

«Актуальные вопросы науки и образования»,
Россия (Москва), 19–23 мая 2015 г.

Биологические науки

**МОЛЕКУЛЯРНАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ
ГИРУСОВ КАПЧАГАЙСКОГО
ВОДОХРАНИЛИЩА**

Алексюк М.С., Алексюк П.Г.,
Жуманов Ж., Турмагамбетова А.С.,
Богоявленский А.П., Березин В.Э.

*РГП «Институт микробиологии и вирусологии»
КН МОН РК, Алматы,
e-mail: anpav_63@mail.ru*

Как важнейший компонент биосферы планеты и источник ресурсов гидросфера имеет глобальное экологическое, экономическое и социальное значение. Обеспеченность информацией о состоянии и динамике экосистем гидросферы все еще остается недостаточной и не отвечает современным требованиям устойчивого управления водными ресурсами, охраны окружающей среды и исследований в области глобальных изменений биосферы и климата планеты. Вирусологические исследования экосистем гидросферы являются не только неотъемлемой частью изучения биоразнообразия окружающей среды, но и важной составляющей оценки водных объектов с точки зрения биобезопасности, как возможного источника новых опасных возбудителей заболеваний человека и животных. При этом наиболее показательным может являться обнаружение гигантских ДНК-содержащих вирусов (гирусы), принадлежащих к 5 различным семействам Mimiviridae, Phicodna-, Irido-, Asfar- и Roxviridae, инфицирующих представителей разных таксономических групп, от свободно живущих одноклеточных гетеротрофов и фитопланктона до млекопитающих [1–4]. Гирусы, особенно члены семейства Mimiviridae, представляют собой потенциальный источник происхождения новых патогенов, т.к. они связываются с появлением новых возбудителей в респираторной патологии.

Целью данной работы стала молекулярная идентификация гирусов в Капчагайском водохранилище, самом большом искусственном водоеме Казахстана, созданном при строительстве гидроэлектростанции.

Пробы воды из Капчагайского водохранилища были отобраны в летнее время, что соответствовало среднему количеству микрофлоры водоема в среднесезонном значении. Отобранные пробы воды последовательно

фильтровали через поликарбонатные фильтры (Millipore) с диаметром пор 1,2; 0,8; и 0,2 мкм с последующей концентрацией ультрацентрифугированием. Из полученных образцов выделили суммарную ДНК, которую затем анализировали методом полного секвенирования на ДНК секенаторе «Illumina». Риды собирали программой Edena, т.к. она позволяет варьировать минимальную длину общей части ридов, при которой они будут считаться пересекающимися. С целью нахождения наибольшего числа бактериофагов необходимое пересечение ридов было установлено в 35 нуклеотидов. Для поиска использовалась standalone версия blastn NCBI, 2.2.30. В качестве источника вирусных геномов использована NCBI nucleotide, содержащая 6079 полных геномов вирусов. Анализ полученных данных показал, что в Капчагайском водохранилище присутствуют представители по крайней мере 2-х групп гирусов: мимивирусы и иридовирусы. Анализ нуклеотидных последовательностей показал более 95% сходства с уже известными представителями данной группы вирусов (Mimivirus, Megavirus, Moumouvirus, Lymphocystis disease virus, Cafeteria roenbergensis virus). Интересным представляется и тот факт, что, как и в других регионах мира, представители гирусов обнаружены в водоеме, тесно связанном с жизнедеятельностью человека [1–4].

Полученные данные свидетельствуют о необходимости более детального изучения вирусологической составляющей водоемов Казахстана с целью мониторинга новых представителей вирусов, способных вызывать инфекционную патологию человека и животных.

Список литературы

1. Макаров В.В., Бондаренко В.М. Гирусы // Бюллетень Оренбургского научного центра УрО РАН (электронный журнал). – 2012. – № 2. – С. 1–12.
2. Dornas F.P., Rodrigues F.P., Boratto P.V.M., Silva L.C.F., Ferreira P.C.P., Bonjardim C.A., Trindade G.S., Kroon E.G., La Scola B., Abrahão J.S. Mimivirus Circulation among Wild and Domestic Mammals, Amazon Region, Brazil Emerging Infectious Diseases. – 2014. – Vol. 20, № 3. – С. 469–472.
3. Bela'k S., Karlsson O. E., Blomstro A., Mikael Berg, Fredrik Granberg F. New viruses in veterinary medicine, detected by metagenomic approaches // Veterinary Microbiology. – 2013. – № 165. – С. 95–101.
4. Suzan-Monti M., La Scola B., Raoult D. Genomic and evolutionary aspects of Mimivirus Virus Research. – 2006. – № 117. – С. 145–155.