

Сравнительный анализ внутривидовой и межвидовой изменчивости генома вирусов рода *Orbivirus* (сем. *Reoviridae*), экологически связанных с клещами

Научный руководитель – Альховский Сергей Владимирович

Еремян Айказ Айказович

Postgraduate

Федеральный научно-исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф. Гамалеи, Институт вирусологии им. Д.И. Ивановского, Москва, Россия

E-mail: aykaz.eremyan@gmail.com

Род *Orbivirus* принадлежит семейству *Reoviridae*, объединяющему сложно устроенные вирусы с сегментированным двухцепочечным РНК геномом. Орбивирусы являются арбовирусами, т.е. передаются кровососущими членистоногими переносчиками. На территории России распространены орбивирусы, передающиеся клещами, в том числе вирус Кемерово, этиологический агент лихорадки Кемерово [2], экологически связанный преимущественно с клещами *Ixodes persulcatus*, зараженность которых может достигать 10% [1]. В восточной Европе и Европейской части России циркулируют его антигенные варианты - Трибеч и Липовник, также способные вызывать энцефалит. Данные вирусы обладают патогенным потенциалом и могут быть причислены к проблеме новых и возвращающихся инфекций. Вопросы генетического разнообразия, эволюции, и молекулярных основ патогенности вируса Кемерово и родственных ему вирусов остаются практически неизученными. Сравнительный геномный анализ различных групп клещевых орбивирусов является необходимым элементом для понимания эволюционных механизмов, лежащих в основе патогенности орбивирусов.

Целью настоящего исследования являлось проведение сравнительного анализа генетических последовательностей, эволюции и филогенеза клещевых вирусов рода *Orbivirus*, изолированных на территории России и в Средней Азии. Для этого был проведен ретроспективный анализ не идентифицированных вирусов, изолированных от клещей *Ixodes ricinus* и *Ixodes persulcatus*. Используя метод высокопроизводительного секвенирования, были получены полные геномные последовательности 16-ти штаммов, принадлежащие трём видам орбивирусов, передающихся клещами. Был проведен сравнительный генетический и филогенетический анализ с целью выявления внутривидовой и межвидовой вариативности различных сегментов генома. В результате анализа была выявлена группа консервативных генов (РНК-зависимая РНК-полимераза Pol(VP1), белки субкора T2(VP3) и кора T13(VP7)), дивергенция которых между вирусами, принадлежащими одному виду, не превышает 20-30%; между различными видами дивергенция по данным генам лежит в пределах 35-65%; идентичность аминокислотных последовательностей данных белков штаммов, изолированных в одном географическом регионе может достигать 95-99,9%. Уровень дивергенции аминокислотных последовательностей наиболее вариативных белков внешнего капсида OS1(VP4) и хеликазы Hel(VP6) у различных штаммов одного вируса может достигать 29% и 32%, а между вирусами одного вида 61% и 53% соответственно. У генетически близких штаммов, имеющих более 90% идентичности по консервативным белкам, дивергенция по OS1 и Hel может достигать 35,5 и 23% соответственно. Положение некоторых изученных штаммов на дендрограммах, построенных по всем сегментам генома, указывают на возможную реассортацию генов.

Помимо фундаментальных знаний о геномике, таксономии и эволюции клещевых вирусов рода *Orbivirus*, полученные данные могут быть использованы в качестве основы для усовершенствования тест системы для детекции орбивирусов.

References

- 1) Dedkov V. G. et al. Prevalence of Kemerovo virus in ixodid ticks from the Russian Federation // Ticks and tick-borne diseases. 2014. T. 5. No. 6. C. 651-655.
- 2) Libikova H. et al. Isolation from *Ixodes persulcatus* Ticks of Cytopathic Agents (Kemerovo Virus) differing from Tick-Borne Encephalitis Virus and some of their Properties // Acta virologica. 1964. T. 8. No. 4. C. 289-301.