

**УСТАНОВЛЕНИЕ НАЛИЧИЯ ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ АЛЬФА, БЕТА И ГАММА КОРОНАВИРУСОВ В  
ОБРАЗЦАХ ТКАНЕЙ ЛЕТУЧИХ МЫШЕЙ**

**Веселкина У.С.** (Университет ИТМО), **Луч А.П.** (Санкт-Петербургский государственный технологический институт (технический университет))

**Научный руководитель – Гончарова Е.А.**

(Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. Пастера)

Первоисточником РНК-вируса SARS-CoV-2 (Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2), вызвавшего пандемию 2020 года, являются летучие мыши. В связи с этим фактом актуальной проблемой является выяснение распространенности возбудителей коронавирусной инфекции среди летучих мышей, в том числе представителей родов альфа и бета коронавирусов, которые способны передаваться людям.

Целью работы стало исследование наличия нуклеотидных последовательностей генома альфа-, бета- и гамма коронавирусов в образцах клеток органов летучих мышей, обитающих на территории Дальнего Востока и Маньчжурии.

С территории Дальнего Востока и Маньчжурии были получены гомогенизированные образцы тканей органов летучих мышей. Для определения содержания в нативном материале участков нуклеотидных последовательностей генома коронавируса родов альфа-, бета- или гамма- было проведено выделение нуклеиновых кислот (НК) (РИБО-преп, АмплиСенс), обратная транскрипция для получения комплиментарной ДНК (Реверта L, АмплиСенс) с дальнейшей полимеразная цепная реакция (ПЦР) с родовыми праймерами (парные короткие одноцепочечные, искусственно синтезированные последовательности НК коронавирусов, соответствующие участку генома, специфичного для конкретного рода) альфа-, бета- и гамма коронавирусов. Для детекции наличия в образцах целевых ампликонов проводился электрофорез в агарозном геле.

Таким образом было исследовано 100 образцов нативного материала летучих мышей и получены данные о наличии в 27 образцах нуклеотидных последовательностей геномов представителей рода альфа коронавирусов, в 32 - бета и в 12 - гамма коронавирусов. Данные результаты показывают, что летучие мыши, обитающие на территории Дальнего Востока и Маньчжурии, являются переносчиками коронавирусной инфекции альфа, бета и гамма родов, в том числе переносчиками альфа и бета коронавирусов, представляющих опасность для человека. Планируется проведение высокопроизводительного секвенирования для определения нуклеотидной последовательности полученных ампликонов и дальнейшего поиска новых коронавирусов с внесением данных в GenBank, NCBI.

Веселкина У. С. (автор)

Подпись

Луч А. П. (соавтор)

Подпись

Гончарова Е.А. (научный руководитель)

Подпись