboviria*, семейству
17 *Picornoviridae*, подсемейству *Ensavirinae*, роду *Enterovirus*. Риновирусы
18 делятся на три вида: А, В, С, на которые приходится 169 типов [8;36], из
19 которых известно 80 типов HRV-A, 32 типа HRV-B и 57 типов HRV-C [8].
20 Однако есть данные и о 179 типах [1]. В зависимости от рецепторной
21 специфичности риновирусы (HRV) видов А и В подразделяются на основные,
22 рецепторно-специфичные к молекуле клеточной адгезии ICAM-1, и
23 минорные, прикрепляющиеся к рецептору липопротеинов низкой плотности
24 LDLR [13;15]. Риновирус С (HRV-C) прикрепляется к рецептору CDHR3 [20].

25 Геном риновирусов представлен одноцепочечной (+)РНК. Его длина
26 составляет примерно 7,2 тысячи оснований [4]. К 5'-концу прикреплен
27 праймернговый протеин 5'-VPg. Далее идёт нетранслируемая
28 последовательность 5'UTR. Это наиболее консервативная область генома

29 риновирусов, по ней происходит детекция риновирусов молекулярно-
30 генетическими методами [17].

31 Классификация риновирусов основана на сходстве в организации
32 генома, свойствах капсида и консервативности первичной
33 последовательности. Риновирусы относятся к HRV-A или HRV-B, если они
34 имеют более чем 70% идентичность аминокислотных последовательностей в
35 областях P1, 2С и 3СD. Видовая классификация основана на
36 последовательностях белка VP1 или VP4/VP2 [35].

37 Главными причинами высокого разнообразия риновирусов являются
38 накопление нуклеотидных замен вследствие высокой вероятности
39 возникновения ошибок во время работы фермента РНК-зависимой РНК-
40 полимеразы, а также рекомбинация. Наибольшая частота мутаций
41 обнаруживается в участках капсидных белков, образующих поверхностные
42 эпитопы (в основном в регионе VP1). Рекомбинация чаще всего происходит в
43 5'-UTR (в первую очередь рядом с IRES), реже – в участке, кодирующем
44 неструктурные белки. HRV-A и HRV-C часто рекомбинируют между собой в
45 5'UTR и в участке гена протеазы 2А [35].

46 Мониторинг вирусов-возбудителей ОРВИ в разных странах
47 демонстрирует приблизительно одинаковую картину преобладания в
48 циркуляции риновирусов.

49 Так, Panning M. с соавторами [34] ретроспективно протестировали
50 образцы, собранные в период с 2 декабря 2019 г. по 28 апреля 2020 г. в
51 институте вирусологии во Фрайбурге (Германия) от пациентов старше 18 лет
52 с признаками респираторных заболеваний, и протестировали на
53 респираторные вирусы. Пациенты были набраны из местных
54 исследовательских центров Австрии, Германии, Нидерландов и Швейцарии.
55 Риновирус был обнаружен в 7,2% образцах, и являлся наиболее
56 распространённым респираторным вирусом в исследуемой группе.

57 Kim D. с соавторами [23] протестировали 1217 образцов из северной
58 Калифорнии на SARS-CoV-2 и другие респираторные вирусы, включая
59 риновирус. Риновирус оказался самым распространённым вирусом как среди
60 образцов, отрицательных на SARS-CoV-2 (12,1% от отрицательных образцов
61 на SARS-CoV-2), так и среди положительных на SARS-CoV-2 (6,9% от
62 образцов, положительных на SARS-CoV-2).

63 Sominina A. с соавторами [37] протестировали образцы от 3057
64 пациентов разных возрастных групп из девяти больниц-участников в трех
65 городах России (Санкт-Петербург, Новосибирск и Екатеринбург).
66 Исследование проводилось с 52-й недели 2018 года по 20-ую неделю 2019
67 года. По их данным, риновирус являлся вторым по распространённости
68 вирусом негриппозной этиологии (8,2% от общего числа положительных
69 образцов).

70 В другом исследовании Sominina A. с соавторами [38] представили
71 результаты в рамках традиционного надзора за гриппом. ПЦР-диагностика
72 проводилась в ФГБУ «НИИ гриппа им. А. А. Смородинцева» и в Центре
73 экологии и эпидемиологии гриппа при ФГБУ «НИЦЭМ им. Н. Ф. Гамалеи»,
74 признанными ВОЗ в качестве национальных центров по гриппу, а также в 57
75 сотрудничающих региональных лабораториях. Период исследования
76 охватывал несколько эпидемических сезонов (с 2015-2016 гг. по 2020-2021
77 гг.). Согласно представленным данным, риновирус являлся самым
78 распространённым респираторным вирусом негриппозной этиологии во всех
79 исследуемых сезонах, за исключением пандемического вируса SARS-CoV-2 в
80 двух последних сезонах. Его процентное соотношение от всех положительных
81 вирусов негриппозной этиологии составляло от 5,4% до 6,8%.

82 В литературе также имеются данные о распространённости видов
83 риновируса и их соотношении друг с другом. Так, Iwane M. K. с соавторами
84 [16] ретроспективно протестировали на присутствие риновируса 1867
85 образцов от детей младше 5 лет с острыми респираторными заболеваниями с

86 декабря 2003 года по апрель 2005 года в 3 округах США. Контрольную группу
87 составили 784 ребёнка, посетивших клинику в период с декабря 2003 г. по
88 март 2004 г. и с октября 2004 г. по апрель 2005 г. HRV-A обнаружен у 8,1%
89 госпитализированных детей старше 1 года и у 2,2% в контрольной группе,
90 HRV-C – в 2,3% и 9,0% случаев соответственно (у детей до 8 месяцев). Среди
91 детей младше 1 года и младше 8 месяцев возраста, процентное соотношение
92 HRV-A и HRV-C было схожим в обеих группах. HRV-B было обнаружено
93 менее 1%.

94 Lu Q.B. с соавторами [24] протестировали назофаренгиальные
95 образцы, собранные в период 2009-2012 годов в Китае. Среди 223 образцов,
96 положительных на риновирус, HRV-A составлял 54,7%, HRV-B – 5,4%, и
97 HRV-C – 39,9%.

98 Zlateva K.T. с соавторами [42] провели ретроспективный анализ
99 циркуляции риновирусов в 11 европейских странах (3016 образцов) за период
100 с 2007 по 2010 г. Установлено, что HRV-A был наиболее распространенным
101 видом риновируса в Бельгии, Франции, Германии, Италии, Нидерландах,
102 Польше, Словакии, Словении, Испании, Швеции и Великобритании.

103 Представленные данные свидетельствуют, что самым
104 распространенным риновирусом в разных регионах мира является HRV-A.

105 Риновирусная инфекция может приводить к серьезным последствиям
106 для здоровья человека, например, таким, как астма или хроническая
107 обструктивная болезнь лёгких [29].

108 В ретроспективном исследовании Miller E.K. с соавторами [30] было
109 показано, что из 167 детей, положительных на риновирус, были выявлены
110 дети, находящиеся в группе высокого риска возникновения тяжёлых
111 осложнений, таких как астма. В 42% образцах от таких детей был обнаружен
112 HRV-C, а в 23% - HRV-A.

113 Схожие результаты показывают и Fawkner-Corbett D.W. с соавторами
114 [14]. По данным их исследования, проводившегося в Бразилии с апреля 2008

115 по март 2010 года, риновирус был обнаружен в 18,7% случаев в образцах от
116 630 детей возрастом до 5 лет. Обычно риновирус детектировался у детей с
117 бронхолитом, пневмонией, астмой, а также синдромом свистящего дыхания.
118 При этом у детей с астмой и синдромом свистящего дыхания в 23% случаев
119 был обнаружен HRV-C, а HRV-A – в 5%.

120 В тоже время, данные о видовом разнообразии риновирусов в
121 Российской Федерации очень ограничены, в связи с чем изучение их
122 генетической характеристики представляется важным для отечественной для
123 науки и практики.

124

125 **Материалы и методы**

126 В лаборатории молекулярной вирусологии ФГБУ «НИИ гриппа им. А.
127 А. Смородинцева» Минздрава России исследовано 13046 образцов (мазки из
128 носо- и ротоглотки) от больных острыми респираторными инфекциями,
129 госпитализированных в СПб ГБУЗ «Клиническая инфекционная больница им.
130 С. П. Боткина» (n= 11424), СПб ГБУЗ «Детская городская больница Св. Ольги»
131 (n=555), СПб ГБУЗ Детская городская клиническая больница №5 им. Н. Ф.
132 Филатова (n=366) в период с декабря 2020 г. по октябрь 2021 г.

133 Детекцию возбудителей ОРВИ, включая риновирусы, проводили
134 методом ПЦР в режиме реального времени коммерческими наборами
135 «АмплиСенс ® ОРВИ-скрин-FL» (Центральный научно-исследовательский
136 институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва) в соответствии с
137 инструкцией производителя. Детекцию вируса гриппа также проводили
138 методом ПЦР в режиме реального времени коммерческими наборами
139 «АмплиСенс® Influenza virus A/B-FL» (Центральный научно-
140 исследовательский институт эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва) в
141 соответствии с инструкцией производителя. Детекцию SARS-CoV-2
142 осуществляли методом ПЦР в режиме реального времени набором Novel
143 Coronavirus(2019-nCoV) Nucleic Diagnostic Kit (PCR-Fluorescence Probing),

144 Sansure Biotech Inc., КНР в соответствии с инструкцией производителя.
145 Исследование генетического разнообразия риновирусов осуществлялось
146 капиллярным секвенированием с использованием праймеров,
147 амплифицирующих область VP4/VP2 генома риновируса и разработанных da
148 Costa Souza L. с соавторами [9].

149 Из базы данных GenBank для выравнивания полученных
150 последовательностей были взяты полные геномы риновирусов. Выравнивание
151 проводилось в программе MAFFT [22], филогенетическое дерево построено в
152 программе RAxML [39], визуализация проводилась в FigTree.

153

154 **Результаты**

155 Нами были собраны и проанализированы данные за семь сезонов
156 эпидемического подъема заболеваемости ОРВИ с 2016-2017 гг. по 2022-2023
157 гг. в Санкт-Петербурге, полученные в рамках надзора за гриппом и ОРВИ,
158 проводимого лабораторией молекулярной вирусологии НИИ гриппа им. А. А.
159 Смородинцева. Согласно этим данным, на территории Санкт-Петербурга
160 риновирусы являлись одними из самых распространённых возбудителей
161 негриппозной этиологии. Они циркулировали на протяжении всех
162 эпидемических сезонов с преобладанием в осенний период (рис 1). Следует
163 отметить, что риновирусы продолжали активно циркулировать на фоне
164 эпидемического распространения возбудителя COVID-19 (сезоны с 2020-2021
165 гг. по 2022-2023 гг.), в том числе и в весенний период. При этом в первый
166 пандемический период риновирусы циркулировали равномерно на
167 протяжении всего сезона.

168

169

170 **Рис. 1.** Структура возбудителей ОРВИ в эпидемические сезоны с
171 2016-2017 гг. до 2022-2023 г. на территории Санкт-Петербурга (данные
172 представлены без учёта SARS-CoV-2)

173 **Figure 1.** ARVI pathogens structura in temporibus epidemicis ab 2016-
174 2017 usque ad 2022-2023 in territorio St. Petersburg (exclusa notitia SARS-CoV-
175 2).

176

177 Из 13046 исследованных образцов выявлено 417 (3,2%) положительных
178 на риновирус (пороговый цикл меньше или равен 26), из них лишь 71 (17,03%)
179 риновирус был типирован.

180 Наиболее распространенными оказались риновирусы HRV-A – 55%
181 (n=39) от общего числа типированных образцов. Среди них обнаружен 21 тип.
182 Наиболее распространенным типом оказался HRV-A46 – 13% (n=5) вирусов,
183 15% (HRV-A30, HRV-A44 и HRV-A47, n=6) относились к минорной группе
184 риновирусов (рис. 2).

185

186

187

188 **Рис. 2.** Филогенетическое дерево; представлено генетическое
189 разнообразие типов риновирусов А, выявленных в 2020-2021 гг. на
190 территории Санкт-Петербурга

191 **Figure 2.** Phylogenetic tree; presents the genetic diversity of rhinovirus A
192 types identified in 2020-2021. in St. Petersburg

193

194 Риновирусы HRV-B и HRV-C были обнаружены в равном количестве
195 – по 16 (23%). Среди HRV-B обнаружено 8 типов (рис. 3). Самым
196 распространенным оказался HRV-B06 (n=5, 31% от всех обнаруженных
197 риновирусов вида B). Один не типировался (6%).

198

199

200

201 **Рис. 3.** Филогенетическое дерево; представлено генетическое
202 разнообразие типов риновирусов В, выявленных в 2020-2021 гг. на
203 территории Санкт-Петербурга

204 **Figure 3.** Phylogenetic tree; presents the genetic diversity of rhinovirus В
205 types identified in 2020-2021. in St. Petersburg

206
207 Среди HRV-C обнаружено 7 типов, из них самыми
208 распространёнными были HRV-C42, HRV-C32 и HRV-C15 (по 19%, n=3).
209 Один образец (6%) не типировался (рис. 4).

210
211
212
213 **Рис. 4.** Филогенетическое дерево; представлено генетическое
214 разнообразие типов риновирусов С, выявленных в 2020-2021 гг. на
215 территории Санкт-Петербурга

216 **Figure 4.** Phylogenetic tree; presents the genetic diversity of rhinovirus С
217 types identified in 2020-2021. in St. Petersburg

218
219 В таблице 1 представлена возрастная характеристика пациентов, от
220 которых были получены образцы. Представляют интерес данные о
221 взаимосвязи между возрастом пациентов и видом риновируса (таблица 2). Так,
222 среди переболевших риновирусной инфекцией, вызванной HRV-A,
223 преобладают пациенты в возрасте от 18 до 65 лет (57,5%), реже ее
224 регистрировали у детей и подростков. HRV-C в основном обнаруживался у
225 детей до 2-летнего возраста (43,75%) и взрослых 18-65 лет (31,25%). При этом,
226 HRV-B был обнаружен исключительно у взрослых пациентов (100%).

227
228 **Таблица 1.** Возрастная характеристика обследованных пациентов:
229

230

231 **Таблица 2.** Процентное соотношение возрастных групп в зависимости
232 от вида риновируса, %:

233

234

235 Нами были сопоставлены данные об установленном виде риновируса
236 и диагнозе пациента (таблица 3). Так, HRV-A и HRV-C выявляли у больных с
237 различными синдромами поражения верхних и нижних дыхательных путей
238 (острый ринофарингит, ларинготрахеит, обструктивный бронхит, пневмония).
239 Однако, риновирус HRV-B был выявлен лишь у пациентов старше 18 лет с
240 клиническими проявлениями пневмонии.

241

242 **Таблица 3.** Диагнозы пациентов в соотношении с видами и типами
243 риновирусов:

244

245

246 **Обсуждение**

247 Esneau С. с соавторами [12], проанализировав 31 исследование,
248 отмечают, что в «доковидный» период наиболее распространённым видом
249 риновируса являлся А, второе место занимал риновирус С. Реже определяли
250 риновирус В. В свою очередь, наиболее распространёнными подтипами
251 являются А-12, А-78 и С-2.

252 Полученные нами данные по Санкт-Петербургу также
253 свидетельствуют о превалировании в циркуляции риновирусов вида А (55%
254 среди типированных возбудителей риновирусной инфекции), что
255 соответствует общемировой тенденции. Также, как и в
256 других исследованиях, риновирусов вида В и С было детектировано
257 значительно меньше [3;9;13].

258 Представляют интерес анализ циркуляции риновирусов в фоне
259 эпидемии COVID-19 в Санкт-Петербурге. Известно, что распространение
260 нового коронавируса SARS-CoV-2 сопровождалось существенным
261 ограничением циркуляции целого ряда возбудителей сезонных
262 респираторных инфекций, за исключением риновирусов и респираторно-
263 синцитиального вируса [5]. Согласно полученным нами данным, в этот период
264 самым распространенным оказались риновирусы вида А, что соотносится с
265 другими исследованиями [2; 21; 40].

266 Также нами установлены возрастные и клинические различия в
267 зависимости от вида риновирусов. Так, HRV-A преобладают среди пациентов
268 в возрасте от 18 до 65 лет, HRV-C – в основном у детей до 2-летнего возраста
269 (43,75%) и взрослых 18-65 лет (31,25%). При этом, HRV-B выявляли
270 исключительно у пациентов старше 18 лет с проявлениями пневмонии, тогда
271 как HRV-A и HRV-C у больных с поражением как верхних, так и нижних
272 дыхательный путей.

273 Представленные нами результаты не позволяют в полной мере
274 оценить генетическое разнообразие риновирусов, циркулирующих на
275 территории Санкт-Петербурга, вследствие малого количества типированных
276 образцов. В настоящее время продолжается сбор данных, в том числе
277 клинических, для определения возможной связи вида/типа риновируса и
278 варианта течения риновирусной инфекции. Также разрабатывается подход к
279 рутинному полногеномному секвенированию геномов риновирусов с
280 использованием технологии амплификации SMART.

ТАБЛИЦЫ

Таблица 1. Возрастная характеристика обследованных пациентов

Table 1. Distribution of patient age groups

Показатель Index	Возраст, лет Age, years					
	0-2	3-6	7-14	15-18	18-65	> 65
Доля возрастной группы от общего числа протестированных образцов, % Percentage of age group in total tested samples, %	2,6 (n=333)	3,0 (n=388)	2,3 (n=290)	1,2 (n=159)	69,0 (n=8841)	21,9 (n=2800)
Доля возрастной группы от общего числа положительных на риновирус, % Percentage of age group in rhinovirus-positive total samples, %	11,9 (n=48)	17,4 (n=70)	11,4 (n=46)	5,7 (n=23)	45,9 (n=185)	7,7 (n=31)

Таблица 2. Процентное соотношение возрастных групп в зависимости от вида риновируса, %:

Table 2. Percentage of age groups related to rhinovirus type, %:

Вид риновирусов Rhinovirus species	Возраст, лет Age, years					
	0-2	3-6	7-14	15-18	18-65	> 65
HRV-A, %	12,5 (n=5)	10 (n=4)	12,5 (n=5)	2,5 (n=1)	57,5 (n=23)	5 (n=2)
HRV-B, %	0	0	0	0	100 (n=16)	0
HRV-C, %	43,75 (n=7)	6,25 (n=1)	12,5 (n=2)	6,25 (n=1)	31,25 (n=5)	0

Таблица 3. Диагнозы пациентов в соотношении с видами риновирусов**Table 3. Diagnosis of patients in relation to rhinoviruses species**

Вид риновирусов Rhinovirus species	Диагноз, количество случаев Diagnosis, number of cases				
	Пневмония Pneumonia	Обструктивный бронхит Obstructive bronchitis	Острый ринофарингит Acute nasopharyngitis	Ларинготрахеит Laryngotracheitis	Стеноз гортани Stenosis of the larynx
HRV-A	12	1	1	2	1
HRV-B	7	0	0	0	0
HRV-C	1	3	3	1	0

РИСУНКИ

Рисунок 1. Структура возбудителей ОРВИ в эпидемические сезоны с 2016-2017 гг. до 2022-2023 г. на территории Санкт-Петербурга (данные представлены без учёта SARS-CoV-2).

Figure 1. ARVI pathogen pattern in epidemics spanning from 2016-2017 to 2022-2023 in St. Petersburg (not including SARS-CoV-2).

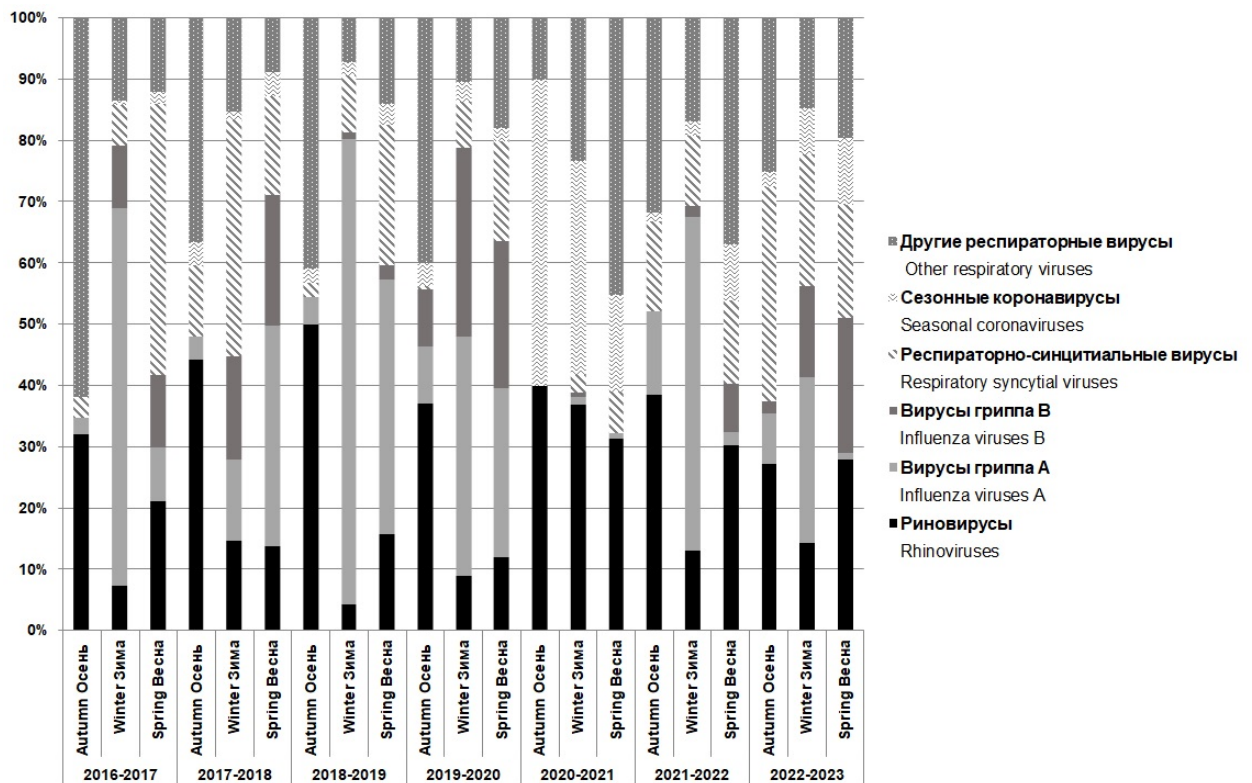


Рисунок 2. Филогенетическое дерево; представлено генетическое разнообразие типов риновирусов А, выявленных в 2020-2021 гг. на территории Санкт-Петербурга.

Figure 3. Phylogenetic tree; the genetic diversity of rhinovirus A types identified in 2020-2021 in St. Petersburg is presented.

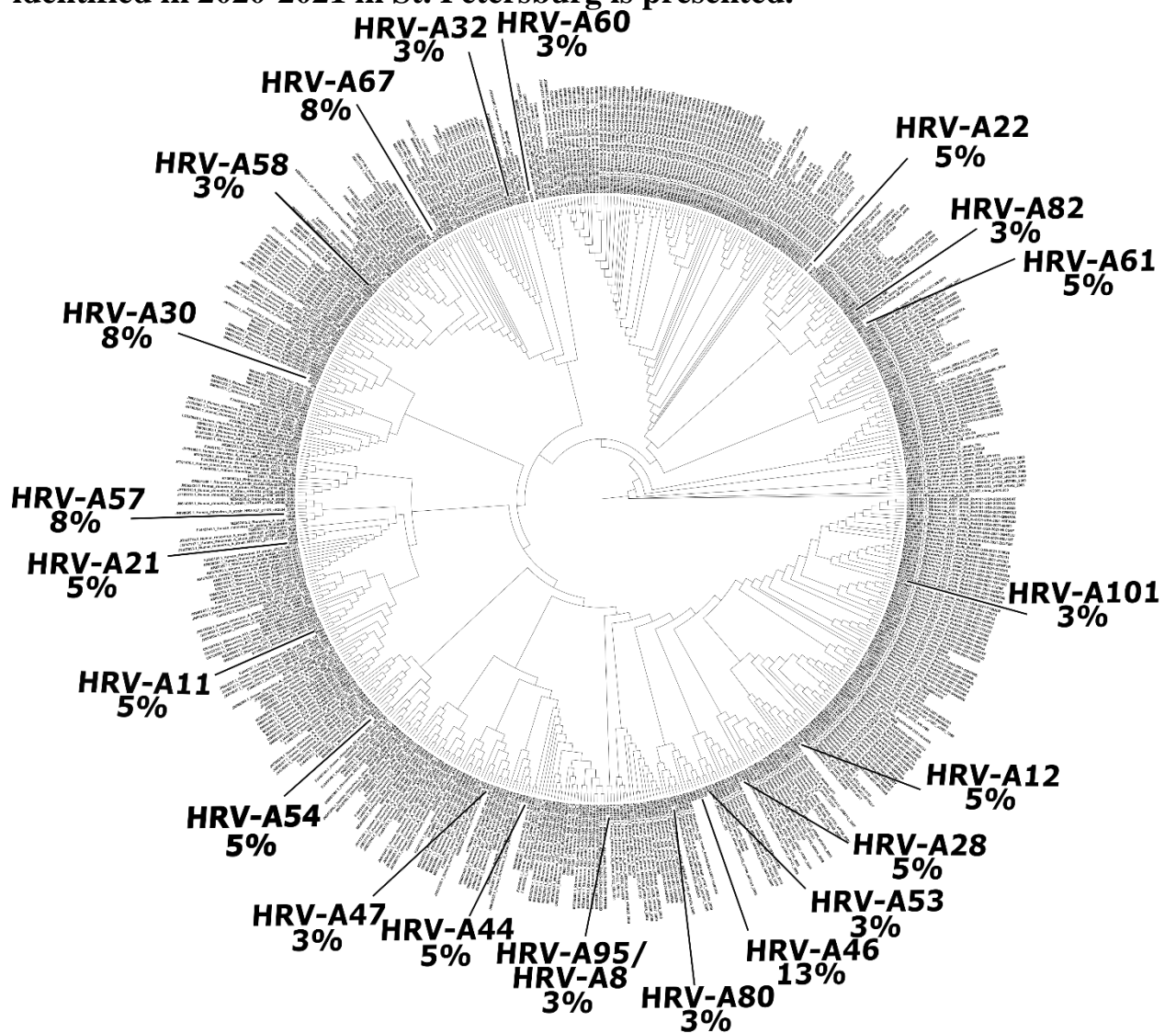


Рисунок 3. Филогенетическое дерево; представлено генетическое разнообразие типов риновирусов В, выявленных в 2020-2021 гг. на территории Санкт-Петербурга.

Figure 3. Phylogenetic tree; the genetic diversity of rhinovirus A types identified in 2020-2021 in St. Petersburg is presented.

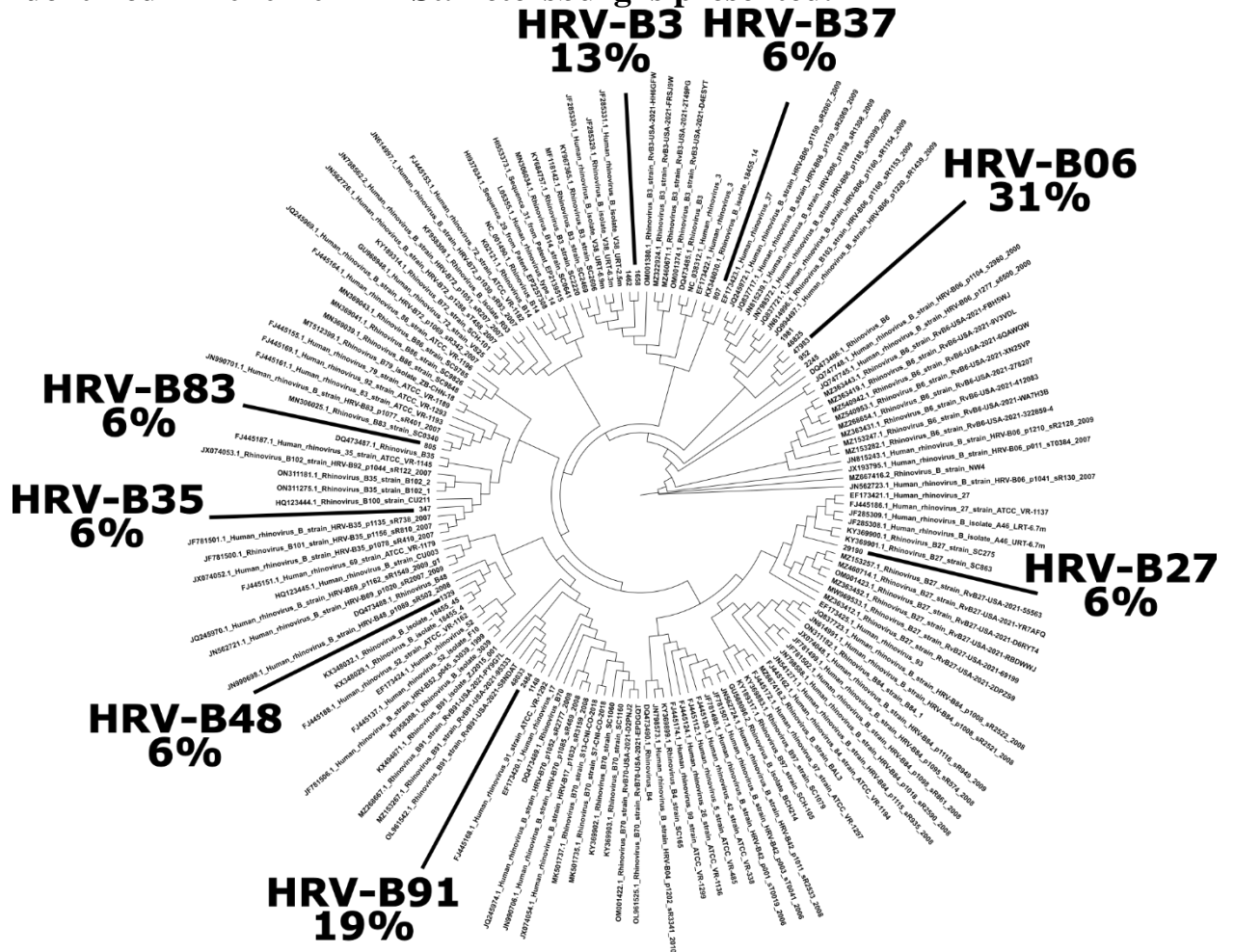
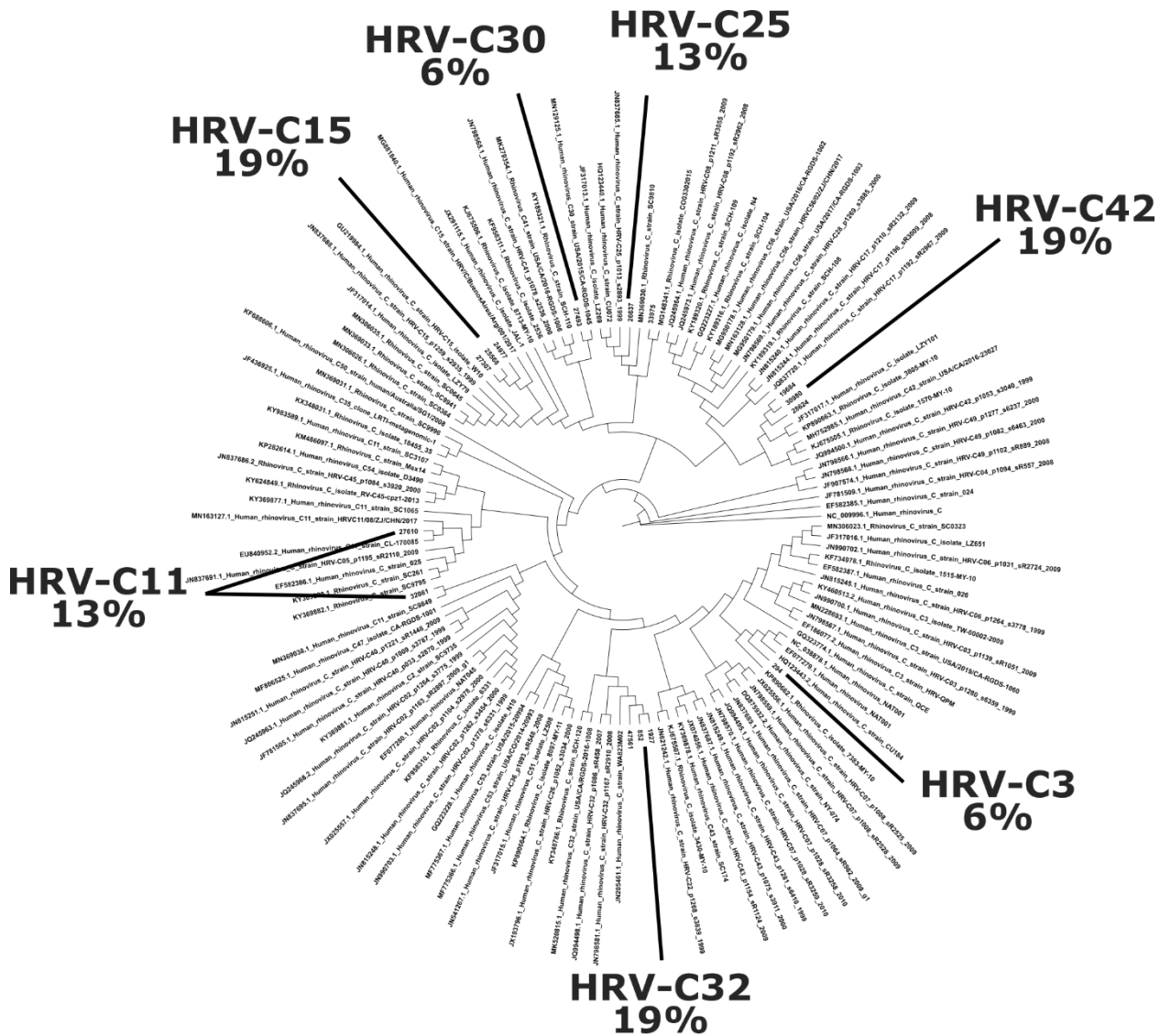


Рисунок 4. Филогенетическое дерево; представлено генетическое разнообразие типов риновирусов С, выявленных в 2020-2021 гг. на территории Санкт-Петербурга.

Figure 3. Phylogenetic tree; the genetic diversity of rhinovirus A types identified in 2020-2021 in St. Petersburg is presented.



ТИТУЛЬНЫЙ ЛИСТ_МЕТАДААННЫЕ**Блок 1. Информация об авторе ответственном за переписку**

Ксенафонтов А.Д., аспирант, лаборант-исследователь, ФГБУ «НИИ гриппа им. А.А. Смородинцева» МЗ РФ, ул. профессора Попова, 15-17, Санкт-Петербург, Россия, тел. +7(981)7637691, ksenandrey@yandex.ru

Ksenafontov A.D., PhD student, research assistant, Smorodintsev Research Institute of Influenza, Professor Popov Street, 15-17, St. Petersburg, Russia, +7(981)7637691, ksenandrey@yandex.ru

Блок 2. Информация об авторах

Писарева М.М., кандидат биологических наук (PhD), ведущий научный сотрудник, ФГБУ «НИИ гриппа им. А.А. Смородинцева» Минздрава России. ул. Профессора Попова, 15-17, Санкт-Петербург, Россия, maria.pisareva@influenza.spb.ru

Pisareva M.M., Candidate of Biological Sciences (PhD), Leading Researcher, Smorodintsev Research Institute of Influenza, Professora Popova Street, 15-17, St. Petersburg, Russia, maria.pisareva@influenza.spb.ru

Едер В.А., PhD, старший научный сотрудник, ФГБУ «НИИ гриппа им. А.А. Смородинцева» Минздрава России. ул. Профессора Попова, 15-17, Санкт-Петербург, Россия, veronika.eder@influenza.spb.ru

Eder V.A., PhD, Senior Researcher, Smorodintsev Research Institute of Influenza, Professora Popova Street, 15-17, St. Petersburg, Russia, veronika.eder@influenza.spb.ru

Мусаева Т.Д., младший научный сотрудник, ФГБУ «НИИ гриппа им. А.А. Смородинцева» Минздрава России, ул. Профессора Попова, 15-17, Санкт-Петербург, Россия, Тел. +7(953)1720868, tamilamusaeva94@mail.ru

Musaeva T.D., Junior Researcher, Smorodintsev Research Institute of Influenza, Professora Popova Street, 15-17, St. Petersburg, Russia, +7(953)1720868, tamilamusaeva94@mail.ru

Фадеев А.В., старший научный сотрудник, ФГБУ «НИИ гриппа им. А.А. Смородинцева» Минздрава России, ул. Профессора Попова, 15-17, Санкт-Петербург, Россия, Тел. +7(952)2496821, afadeew@gmail.com

Fadeev A.V., Senior Researcher, Smorodintsev Research Institute of Influenza, Professora Popova Street, 15-17, St. Petersburg, Russia, +7(952)2496821 afadeew@gmail.com

Комиссаров А.Б., заведующий лабораторией, ФГБУ «НИИ гриппа им. А.А. Смородинцева» Минздрава России, ул. Профессора Попова, 15-17, Санкт-Петербург, Россия, Тел. +7(921)9273729, a.b.komissarov@gmail.com

Komissarov A.B., Head of the Laboratory, Smorodintsev Research Institute of Influenza, Professora Popova Street, 15-17, St. Petersburg, Russia, +7(921)9273729, a.b.komissarov@gmail.com

Киселева Ирина Васильевна, доктор биологических наук, профессор, зав. лабораторией, ФГБНУ «Институт экспериментальной медицины», ул. академика Павлова, 12, 197022, Санкт-Петербург, Россия. Тел. +7(812)2346860, +7(911)2247462, факс +7(812)2346868, irina.v.kiseleva@mail.ru.

Irina V. Kiseleva, Ph.D., D.Sci., Professora, Head of the Laboratory, Institute of Experimental Medicine, 12 Acad. Pavlov Street, 197022, St Petersburg, Russia. +7(812)2346860, +7(812)2346868, irina.v.kiseleva@mail.ru.

Люзнов Д.А., доктор медицинских наук, профессор, директор, ФГБУ «НИИ гриппа им. А.А. Смородинцева» Минздрава России, ул. Профессора Попова, 15-17, Санкт-Петербург, Россия, заведующий кафедрой инфекционных болезней и эпидемиологии, ФГБОУ ВО «ПСПбГМУ им. И. П. Павлова» Минздрава России, улица Льва Толстого, 6-8, Санкт-Петербург, Россия, Тел. +7(921)9095103, dlioznov@yandex.ru

Lioznov D.A., Ph.D., D.Sci., Professor, Director of Institute, Smorodintsev Research Institute of Influenza, Professora Popova Street, 15-17, St. Petersburg, Russia, Head, Department of Infectious Diseases and Epidemiology, Pavlov First Saint Petersburg State Medical University (Pavlov University), L'va Tolstogo Street, 6-8, Saint Petersburg, Russia, +7(921)9095103, dlioznov@yandex.ru

Блок 3. Метаданные статьи

**ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ РИНОВИРУСОВ НА
ТЕРРИТОРИИ САНКТ-ПЕТЕРБУРГА В 2020-2021 ГГ.**

2020-2021 RHINOVIRUS GENETIC DIVERSITY IN ST. PETERSBURG

Сокращенное название статьи для верхнего колонтитула:

РУССКОЕ

ANGLIYSKOE

Ключевые слова: риновирусы; генетическое разнообразие; виды; типы; ОРВИ.

Key words: rhinoviruses; genetic diversity; kinds; types; ARVI.

Оригинальные статьи

Количество страниц текста – 10, количество таблиц – 3, количество рисунков – 4.

04.08.2023.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Номер р ссыл ки	Авторы, название публикации и источника, где она опубликована, выходные данные	ФИО, название публикации и источника на английском	Полный интернет-адрес (URL) цитируемой статьи и/или DOI
1.	Adam D.C., Chen X., Scotch M., MacIntyre C.R., Dwyer D., Kok J. The Molecular Epidemiology and Clinical Phylogenetics of Rhinoviruses Among Paediatric Cases in Sydney, Australia. Int J Infect Dis., 2021, vol. 110, pp. 69-74.	–	The Molecular Epidemiology and Clinical Phylogenetics of Rhinoviruses Among Paediatric Cases in Sydney, Australia - PubMed (nih.gov) https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34174431/
2.	Alsayed A.R., Abed A., Abu-Samak M., Alshammari F., Alshammari B. Etiologies of Acute Bronchiolitis in Children at Risk for Asthma, with Emphasis on the Human Rhinovirus Genotyping Protocol, J Clin Med., 2023, vol. 12, no. 12, p. 3909.	–	Etiologies of Acute Bronchiolitis in Children at Risk for Asthma, with Emphasis on the Human Rhinovirus Genotyping Protocol - PubMed (nih.gov) https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37373604/
3.	Baillie V.L., Moore D.P., Mathunjwa A., Morailane P., Simões E.A.F, Madhi S.A. Molecular Subtyping of Human Rhinovirus in Children from Three Sub-Saharan African Countries., J Clin Microbiol., 2019, vol. 57, no. 9, e00723-19.	–	Molecular Subtyping of Human Rhinovirus in Children from Three Sub-Saharan African Countries Journal of Clinical Microbiology (asm.org)

			https://journals.asm.org/doi/10.1128/JCM.00723-19
4.	Bochkov Y.A., Watters K., Ashraf S., Griggs T.F., Devries M.K., Jackson D.J., Palmenberg A.C., Gern J.E. Cadherin-related family member 3, a childhood asthma susceptibility gene product, mediates rhinovirus C binding and replication. Proc Natl Acad Sci U S A, 2015, vol. 112, no. 17, pp. 5485-90.	–	https://www.pnas.org/doi/full/10.1073/pnas.1421178112 Cadherin-related family member 3, a childhood asthma susceptibility gene product, mediates rhinovirus C binding and replication PNAS
5.	Calderaro A., De Conto F., Buttrini M., Piccolo G., Montecchini S., Maccari C., Martinelli M., Di Maio A., Ferraglia F., Pinardi F., Montagna P., Arcangeletti M.C., Chezzi C. Human respiratory viruses, including SARS-CoV-2, circulating in the winter season 2019-2020 in Parma, Northern Italy. Int J Infect Dis, 2021, vol. 102, pp. 79-84.	–	https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1201971220321895?via%3Dihub Human respiratory viruses, including SARS-CoV-2, circulating in the winter season 2019–2020 in Parma, Northern Italy - ScienceDirect
6.	Cho G.S., Moon B.J., Lee B.J., Gong C.H., Kim N.H., Kim Y.S., Kim H.S., Jang Y.J. High rates of detection of respiratory viruses in the nasal washes and mucosae of patients with chronic rhinosinusitis. J Clin Microbiol, 2013, vol. 51, no. 3., pp. 979-84.	–	High Rates of Detection of Respiratory Viruses in the Nasal Washes and Mucosae of Patients with Chronic Rhinosinusitis Journal of Clinical Microbiology (asm.org)

			https://journals.asm.org/doi/10.1128/JCM.02806-12
7.	Chonmaitree T., Alvarez-Fernandez P., Jennings K., Trujillo R., Marom T., Loeffelholz M.J., Miller A.L., McCormick D.P., Patel J.A., Pyles R.B. Symptomatic and asymptomatic respiratory viral infections in the first year of life: association with acute otitis media development. Clin Infect Dis, 2015, vol. 60, no. 1, pp. 1-9.	–	Symptomatic and Asymptomatic Respiratory Viral Infections in the First Year of Life: Association With Acute Otitis Media Development Clinical Infectious Diseases Oxford Academic (oup.com) https://academic.oup.com/cid/article/60/1/1/2895444?login=false
8.	Current International Committee on Taxonomy of Viruses Taxonomy 2022 Release	–	Current ICTV Taxonomy Release ICTV https://ictv.global/taxonomy
9.	da Costa Souza L., Bello E.J.M., Dos Santos E.M., Nagata T. Molecular and clinical characteristics related to rhinovirus infection in Brasília, Brazil. Braz J Microbiol, 2021, vol. 52, no. 1, pp. 289-98.	–	Molecular and clinical characteristics related to rhinovirus infection in Brasília, Brazil SpringerLink https://link.springer.com/article/10.1007/s42770-020-00411-0
10.	Easom N., Moss P., Barlow G., Samson A., Taynton T., Adams K., Ivan M., Burns P., Gajee K., Eastick K., Lillie P.J. Sixty-eight consecutive patients assessed for COVID-19 infection:	–	Sixty-eight consecutive patients assessed for COVID-19 infection: Experience from a UK Regional infectious diseases Unit

	Experience from a UK Regional infectious diseases Unit. <i>Influenza Other Respir Viruses</i> , 2020, vol. 14, no. 4, pp. 374-9.		- Easom - 2020 - Influenza and Other Respiratory Viruses - Wiley Online Library https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/irv.12739
11.	Emanuels A., Heimonen J., O'Hanlon J., Kim A.E., Wilcox N., McCulloch D.J., Brandstetter E., Wolf C.R., Logue J.K., Han P.D., Pfau B., Newman K.L., Hughes J.P., Jackson M.L., Uyeki T.M., Boeckh M., Starita L.M., Nickerson D.A., Bedford T., Englund J.A., Chu H.Y. Remote household observation for noninfluenza respiratory viral illness. <i>Clin Infect Dis</i> , 2021, vol. 73, no. 11, pp. 4411-8.	–	Remote Household Observation for Noninfluenza Respiratory Viral Illness Clinical Infectious Diseases Oxford Academic (oup.com) https://academic.oup.com/cid/article/73/11/e4411/5983780?login=false
12.	Esneau C., Duff A.C., Bartlett N.W. Understanding rhinovirus circulation and impact on illness. <i>Viruses</i> , 2022, vol. 14, no. 1, p. 141.	–	Viruses Free Full-Text Understanding Rhinovirus Circulation and Impact on Illness (mdpi.com) https://www.mdpi.com/1999-4915/14/1/141
13.	Esposito S., Daleno C., Baggi E., Ciarmoli E., Lavizzari A., Pierro M., Semino M., Groppo M., Scala A., Terranova L., Galeone C., Principi N. Circulation of different rhinovirus groups among children with lower respiratory tract infection in	–	Circulation of different rhinovirus groups among children with lower respiratory tract infection in Kiremba, Burundi SpringerLink

	Kirembe, Burundi., Eur J Clin Microbiol Infect Dis., 2012, vol. 31, no. 11, pp. 3251-6.		https://link.springer.com/article/10.1007/s10096-012-1692-9
14.	Fawkner-Corbett D.W., Khoo S.K., Duarte C.M., Bezerra P.G., Bochkov Y.A., Gern J.E., Le Souef P.N., McNamara P.S. Rhinovirus-C detection in children presenting with acute respiratory infection to hospital in Brazil, J Med Virol., 2016, vol. 88, no. 1, pp. 58-63.	–	Rhinovirus-C detection in children presenting with acute respiratory infection to hospital in Brazil - PubMed (nih.gov) https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26100591/
15.	Greve J.M., Davis G., Meyer A.M., Forte C.P., Yost S.C., Marlor C.W., Kamarck M.E., McClelland A. The major human rhinovirus receptor is ICAM-1. Cell, 1989, vol. 56, no. 5, pp. 839-47.	–	The major human rhinovirus receptor is ICAM-1 - ScienceDirect https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/0092867489906880?via%3Dihub
16.	Iwane M.K., Prill M.M., Lu X., Miller E.K., Edwards K.M., Hall C.B., Griffin M.R., Staat M.A., Anderson L.J., Williams J.V., Weinberg G.A., Ali A., Szilagyi P.G., Zhu Y., Erdman D.D. Human rhinovirus species associated with hospitalizations for acute respiratory illness in young US children, J Infect Dis., 2011, vol. 204, no. 11, pp. 1702-10.	–	Human rhinovirus species associated with hospitalizations for acute respiratory illness in young US children - PubMed (nih.gov) https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22013207/

17.	Jacobs S.E., Lamson D.M., St George K., Walsh T.J. Human rhinoviruses. Clin Microbiol Rev, 2013, vol. 26, no. 1, pp. 135-62.	–	Human Rhinoviruses Clinical Microbiology Reviews (asm.org) https://journals.asm.org/doi/10.1128/CMR.00077-12
18.	Jain S., Self W.H., Wunderink R.G., Fakhran S., Balk R., Bramley A.M., Reed C., Grijalva C.G., Anderson E.J., Courtney D.M., Chappell J.D., Qi C., Hart E.M., Carroll F., Trabue C., Donnelly H.K., Williams D.J., Zhu Y., Arnold S.R., Ampofo K., Waterer G.W., Levine M., Lindstrom S., Winchell J.M., Katz J.M., Erdman D., Schneider E., Hicks L.A., McCullers J.A., Pavia A.T., Edwards K.M., Finelli L.; CDC EPIC Study Team. Community-acquired pneumonia requiring hospitalization among U.S. adults. N Engl J Med, 2015, vol. 373, no. 5, pp. 415-27.	–	Community-Acquired Pneumonia Requiring Hospitalization among U.S. Adults NEJM https://www.nejm.org/doi/10.1056/NEJMoa1500245
19.	Jain S., Williams D.J., Arnold S.R., Ampofo K., Bramley A.M., Reed C., Stockmann C., Anderson E.J., Grijalva C.G., Self W.H., Zhu Y., Patel A., Hymas W., Chappell J.D., Kaufman R.A., Kan J.H., Dansie D., Lenny N, Hillyard D.R., Haynes L.M, Levine M., Lindstrom S., Winchell J.M., Katz J.M., Erdman D., Schneider E., Hicks L.A., Wunderink R.G., Edwards K.M., Pavia A.T., McCullers J.A., Finelli L.; CDC EPIC Study Team. Community-acquired pneumonia requiring hospitalization	–	Community-Acquired Pneumonia Requiring Hospitalization among U.S. Children NEJM https://www.nejm.org/doi/10.1056/NEJMoa1405870

	among U.S. children. N Engl J Med, 2015, vol. 372, no. 9, pp. 835-45.		
20.	Jensen L.M., Walker E.J., Jans D.A., Ghildyal R. Proteases of human rhinovirus: role in infection. Methods Mol Biol, 2015, vol.1221, pp. 129-41.	–	Proteases of Human Rhinovirus: Role in Infection SpringerLink https://link.springer.com/protocol/10.1007/978-1-4939-1571-2_10
21.	Jiang H., Yang T., Yang C., Lu Y., Yi Z., Zhang Q., Wang W. Molecular epidemiology and clinical characterization of human rhinoviruses circulating in Shanghai, 2012-2020, Arch Virol., 2022, vol.167, no. 4, pp. 1111-1123.	–	Molecular epidemiology and clinical characterization of human rhinoviruses circulating in Shanghai, 2012-2020 - PubMed (nih.gov) https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35303167/
22.	Katoh K., Rozewicki J., Yamada D K. MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization, Briefings in Bioinformatics, Vol. 20, no. 4, pp. 1160–1166.	–	MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization - PubMed (nih.gov) https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28968734/
23.	Kim D., Quinn J., Pinsky B., Shah N.H., Brown I. Rates of co-infection between SARS-CoV-2 and other respiratory pathogens. JAMA, 2020, vol. 323, no. 20, pp. 2085-6.	–	Rates of Co-infection Between SARS-CoV-2 and Other Respiratory Pathogens

			Infectious Diseases JAMA JAMA Network https://jamanetwork.com/journals/jama/fullarticle/2764787
24.	Lu Q.B., Wo Y., Wang L.Y., Wang H.Y., Huang D.D., Zhang X.A., Liu W., Cao W.C. Molecular epidemiology of human rhinovirus in children with acute respiratory diseases in Chongqing, China, Sci Rep., 2014, vol. 4, p. 6686.	–	Molecular epidemiology of human rhinovirus in children with acute respiratory diseases in Chongqing, China - PubMed (nih.gov) https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25328042/
25.	Mancino E., Cristiani L., Pierangeli A., Scagnolari C., Nenna R., Petrarca L., Di Mattia G., La Regina D., Frassanito A., Oliveto G., Viscido A., Midulla F. A single centre study of viral community-acquired pneumonia in children: No evidence of SARS-CoV-2 from October 2019 to March 2020. J Clin Virol, 2020, vol. 128, p. 104385.	–	A single centre study of viral community-acquired pneumonia in children: No evidence of SARS-CoV-2 from October 2019 to March 2020 - ScienceDirect https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S138665322030127X?via%3Dihub
26.	Marriott D., Beresford R., Mirdad F., Stark D., Glanville A., Chapman S., Harkness J., Dore G. J., Andresen D., Matthews G. V, Concomitant marked decline in prevalence of severe acute respiratory	–	Concomitant Marked Decline in Prevalence of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2)

	<p>syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) and other respiratory viruses among symptomatic patients following Public Health interventions in Australia: Data from St Vincent's hospital and associated screening clinics, Sydney, NSW. <i>Clin Infect Dis</i>, 2021, vol. 72, no. 10, pp. 649-51.</p>		<p>and Other Respiratory Viruses Among Symptomatic Patients Following Public Health Interventions in Australia: Data from St Vincent's Hospital and Associated Screening Clinics, Sydney, NSW Clinical Infectious Diseases Oxford Academic (oup.com)</p> <p>https://academic.oup.com/cid/article/72/10/e649/5897048?login=false</p>
27.	<p>Matos A.D.R, Motta F.C., Caetano B.C., Ogrzewalska M., Garcia C.C., Lopes J.C.O., Miranda M., Livorati M.T.F.P., Abreu A., Brown D., Siqueira M.M. Identification of SARS-CoV-2 and additional respiratory pathogens cases under the investigation of COVID-19 initial phase in a Brazilian reference laboratory. <i>Mem Inst Oswaldo Cruz</i>, 2020, vol. 115, p. 200232.</p>	–	<p>SciELO - Brazil - Identification of SARS-CoV-2 and additional respiratory pathogens cases under the investigation of COVID-19 initial phase in a Brazilian reference laboratory Identification of SARS-CoV-2 and additional respiratory pathogens cases under the investigation of COVID-19 initial phase in a Brazilian reference laboratory</p>

			https://www.scielo.br/j/mioc/a/LzLkL7Pxy8CcV5YtYZVJgnJ/?lang=en
28.	Melé M., Henares D., Pino R., Asenjo S., Matamoros R., Fumadó V., Fortuny C., García-García J.J., Jordan I., Brotons P., Muñoz-Almagro C., de-Sevilla M.F., Launes C. Kids-Corona Paediatric Hospitalist group. Low impact of SARS-CoV-2 infection among paediatric acute respiratory disease hospitalizations. J Infect, 2021, vol. 82, no. 3, pp. 414-451.	–	Low impact of SARS-CoV-2 infection among paediatric acute respiratory disease hospitalizations - ScienceDirect https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0163445320306551?via%3Dihub
29.	Miller E.K, Linder J., Kraft D., Johnson M., Lu P., Saville B.R., Williams J.V., Griffin M.R., Talbot HK. Hospitalizations and outpatient visits for rhinovirus-associated acute respiratory illness in adults. J Allergy Clin Immunol, 2016, vol. 137, no. 3, pp. 734-43.e1.	–	Hospitalizations and outpatient visits for rhinovirus-associated acute respiratory illness in adults - ScienceDirect https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0091674915008684?via%3Dihub
30.	Miller E.K., Edwards K.M., Weinberg G.A., Iwane M.K., Griffin M.R., Hall C.B., Zhu Y., Szilagyi P.G., Morin L.L., Heil L.H., Lu X., Williams J.V.; New Vaccine Surveillance Network. A novel group of rhinoviruses is associated with asthma hospitalizations, J Allergy Clin Immunol., 2009, vol. 123, no. 1, pp. 98-104.e1.	–	A novel group of rhinoviruses is associated with asthma hospitalizations - PubMed (nih.gov) https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19027147/

31.	Miller E.K., Gebretsadik T., Carroll K.N., Dupont W.D., Mohamed Y.A., Morin L.L., Heil L., Minton P.A., Woodward K., Liu Z., Hartert T.V., Williams J.V. Viral etiologies of infant bronchiolitis, croup and upper respiratory illness during 4 consecutive years. <i>Pediatr Infect Dis J</i> , 2013, vol. 32, no. 9, pp. 950-5.	–	Viral Etiologies of Infant Bronchiolitis, Croup and Upper Re... : The Pediatric Infectious Disease Journal (lww.com) https://journals.lww.com/pidj/Fulltext/2013/09000/Viral_Etiologies_of_Infant_Bronchiolitis,_Croup.11.aspx
32.	Nowak M.D., Sordillo E.M., Gitman M.R., Paniz Mondolfi A.E. Coinfection in SARS-CoV-2 infected patients: Where are influenza virus and rhinovirus/enterovirus? <i>J Med Virol</i> , 2020, vol. 92, no. 10, pp. 699-1700.	–	Coinfection in SARS-CoV-2 infected patients: Where are influenza virus and rhinovirus/enterovirus? - Nowak - 2020 - Journal of Medical Virology - Wiley Online Library https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/jmv.25953
33.	Panning M., Wiener J., Rothe K., Schneider J., Pletz M.W., Rohde G., Rupp J., Witzentrath M., Spinner C.D. Members of the CAPNETZ study group. No SARS-CoV-2 detection in the German CAPNETZ cohort of community acquired pneumonia before COVID-19 peak in March 2020. <i>Infection</i> , 2020, vol. 48, no. 6, pp. 971-4.	–	No SARS-CoV-2 detection in the German CAPNETZ cohort of community acquired pneumonia before COVID-19 peak in March 2020 SpringerLink https://link.springer.com/article/10.1007/s15010-020-01471-y

34.	Panning M., Wiener J., Rothe K., Schneider J., Pletz M.W., Rohde G., Rupp J., Witzenrath M., Spinner C.D.; Members of the CAPNETZ study group. No SARS-CoV-2 detection in the German CAPNETZ cohort of community acquired pneumonia before COVID-19 peak in March 2020. <i>Infection</i> , 2020, vol. 48, no, 6, pp. 971-974.	–	No SARS-CoV-2 detection in the German CAPNETZ cohort of community acquired pneumonia before COVID-19 peak in March 2020 - PubMed (nih.gov) https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32621281/
35.	Rhinoviruses. Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology, Springer, Hatfield, Hertfordshire, UK, Jans. D. A., Ghildyal R. (eds), 2015, vol. 1221, 190 p.	–	https://link.springer.com/book/10.1007/978-1-4939-1571-2
36.	Simmonds P., Gorbalenya A.E., Harvala H., Hovi T., Knowles N.J., Lindberg A.M., Oberste M.S., Palmenberg A.C., Reuter G., Skern T., Tapparel C., Wolthers K.C., Woo P.C.Y., Zell R. Recommendations for the nomenclature of enteroviruses and rhinoviruses. <i>Arch Virol.</i> , 2020, vol. 165, no. 3, pp. 793-797.	–	Recommendations for the nomenclature of enteroviruses and rhinoviruses - PubMed (nih.gov) https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31980941/
37.	Sominina A., Danilenko D., Komissarov A., Pisareva M., Musaeva T., Bakaev M., Afanasieva O., Stolyarov K., Smorodintseva E., Rozhkova E., Obraztsova E., Dondurey E., Guzhov D., Timonina V., Golovacheva E., Kurskaya O., Shestopalov A., Smirnova S., Alimov A., Lioznov D. Age-Specific Etiology of Severe Acute Respiratory Infections and Influenza Vaccine Effectivity in Prevention of	–	Age-Specific Etiology of Severe Acute Respiratory Infections and Influenza Vaccine Effectivity in Prevention of Hospitalization in Russia, 2018-2019 Season - PubMed (nih.gov)

	Hospitalization in Russia, 2018-2019 Season. J Epidemiol Glob Health, 2021, vol. 11, no. 4, pp. 413-425.		https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34734387/
38.	Sominina A.A., Danilenko D.M., Stolyarov K.A., Karpova L.S., Bakaev M.I., Levanyuk T.P., Burtseva E.I., Lioznov D.A. Interference of SARS-CoV-2 with other Respiratory Viral Infections agents during Pandemic. Epidemiology and Vaccinal Prevention, 2021, vol. 20, no. 4, pp. 28-39.	–	Interference of SARS-CoV-2 with other Respiratory Viral Infections agents during Pandemic Sominina Epidemiology and Vaccinal Prevention (epidemvac.ru) https://www.epidemvac.ru/jour/article/view/1315?locale=en_US
39.	Stamatakis A. m, Bioinformatics, Vol. 30, no. 9, pp. 1312–1313.	–	RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies - PubMed (nih.gov) https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24451623/
40.	Thongpan I., Vichaiwattana P., Vongpunsawad S., Poovorawan Y. Upsurge of human rhinovirus infection followed by a delayed seasonal respiratory syncytial virus infection in Thai children during the coronavirus pandemic, Influenza Other Respir Viruses, 2021, vol. 15, no. 6, pp. 711-720.	–	Upsurge of human rhinovirus infection followed by a delayed seasonal respiratory syncytial virus infection in Thai children during the coronavirus pandemic - PubMed (nih.gov)

			https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34350701/
41.	Wehrhahn M.C., Robson J., Brown S., Bursle E., Byrne S., New D., Chong S., Newcombe J.P., Siversten T., Hadlow N. Self-collection: An appropriate alternative during the SARS-CoV-2 pandemic. J Clin Virol, 2020, vol. 128, p.104417.	–	Self-collection: An appropriate alternative during the SARS-CoV-2 pandemic - ScienceDirect https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1386653220301591?via%3Dihub
42.	Zlateva K.T., van Rijn A.L., Simmonds P., Coenjaerts F.E.J., van Loon A.M., Verheij T.J.M., de Vries J.J.C., Little P., Butler C.C., van Zwet E.W., Goossens H., Ieven M., Claas E.C.J.; GRACE Study Group. Molecular epidemiology and clinical impact of rhinovirus infections in adults during three epidemic seasons in 11 European countries (2007-2010). Thorax, 2020, vol.75, no. 10, pp. 882-90.	–	Molecular epidemiology and clinical impact of rhinovirus infections in adults during three epidemic seasons in 11 European countries (2007–2010) Thorax (bmj.com) https://thorax.bmj.com/content/75/10/882