

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<sup>1,2</sup>, А. Н. Лукашев<sup>1,3</sup><sup>1</sup>Институт медицинской паразитологии, тропических и трансмиссивных заболеваний  
им. Е. И. Марциновского Сеченовского университета, Москва<sup>2</sup>Московский государственный университет им. М. В. Ломоносова<sup>3</sup>НИИ системной биологии и медицины, МоскваY. A. Aleshina<sup>1,2</sup>, A. N. Lukashev<sup>1,3</sup><sup>1</sup>Martsinovsky Institute of Medical Parasitology, Tropical and Vector-Borne Diseases, Sechenov University, Moscow<sup>2</sup>Lomonosov Moscow State University<sup>3</sup>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, кодирующей белки капсида, выделяют 19 видов астровирусов млекопитающих и три вида астровирусов птиц [1–3]. В последние годы были отсебенированы 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 качественно 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 поддерживаемые 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, кодирующим 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.