

DOI: 10.25205/978-5-4437-1843-9-199

ПЕРВЫЙ СЛУЧАЙ ОБНАРУЖЕНИЯ *ORTHOHANTAVIRUS DOBRAVAENSE*
В ПРИВОЛЖСКОМ ФЕДЕРАЛЬНОМ ОКРУГЕ*

THE FIRST FINDING OF *ORTHOHANTAVIRUS DOBRAVAENSE*
IN VOLGA FEDERAL DISTRICT

П. И. Елбоева, Т. Р. Насыров, Ю. Н. Давидюк, Э. Кабве

Казанский (Приволжский) федеральный университет

P. I. Elboeva, T. R. Nasyrov, Y. N. Davidyuk, E. Kabwe

Kazan Federal University

✉ polinaelboeva@mail.ru

Аннотация

Orthohantavirus dobravaense (DOBV) является одним из возбудителей геморрагической лихорадки с почечным синдромом в европейской части России. Нами впервые на территории Приволжского федерального округа (в Ульяновской области) был выявлен штамм DOBV. По результатам проведенной молекулярно-генетической идентификации секвенированных участков S- и M-сегментов генома и филогенетического анализа выявленный штамм относится к сублинии *Kurkino*.

Abstract

Orthohantavirus dobravaense (DOBV) is one of the causative agents of hemorrhagic fever with renal syndrome in the European part of Russia. For the first time in the Volga Federal District (Ulyanovsk Region), we identified a DOBV strain. Based on molecular genetic identification of the sequenced fragments of the S and M genome segments and subsequent phylogenetic analysis, the detected strain was assigned to the *Kurkino* sublineage.

Введение

Ряд вирусов рода *Orthohantavirus* является зоонозными патогенами — возбудителями геморрагической лихорадки с почечным синдромом (ГЛПС). Геном ортохантавирусов представлен трехсегментной одноцепочечной РНК негативной полярности. S-сегмент кодирует нуклеокапсидный белок (N-белок), M-сегмент — предшественника гликопротеинов (GPC), а L-сегмент — РНК-зависимую РНК-полимеразу [1].

Orthohantavirus dobravaense (DOBV) — высокопатогенный представитель рода, вызывающий форму ГЛПС, характеризующуюся более тяжелым течением и высокой летальностью до 12 % по сравнению с ГЛПС, вызванной *Orthohantavirus puumalaense* (PUUV). У DOBV различают три генетические линии: *Belgrade*, *Sochi* и *Kurkino*. Для каждой линии существует специфичный резервуарный хозяин: *Apodemus flavicollis* для линии *Belgrade*, *A. ponticus* — для *Sochi* и *A. agrarius* — для *Kurkino* [2]. В настоящее время информация о распределении генетических вариантов DOBV на территории Приволжского федерального округа (ПФО) отсутствует. Поэтому целью исследования было выявление штаммов DOBV, циркулирующих на территории ПФО.

Материалы и методы

Общую РНК выделяли из образцов легочной ткани грызунов из популяций 12 субъектов РФ и проводили скрининг на наличие DOBV методом ОТ-ПЦР в реальном времени. Для ПЦР-положительных образцов синтезировали кДНК, амплифицировали участки S- и M-сегментов генома методом ПЦР и продукты амплификации секвенировали по Сэнгеру. Выравнивание нуклеотидных последовательностей (НП) и филогенетический анализ выполняли в программе MEGA6 [3]. В качестве референсных использовали штаммы DOBV из ряда европейских стран, НП геномов которых размещены в базе данных GenBank. В качестве внешней группы использовался *Orthohantavirus hantanense* (HNTV).

По результатам скрининга исследованных образцов ортохантавирусная РНК была обнаружена в 3 из 564 образцов. Для одного образца из Чердаклинского района Ульяновской области (УО) были получены последовательности S-сегмента длиной 629 нуклеотидов и M-сегмента длиной 441 нуклеотид. Сравнительный анализ выявил наибольшую гомологию с референсными штаммами линии *Kurkino* из Липецкой области (ЛО), разница в НП составила 6,7 % для S-сегмента и 8,5 % для M-сегмента. Разница в аминокислотных последовательностях (АП) N-белка и GPC находилась в диапазоне 0–0,5 и 1,4–2,1 % соответственно. При сравнении с референсными штам-

* Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 25-24-00186).

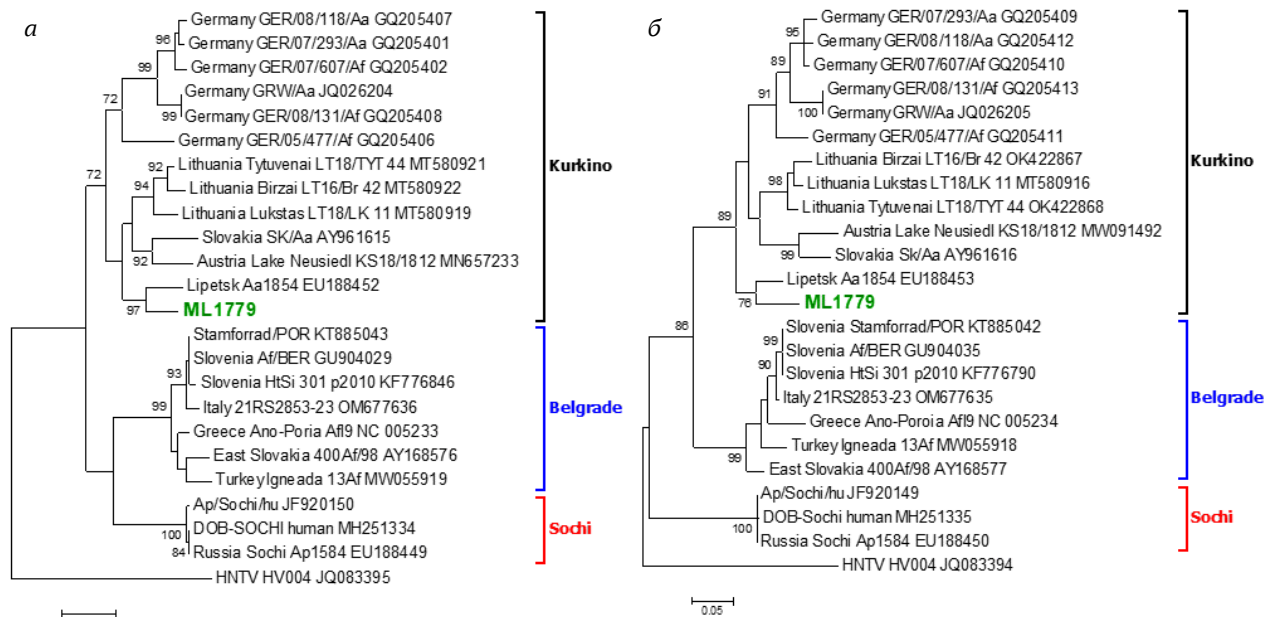
© П. И. Елбоева, Т. Р. Насыров, Ю. Н. Давидюк, Э. Кабве, 2025

мами линий *Sochi* и *Belgrade* значения различий для S-сегмента находились в интервале 15,2–17,3 и 14,2–17,3 %, для М-сегмента — 24,0–24,4 и 12,5–19,6 % соответственно (см. таблицу).

Разница в НП и АП между выявленным и референсными штаммами DOBV, %

Область генома / белок	<i>Sochi</i>	<i>Belgrade</i>	<i>Kurkino</i>
S-сегмент	15,2–17,3	14,2–17,3	6,7–13,2
N-белок	1,5	1,5–2,1	0,0–1,0
М-сегмент	24,0–24,4	12,5–19,6	8,5–17,2
GPC-полипротеин	6,3–7,0	1,4–7,0	0,07–2,8

Филогенетические деревья, построенные для участков S- и М-сегментов, характеризуются схожей топологией (см. рисунок). Штамм ML1779 образует единую субкладу со штаммом из ЛО, относящимся к линии *Kurkino*. Поэтому выявленный штамм можно идентифицировать как DOBV линии *Kurkino*.



Филогенетические деревья, построенные методом Maximum Likelihood для участков генома DOBV:
а — S-сегмента; б — М-сегмента. Значения бутстрепов ниже 70 не показаны

Ранее в соседнем Мелекесском районе УО были выявлены штаммы PUUV [1]. Таким образом, на территории области коциркулируют два вида ортохантавирусов. Ранее был описан подобный случай коциркуляции ортохантавирусов в Башкирии [4].

Нужно отметить, что выявленный нами штамм сублинии *Kurkino* впервые в РФ был выделен из *A. flavicollis*, тогда как обнаруженные ранее штаммы *Kurkino* ассоциированы с *A. agrarius*. В то же время *A. flavicollis* является природным резервуаром для DOBV линии *Belgrade*. Таким образом, можно сделать вывод, что *A. flavicollis* способен быть носителем двух генетических линий вируса.

Литература

1. Kabwe E., Al Sheikh W. et al. Analysis of Puumala orthohantavirus Genome Variants Identified in the Territories of Volga Federal District // Tropical Med. Infectious Disease. 2022. Vol. 7. P. 46.
2. Papa A. Dobrava-Belgrade virus: phylogeny, epidemiology, disease // Antiviral Res. 2012. Vol. 95, No. 2. P. 104–117.
3. Tamura K., Stecher G. et al. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0 // Mol. Biol. Evol. 2013. Vol. 30, No. 12. P. 2725–2729.
4. Мочалкин П. А., Акимкин В. Г. и др. Сочетанная циркуляция хантавирусов Пуумала, Тула, Сивис на территории Республики Башкортостан // Проблемы особо опасных инфекций. 2024. № 2. С. 140–147.