

- E. et al. Severe acute bovine viral diarrhea in Ontario, 1993–1995. Journal of veterinary diagnostic investigation. 1998; 10(1): 27–35.
17. Corapi W.V., Elliott R.D., French T.W., Arthur D.G., Bezek D.M., Dubovi E.J. Thrombocytopenia and hemorrhages in veal calves infected with bovine viral diarrhea virus. Journal of the American Veterinary Medical Association. 1990; 196(4): 590–6.
18. Granger L.M., ed. Beef 2007–2008. Prevalence and Control of Bovine Viral Diarrhea Virus on U. S. Calf Operations. USA: USDA Press; 2008.
19. Lindberg A., Groenendaal H., Alenius S., Emanuelson U. Validation of a test for dams carrying foetuses persistently infected with bovine viral diarrhoea virus based on determination of antibody levels in late pregnancy. Preventive veterinary medicine. 2001; 51(3–4): 199–214.
20. McClurkin A.W., Littlejohn E.T., Cutlip R.C., Frank G.H., Coria M.F., Bolin S.R. Production of cattle immunotolerant to bovine viral diarrhoea virus. Canadian journal of comparative medicine. 1984; 48(2): 156–61.
21. Olafson P., MacCallum A.D., Fox F.H. An apparently new transmissible disease of cattle. The Cornell Veterinarian. 1946; 36: 205–13.
22. Position Paper “EU Thematic Network on Control Bovine Viral Diarrhoea, BVDV Control, QRLT–2001–01573”. Available at: <http://www.af-bini.gov.uk/chs-thematic-network-position-paper-on-bvd-control.pdf>
23. Wittum T.E., Grotelueschen D.M., Brock K.V., Kvasnicka W.G., Floyd J.G., Kelling C.L. et al. Persistent bovine viral diarrhoea virus infection in US beef herds. Preventive veterinary medicine. 2001; 49(1–2): 83–94.

Поступила 21.03.13

ОРИГИНАЛЬНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ

© КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2013

УДК 578.82/83:578.52

С.В. Альховский, Д.К. Львов, М.Ю. Щелканов, А.М. Щетинин, П.Г. Дерябин, А.Г. Ботиков, А.К. Гительман, Е.И. Самохвалов

Генетическая характеристика нового вируса Командоры (KOMV – Komandory virus; *Bunyaviridae*, *Phlebovirus*), изолированного из клещей *Ixodes uriae* (*Acari: ixodidae*), собранных в гнездовьях кайр (*Uria aalge*) на Командорских островах в Беринговом море

ФГБУ «НИИ вирусологии им. Д.И. Ивановского» Минздрава России, 123098, Москва

В настоящей работе проведено частичное секвенирование ранее не идентифицированного вируса, получившего название «Командоры» (Komandory – KOMV, от англ. Komandorski islands), изолированного на Командорских островах из клещей *Ixodes uriae* в 1986 г. На основании молекулярно-генетического и филогенетического анализа последовательностей белков KOMV установлено, что KOMV является новым вирусом группы Укуниими (UUKV) рода *Phlebovirus* (сем. *Bunyaviridae*). Уровень идентичности последовательности белка нуклеокапсида (N) KOMV составляет в среднем 30–40% с москитными флебовирусами и 43% с вирусами группы UUKV. Наиболее высоким уровнем (65%) идентичности белок N KOMV обладает с вирусом Манавы. Гликопротеин (G) KOMV обладает от 45 до 59% идентичности с вирусами группы UUKV. Идентичность RdRp KOMV с MWAV достигает 74%. С другими вирусами группы UUKV данное значение составляет в среднем 63%.

Ключевые слова: буньявирусы; флебовирусы; арбовирусы; вирус Укуниими; иксодовые клещи; полногеномное секвенирование.

Genetic characterization of new Komandory virus (KOMV; *Bunyaviridae*, *Phlebovirus*) isolated from the ticks *Ixodes uriae*, collected in guillemot (*Uria aalge*) nesting sites on Komandorski islands, the Bering sea

S. V. Alkhovsky, D. K. Lvov, M. Yu. Shchelkanov, A. M. Shchetinin, P. G. Deryabin, A. G. Botikov, A. K. Gitelman, E. I. Samokhvalov

D.I. Ivanovsky Institute of Virology, Ministry of Health of the Russian Federation, Moscow, Russia

Unclassified virus named Komandory virus (KOMV) isolated in Komandorski islands from the ticks *Ixodes uriae* in 1986 was partially sequenced. The KOMV nucleocapsid (N) protein sequence shows 30–40% identity level with the mosquito-borne phleboviruses and 43% with the Uukuniemi virus (UUKV) group (*Phlebovirus*, *Bunyaviridae*). The maximum identity (65%) for the KOMV N protein is observed for the Manawa virus. The KOMV glycoprotein identity with the UUKV group viruses ranges from 45% to 59%. The KOMV RdRp identity with the Manawa virus reaches 74%, while showing 63% level at average with the other UUKV group viruses. According to the results of molecular-genetic and phylogenetic analysis, the KOMV is a new member of the UUKV group (*Phlebovirus*, *Bunyaviridae*).

Key words: *Bunyaviridae*; *Phlebovirus*; arbovirus; Uukuniemi virus; ixodes ticks; next-generation sequencing.

Контактная информация:

Альховский Сергей Владимирович; e-mail: salkh@ya.ru

Введение

Командорские острова (54°30' с.ш. 166°20' в.д.) в Беринговом море включили в зондирование территории Дальнего Востока на вирусные природные очаги, исходя из следующих предпосылок: 1) ареал адаптированных к иксодидным клещам вирусов совпадает с ареалом клещей; 2) на севере умеренного климатического пояса и в Субарктике роль основного резервуара играют облигатные паразиты колониальных чистиковых птиц (*Alcidae*) клещи *Ixodes (Ceraticoxodes) uriae* (в Южном полушарии клещи *I. uriae* паразитируют в колониях пингвинов (*Spheniscidae*)); 3) происхождение арбовирусов, связанных с *I. uriae*, относится к периоду плиоценовой трансгрессии, когда установилась прямая связь Атлантики с Полярным бассейном. Ранее была показана возможность выплеска вирусных популяций в летнее время на материк с включением в циркуляцию вирусов комаров. Это показано и в атлантической (вирус Залив Терпения – ZTV) и тихоокеанской (вирус Тюлений – TUV) частях ареала *I. uriae* [1–4].

На Командорских островах, расположенных на границе умеренного и субарктического климатических поясов, имеются огромные по численности колонии чистиковых птиц, прежде всего кайр *Uria aalge*. Здесь из собранных в колониях клещей были изолированы вирусы сем. *Bunyaviridae*: Сахалин – SAHV, Парамушир – PARV (род *Nairovirus*), ZTV (род *Phlebovirus*); сем. *Flaviviridae*: TUV (род *Flavivirus*); сем. *Reoviridae*: Охотский – OHV (род *Orbivirus*), а также несколько неидентифицированных вирусов (табл. 1) [5–13]. В настоящей работе провели частичное секвенирование неидентифицированного вируса, получившего название «Командоры» (Komandory – KOMV, от англ. Komandorski islands), изолированного на Командорских островах из клещей *I. uriae* в 1986 г. На основании молекулярно-генетического и филогенетического анализа последовательностей белков KOMV установили, что KOMV является новым вирусом группы Укунии (UUKV) рода *Phlebovirus* (сем. *Bunyaviridae*).

Материалы и методы

Использованные вирусы и выделение РНК. Штамм неидентифицированного вируса LEIV-13856 был изолирован в 1986 г. и хранился в коллекции лаборатории экологии вирусов ФГБУ НИИ вирусологии им. Д.И. Ивановского Минздрава РФ в виде лиофилизированной мозговой суспензии. Восстановленной суспензией (0,2 мл) проводили интрацеребральное заражение новорожденных беспородных белых мышей. После развития симптомов поражения ЦНС (2–4-е сутки) мышей забивали в соответствии с правилами содержания и использования лабораторных животных, одобренных комиссией института по этике экспериментов с животными. Фрагменты мозга (около 50 мг) помещали в 350 мкл лизирующего буфера RLT (QIAGEN, Германия) и гомогенизировали в гомогенизаторе TissueLyser LT (QIAGEN, Германия). Далее РНК выделяли набором «RNeasy mini kit» (QIAGEN, Германия) на автоматической станции QIAcube (QIAGEN, Германия) в соответствии с инструкцией. Концентрацию РНК измеряли с использованием флуориметра Qubit (Invitrogen, США).

Подготовка библиотек и секвенирование. 100 нг тотальной РНК фрагментировали в 15 мкл реакционной смеси для обратной транскриптазы (50 mM трис-HCl (pH 8,3, температура 25°C), 50 mM KCl, 4 mM MgCl₂, 10 mM DTT, dNTP (1 mM каждого) и гексапраймер (0,2 мкг)) при 85°C в течение 5 мин, после чего помещали в лед. К фрагментированной РНК добавляли 200 ед. фермента RevertAid Premium (Thermo Scientific, США) и 20 ед.

ингибитора РНаз RNasin (Promega, США). Инкубировали при 25°C 10 мин, далее при 42°C 60 мин. Реакцию останавливали прогреванием при 70°C 10 мин. Синтез второй цепи кДНК проводили с использованием набора NEBNext® mRNA Second Strand Synthesis Module (NEB, США) в соответствии с инструкцией. Полученную дцДНК очищали, используя набор MinElute PCR Purification Kit (QIAGEN, Германия), на автоматической станции QIAcube.

Для получения ДНК-библиотек из дцДНК использовали набор TruSeq DNA Sample Prep Kits v2 (Illumina, США) в соответствии с инструкцией. Полученные библиотеки визуализировали на станции автоматического электрофореза «QIAxcel Advanced System» (QIAGEN, Германия). Измерение молярности полученных библиотек проводили методом полимеразно-цепной реакции в реальном времени (2x SsoFast EvaGreen Supermix (BioRad, США), прибор BioRad CFX1000) согласно рекомендациям, изложенным в руководстве «Sequencing Library qPCR Quantification Guide» (Illumina, США).

Секвенирование ДНК-библиотек осуществляли на приборе MiSeq (Illumina, США) с помощью набора MiSeq Reagent Kits V2 (300PE) в соответствии с инструкцией производителя.

Биоинформационный анализ. Обработку данных полногеномного секвенирования, сборку контигов и картирование ридов проводили, применяя программу CLC Genomics Workbench 5.5 (CLC bio, США). Предварительный поиск гомологичных последовательностей проводили с использованием сервиса BLASTX (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>). Для подбора праймеров, множественного выравнивания, анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей использовали пакет программ Lasergene Core Suite (DNASTAR, США). Выравнивание последовательностей осуществляли по алгоритму ClustalW. Филогенетический анализ и построение дендрограмм проводили с использованием программы MEGA5 [14].

Результаты и обсуждение

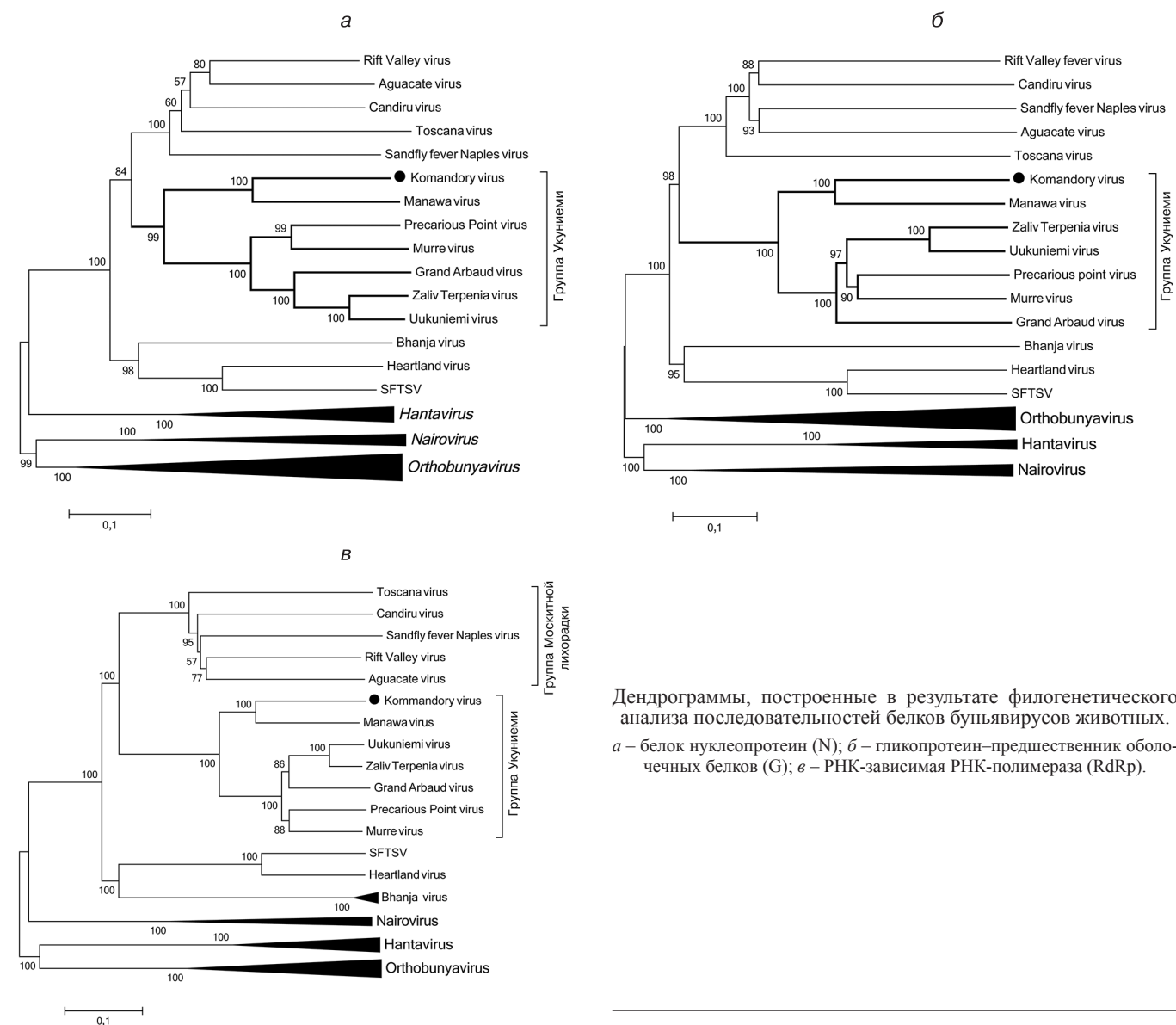
Секвенирование вирусных геномов de novo стало возможным с развитием технологий следующего поколения (полногеномное секвенирование, next-generation sequencing) [15–17]. Данный подход не требует предварительных данных об исследуемом материале, что позволяет описывать и классифицировать новые или неидентифицированные вирусы. Ранее нами показано, что при достаточном титре вируса в материале секвенирование вирусного генома можно проводить на матрице суммарной РНК без предварительной очистки и концентрирования вирионов [18, 19]. В полученном массиве геномных данных поиск вирусных последовательностей проводится биоинформационными методами.

Геном неидентифицированного вируса KOMV (штамм LEIV-13856) был частично секвенирован в составе ин-

Таблица 1

Изоляция вирусов из клещей *Ixodes uriae* в колонии кайр (*Uria aalge*) на Командорских островах

Вирус	Семейство	Род	Зараженность клещей
Тюлений (TULV)	Flaviviridae	Flavivirus	1:900
Залив Терпения (ZTV)		Phlebovirus	1:900
Сахалин (SAKHV)	Bunyaviridae	Nairovirus	1:4700
Парамушир (PARV)			1:19000
Охотский (OKHV)	Reoviridae	Orbiviridae	1:63000



Дендрограммы, построенные в результате филогенетического анализа последовательностей белков буньявирусов животных.
 а – белок нуклеопротеин (N); б – гликопротеин–предшественник оболочечных белков (G); в – РНК-зависимая РНК-полимераза (RdRp).

Таблица 2

Уровень (в %) идентичности белка нуклеокапсида у флебовирусов

Вирус	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Kommandory (KOMV)	1	65	43	43	43	43	44	29	32	31	41	39	38	35	36
Manawa	2		39	41	41	41	44	27	29	29	41	40	37	38	35
Murre	3			59	63	60	73	30	31	28	38	39	37	34	31
Grand_Arbaud	4				72	72	62	26	29	29	37	36	37	36	29
Uukuniemi	5					86	67	26	28	27	41	36	37	35	30
Zaliv_Terpenia_virus	6						65	25	27	28	40	35	38	36	28
Precarios Point	7							29	30	31	39	41	38	38	31
Bhanja	8								42	37	31	33	33	35	31
SFTSF	9									62	38	34	38	37	32
Heartland	10										32	35	36	34	33
Aguacate	11											57	62	50	47
Candiru	12												58	50	50
Rift Valley Fever	13													53	50
Sandfly Fever Sicilian	14														44
Toscana	15														

Примечание. Серым цветом выделены вирусы группы Укуниении.

дексированной ДНК-библиотеки, полученной из тотальной РНК, которая выделена из тканей мозга зараженных новорожденных мышей. В результате анализа данных полногеномного секвенирования с помощью сервиса BLASTX найдены последовательности, обладающие от 30 до 65% идентичности с последовательностями белков вирусов рода *Phlebovirus* сем. *Bunyaviridae*.

Геном флебовирусов представлен тремя сегментами (L, M и S) РНК отрицательной полярности, общей длиной 11–19 тыс. н. о. L-сегмент кодирует единственный белок – РНК-зависимую РНК-полимеразу (RdRp). M-сегмент кодирует два оболочечных гликопротеида (Gn и Gc), а также неструктурный белок Nsm (только у москитных флебовирусов). S-сегмент имеет амбиполярную структуру и кодирует 2 белка: белок нуклеокапсида (N) и неструктурный белок (NSs). Филогенетически флебовирусы делятся на две группы, которые соответствуют особенностям их экологии: передаваемые клещами (tick-borne; группа вируса Укуниими – UUKV) и передаваемые комарами (mosquito-born; группа вируса москитной лихорадки – SFV). Также клещевые и москитные флебовирусы обладают различной структурой M-сегмента [20, 21].

В результате секвенирования генома KOMV определены частичные последовательности всех трех сегментов. Полностью установлена последовательность белка нуклеокапсида (S-сегмент), а также частичные последовательности полипротеина G (два участка общей длиной 495 а.к.) (M-сегмент) и RdRp (фрагмент длиной 571 а.к.) (L-сегмент), что составляет около 60% генома KOMV.

Белок нуклеокапсида KOMV имеет размер, характерный для флебовирусов (257 а.к.). Результаты филогенетического анализа, проведенного на основе сравнения белка N буньявирусов (см. рисунок, а), позволяют отнести KOMV к группе Укуниими (UUKV). В группу UUKV входит не менее 16 вирусов, которые объединены в пять серотипов (видов) – UUKV, Мюррей (Murre virus – MURV), Манава (Manawa – MWAV), Прекариос поинт (Precarios point virus – PPV) и Гранд Арбод (Grand Arbaud – GAV) [21]. Уровень идентичности последовательности белка N KOMV составляет в среднем 30–40% с москитными флебовирусами и 43% с вирусами группы UUKV (табл. 2). Наиболее высоким уровнем (65%) идентичности белок N KOMV обладает с вирусом MWAV, изолированным из клещей *Argas abdussalami* в Пакистане [22, 23].

Доступные для анализа последовательности гликопротеина-предшественника (Gn/Gc) KOMV обладают от 45% (MURV) до 59% (MWAV) идентичности с вирусами группы UUKV. С москитными флебовирусами данное значение составляет 19–25%. На дендрограмме, построенной на основе сравнения последовательностей Gn/Gc буньявирусов, так же, как и при анализе белка N, KOMV группируется с вирусами группы UUKV (см. рисунок, б).

Максимальный уровень идентичности частичной последовательности RdRp KOMV составил 74% (MWAV). С другими вирусами группы UUKV данное значение составляет в среднем 63%. С москитными флебовирусами RdRp KOMV обладает 31–38% идентичности. Из дендрограммы, построенной на основе филогенетического анализа RdRp буньявирусов, также следует, что KOMV входит в группу UUKV (см. рисунок, в).

Вирусы группы UUKV в целом не играют роли в инфекционной патологии человека, хотя АТ к различным вирусам группы обнаруживали у людей при серологических исследованиях. Вместе с тем клещевые флебовирусы обладают определенным, трудно прогнозируемым патогенным потенциалом. В 2009 г. был выявлен новый флебовирус (SFTSV), ставший причиной круп-

ной вспышки лихорадочного заболевания с синдромом тромбоцитопении с высокой летальностью в Китае [24]. Экологически SFTSV связан с клещами *Haemophysalis longicornis* [25]. Близкий к SFTSV новый флебовирус Heartland (HRTV) был изолирован от 2 пациентов, заболевших после укуса клещей в США в 2011 г. [26].

На основании результатов проведенного филогенетического анализа можно заключить, что KOMV является новым вирусом группы UUKV, образуя самостоятельную ветвь, ближайшим соседом которой является MWAV, изолированный в 1964 г. из клещей *Argas abdussalami* в Пакистане. Причем таксономическое положение KOMV, определенное по трем разным сегментам генома, практически совпадает. Это говорит о том, что в эволюции KOMV не было события реассортации с другими флебовирусами. Клещи *I. uriae* в колониях птиц на Командорских островах, где был изолирован KOMV, имеют высокий уровень (1:900) зараженности ZTV – другим вирусом группы UUKV. Ограниченность реассортации у клещевых флебовирусов подтверждается и результатами других исследований [21]. В то же время частое возникновение реассортантов характерно для москитных флебовирусов, а также буньявирусов родов *Orthobunyavirus* и *Hantavirus* [27–31]. Молекулярные механизмы, ограничивающие реассортацию клещевых флебовирусов, остаются неизученными.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ, проект № 13-04-01749 «а».

ЛИТЕРАТУРА [REFERENCES]

1. Львов Д. К. Экология вирусов. Вестник Акад. Мед. Наук СССР. 1972; (6): 49–55. [L'vov D.K. Ecology of Viruses. Vestnik of Academ. Med. Sci. USSR. 1972; (6): 49–55] (in Russian).
2. Lvov D. K., Timopheeva A. A., Smirnov V. A., Gromashevsky V. L., Sidorova G. A., Nikiforov L. P. et al. Ecology of tick-borne viruses in colonies of birds in the USSR. Med Biol. 1975; 53 (5): 325–30.
3. Львов Д. К. Очаги арбовирусов на севере Дальнего Востока. От гипотезы к экспериментальной проверке. Вестник Акад. Мед. Наук СССР. 1978; (6): 81–6. [L'vov D.K. Prediction of the existence of foci of arboviruses in the Far East and results of its verification. Vestnik of Academ. Med. Sci. USSR. 1978; (6): 81–6] (in Russian).
4. Lvov S. D. Natural virus foci in high latitudes of Eurasia Sov. Med. Rev. Virol. UK: Harwood Academ. Pub. GmbH. 1993; 5 137–85.
5. Lvov D. K., Timopheeva A. A., Gromashevski V. L., Gostinschikova G. V., Veselovskaya O. V., Chervonski V. I. et al. “Zaliv Terpeniya” virus, a new Uukuniemi group arbovirus isolated from Ixodes (Ceratixodes) putus Pick.-Camb. 1878 on Tyuleniy Island (Sakhalin region) and Commodore Islands (Kamchatsk region). Arch. Ges. Virusforsch. 1973; 41 (3): 165–9.
6. Lvov D. K., Timopheeva A. A., Chervonski V. I., Gromashevski V. L., Klisenko G. A., Gostinschikova G. V. et al. Tuleniy virus. A new Group B arbovirus isolated from Ixodes (Ceratixodes) putus Pick.-Camb. 1878 collected on Tuleniy Island, Sea of Okhotsk. Am. J. Trop. Med. Hyg. 1971; 20 (3): 456–60.
7. Lvov D. K., Timofeeva A. A., Gromashevski V. L., Chervonski V. I., Gromov A. I., Tsyarkin Y. M. et al. “Sakhalin” virus—a new arbovirus isolated from Ixodes (Ceratixodes) putus Pick.-Camb. 1878 collected on Tuleniy Island, Sea of Okhotsk. Arch. Gesamte Virusforsch. 1972; 38 (2): 133–8.
8. Lvov D. K., Timopheeva A. A., Gromashevski V. L., Tsyarkin Y. M., Veselovskaya O. V., Gostinschikova G. V. et al. “Okhotskiy” virus, a new arbovirus of the Kemerovo group isolated from Ixodes (Ceratixodes) putus Pick.-Camb. 1878 in the Far East. Arch. Ges. Virusforsch. 1973; 41 (3): 160–4.
9. TYULENIY. In: Karabatsos N., ed. International catalogue of arboviruses including certain other viruses of vertebrates. San Antonio, Texas: Am. Soc. Trop. Med. Hyg.; 1985: 1045.
10. ZALIV TERPENIYA. In: Karabatsos N., ed. International catalogue of arboviruses including certain other viruses of vertebrates. San Antonio, Texas: Am. Soc. Trop. Med. Hyg.; 1985: 1119.
11. SAKHALIN. In: Karabatsos N., ed. International catalogue of arboviruses including certain other viruses of vertebrates. San Antonio, Texas: Am. Soc. Trop. Med. Hyg.; 1985: 881.
12. PARAMUSHIR. In: Karabatsos N., ed. International catalogue

- of arboviruses including certain other viruses of vertebrates. San Antonio, Texas: Am. Soc. Trop. Med. Hyg.; 1985: 797.
13. OKHOTSKIY. In: Karabatsos N., ed. International catalogue of arboviruses including certain other viruses of vertebrates. San Antonio, Texas: Am. Soc. Trop. Med. Hyg.; 1985: 759.
 14. Tamura K., Peterson D., Peterson N., Stecher G., Nei M., Kumar S. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol. Biol. Evol.* 2011; 28 (10): 2731–9.
 15. Ansoorge W. J. Next-generation DNA sequencing techniques. *Nat. Biotechnol.* 2009; 25 (4): 195–203.
 16. Kreuze J. F., Perez A., Untiveros M., Quispe D., Fuentes S., Barker I. et al. Complete viral genome sequence and discovery of novel viruses by deep sequencing of small RNAs: a generic method for diagnosis, discovery and sequencing of viruses. *Virology*. 2009; 388 (1): 1–7.
 17. Victoria J. G., Kapoor A., Dupuis K., Schmurr D. P., Delwart E. L. Rapid identification of known and new RNA viruses from animal tissues. *PLoS Pathog.* 2008; 4 (9): e1000163.
 18. Альховский С. В., Щетинин А. М., Львов Д. К., Щелканов М. Ю., Дерябин П. Г., Львов Д. Н. и др. Вопросы вирусологии. 2013; 58 (4): 10–3. [Alkhovsky S.V., Shchetinin A.M., Lvov D.K., Shchelkanov M.Yu., Deryabin P.G., Lvov D.N. et al. Khurdun virus (KHURV): a new representative of orthobunyavirus (Bunyaviridae). *Voprosy Virusologii*. 2013; 58(4): 10–3.] (in Russian).
 19. Альховский С. В., Львов Д. К., Щелканов М. Ю., Щетинин А. М., Краснослободцев К. Г., Дерябин П. Г. и др. Вопросы вирусологии. 2013; 58(4): 14–9. [Alkhovsky S.V., Lvov D.K., Shchelkanov M.Yu., Shchetinin A.M., Krasnoslobodtsev K.G., Deryabin P.G. et al. Molecular – Genetic Characterization of Bhanja Virus (BHAV) And Razdan Virus (RAZV) (Bunyaviridae, Phlebovirus), Isolated From Ixodes Ticks Rhipicephalus Bursa Canestrini & Fanzago, 1878, And Dermacentor Marginatus Sulzer, 1776, in Transcaucasus. *Voprosy Virusologii*. 2013; 58(4): 14–9.] (in Russian).
 20. Plyusnin A., Beaty B.J., Elliot R.M., Goldbach R., Kormelink R., Lundkvist A. et al. Family Bunyaviridae. In: King A.M., Adams M.J., Carstens E.B. and Lefkowitz E.J., eds. *Virus taxonomy: Ninth report of the international committee of taxonomy of viruses*, 1st ed. London: Elsevier; 2012: 725–41.
 21. Palacios G., Savji N., Travassos da Rosa A., Guzman H., Yu X., Desai A. et al. Characterization of the uukuniemi virus group (phlebovirus: bunyaviridae): evidence for seven distinct species. *J. Virol.* 2013; 87(6): 3187–95.
 22. MANAWA. In: Karabatsos N., ed. International catalogue of arboviruses including certain other viruses of vertebrates. San Antonio, Texas: Am. Soc. Trop. Med. Hyg.; 1985: 649–50.
 23. Darwish M. A., Hoogstraal H., Roberts T. J., Ghazi R. and Amer T. A sero-epidemiological survey for Bunyaviridae and certain other arboviruses in Pakistan. *Trans. Roy Soc. Trop. Med. Hyg.* 1983; 77 (4): 446–50.
 24. Yu X. J., Liang M. F., Zhang S. Y., Liu Y., Li J. D., Sun Y. L. et al. Fever with thrombocytopenia associated with a novel bunyavirus in China. *N. Engl. J. Med.* 2011; 364 (16): 1523–32.
 25. Zhang Y. Z., Zhou D. J., Qin X. C., Tian J. H., Xiong Y., Wang J. B. et al. The ecology, genetic diversity, and phylogeny of Huaiyangshan virus in China. *J. Virol.* 2012; 86 (5): 2864–8.
 26. McMullan L. K., Folk S. M., Kelly A. J., MacNeil A., Goldsmith C. S., Metcalfe M. G. et al. A new phlebovirus associated with severe febrile illness in Missouri. *N. Engl. J. Med.* 2012; 367 (9): 834–41.
 27. Palacios G., Tesh R., Travassos da Rosa A., Savji N., Sze W., Jain K. et al. Characterization of the Candiru antigenic complex (Bunyaviridae: Phlebovirus), a highly diverse and reassorting group of viruses affecting humans in tropical America. *J. Virol.* 2011; 85 (8): 3811–20.
 28. Reese S. M., Blitvich B. J., Blair C. D., Geske D., Beaty B. J., Black W. C. t. Potential for La Crosse virus segment reassortment in nature. *J. Virol.* 2008; 82 (5): 164.
 29. Kirsanovs S., Klempa B., Franke R., Lee M. H., Sch onrich G., Rang A. et al. Genetic reassortment between high-virulent and low-virulent Dobrava-Belgrade virus strains. *Virus Genes*. 2010; 41 (3): 319–28.
 30. Yanase T., Kato T., Aizawa M., Shuto Y., Shirafuji H., Yamakawa M. et al. Genetic reassortment between Sathuperi and Shamonda viruses of the genus Orthobunyavirus in nature: implications for their genetic relationship to Schmallenberg virus. *Arch. Virol.* 2012; 157 (8): 1611–6.
 31. Briesse T., Kapoor V., Lipkin W. I. Natural M-segment reassortment in Potosi and Main Drain viruses: implications for the evolution of orthobunyaviruses. *Arch. Virol.* 2007; 152 (12): 2237–47.

Поступила 23.05.13

© КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2013

УДК 578.823.1.083.2

С.В. Альховский, Д.К. Львов, М.Ю. Щелканов, А.М. Щетинин, П.Г. Дерябин, А.К. Гительман, А.Г. Ботиков, Е.И. Самохвалов

Таксономия вируса Баку (BAKV – Baku virus; *Reoviridae*, *Orbivirus*), изолированного из облигатных паразитов птиц – аграсовых клещей (*Acari: Argasidae*) в Азербайджане, Туркменистане и Узбекистане

ФГБУ «НИИ вирусологии им. Д.И. Ивановского» Минздрава России, 123098, Москва

Вирус Баку (BAKV – Baku virus) был выделен из клещей *Ornithodoros capensis* Neumann, 1901 (*Acari: Argasidae*), собранных весной и летом 1970 г. в гнездовье серебристых чаек *Larus argentatus* на островах Бакинского архипелага в Каспийском море, и отнесен к комплексу вируса Кемерово (KEMV), род *Orbivirus* сем. *Reoviridae*. Позднее BAKV многократно изолировали из клещей *O. coniceps* Canestrini, 1980, собранных в гнездовьях чаек *L. argentatus* и крачек *Sterna hirundo* в Туркмении и норовых гнездовьях голубей *Columba livia neglecta* в предгорьях Чаткальского хребта Западного Тянь-Шаня (Ташкентский район, Узбекистан). В настоящей работе геном прототипного штамма BAKV LEIV-Azn46 был секвенирован *de novo* с использованием технологии полногеномного секвенирования (next-generation sequencing). Установлено, что белок PоI BAKV имеет 48,6% идентичности с вирусами группы GIV и в среднем 41% с неклещевыми орбивирусами. Идентичность белка T2 BAKV с орбивирусами составляет от 23,7 до 64,8%. Наибольший уровень (64,8%) идентичности по белку T2 BAKV имеет с клещевыми вирусами группы GIV (KEMV). На основании проведенного молекулярно-генетического и филогенетического анализа показано, что BAKV является новым видом орбивирусов, который формирует отдельную филогенетическую группу, близкую к группе GIV.

Ключевые слова: орбивирусы; группа Кемерово; арбовирусы; иксодидные клещи; полногеномное секвенирование; вирус Грейт Айленд.

Контактная информация:

Альховский Сергей Владимирович, e-mail: salkh@ya.ru