

Виром кровососок, собранных в Республике Тыва, Московской и Ярославской областях.

Научный руководитель – Карганова Галина Григорьевна

Гаджикурбанов М.Н.¹, Литов А.Г.²

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра вирусологии, Москва, Россия, *E-mail: magomed_19@mail.ru*; 2 - Федеральный научный центр исследований и разработки иммунобиологических препаратов им. М.П. Чумакова РАН, Москва, Россия, *E-mail: novosti-wxo@yandex.ru*

За последнее 20 лет количество новых вирусов членистоногих стремительно растет. Это становится возможным благодаря развитию, совершенствованию и доступности транскриптомных методов анализа. Новые вирусы могут быть арбовирусам. Арбовирусы циркулируют между членистоногими и позвоночными прокормителями и вызывают заболевания. Основными переносчиками арбовирусов являются клещи и комары. Их виромы активно изучаются.

Кровососки являются кровососущими насекомыми и эндогенными паразитами человека, животных и птиц. Ранее нами был изучен виром кровососок вида *M. Ovinus*, и было обнаружено 5 новых вирусов: Khandagaity Melophagus ifla-like virus (KMIV), Ulaatai Melophagus solemo-like virus (UMSV), Bayan-Khairhan-Ula Melophagus solemo-like virus (BKUMSV), Sigmavirus tuva (ST), Bercke-Baary Melophagus reo-like virus (BBMRV). Целью данной работы является продолжение поисков новых вирусов в кровососках разных родов.

В работе использовались кровососки видов *M. ovinus*, *L. cervi*, *P. canariensis* и клещи вида *M. anchora*, которые паразитируют на *P. canariensis*. Материал был собран в Республике Тыва, Московской области Ярославской области в 2018, 2019 и 2022 году. Особей гомогенизировали и объединяли в пулы по видовой принадлежности, месту и дате сбора. Было сформировано 10 пулов. Была выделена РНК, проведена пробоподготовка, были сформированы библиотеки и было проведено высокопроизводительное секвенирование. Из полученных данных были отсортированы прочтения необходимой длины и качества. Затем были собраны контиги, которые проверялись на гомологию с вирусными последовательностями. Для обнаруженных вирусных последовательностей провели филогенетический анализ.

Во всех пулах были обнаружены вирусные последовательности. Всего в образцах было определено 13 последовательностей генома вируса, принадлежащие разным филогенетическим группам, среди которых 9 полных и 4 неполных. В кровососках *M. ovinus*, помимо уже известных вирусных последовательностей (KMIV, UMSV, BKUMSV, ST, BBMRV), были обнаружены последовательности генома вируса Inari permutotetravirus. В кровососках *L. cervi* были обнаружены фрагменты ST, и новые вирусные последовательности, имеющие родство с семейством *Solemoviridae*, и еще фрагменты геномов вирусов *Hameenlinna phasivirus* и *Shelly beach virus*. В кровососках *P. canariensis* были обнаружены последовательности полных геномов вирусов KMIV, UMSV, BKUMSV, ADMSV, BBMRV, а также фрагменты генома Inari permutotetravirus и последовательности вирусных геномов, имеющих родство с семейством Anphevirus. В клещах *M. anchora*, были обнаружены вирусные последовательности Pigeon torque teno virus (PTTV), и последовательности, родственные семействам *Solemoviridae* и *Iflaviridae*.

Таким образом, проделанная работа описывает биоразнообразие вирусов в кровососках. Следует отметить, что обнаруженные вирусы могут быть вирусами как кровососок, так и их хозяев. Необходимы дальнейшие исследования, чтобы определить или исключить их арбовирусную природу выявленных вирусов.