

ПРЕСС-РЕЛИЗ  
8 июня 2020 года

## Клещевой энцефалит распространялся по Евразии вместе людьми и их животными

*Исследователи из Сеченовского Университета совместно с коллегами из нескольких российских институтов проанализировали данные о структуре РНК образцов вируса клещевого энцефалита. Намного больший, чем в других исследованиях, объем данных позволил оценить возраст подтипов вируса и проследить его распространение в Евразии. Результаты исследования [опубликованы](#) в журнале *Viruses*.*

Клещевой энцефалит распространен в Центральной и Восточной Европе и широкой полосе на юге Сибири и Дальнего Востока. Это заболевание опасно тем, что вирус может проникать в ткани головного и спинного мозга, вызывая двигательные расстройства, нарушения сознания, в тяжелых случаях паралич и смерть заболевшего. Ежегодно в России им заражаются 1,5–2 тысячи человек, примерно у 30% из них развиваются неврологические осложнения, 20–100 человек погибают.

Возбудитель заболевания относится к роду *Flavivirus* (в него входят также вирус Зика и вирус, вызывающий лихорадку денге) и передается в основном через укусы клещей. Выделяют три подтипа вируса: дальневосточный, сибирский и европейский. Каждый из них преобладает в регионе, по которому назван, хотя это деление довольно условное – например, случаи заражения сибирским подтипом наблюдались в Прибалтике и на Сахалине, а европейским – в Южной Корее и на Алтае. В последние годы область распространения вируса расширяется за счет более северных регионов (Кольского полуострова, Архангельской области) и горных областей (в Центральной Европе и Италии), в 2019 году впервые были зафиксированы случаи заражения в Великобритании и Нидерландах. Чтобы своевременно реагировать на появление вируса на новых территориях, необходимо понимать, что влияет на его распространение и эволюцию. Существующие исследования дают различные, порой противоречащие друг другу результаты, но прояснить ситуацию могут новые данные, собранные за последние годы.

Авторы статьи использовали GenBank – базу данных, в которой хранятся более 200 миллионов нуклеотидных последовательностей РНК и ДНК различных организмов. Данные для архива поставляют ученые разных стран, и объем данных постоянно растет, как и количество последовательностей, описывающих РНК вируса клещевого энцефалита – за десять лет их стало в пять раз больше.

С помощью компьютерных алгоритмов исследователи сравнили РНК вирусов,

обнаруженных в разные годы на территории нескольких стран. Зная «расстояние» (долю отличающихся нуклеотидов) между образцами и дату их получения, можно оценить время расхождения видов или разделения вида на подтипы. Этот метод основан на предположении о том, что последовательность нуклеотидов у одного вида меняется примерно с постоянной скоростью, и называется методом молекулярных часов. С его помощью ученые оценили возраст ближайшего к нашему времени общего предка для каждого из подтипов, результат (около 700 и 900 лет для сибирского и дальневосточного подтипов соответственно) согласуется с более ранними исследованиями, возраст же европейского подтипа (около 1600 лет) был оценен впервые после обнаружения вируса в Нидерландах.

Исследователи также попытались ответить на вопрос, каким образом генетически близкие вирусы одного подтипа оказывались в разных странах на расстоянии в тысячи километров друг от друга. Здесь возможно несколько объяснений. Во-первых, вирусы (или зараженные им клещи) могут перемещаться на большие расстояния вместе с животными, например перелетными птицами или летучими мышами. Во-вторых, распространению вируса может способствовать деятельность человека: перевозка скота или расселение на новых территориях животных, пригодных для охоты.

*«Самым важным результатом работы стало то, что большинство событий распространения вируса произошли в последние три-четыре века, и во многих случаях мы наблюдали переносы вируса на тысячи километров в последние 50–100 лет, а вирусы в Европе вообще полностью перемешались за последние 100–200 лет, – рассказал один из авторов работы, директор Института медицинской паразитологии, тропических и трансмиссивных заболеваний им. Е.И. Марциновского Сеченовского Университета Александр Лукашев. – Это позволяет рассматривать клещевой энцефалит как высокодинамичное заболевание, даже как возникающее заболевание во многих регионах, и говорить об антропогенном факторе (распространении в результате перевозки зараженных клещей вместе с домашними и дикими животными) как одном из основных механизмов расширения ареала вируса».*

Кроме того, ученые предложили алгоритм, имитирующий составление выборок, на которых проводились более ранние исследования. Применяя его, авторы статьи показали, что различия в результатах ранее опубликованных работ хорошо объясняются тем, какие из собранных на момент анализа последовательностей вошли в исследование.

В работе приняли участие сотрудники Научно-исследовательского института медицины труда имени академика Н.Ф. Измерова, Института полиомиелита и вирусных энцефалитов им. М.П. Чумакова и МГУ им. М.В. Ломоносова.

