Разработка тест-систем для детекции антител к вирусу Alongshan группы Jingmenvirus

Научный руководитель – Шишова Анна Андреевна

Бондаренко Екатерина Владимировна

Acпирант

Федеральный научный центр исследований и разработки иммунобиологических препаратов им. М.П. Чумакова РАН, Москва, Россия $E\text{-}mail: katebondlie@qmail.com}$

Одним из важнейших аспектов вирусологии является исследование многообразия организаций вирусных геномов и стратегий их репликации. В последние годы, благодаря развитию метагеномики, удалось открыть большое количество новых вирусов. Особое место среди новооткрытых вирусов занимает группа, названная Jingmenvirus, которая имеет родство с родом *Flavivirus*.

Геном представителей рода Flavivirus (семейства Flaviviridae) представлен одним сегментом одноцепочечной РНК положительной полярности (оцРНК(+)). Флавивирусы инфицируют позвоночных и беспозвоночных животных. К этому роду принадлежат такие важные патогены человека, как вирус Денге, вирус желтой лихорадки, вирус Западного Нила, вирус клещевого энцефалита и вирус японского энцефалита.

В отличие от классических флавивирусов, джингменвирусы имеют сегментированный оцPHK(+) геном. Четыре сегмента генома данных вирусов кодируют 7 белков. Белки NSP1 и NSP2, кодируемые первым и третьим сегментом, гомологичны NS2b-NS3 и NS5 белкам рода Flavivirus соответственно. Белки второго и четвёртого сегментов - VP1a, VP1b, NuC и VP3 - не имеют известных гомологов и предположительно являются структурными.

Представители группы Jingmenvirus имеют широкое географическое распространение, а также широкий спектр хозяев. Наиболее изучаемыми представителями группы Jingmenvirus ягляются вирусы: Jingmen tick, Alongshan и Yanggou. На территории Российской Федерации вирусы Alongshan и Yanggou были детекрированы в различных видах клещей в Республиках Карелия и Тыва, Челябинской области и близ города Астрахань. Предположительно, что вирусы Alongshan и Jingmen tick могут вызывать инфекцию у людей, схожую по симптомам с клещевым энцефалитом.

В данный момент отсутствуют эффективные системы для детекции антител к вирусам. В связи с этим в данной работе была поставлена цель:

Разработка тест-системы, способной детектировать антитела к вирусу Alongshan в различных организмах и оценка патогенетического потенциала данных вирусов.

Нами были успешно собраны генно-инженерные конструкции на основе плазмид pQE-30 и pQE-32, кодирующие участки белка VP3 и полноразмерный белок VP2. В связи с тем, что белок VP3 является мембранным, и в нем было предсказано большое число гидрофобных участков, мы предположили, что экспрессия и очистка этого белка могут быть затруднены. Поэтому для сбора генно-инженерной конструкции были выбраны гидрофильные фрагменты белка VP3. Соответствие вставок целевым последовательностям было подтверждено секвенированием.

Полученный рекомбинантный участок белка VP3 (244-389 ак.) был использован в качестве антигена в иммуноферментном анализе. В мышиных гипериммунизорованных сыворотках вирусом Alongshan были выявлены антитела. Это позволяет нам использовать гидрофильный участок белка VP3 для детекции антител против вируса Alongshan в сыворотках.

Источники и литература

- 1) Dincer E., Hacioglu S., Kar S. et. al. Survey and Characterization of Jingmen Tick Virus Variants // Viruses 11, 1071. 2019
- 2) Kholodilov I.V., Litov A.G., Klimentov A.S. et al. Isolation and Characterisation of Alongshan Virus in Russia // Viruses 12(4). 2020
- 3) Kuivanen S., Levanov L., Kareinen L. et al. Detection of novel tick-borne pathogen, Alongshan virus, in Ixodes ricinus ticks, south-eastern Finland // Eurosurveillance. 2019