



Изменчивость гена *cyt b* у восточноазиатской мыши *Apodemus peninsulae* Thomas, 1906 – природного носителя хантавируса AMRV на юге Приморского края

В. Д. Цуканова¹, И. Н. Шереметьева¹

¹ ФНИ Биоразнообразие наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН, пр-т 100-летия Владивостока 159, 690022,
г. Владивосток, Россия
viktoriatsu@gmail.com

Эволюция инфекционных агентов и их природных носителей идет параллельно, и можно предположить согласованность картин между распространением их филогенетических линий (Подгорная, Галактионов 2009). В России геморрагическая лихорадка с почечным синдромом (ГЛПС), вызываемая разными видами хантавирусов, занимает одно из первых мест среди природно-очаговых заболеваний (Савицкая и др. 2021). На Дальнем Востоке протекание ГЛПС отличается значительной тяжестью, и установлено, что доля хантавируса AMRV в структуре заболеваемости Приморского края составляла 56% (Слонова др. 2006). Единственным его природным резервуаром является восточноазиатская мышь *Apodemus peninsulae* — широкоареальный вид, распространенный в России на Дальнем Востоке и Сибири, в Китае, Корее и в Японии на о. Хоккайдо (Громов, Ербаева 1995; Костенко 2000; Yashina et al. 2001).

В проведенных ранее молекулярно-генетических исследованиях (Serizawa et al. 2002; Sakka et al. 2010; Шереметьева и др. 2019) было показано, что все особи *A. peninsulae* севера ареала принадлежат к двум филогенетическим линиям «Korea» и «Amur». В Приморском крае обнаружена только «Amur», но проанализированы малочисленные выборки. Для хантавируса AMRV показано, что на Дальнем Востоке России циркулируют три линии, четвертая встречается только в Южной Корее (Яшина 2012; Яшина и др. 2019). Полученные на сегодняшний день данные по филогеографии *A. peninsulae* не согласуются с результатами неоднородности исследованных штаммов хантавируса AMRV. Целью настоящей работы был анализ изменчивости участка гена цитохрома *b* *A. peninsulae* на юге Приморского края для поиска возможных дополнительных филогенетических линий. В работе проанализировано 24 образца тканей восточноазиатской мыши из Приморского края (Национальный парк «Земля леопарда» (n = 13) и «Уссурийский заповедник» (n = 11)). Кроме этого, в работе использованы 35 гомологичных последовательностей гена цитохрома *b* мтДНК длиной 744 п. н., относящихся ко всем известным на сегодняшний день филогенетическим линиям и хранящихся в базе данных GenBank/NCBI: Китай (n=9), Южная Корея (n = 5), Монголия (n = 2), о. Хоккайдо (n = 2), Россия (n = 17). В результате анализа изменчивости участка гена цитохрома *b* исследуемых выборок *A. peninsulae* обнаружены, помимо филогенетической линии «Amur», две новые — «Korea» и «Manchuria», ранее не фиксировавшихся в Приморье. В популяции мышей «Земля леопарда» встречаются линии «Amur» и «Korea», в «Уссурийском заповеднике» — все три. Найдено 19 новых для вида гаплотипов. Показано высокое гаплотипическое и нуклеотидное разнообразие: «Уссурийский заповедник» (0.964 ± 0.051 и 0.01153 ± 0.00309 , соответственно), «Земля леопарда» (1.000 ± 0.030 и 0.0125 ± 0.001 , соответственно). Это говорит о том, что представление о генетической структуре *A. peninsulae* на юге Дальнего Востока на сегодняшний день является неполным и требует дальнейшего исследования.

Используя полученные результаты, предположена корреляция между филогенетическими линиями *A. peninsulae* и хантавируса AMRV. Можно сопоставить имеющие широкое распространение на Дальнем Востоке России линии «Amur» у хозяина и AMRV-2 у хантавируса (выделена на филогенетическом древе Яшиной (Яшина 2012)). Линия мыши «Korea», вероятно, будет соответствовать линии вируса, гаплотипы которого встречаются в Корее, но пока не обнаружены в России. Линия AMRV-1 хантавируса, встречающаяся на севере Китая и в Приморье, вероятно, коррелирует с линией мыши «Manchuria», обнаруженной в «Уссурийском заповеднике» и на северо-востоке Китая. При поиске еще одной линии стоит обратить внимание на популяцию *A. peninsulae* в нижнем течении реки Амур, которая может быть сопоставима с найденной только там линией хантавируса AMRV-3.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-24-00158, <https://rscf.ru/project/24-24-00158>.