

DOI: 10.25205/978-5-4437-1843-9-188

**НОВЫЕ КРИТЕРИИ ВИДА ДЛЯ АСТРОВИРУСОВ МЛЕКОПИТАЮЩИХ:
ОПИСАТЕЛЬНЫЕ (РАЗЛИЧИЕ ГЕНОМОВ) И ФУНКЦИОНАЛЬНЫЕ
(РЕПРОДУКТИВНЫЙ БАРЬЕР)^{*}**

**NEW SPECIES CRITERIA FOR MAMMALIAN ASTROVIRUSES:
DESCRIPTIVE (GENOME DIFFERENCES) AND FUNCTIONAL (REPRODUCTIVE BARRIER)**

Ю. А. Алешина^{1,2}, А. Н. Лукашев^{1,3}

¹*Институт медицинской паразитологии, тропических и трансмиссивных заболеваний им. Е. И. Марциновского Сеченовского университета, Москва*

²*Московский государственный университет им. М. В. Ломоносова*

³*НИИ системной биологии и медицины, Москва*

Y.A. Aleshina^{1,2}, A.N. Lukashev^{1,3}

¹*Martsinovsky Institute of Medical Parasitology, Tropical and Vector-Borne Diseases, Sechenov University, Moscow*

²*Lomonosov Moscow State University*

³*Scientific Research Institute of Systems Biology and Medicine, Moscow*

✉ vjulia94@gmail.com

Аннотация

В настоящей работе предложены новые критерии вида для астровирусов млекопитающих (род *Mamastrovirus*) на основе анализа всех доступных последовательностей геномов: сходство по последовательности ORF1b (РНК-зависимая РНК-полимераза); согласованность группирования на филогенетических деревьях, построенных по участкам генома ORF1b и ORF2; основной хозяин вируса.

Abstract

New species criteria for mammalian astroviruses (genus *Mamastrovirus*) are suggested based on the analysis of all available genome sequences: similarity in the ORF1b (RNA-dependent RNA polymerase) sequence, consistency of grouping on phylogenetic trees constructed for ORF1b (polymerase) and ORF2 (capsid) genome regions, and the major virus host.

Астровирусы — это группа небольших безоболочечных вирусов с РНК-геномом положительной полярности относительно мРНК, заражающих млекопитающих и птиц. В семействе выделяют два рода — *Mamastrovirus* и *Avastrovirus*, вирусы которых заражают птиц и млекопитающих соответственно. На основе сходства более 75 % в аминокислотной последовательности (p-distance) открытой рамки считывания ORF2, кодирующй белки капсиды, выделяют 19 видов астровирусов млекопитающих и три вида астровирусов птиц [1–3]. В последние годы были отсеквированы сотни последовательностей новых астровирусов млекопитающих, при этом более половины новых вирусов не могут быть отнесены к существующим видам рода *Mamastrovirus*. При этом анализ распределения попарных расстояний всех последовательностей ORF2 астровирусов млекопитающих, доступных в NCBI Nucleotide ($N = 894$), показал, что принятый порог сходства не позволяет разделить некоторые принятые виды астровирусов млекопитающих (*Mamastrovirus 1 / Mamastrovirus hominis* и *Mamastrovirus 2 / Mamastrovirus felis*) и не может быть использован для классификации новых последовательностей вирусов, выделенных из крупного рогатого скота и свиней. Также в связи с высокой вариабельностью этого участка генома построение качественного множественного выравнивания, отражающего эволюцию последовательностей, на уровне рода *Mamastrovirus* затруднительно.

Для того чтобы выявить механизмы, обеспечивающие генетическое разнообразие астровирусов, которые могли бы поддерживать разделение астровирусов на виды, был проведен систематический анализ полногеномных последовательностей астровирусов ($N = 478$). Анализ распределения расстояний в других участках генома астровирусов выявил, что порог в 17 % различий в нуклеотидной последовательности ORF1b (РНК-зависимая РНК-полимераза) позволяет разделить принятые виды и выделить несколько групп среди неклассифицированных астровирусов — предполагаемых видов. Группы неклассифицированных вирусов образовывали хорошо поддержанные клады (ультрабыстрый бутстреп > 90 %) на филогенетических деревьях, построенных по ORF1a, ORF2 и ORF2, и согласовывались с хозяевами вирусов. С помощью алгоритмов детекции единичных

^{*} Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 22-15-00230-П).

© Ю. А. Алешина, А. Н. Лукашев, 2025

событий рекомбинации, реализованных в программе RDP4, был проведен анализ рекомбинации на уровне рода *Mamastrovirus*. Точки разрыва рекомбинации были детектированы практически во всех участках генома, однако можно выделить три горячие точки рекомбинации: чаще всего рекомбинация встречалась на стыке ORF1b (РНК-зависимая РНК-полимераза) / ORF2 (белки капсида), реже — на 3'-конце ORF1a и на стыке ORF1a/ORF1b. При этом рекомбинация наблюдалась только между вирусами, принадлежащими одному виду — общепринятому или предполагаемому виду на основе нового дистанционного критерия, что говорит о репродуктивной изоляции между вирусами разных видов. Таким образом, порог в 17 % различий в нуклеотидной последовательности ORF1b обеспечивает лучшее соответствие между принятой на данный момент классификацией, репродуктивной изоляцией вирусов, которая выражается в филогенетическом группировании вирусов одного вида на деревьях, построенных по участкам, кодирующими капсидные белки и полимеразу, и хозяином вируса [4]. Предложение с введением новых критериев вида для астровирусов млекопитающих и выделением новых 8 видов было подано в международный комитет по таксономии вирусов ICTV.

Литература

1. Bosch A., Guix S., Krishna N. K. et al. Family—Astroviridae // Virus Taxonomy: Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses. Amsterdam, the Netherlands: Elsevier, 2012. P. 953–959.
2. Bosch A., Pintó R. M., Guix S. Human astroviruses // Clin. Microbiol. Rev. 2014. Vol. 27 (4). P. 1048–1074.
3. Donato C., Vijaykrishna, D. The broad host range and genetic diversity of mammalian and avian astroviruses // Viruses. 2017. Vol. 9 (5). P. 1–18.
4. Aleshina Y., Lukashev A. Mamastrovirus species are shaped by recombination and can be reliably distinguished in ORF1b genome region // Virus Evol. 2025. Vol. 11 (1). veaf006.