**Коронавирус нового типа у пациентов с пневмонией в Китае, 2019**

В декабре 2019 года была найдена взаимосвязь между пневмонией по неизвестной причине и массовой торговлей морепродуктами у пациентов в г. Ухань, Китай. 31 декабря 2019 года Китайский центр по контролю и профилактике заболеваний отправил команду быстрого реагирования для помощи органам здравоохранения провинции Кубей и города Ухань в проведении эпидемиологического и этиологического расследования. В данной работе авторы представляют результаты расследования, определяя причину массовой пневмонии и описывая коронавирус нового типа, определенный у пациентов, чьи собранные образцы были протестированы Китайским центром по контролю и профилактике заболеваний на ранней стадии вспышки заболевания.

4 образца из нижних дыхательных путей, включая бронхоальвеолярную лаважную жидкость (БАЛЖ), были собраны у пациентов с пневмонией по неизвестной причине, подтвердивших свое нахождение на Уханьском рынке морепродуктов (г. Ухань) 21 декабря 2019 года и позднее. 7 образцов бронхоальвеолярной лаважной жидкости были собраны у пациентов Пекина с пневмонией по известной причине и были использованы как контрольные образцы.

Образцы были протестированы на содержание 22 патогенов (18 вирусов и 4 бактерии) с помощью ПЦР. Не было выявлено ни одного конкретного патогена (включая HCoV-229E, HCoV-NL63, HCoV-OC43, HCoV-HKU1) в клинических образцах этих пациентов. Секвенирование Illumina и нанопоровое секвенирование были проведены на образцах РНК, выделенных из бронхоальвеолярной лаважной жидкости пациентов. Было получено более 20,000 фрагментов вирусного генома, и большинство из них совпадало с участками генома вирусов подсемейства бетакоронавирусов; процент идентичности составлял более 85% с с геномом SARS-подобного CoV летучей мыши (bat-SL-CoVZC45, MG772933.1).

Человеческие эпителиальные клетки дыхательных путей и другие клеточные линии были использованы в изолировании вируса. Выделенному вирусу дали название «2019-nCoV». На электронной микрофотографии частиц вируса можно заметить отличительные пепломеры (шипы) размером 9-12 нм, которые придают вирусу вид солнечной короны. Данная морфология характерна для семейства вирусов Coronaviridae.

Последовательности генома 2019-nCoV были заново получены из вируса, изолированного из человеческих эпителиальных клеток воздушных путей, и были схожи на 86.9% с геномом SARS-подобного CoV летучей мыши (bat-SL-CoVZC45, MG772933.1). Так как идентичность последовательностей в участках консервативных доменов репликазы между 2019-nCoV и другими членами подсемейства бетакоронавирусов не превышает 90%, 2019-nCoV был определен как бетакороновирус нового типа, принадлежащий к подвиду Sarbecovirus семейства Coronaviridae.

На основе анализа трех геномов, исследователи создали несколько специфичных и чувствительных тестов, выявляющих ORF1ab, N и R регионы в геноме 2019-nCoV для определения наличия вирусной РНК в клинических образцах. Наборы праймеров и стандартная операционная процедура были переданы Всемирной Организации Здравоохранения и используются для наблюдения и выявления инфекции в Китае и по всему миру. По последним данным, 2019-nCoV был определен у 830 людей в Китае.

**Источник:** New England Journal of Medicine, 20 февраля 2020