

Первичная характеристика новых представителей семейства Phenuiviridae, детектированных в клещах *I. persulcatus*

Научный руководитель – Климентов Александр Сергеевич

Деревенцова Алёна Вадимовна

Аспирант

Федеральный научный центр исследований и разработки иммунобиологических препаратов им. М.П. Чумакова РАН, Москва, Россия

E-mail: alena.dereventsova@gmail.com

Phenuiviridae - большое и гетерогенное семейство оболочечных вирусов с геномом, представленным тремя сегментами одноцепочечной РНК отрицательной и амбисенс полярности. До недавнего времени, переносимые клещами представители этого семейства считали непатогенными для человека и позвоночных животных. После того как была охарактеризована тяжелая лихорадка с синдромом тромбоцитопении, интерес к переносимым клещами фенуивирусам значительно возрос. Последнее десятилетие открыто большое число новых представителей семейства *Phenuiviridae*. Как правило, эти исследования ограничиваются молекулярно-генетической характеристикой. Изучение многообразия фенуивирусов необходимо для изучения молекулярной биологии вирусов с отрицательным геномом и их эволюции. Предполагается, что они могут являться или стать арбовирусами, а также влиять на распространение уже известных патогенных для человека вирусов за счет интерференции и комплиментации.

Ранее в клещах *Ixodes persulcatus*, собранных на одной территории в республике Карелия с использованием универсальной пан-флебовирусной тест-системы были детектированы три новых представителя семейства *Phenuiviridae* [1]. На основании филогенетического анализа, вирус Gomselga был классифицирован в род *Phlebovirus*, в него преимущественно входят вирусы, переносимые насекомыми. Некоторые представители этого рода способны вызывать заболевания человека и позвоночных животных различной степени тяжести. Вирусы Pedaselga и Kizhi были классифицированы в род *Ixovirus*.

Целью настоящей работы была первичная характеристика вирусов Gomselga, Pedaselga и Kizhi.

На первом этапе нами были разработаны вирус-специфические ПЦР тест-системы и ПЦР тест-системы с детекцией в реальном времени, на основании имеющихся последовательностей участка L сегмента генома. Данные тест-систем обладают высокой чувствительностью и специфичностью.

На следующем этапе нами было проведено высокопроизводительное секвенирование вирусосодержащих клещевых суспензий. Нами были определены последовательности всех трех сегментов вируса Gomselga. Для вируса Kizhi определена последовательность полного L сегмента генома и часть S сегмента генома (кодирует нуклеокапсидный белок). Для вируса Pedaselga определена часть последовательности L сегмента генома и полного S сегмента.

В дальнейшем планируется получение рекомбинантных структурных белков исследуемых вирусов, для поиска антител к ним у людей и животных.

Источники и литература

- 1) 1. Klimentov A.S., Belova O.A., Kholodilov I.S., et al. Phlebovirus sequences detected in ticks collected in the Russian Federation: novel species, distinguish criteria, high tick specificity // Infection, Genetics and Evolution. 2020.