

## МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ТАКСОНОМИЯ КОМАРОВ РОДА *CULEX* – ПЕРЕНОСЧИКОВ ЛИХОРАДКИ ЗАПАДНОГО НИЛА И ДРУГИХ АРБОВИРУСНЫХ ИНФЕКЦИЙ

Шайкевич Е.В.<sup>1</sup>, Виноградова Е.Б.<sup>2</sup>, Карань Л.С.<sup>3</sup>

Платонов А.Е.<sup>3</sup>, Захаров И.А.<sup>1</sup>

1 – Институт общей генетики им. Н.И.Вавилова РАН, Москва;

2 – Зоологический институт, Санкт-Петербург;

3 – ЦНИИ эпидемиологии МЗ РФ, Москва

Лихорадка Западного Нила (ЛЗН) – трансмиссивная вирусная инфекция, характеризующаяся большим количеством неврологических осложнений и достаточно высокой летальностью. В последнее десятилетие наблюдается активизация старых природных очагов ЛЗН (Израиль, Астраханская область, юг Франции и Италии) и крупные вспышки ЛЗН там, где она ранее не выявлялась (Румыния, Волгоградская область). После заноса ЛЗН в 1999 г. в западное полушарие в США, Канаде, Центральной Америке регистрируются тысячи клинических случаев ЛЗН ежегодно. Возросший интерес к ЛЗН потребовал детального изучения комаров-переносчиков данного заболевания. Показано, что в условиях США переносчиками ЛЗН могут быть несколько десятков видов комаров, в первую очередь рода *Culex*. Подобные исследования начаты и в России, что стимулировало развитие методов однозначной идентификации видов и подвидов комаров, их эволюционных и экологических взаимоотношений. Сравнительный анализ молекулярно-генетической организации видов насекомых является сейчас распространенным подходом при изучении родственных взаимоотношений видов и подвидов, и при изучении эволюционного процесса в популяциях. Комары вида *C. pipiens* предположительно являются одними из основных переносчиков ЛЗН в южных областях России.

Нами было изучено распространение цитоплазматически наследуемой симбиотической бактерии *Wolbachia*, ответственной за цитоплазматическую несовместимость подвидов и популяций, у природных популяций *C. pipiens* из России, обитающих в разных экологических условиях (Виноградова и др., 2003). Параллельно для генетической классификации комаров *C. pipiens* использовали последовательность в 246 пар нуклеотидов гена цитохромоксидазы I (COI), находящегося на митохондриальной ДНК. Исследовано 208 особей из 15 популяций комара *Culex pipiens*, собранных в различных регионах европейской части России и Сибири; среди них выявлено два главных митотипа М и Р, отличающихся 6 заменами на отрезке гена COI. Показано, что подвальный комарам экотипа *Culex pipiens molestus* свойственен митотип М, для них характерна зараженность эндосимбиотическими бактериями рода *Wolbachia*. Обитающие в откры-

тых биотопах комары экотипа *Culex pipiens pipiens* имеют митотип Р или его разновидность – митотип Р1, зараженность бактериями *Wolbachia* среди них не выявлена. Таким образом, имеет место сильное неравновесие по сцеплению между цитоплазматическими элементами – мтДНК и *Wolbachia* - в природных условиях. Разница в нуклеотидном составе изученного нами участка гена цитохромоксидазы I митохондриальной ДНК у *molestus* и *pipiens* позволила подобрать фермент рестрикции, который имел бы сайт рестрикции на последовательности только одного типа мтДНК. Рестриктазе *SspI* требуется последовательность узнавания ААТ'АТТ. В последовательностях ДНК экотипа *molestus* такой участок есть; тогда, как у экотипа *pipiens* последний тимин заменяется на цитозин, и рестриктаза не работает.

Выявленные генетические маркеры могут служить основой для создания лабораторных методов дифференциации особей и популяций *C. p. pipiens* и *C. p. molestus*, что представляет интерес, как для энтомологии, так и для фундаментальной и практической эпидемиологии. По предварительным данным (Федорова и др., 2004) в Волгоградской области обитающие в открытых биотопах орнитофильные комары *C. pipiens* могут быть ответственны за распространение вируса ЛЗН в природном цикле (от птицы к птице), в то время как *C. pipiens*, обнаруживаемые в жилых домах, являются полифагами и предположительно обеспечивают межвидовой перенос вируса ЛЗН от птицы к человеку, особенно во время эпидемического сезона (август - начало сентября).