

## Циркуляция вирусов группы *Jingmenviruses* в популяции клещей на территории РФ

Научный руководитель – Климентов Александр Сергеевич

Полиенко А.Е.<sup>1</sup>, Яковлев А.С.<sup>2</sup>, Волож В.П.<sup>3</sup>

1 - Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологии имени К.И.Скрябина, Москва, Россия; 2 - Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова, Москва, Россия; 3 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет фундаментальной медицины, Кафедра фармакологии, Москва, Россия

Семейство *Flaviviridae* объединяет оболочечные вирусы с несегментированным позитивным РНК-геномом, и состоит из 4 родов - *Flavivirus*, *Hepacivirus*, *Pestivirus* и *Pegivirus*. Род *Flavivirus* является самым многочисленным. Для большинства флавивирусов установлен трансмиссивный механизм передачи через укусы кровососущих членистоногих. Флавивирусы способны вызывать тяжелые энцефалиты и геморрагические лихорадки у человека и позвоночных животных.

Несмотря на многообразие вирусов, геном которых представлен несегментированной молекулой нуклеиновой кислоты, и многообразии вирусов с сегментированным геномом, эволюционная связь между этими формами организации генома, а также механизмы перехода от одной формы к другой до сих пор неясны. Открытие сегментированных вирусов, кодирующих флави-подобные белки, позволило выделить группу вирусов условно названную *Jingmenviruses* [2]. На данный момент в группу входят вирусы: *Jingmen tick virus*, *Toxosara canis larva agent*, *Mogiana-tick virus*, *Charvil Virus*, *Guaico Culex virus*, *Wuhan aphid virus 1,2*, *Wuhan cricket virus*, *Wuhan flea virus*, *Shuangao insect virus 7*. Геном данных вирусов представлен 4-5 сегментами (+)РНК. Сегменты 1 и 3 кодируют белки, имеющие сходство с неструктурными белками NS5 (полимераза) и NS2b-NS3 (хеликаза-протеаза) флавивирусов соответственно, остальные сегменты не имеют известных гомологов и по данным литературы кодируют структурные белки [2].

Целью данной работы является поиск вирусов группы *Jingmenviruses*, циркулирующих в популяции клещей на территории Российской Федерации.

В работе использована ОТ-ПЦР тест-система, амплифицирующая участок NS5 генома флавивирусов длиной 252 пн [1]. Нами обследованы суспензии клещей, собранных в республике Тыва, Ульяновской, Челябинской и Астраханской областях. Всего обследовано 2605 клещей (*Dermacentor*, *Ixodes*, *Hyalomma*, *Rhipicephalus*), объединенных в 392 пула. Для всех положительных образцов определены нуклеотидные последовательности ампликонов, полученных в ОТ-ПЦР.

В результате обнаружено 8 положительных пулов клещей *Ixodes persulcatus*, собранных в Челябинской области в 2014, 1 положительный пул клещей *Dermacentor nuttalli*, собранных в республике Тыва в 2014, и 1 положительный пул клещей *Hyalomma marginatum*, собранных в Астраханской области в 2017. На нуклеотидном уровне полученные последовательности фрагмента гена полимеразы продемонстрировали наибольшее сходство с соответствующим участком гена белка NS5 вируса *Jingmen tick*.

### Источники и литература

- 1) Scaramozzino N., Crance J., Jouan A. et al. Comparison of flavivirus universal primer pairs and development of a rapid, highly sensitive heminested reverse transcription-PCR assay for detection of flaviviruses targeted to a conserved region of the NS5 gene sequences // J. Clin. Microbiol. 2001. Vol. 39. No. 5. P. 1922 – 1927.

- 2) Shi M., Lin X.D., Vasilakis N. et al. Divergent viruses discovered in arthropods and vertebrates revise the evolutionary history of the Flaviviridae and related viruses // J. Virol. 2016. Vol. 90. P. 659–669.