

ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЕ ИССЛЕДОВАНИЯ ЭКОЛОГИЧЕСКОГО ХОЗЯИНА
ХАНТАВИРУСА AMUR НА ДАЛЬНЕМ ВОСТОКЕ РОССИИ

Кумакшева Е.В.¹, Кушнарева Т.В.¹, Картацева И.В.²

1 – НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Г.П. Сомова, г. Владивосток, Россия

2 – Биологический почвенный институт ДВО РАН, г. Владивосток, Россия

liza_kumaksheva@mail.ru

Некоторые представители семейств *Muridae*, *Cricetidae* и *Sigmodontinae* – экологические хозяева патогенных для человека хантавирусов, строго ассоциированные с ними в процессе коэволюции. В двучленной паразитарной системе «хантавирус-грызун» основные хозяева – прямые участники эстафетной передачи вируса и источники заражения людей (Bennett, 2014; Jonsson, 2010). Известно 22 патогенных хантавируса (Mir, 2014), вызывающих геморрагическую лихорадку с почечным синдромом (ГЛПС) в странах Евразии и хантавирусный кардиолегочный синдром (ХКЛС) в странах Северной и Южной Америк. В азиатской части России в лесных и лесостепных природных очагах ГЛПС установлена циркуляция вируса *Amur* (генетические варианты Primorye, Primorye1-China, Khabarovsk, Amursk) в популяциях природного хозяина лесной азиатской мыши *Apodemus peninsulae* и вируса *Hantaan* (геновариант FarEast) в популяциях экологического хозяина полевой мыши *A. Agrarius* (Слонова, 2008; Яшина, 2012).

Имеется ряд работ по хромосомным нарушениям при вирусных инфекциях, в которых возникновение хроматидных разрывов и обменов авторы рассматривают как специфическую особенность вирусного кластогенеза (Гилева, 2001; Картацева, 2002). Вид *A. peninsulae* уникален тем, что в его популяциях с высокой частотой встречаются особи с В-хромосомами (добавочными), варьирующими по числу и размерно-морфологическим типам (Рослик, Картацева, 2012). Т.С. Бекасовой и Н.Н. Воронцовым (1975) была предложена гипотеза об участии возбудителей вирусных инфекций в появлении В-хромосом в кариотипе грызунов. Кариологического анализа хромосомного набора лесных азиатских мышей как носителей разных генетических вариантов хантавируса *Amur* в природных очагах ГЛПС не проводилось.

В работе использовались материалы из природных очагов хантавирусной инфекции на территории Приморского края. Антиген хантавируса выявляли в ИФА, специфические антитела – в НМФА. Препараты метафазных хромосом готовили в лабораторных условиях прямым способом из красного костного мозга животных по общепринятой методике (Ford, 1956). В лесных природных очагах ГЛПС за полный популяционный цикл численности грызунов доля *A. peninsulae* составила 68,0% в отловах и 76,2% среди всех инфицированных хантавирусом грызунов; при этом она доминировала как в фазу низкой, так и подъема/пика численности. Получены предварительные результаты кариологического анализа лесных азиатских мышей из западного и южного регионов Приморья, где циркулируют филогенетически отличные генетические варианты вируса *Amur*. Характеристика хромосомного набора исследованных образцов не выходила за рамки вида *A. peninsulae*. В А-наборе (основном) было 48 убывающих в размере акроцентриков. У особей с антигеном хантавируса и специфическими антителами выявлены две добавочные хромосомы. Важно отметить, что В-хромосомы у мышей из западного региона, в отличие от мышей из южного, имели точечный $2n = 50$ (2B: mS) или очень мелко точечный $2n = 48$ (+2B) характер. Исследованные нами популяции *A. peninsulae*, согласно географическому распределению вируса *Amur* (Яшина, 2012), являются носителями двух отличных геновариантов этого вируса. Популяции *A. peninsulae* из западного региона (отроги Черных гор) – носители геноварианта Primorye1-China, который циркулирует и на территории Китая. Популяции из южного региона (отроги Сихотэ-Алиня) – носители геноварианта Primorye, который циркулирует также в восточном регионе Приморья. Кариологический анализ *A. peninsulae* из разных локалитетов выявил между ними некоторые размерно-морфологические различия на межпопуляционном уровне, что согласуется с данными (Kartavtseva, 2004; Рослик, 2012). Таким образом, наши результаты подтверждают и дополняют сведения о полиморфизме вида *A. peninsulae* – носителя разных генетических вариантов патогенного для человека хантавируса *Amur*.