

## Виром слепней Рязанской области и Приморского края

Гаджикурбанов Магомед Набигуллаевич

Аспирант

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

E-mail: magomed\_19@mail.ru

Современные метагеномные технологии позволили обнаружить разнообразные РНК-вирусы у разных видов позвоночных и беспозвоночных. Поиск новых вирусов не только расширяет знания о биоразнообразии, но и проливает свет на понимание эволюции вирусов. Для некоторых кровососущих членистоногих, например, для клещей или комаров, характерна зараженность арбовирусами, которые способны циркулировать между позвоночными и членистоногими. Часто они вызывают заболевания у человека и домашних животных. Слепни являются кровососущими членистоногими, которые являются проблемой для сельского хозяйства и здравоохранения. Имеются доказанные случаи, когда слепни были переносчиками бактерий и грибов. В то же время виром слепней практически не изучен. Целью данной работы стал поиск вирусов в слепнях.

В работе использовались слепни, принадлежащие родам *Hybomitra*, *Chrysops* и *Tabanus*, собранных во время экспедиции из Приморского края и из Рязанской области в 2021 году. Особей гомогенизировали и объединили в 10 пулов. Из пулов выделили РНК, и набором NEBNext Globin and rRNA Depletion Kit избавились от рРНК. Были сформированы библиотеки и проведено секвенирование на приборе Illumina. Используя программу Trimmomatic, удалили прочтения короткой длины (короче 35 нуклеотидов) и плохого качества (меньше Q30). Программой SPAdes собрали прочтения в контиги. Эти контиги проверяли на наличие вирусных последовательностей программой BLAST. Выполнили филогенетический анализ программой phyML.

В результате работы в трех пулах не было обнаружено ни одной вируссодержащей последовательности. В остальных было обнаружено от 1 до 9 новых вируссодержащих последовательностей. Всего в образцах было идентифицировано 32 новых предположительно вирусных последовательностей, среди которых было собрано 15 полных геномов, и 17 фрагментов вирусных геномов, принадлежащие разным филогенетическим группам.

Большая часть найденных предположительно вирусных последовательностей филогенетически родственна семействам *Iflaviridae*, *Solinviviridae*, *Permutetraviridae*, *Dicistoviridae*, *Rhabdoviridae*, *Paramyxoviridae* или родам *Orthophasmavirus*, *Anphevirus*, и группе Negevirus, классические представители которых являются вирусами насекомых. Пять предположительно вирусных последовательностей филогенетически родственны семейству *Solemoviridae*, классические представители которых являются вирусами растений. Шесть предположительно вирусных последовательностей филогенетически родственны семействам *Totiviridae* и *Narnaviridae*, классические представители которых являются вирусами грибов.

Все обнаруженные предположительно вирусные последовательности имели существенные отличия от известных вирусов. Прделанная работа описывает биоразнообразие вирусов в слепнях. Следует отметить, что полученные нами вирусы могут быть как вирусами слепней, так и вирусами их симбионтов, а также арбовирусами. Для установления хозяина этих вирусов требуется проведение дальнейшей работы.