

ВЫЯВЛЕНИЕ И ХАРАКТЕРИЗАЦИЯ ГЕНОМА ВИРУСА БЛЮТАНГА СЕРОТИПА 9 В ЛОШАДИННЫХ КРОВСОСОКАХ (*HIPPOBOSCA EQUINA*) ИЗ ЮЖНОГО КАЗАХСТАНА

К.Р. Иванова^{1,2}, Д.А. Найзабаева¹, А.В. Жигайлов¹, Ю.А. Скиба¹

¹Филиал ТОО «Национальный центр биотехнологии» в г. Алматы, Республика Казахстан, 050008, г. Алматы, ул. Ауэзова, 84

²Казахский национальный исследовательский технический университет имени К. И. Сатпаева, Республика Казахстан, 050000, г. Алматы, ул. Сатпаева 22
email: karina.rusl.2022@gmail.com

Лошадиные кровососки (*Hippobosca equina*) – насекомые, облигатные эктопаразиты-гематофаги из семейства кровососок (Hippoboscidae), имеющее широкий круг хозяев. Представители данного семейства являются потенциальными переносчиками инфекционных агентов и могут вызывать поражения и раздражения кожи, потерю веса и анемию у домашнего скота. Целью данной работы являлся скрининг вируса блютанга (BTV) в мухах-кровососках, выловленных в южном Казахстане. Блютанг – особо опасная трансмиссивная болезнь копытных, наносящая серьезный урон животноводству. Территория страны считается благополучной по инфекции, но имеются большие риски заноса и распространения блютанга в южном регионе, что требует тщательного проведения мониторинговых исследований.

Сбор кровососок проведен в Южном Казахстане в основном со скота. Всего было собрано 104 мухи, из которых 37 оказались самцами, а 67 – самками. Все они были морфологически идентифицированы как *H. equina*. Для некоторых кровососок была выполнена молекулярно-генетическая идентификация по локусам *COX1* (GenBank: OQ306526-OQ306530), *mt16S rDNA* (GenBank: OQ306511-OQ306515) и *18S rDNA* (GenBank: OQ306518).

Насекомые были гомогенизированы, из гомогенатов с использованием Тризола выделены тотальные препараты РНК. Посредством универсальных праймеров к сегменту 10 (Seg-10) BTV методом ОТ-ПЦР проанализированы 104 образца РНК, и выявлен один ПЦР-положительный по BTV образец. Ампликон размером 738 п.н. был секвенирован по Сэнгеру, и проведенный BLAST-анализ выявил наибольшую схожесть ряда с нуклеотидными последовательностями, относящимися к топотипу “west”

серотипа 9 BTV (BTV-9W). К этому топотипу относятся только вакциноподобные мезогенные штаммы вируса, крайне редко приводящие к выраженным клиническим проявлениям у животных. Прежде штаммы BTV-9W были выявлены на территории Туркестанской области в крови овец и в мокрецах рода *Culicoides*.

С помощью праймеров, специально подобранных для генома BTV-9W, получены ампликоны, перекрывающие весь геном из десяти сегментов дцРНК BTV. Все ампликоны были секвенированы в обоих направлениях методом Сэнгера, собранный геном выявленного штамма депонирован в GenBank NCBI под номерами OQ001234-OQ001243. BLAST-анализ показал, что BTV, идентифицированный в данном исследовании, не является реассортантным вирусом: все сегменты по нуклеотидной последовательности были близки соответствующим сегментам дцРНК штаммов топотипа BTV-9W. Филогенетический анализ в программе MEGA выполнен по двум сегментам, Seg-2 и Seg-10, кодирующим соответственно поверхностные белки вируса VP2 и NS3. Наиболее близкими генетически оказались штаммы BTV-9W из Словении и Италии.

В ходе этой работы были подтверждены результаты прошлых исследований, выявивших циркуляцию вируса топотипа BTV-9W на территории Южного Казахстана. Впервые проведено секвенирование полного генома отечественного изолята BTV. Результаты работы также указывают на потенциальную возможность использования мух-кровососок в качестве объекта для мониторинга вируса блютанга. Способность кровососок *H. equina* выступать в качестве механических переносчиков BTV требует дальнейшего исследования.