

## Выявление флавивирусов в популяции комаров на территории РФ

Научный руководитель – Климентов Александр Сергеевич

*Полиенко Александра Евгеньевна*

*Студент (магистр)*

Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологии имени  
К.И.Скрябина, Москва, Россия  
*E-mail: polienko.ae@yandex.ru*

Род *Flavivirus* принадлежит семейству *Flaviviridae*, которое объединяет оболочечные вирусы с несегментированным позитивным РНК-геномом.

Для большинства флавивирусов установлен трансмиссивный механизм передачи. Вирусы группируются по вектору переноса: арбовирусы, переносимые комарами, переносимые клещами и вирусы с неизвестным вектором. Недавно выделена группа флавивирусов, специфичная для насекомых - «классические» Insect-Specific (ISF), для которых не установлен позвоночный-хозяин, и сформирована группа ISF с «двойным хозяином», филогенетически близкая к классическим арбовирусам, переносимым комарами, что свидетельствует о возможной утрате этими вирусами позвоночного-хозяина.

Целью данной работы было изучение флавивирусов, циркулирующих в популяции комаров на территории РФ.

В работе использована ОТ-ПЦР тест-система, разработанная Scaramozzino и соавт. [2]. Нами были обследованы суспензии комаров, собранных в республиках Карелия, Тыва, Адыгея, в Челябинской и Архангельской областях и г. Санкт-Петербург. Всего было обследовано 5510 комаров (*Aedes*, *Anopheles*, *Culex*, *Culiseta*, *Ochlerotatus*), объединенных в 484 пула. Были детектированы по одному положительному пулу комаров, собранных в республике Карелия и г. Санкт-Петербург.

Последовательности флавивирусной РНК, обнаруженной в комарах *Aedes communis* из республики Карелия, присвоено название Kondopoga. На основании филогенетического анализа сделан вывод о её принадлежности к группе классических ISF.

В имаго комаров *Aedes cinereus*, собранных в г. Санкт-Петербург, был обнаружен вирус Lammi, который ранее был выделен в Финляндии [1]. Сбор насекомых в г. Санкт-Петербург проводили в фазе личинки. Это указывает на возможность трансфазной передачи этого вируса.

В отличие от описанного в литературе вируса Lammi, выделенный нами штамм показал низкий уровень репродукции в клетках комаров C6/36 при разных температурных режимах и не оказывал ЦПД на клетки.

Нами определены фрагменты последовательности генома вируса Lammi, кодирующие белки С, РгМ, Е, NS4А и фрагменты белков NS1, NS3, NS4В и NS5 суммарно около 4975 нт. При сравнении с опубликованными последовательностями в базах NCBI 2 несинонимические замены были найдены в структурном белке Е и неструктурном NS3.

В опыте на лабораторных мышах было показано, что инфицирование животных вирусом Lammi оказывает частичную защиту от гибели при последующем введении вируса клещевого энцефалита.

### Источники и литература

- 1) Huhtamo E., Putkuri N., Kurkela S., Manni T., Vaheri A., Vapalahti O., Uzcátegui N. Characterization of a novel flavivirus from in Northern Europe that is related to mosquito-borne flaviviruses of the tropics // J. Virol. 2009. V. 83. No. 18. P. 9532-9540.

- 2) Scaramozzino N., Crance J., Jouan A., DeBriel D., Stoll F., Garin D. 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. V. 39 No. 5. P. 1922-1227.