

Вирусы рода *Orthobunyavirus* (семейство *Bunyaviridae*): распространение, генетика, эволюция

Научный руководитель – Альховский Сергей Владимирович

Щетинин Алексей Михайлович

Выпускник (специалист)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра вирусологии, Москва, Россия

E-mail: duality1@yandex.ru

Семейство *Bunyaviridae* является одним из наиболее обширных вирусных семейств и включает в свой состав более 350 вирусов пяти различных родов. Все вирусы семейства обладают трехчастным одноцепочечным РНК-геномом отрицательной полярности. Род *Orthobunyavirus* является крупнейшим и наиболее сложно организованным в составе семейства *Bunyaviridae* и включает в свой состав более 220 различных вирусов, объединенных в 48 видов 18 различных серогрупп. Несмотря на патогенность вирусов рода для человека и животных большая часть вирусов остается неохарактеризованной на генетическом уровне. На территории России показана циркуляция ортобуньявирусов всего лишь двух серогрупп - группы Буньямвера (вирус Батаи) и группы Калифорнийского энцефалита (вирусы Хатанга, Инку, Тягиня), при этом полные нуклеотидные последовательности геномов российских изолятов доступны лишь для вируса Хатанга. Таким образом, целью настоящей работы стала идентификация, полногеномная характеристика и установление эволюционных взаимосвязей ортобуньявирусов малоизученных серогрупп и циркулирующих на территории РФ вариантов.

Для достижения данной цели из Государственной коллекции вирусов были отобраны представители малоизученных серогрупп Anopheles A, Capim, Guama, Koongol, Turlock, Tete, а также неклассифицированные буньявирусы серогруппы Mapputta и вирусы Tataguine и Witwatersrand. По результатам высокопроизводительного секвенирования препаратов вирусных РНК на платформе Illumina MiSeq были получены полные кодирующие последовательности 17 вирусов. По итогам сравнительного анализа геномов показано, что неструктурный белок NSs кодируется вирусами половины серогрупп и, таким образом, не может выступать в качестве таксономического критерия. Проведенный филогенетический анализ позволил однозначно классифицировать вирусы группы Mapputta наряду с вирусами Tataguine и Witwatersrand как представителей рода *Orthobunyavirus*, а также выявил монофилетическое происхождение серогрупп Guama, Capim и группы С.

Характеристика российских вариантов ортобуньявирусов проводилась за счет секвенирования 54 изолятов, выделенных с 1973 по 2004 год в различных регионах РФ и сопредельных государств. Показано, что из 34 изолятов, ранее отнесенных к вирусу Батаи, 16 представляют собой штаммы нового вируса, впоследствии получившего название "вирус Анадырь". Показательно, что вирус Батаи циркулирует в Европейской части РФ, в то время, как вирус Анадырь выделялся в Магаданской, Камчатской, Тюменской, Иркутской областях и в Республике Саха. Впервые получены полногеномные последовательности российских вариантов вируса Инку (9 изолятов), по результатам филогенетического анализа делящиеся на две генетические линии. Интересно, что вирус Тягиня был идентифицирован лишь в одной пробе из Азербайджана, что может свидетельствовать об ограниченном распространении данного вируса в РФ. Также нами идентифицирован природный реассортант (LEIV-21845Кра), содержащий в составе генома S и M сегменты вируса Хатанга и L сегмент вируса Тягиня.