

**Генетическое разнообразие аденовирусов, выявленных у пациентов с
диарейным синдромом**

Научный руководитель – Поклонская Наталья Владимировна

Бельская Инна Валерьевна

Сотрудник

Республиканский научно-практический центр эпидемиологии и микробиологии, Минск,
Беларусь

E-mail: v.inna.belskaya@gmail.com

Вклад кишечных аденовирусов (вид *Human Adenovirus F*, 40, 41 типы) в этиологическую структуру вирусных гастроэнтеритов по разным данным составляет 5-15 % [1]. Однако диареею могут вызывать и аденовирусы других видов (*Human Adenovirus A-D*) [3], но их этиологическую роль сложно доказать в связи с широким носительством среди населения.

Целью данной работы было проведение молекулярного типирования аденовирусов (АдВ), обнаруженных в фекалиях пациентов с симптомами острой кишечной инфекции (ОКИ).

Выделение нуклеиновых кислот проводили с помощью коммерческого набора «Рибо-преп» («АмплиСенс», Россия). Для накопления фрагмента гена (*L3*), кодирующего гексон АдВ, использовали полимеразную цепную реакцию (ПЦР). Для молекулярного типирования использовали гипервариабельные участки гена *L3*. Анализ нуклеотидных последовательностей проводили с помощью MEGA7 [2].

Всего за 2017-2018 гг. было исследовано 360 проб, отобранных от 360 пациентов с ОКИ. ДНК АдВ выявлялась у 72 (20%) из них. При этом у 54 пациентов (75%) обнаруживалась аденовирусная моноинфекция, у 18 (25%) - смешанная инфекция, в том числе, аденовирусная + ротавирусная - у 13 (18%) пациентов, аденовирусная + норовирусная - у 5 (7%) пациентов. Согласно результатам выполненного молекулярного типирования обнаруженных АдВ, доминировали изоляты 41 типа (46%). У 23 % пациентов идентифицированы АдВ 2 типа, у 10,2% - АдВ 1 типа, у 5,2 % - АдВ 3 и 5 типов, у 2,6 % - АдВ 6 типа.

На основе филогенетического анализа гипервариабельных областей (HVR) гексона, установлено, что изоляты АдВ группы F принадлежали к двум ранее идентифицированным крупным кластерам (GTC) в пределах 41 типа. В состав GTC1 вошли 9 изолятов АдВ41, в GTC2 - 7 изолятов. Средняя доля нуклеотидных различий между группами составила 5,6%. В пределах GTC1 различия между изолятами варьировали в пределах от 0,2 до 2%, тогда как изоляты, входившие в GTC2 имели 100% сходство. Обнаруженные нуклеотидные различия сопровождалась выраженными аминокислотными различиями (6,6% - между группами, от 0 до 1,2% - внутри GTC1). Следует отметить, что максимальной долей как нуклеотидных, так и аминокислотных отличий в пределах GTC 1 характеризовался изолят HuAdV41/17911/2018/Vitebsk.

Полученные результаты свидетельствуют о выраженной генетической гетерогенности обнаруживаемых у пациентов с ОКИ АдВ, которые включали различные серотипы, в том числе и разные геноварианты в пределах 41 серотипа АдВ.

Источники и литература

- 1) Проблема острых кишечных инфекций неустановленной этиологии / Н.В. Поклонская [и др.] // Военная медицина. –2009. – №4. – С. 99-105

- 2) Kumar, S. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets/ S. Kumar, G. Stecher and K. Tamura// Mol. Biol. Evol. – 2016. – N 33. – P. 1870-1874.
- 3) Qiu, F. Adenovirus associated with acute diarrhea: a case-control study / F. Qiu, X. Shen, G. Li, L. Zhao // BMC Infect. Dis. – 2018. – N 1. – P. 1-6.