

Кыдырманов А. И., Карамендин К. О., Касымбеков Е. Т.

Изучение вирома каспийских тюленей (*Pusa caspica*)

Научно-производственный центр микробиологии и вирусологии, Алматы, Казахстан

С повсеместным развитием геномных технологий расширяются наши знания о разнообразии патогенов морских млекопитающих. С применением метода массового параллельного секвенирования нами предварительно изучен состав вирусных метапопуляций каспийского тюленя. В результате секвенирования биологических образцов от каспийских тюленей на секвенаторе Illumina MiSeq получены в среднем 1 800 000 прочтений с каждой пробы, которые были отсортированы в соответствии с их уникальной меткой. Последовательности размером более 100 п.н. сравнивались с базой данных нуклеотидов и белков в GenBank с использованием алгоритмов BLASTn и BLASTx соответственно. Последовательности были классифицированы на основе таксономического происхождения контигов с наибольшим совпадением. Значение E равно 0,001, использовалось в качестве предельного значения. Критерии разграничения видов не имели четкого определения. В пробах каспийских тюленей вирус-специфические контиги с относительно высокой гомологией были обнаружены к вирусам семейств *Pneumoviridae*, *Flaviviridae*, *Retroviridae*, *Poxviridae*, *Herpesviridae* и *Papillomaviridae*. В образцах также присутствовали контиги, сходные с последовательностями вирусов птиц, но требующие дальнейшего подтверждения. Фрагменты генома вирусов энтомофауны и других трансмиссивных геморрагических инфекций в виrome каспийских тюленей, возможно, имеют алиментарное происхождение, связанное с пищевой цепью: личинки кровососущих насекомых – рыбы – тюлени. Предстоящие анализы позволят выявить степень инфицированности данными вирусами каспийских тюленей и определить таксономическую принадлежность выявленных вирусов. Характеристика вирома каспийских тюленей дает базовую эпизоотологическую информацию о патогенах, что позволяет быстро идентифицировать возможные источники будущих зоонозных инфекций и их последующий контроль.

Kydyrmanov A., Karamendin K., Kassymbekov Ye.

Studying of the virome of caspian seals (*Pusa caspica*)

Scientific and Production Center for Microbiology and Virology LLP, Almaty, Kazakhstan

With the ubiquitous development of genomic technologies, our knowledge of the diversity of pathogens in marine mammals is expanding. Using the method of massive parallel sequencing, we have previously studied the composition of viral metapopulations of the Caspian seal. Sequencing of biological samples from Caspian seals on the Illumina MiSeq sequencer resulted in an average of 1,800,000 reads per sample, which were sorted according to their unique tag. The sequences larger than 100 bp were compared with the GenBank nucleotide and protein database using BLASTn and BLASTx algorithms, respectively. The sequences were classified based on the taxonomic origin of the contigs with the most significant overlap. An E value of 0.001 was used as the limit value. The criteria for distinguishing between species were not clearly defined. In samples from Caspian seals, virus-specific contigs with relatively high homology were found to viruses of the families *Pneumoviridae*, *Flaviviridae*, *Retroviridae*, *Poxviridae*, *Herpesviridae*, and *Papillomaviridae*. The samples also contained contigs similar to the sequences of avian viruses but requiring further confirmation. Fragments of the genome of viruses of entomofauna and other transmissible hemorrhagic infections in the virome of Caspian seals may have an alimentary origin associated with the food chain: larvae of blood-sucking insects - fish - seals. The upcoming analyzes will reveal the degree of infection with these viruses of the Caspian seals and determine the taxonomic affiliation of the identified viruses. Characterization of the virome of the Caspian seals provides basic epizootic information about pathogens, which makes it possible to identify possible sources of future zoonotic infections and their subsequent control.