

Выделение вирусов гриппа от диких птиц и сравнение интенсивности реассортации у вирусов уток и чаек

Научный руководитель – Гамбарян Александра Сергеевна

Постникова Ю.Н.¹, Трещалина А.А.²

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра вирусологии, Москва, Россия, *E-mail: postni-yulya@ya.ru*; 2 - Московский педагогический государственный университет, Москва, Россия, *E-mail:*

Narmoriel5991@gmail.com

Геном вируса гриппа А состоит из 8 сегментов одноцепочечной (-)РНК: 6ти генов внутренних белков и двух генов поверхностных белков - гемагглютинина и нейраминидазы. Генетическая вариабельность вируса обусловлена сегментированностью его генома. Механизмами изменчивости являются мутации и реассортация генов, которая может происходить в случаях, когда клетка оказывается зараженной разными вирусами гриппа. Перемешивание генов вирусов птичьего гриппа происходит при перекрестном заражении в местах массового скопления птиц. В диких утках (первичных хозяевах вирусов гриппа) за счёт реассортаций происходит непрерывное перемешивание всех 8-ми сегментов генома. У утиных вирусов невозможно отследить эволюционные ветви геномов, вирус циркулирует в них в виде большого пула функционально эквивалентных и часто взаимозаменяемых сегментов генома, которые образуют временные группировки, без сильного селективного давления на сохранение данной композиции [1]. Осенний перелет уток может являться одной из причин интенсивного перемешивания их генов. Утки могут заражаться последовательно несколькими вариантами вирусов гриппа, и интенсивно выделять их с фекалиями. Так что каждый занесённый вирус мультиплицируется и интенсивно заражает других уток. При этом, происходят множественные заражения и идет реассортация[2]. У чаек размножение вируса происходит среди птенцов в гнездовых колониях. Один занесённый вариант вируса вызывает эпидемию, заражая множество птенцов. В соседних колониях может происходить вспышка другого варианта вируса. Иногда происходит занос вируса из одной колонии в другую и тогда появляются *mix*-изоляты и реассортанты. Давление естественного отбора также влияет на интенсивность реассортации. Целью данной работы было проанализировать интенсивность реассортации вирусов гриппа уток по сравнению с вирусами гриппа чаек. С 2006 по 2020 года на осеннем пролёте в Москве были выделены 37 вирусов гриппа уток и один вирус чайки. Выборка вирусов была расширена за счёт вирусов гриппа уток и чаек, изолированных в те же годы в Нидерландах (Так как осенью утки в Москву прилетают в основном из Скандинавии, Нидерландские вирусы эволюционно близки Московским). Были построены эволюционные деревья внутренних генов московских и нидерландских вирусов уток и чаек. Было показано, что у вирусов уток разнообразие геномов очень велико - доля совпадающих по кладовой принадлежности всех генов вирусов составляет менее 20%. В то же время у вирусов чаек эта величина составила 80% для вирусов субтипа H13 и 53% для вирусов субтипа H16.

Источники и литература

- 1) Dugan, V.G., Chen, R., Spiro, D.J., Sengamalay, N., Zaborsky, J., Ghedin, E., Nolting, J., Swayne, D.E., Runstadler, J.A., Happ, G.M., et al. (2008). The evolutionary genetics and emergence of avian influenza viruses in wild birds. PLoS Pathog. 4, e1000076

- 2) Wille M, Tolf C, Avril A, Latorre-Margalef N, Wallerström S, Olsen B, Waldenström J (2013) Frequency and patterns of reassortment in natural influenza A virus infection in a reservoir host. *Virology* 443(1):150–160