

**Выявление новых вирусов грызунов, распространённых в эндемичных по  
ГЛПС районах**

**Научный руководитель – Альховский Сергей Владимирович**

**Булычева Юлия Игоревна**

*Студент (магистр)*

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

Грызуны являются природным резервуаром возбудителей многих зоонозных инфекций человека, включая геморрагическую лихорадку с почечным синдромом (ГЛПС). Грызуны также являются носителями множества РНК-содержащих вирусов, значение которых в патологии человека остается неизученным. Ранее при обследовании очагов ГЛПС на территории Башкирии и Белоруссии из почек рыжих полёвок (*Myodes glareolus*) были изолированы два новых неклассифицированных вируса, вирус рыжих полёвок (ВРП) и Олтуш, соответственно [1, 2]. Один из них, ВРП, был классифицирован как новый вид в составе семейства *Paramyxoviridae* [3]. Вирус Олтуш оставался неклассифицированным. Изучение новых РНК-вирусов грызунов, которые, к тому же, обладают схожими с хантавирусами экологическими особенностями, является актуальной фундаментальной и практической задачей.

Целью настоящей работы было определить молекулярно-генетические характеристики новых вирусов грызунов и их распространённость в активных очагах ГЛПС в разных регионах России. Для достижения поставленной цели нами проведено полногеномное секвенирование ранее неклассифицированного вируса Олтуш, а также разработаны ПЦР тест-системы для выявления генома новых парамиксовирусов в полевых образцах.

По результатам генетического анализа нами показано, что вирус Олтуш принадлежит к роду *Parechovirus* (семейство *Picornaviridae*), и имеет наибольшую схожесть (82% н. о. при сравнении полных геномов) с вирусом Юнган, выделенным из органов рыжих полёвок в Швеции [4].

На основе сравнительного анализа геномов вируса РПВ и близкородственных ему парамиксовирусов нами были подобраны вырожденные праймеры для детекции этой группы вирусов в биологических образцах. Разработанная тест-система содержит две пары праймеров для амплификации фрагмента гена N с использованием гнездовой ПЦР.

С использованием разработанной ПЦР тест-системы проанализированы образцы от рыжих полёвок, отловленных в очагах ГЛПС в Воронежской (74 пробы) и Ульяновской (95 проб) областях. Парамиксовирусы были обнаружены в четырёх образцах: два из Ульяновской, два из Воронежской областей. Полученные фрагменты были секвенированы. Результаты сравнительного генетического анализа показали, что обнаруженные вирусы имеют около 90% н.о. схожести по гену N с ВРП.

Заключение. По результатам работы вирус Олтуш классифицирован как новый представитель рода *Parechovirus* (*Picornaviridae*). Показано, что в очагах ГЛПС в Воронежской и Ульяновской областях циркулирует гетерогенная популяция парамиксовирусов грызунов. К парамиксовирусам и парэховирусам принадлежат многие патогены человека и животных. Необходимы дальнейшие исследования возможной роли новых парамиксовирусов и парэховирусов грызунов инфекционной патологии человека.

**Источники и литература**

- 1) Бутенко А. М. Выделение вирусных агентов из почек рыжих полёвок, отловленных в очаге ГЛПС. // Родин В. И., Башкирцев В. Н. Вопросы медицинской вирусологии, тезисы конференции 21-23 октября 1975 г, Москва, 1975.
- 2) Вотяков В. И. Выделение вируса “Олтуш” в Белорусском полесье. // Воинов И. Н., Самойлова Т. И., Григорьев А. И. Экология вирусов, III том, М, 1975, стр 82-84.
- 3) Alkhovsky S. Genetic characterization of bank vole virus (BaVV), a new paramyxovirus isolated from kidneys of bank voles in Russia. // Butenko A. , Eremyan A., Shchetinin A., Arch Virol. 2018 Mar;163(3):755-759.
- 4) Lindberg A. M. Phylogenetic analysis of Ljungan virus and A-2 plaque virus, new members of the Picornaviridae. // Johansson S. Virus Res. 2002 Apr 23;85(1):61-70.