

Обнаружение новых парамиксовирусов и хантавирусов, изолированных от мелких млекопитающих, методом NGS**Научный руководитель – Бутенко Александр Михайлович****Булычева Юлия Игоревна***Сотрудник*

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

E-mail: Boulychevayuli@yandex.ru

Грызуны (*Rodentia*) и насекомоядные (*Eulipotyphla*) являются важнейшим природным резервуаром для зоонозных вирусов. Рыжие полёвки (*Myodes glareolus*) являются основным резервуаром для вируса Пуумала (*Hantaviridae*) — возбудителя геморрагической лихорадки с почечным синдромом. Также они являются резервуаром нового вируса рыжих полёвок (ВРП, *Paramyxoviridae*), изолированного в Уфе в 1973 году. Обыкновенная бурозубка (*Sorex araneus*) является резервуаром для нового хантавируса Алтай, изолированного в 2019 году в Новосибирске. Последние исследования показывают, что мелкие грызуны и насекомоядные являются носителями множества РНК-содержащих вирусов. Значение этих вирусов в патологии человека остается неизученным. Целью настоящей работы было определение распространённости парамиксовирусов и хантавирусов среди мелких млекопитающих, а так же детекция новых вирусов с помощью метода полногеномного секвенирования.

Были разработаны гнездовые ПЦР тест-системы для обнаружения РНК новых хантавирусов и парамиксовирусов. С их помощью были обследованы 255 проб органов грызунов и насекомоядных, отловленных в Рязанской области. Было сформировано 6 пулов по 15 образцов для создания ДНК-библиотек для полногеномного секвенирования на платформе MiSeq (Illumina). Обработка данных секвенирования проводилась в программе CLC Genomics Workbench (Qiagen), филогенетический анализ проводился в программе MEGA X.

РНК ВРП была обнаружена в одной из проб от рыжей полёвки, что составило 0,67% от общего количества обследованных проб. РНК хантавирусов была обнаружена в 16 пробах от разных видов мелких млекопитающих, что составило 6,2% от общего количества обследованных проб. Полученные хантавирусные ампликоны были секвенированы методом Сэнгера. Во всех 16 положительных пробах обнаружена РНК хантавируса Алтай.

В результате полногеномного секвенирования удалось обнаружить фрагменты нескольких геномов — два генома вирусов семейства *Paramyxoviridae* и два генома семейства *Hantaviridae*. Первый парамиксовирус наиболее схож с вирусом Погорье, род *Jeilongvirus*, 95% схожести при сравнении аминокислотной последовательности РНК-полимеразы. Второй парамиксовирус наиболее схож с вирусами рода *Henipavirus*, изолированными от бурозубки в Китае, 77% схожести при сравнении аминокислотной последовательности матричного белка. Первый хантавирус наиболее схож с вирусом Алтай, род *Orthohantavirus*, 98% схожести при сравнении аминокислотных последовательностей РНК-полимеразы, нуклеокапсида и гликопротеина. Второй хантавирус наиболее схож с вирусом Сивис, род *Orthohantavirus*, выделенным в Швейцарии, 99% схожести при сравнении аминокислотных последовательностей нуклеокапсида и гликопротеина.

По итогам проведённого исследования установлена циркуляция вируса рыжих полёвок (*Paramyxoviridae*) и хантавируса Алтай (*Hantaviridae*) на территории Рязанской области,

для хантавируса Алтай – впервые на территории Европейской части России. Обнаружены фрагменты геномов новых вирусов семейств *Paramyxoviridae* и *Hantaviridae*.