

**Филогенетический анализ геномов энтеровирусов типов E6 и E11,
выделенных на территории России в 2021-2022 гг**

Яковчук Елизавета Вадимовна

Студент (магистр)

Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова,
Москва, Россия

E-mail: yakovchuklisa@gmail.com

Энтеровирусы (ЭВ) - маленькие безоболочечные вирусы, относящиеся к семейству *Picornaviridae*. Наиболее часто выделяемые у человека ЭВ относятся к 4 видам: ЭВ-А, -В, -С и -D. Энтеровирусные инфекции обычно протекают бессимптомно, но могут вызывать и различные формы клинических проявлений, в основном поражая детей дошкольного возраста. В частности, типы Echovirus 6 (E6) и Echovirus 11 (E11), относящиеся к ЭВ-В, являются одними из основных типов, вызывающих широкий спектр заболеваний, от легких кишечных инфекций до тяжелых поражений центральной нервной системы [1, 2].

Целью данного исследования является выявление неполиомиелитных ЭВ типов E6 и E11, циркулирующих среди населения России и ближнего зарубежья, и их филогенетический анализ.

ЭВ изолировали в культуре клеток RD из клинических проб, собранных в рамках национальной программы надзора за энтеровирусной инфекцией от заболевших, контактных с ними лиц и объектов окружающей среды в 2021-2022 годах. При помощи ОТ-ПЦР определяли наличие в образцах РНК ЭВ. Определяли нуклеотидную последовательность участка генома ЭВ, кодирующую капсидный белок VP1. Большая часть (88%) изолятов была отнесена к ЭВ-В; образцы типов E6 и E11 были отобраны для филогенетического анализа. Для выравнивания последовательностей использовали BioEdit v7.0.5.2 и Mega X. Филогенетические деревья с молекулярным датированием строили с помощью BEAST v1.4.8.

E6 имеет эпидемический характер циркуляции, так же, как и E11. Скорость накопления мутаций E11 ($5,5 [4,6-6,4] \cdot 10^{-3}$ нуклеотидных замен на сайт в год) очень близка к E6 ($5,9 [4,7-7,1] \cdot 10^{-3}$) и совпадает с ранее опубликованными данными [3]. Все отобранные образцы E6 принадлежали к геногруппе F и вероятно были завезены на территорию РФ около 5 лет назад. С ними группировались образцы из РФ, Великобритании и Австралии. Глобальное распределение генотипов E11 было неравномерно. Исследуемые образцы E11 разделились между двумя геногруппами: в геногруппу A объединились образцы, выделенные в РФ; а в геногруппу D, вошли образцы из РФ, Китая и Японии. Внутри типа E11 наблюдается вариация генетических профилей; вероятно, исследуемые образцы были завезены на территорию РФ независимыми путями.

В результате работы был проведен филогенетический анализ энтеровирусов E6 и E11, выделенных на территории РФ в 2021-2022 гг, выявлены особенности их распространения. Анализ особенностей генотипов ЭВ важен для эпидемиологического и географического надзора.

Источники и литература

- 1) Cheng W et al. Molecular epidemiological characteristics of echovirus 6 in mainland China: extensive circulation of genotype F from 2007 to 2018 // Arch. Virol. 2021. Т. 166. № 5. С. 1305–1312.

- 2) Lukashev A.N. et al. Molecular epidemiology of enteroviruses causing uveitis and multisystem hemorrhagic disease of infants // *Virology*. 2003. T. 307. № 1. С. 45–53.
- 3) Yarmolskaya M.S. et al. Molecular epidemiology of echoviruses 11 and 30 in Russia: Different properties of genotypes within an enterovirus serotype // *Infect Genet Evol.* 2015. T. 30. С. 244-248.