

Роль рекомбинации в эволюции саповирусов

Научный руководитель – Вакуленко Юлия Александровна

Орлов Артем Владимирович

Студент (специалист)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

E-mail: orlov.artem.vl@yandex.ru

Саповирусы (Sapovirus) — это небольшие необолочечные вирусы с одноцепочечным РНК-геномом положительной полярности, принадлежащие роду Sapovirus семейства Caliciviridae. Саповирусы распространены повсеместно и являются возбудителями острого гастроэнтерита у человека и животных. Геном саповирусов кодирует две открытые рамки считывания (ORF): первая рамка кодирует неструктурные белки и капсидный белок VP1, а вторая - белок VP2. Род Sapovirus включает единственный вид Sapovirus, который разделяют на 14 геногрупп на основании последовательности VP1 [2]. Одним из ключевых механизмов эволюции РНК-вирусов является рекомбинация. Ранее было обнаружено, что для необолочечных РНК-вирусов семейства Picornaviridae характерна модульная эволюция генома, при которой участки генома, кодирующие капсидные белки, эволюционируют независимо от участков, кодирующих неструктурные белки [1,3]. В частности, для детально изученного рода Enterovirus показано, что рекомбинация в генах капсидных белков встречается крайне редко, а гены неструктурных белков свободно рекомбинируют внутри рода каждые несколько лет [1]. Мы ожидали, что подобный механизм эволюции будет характерен для семейства Caliciviridae.

Для саповирусов известны отдельные случаи рекомбинации, однако понимания общей картины нет [2]. Цель данной работы — систематически изучить и обобщить паттерны рекомбинации внутри рода Sapovirus. Для достижения цели были разработаны средства для автоматизации анализа нуклеотидных последовательностей саповирусов. Полногеномные последовательности саповирусов были проанализированы с помощью стандартных программ для детекции рекомбинации — SSE и RDP4, а также с помощью разработанного в нашей группе метода, основанного на сравнении соответствия нуклеотидных дистанций между парами последовательностей в различных участках генома.

Было показано, что внутри рода Sapovirus рекомбинация широко распространена между двумя ORF. Внутри ORF она происходит значительно реже и преимущественно между близкородственными вирусами. Так как нет причин считать, что рекомбинация внутри ORF физически происходит реже, чем между ними, можно предположить, что совместимость кассеты генов внутри ORF меньше, чем совместимость разных ORF. Это отличает саповирусы от энтеровирусов, для которых характерна частая рекомбинация между неструктурными генами. Таким образом, для саповирусов подтверждается гипотеза о модульной эволюции генома.

Источники и литература

- 1) Lukashev A. et al. Molecular epidemiology and phylogenetics of human enteroviruses: Is there a forest behind the trees? // Rev. Med. Virol. 2018. Vol. Lukashev, № July. P. e2002.
- 2) Oka T. et al. Comprehensive review of human sapoviruses // Clin. Microbiol. Rev. 2015. Vol. 28, № 1. P. 32–53.

- 3) Simmonds P. Recombination and selection in the evolution of picornaviruses and other Mammalian positive-stranded RNA viruses. // J. Virol. 2006. Vol. 80, № 22. P. 11124–11140.