

РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ АЛЬФАКОРОНАВИРУСОВ СРЕДИ ЛЕТУЧИХ МЫШЕЙ В КАЗАХСТАНЕ

А.И.Карагулов¹, А.М.Наметов¹, А.Б.Тулендибаев², Т.Аргимбаева², З.Д.Омарова², Н.Аубакир², М.Б.Орынбаев^{2,3}

¹НАО Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана, г. Уральск, ул. Жангир хана 51, 090009, Казахстан

²РГП Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности, КН МОН РК, пгт. Гвардейский, Кордайский район, Жамбылская область, 080409, Казахстан

³ТОО Научно-производственный центр MVA Group, г. Алматы, Казахстан

Известно, что летучие мыши являются идеальным резервуаром для различных вирусов. Однако мало что известно о разнообразии и распространении вирусов, переносимых летучими мышами в Казахстане. Настоящее исследование одно из немногих работ посвященный изучению летучих мышей, обитающих на территории Казахстана на носительство коронавирусов.

В 2020-22 гг в девяти областях Казахстана было собрано 800 образцов (ротоглоточные смывы, гуано) от четырех видов летучих мышей (*Vespertilio murinus*, *Myotis blythii*, *Nyctalus noctula*, *Eptesicus serotinus*). РНК альфакоронавирусов обнаружены в 39 (4,7%) образцах от летучих мышей. Альфакоронавирусы были обнаружены у трех видов исследованных летучих мышей. Инфицированность летучих мышей вида *Vespertilio murinus* составила 0,85%, *Eptesicus serotinus* 9,94%, *Myotis blythii* 27,27%. Превалентность коронавируса среди летучих мышей в Алматинской области составила 100%, Атырауской области 18,18%, Актюбинской области 13,92%, Западно-Казахстанской области 5,16%, Туркестанской области 1,39%, в Кызылординской области 0,66%. В других областях РНК коронавирусов в образцах от летучих мышей не обнаружены.

Нам удалось получить последовательности гена RdRp (460 п.н.) 11 образцов от летучих мышей собранные в 5 областях Казахстана (Западно-Казахстанской, Актюбинской, Атырауской,

Кызылординской и Туркестанской областях). Филогенетический анализ позволил отнести все последовательности к альфакоронавирусам, и разделить их на две разные группы. Десять последовательностей сформировали отдельную новую монофилетическую одиночную кладу с 100%-ной идентичностью нуклеотидных последовательностей. Эта клада была филогенетически близка к африканским последовательностям. Наиболее близкими к этой группе были последовательности, полученные от летучих мышей в Гане, Зимбабве и Кении. Одна последовательность (BatCov-47-2021) от летучей мыши из Туркестанской области заметно отличалась (идентичность нуклеотидов: 71.98%) от остальных 10 последовательностей, и была идентична казахстанским изолятам, ранее выделенным в южных регионах Казахстан.

Полученные данные доказывают, что летучие мыши, обитающие на территории Казахстана, являются носителями коронавирусов. Эти данные предоставили новую информацию и расширили знания о распространении коронавирусов в популяциях летучих мышей. Однако этих данных недостаточно для понимания роли летучих мышей в эпидемиологии различных инфекционных заболеваний. Поэтому необходимо продолжить исследования в популяциях летучих мышей для улучшения надзора за инфекционными болезнями.