

Роль рекомбинации в эволюции норовирусов

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

Норовирусы - небольшие безоболочечные вирусы с одноцепочечным РНК-геномом положительной полярности, входящие в род *Norovirus* семейства *Caliciviridae*. Норовирусы инфицируют широкий спектр млекопитающих и являются основной причиной гастроэнтерита у человека. Геном большинства норовирусов кодирует три открытые рамки считывания (ORF): первая рамка кодирует неструктурные белки, вторая и третья - капсидные белки VP1 и VP2. Рекомбинация на стыке ORF1/ORF2 является известной чертой норовирусов и играет роль в образовании новых вариантов [1].

Цель данной работы - систематически проанализировать закономерности естественной рекомбинации норовирусов по всему геному и во времени, используя все доступные в базах данных полногеномные последовательности. Для этой цели использовались методы анализа событий рекомбинации, реализованные в программе RDP4, а также исследовались соответствия попарных генетических дистанций в разных областях генома. Филогенетический анализ осуществлялся программами IQTREE для построения деревьев максимального правдоподобия и BEAST для Байесовского вывода деревьев максимальной достоверности клад.

Было показано, что во всех проанализированных геногруппах распространены события рекомбинации между областью, кодирующей неструктурные белки (ORF1), и областями, кодирующими структурные белки (ORF2 и ORF3), причем наиболее часто рекомбинация происходила между вирусами геногруппы GII. Время полужизни рекомбинантных форм норовирусов геногрупп GI и GII, которые заражают человека, составило 10,4 и 8,4-11,3 лет соответственно. Большинство норовирусов, отличающихся более чем на 18% по нуклеотидной последовательности, были рекомбинантами относительно друг друга. Не было найдено событий рекомбинации между вирусами, отличающимися более чем на 42% в ORF2/3, что согласуется с отсутствием систематической рекомбинации между норовирусами разных геногрупп. Редкие события межгеногрупповой рекомбинации вероятнее всего произошли между предковыми норовирусами до того, как они дивергировали и стали относиться к современным геногруппам. Показано, что рекомбинация внутри ORF1 и между ORF2 и ORF3 происходит редко. Таким образом, для норовирусов характерен рутинный обмен между структурной и неструктурной частями генома, что обеспечивает механизм модульной эволюции генома [2].

Источники и литература

- 1) Ludwig-Begall L. F., Mauroy A., Thiry E. Norovirus recombinants: recurrent in the field, recalcitrant in the lab—a scoping review of recombination and recombinant types of noroviruses // *Journal of General Virology*. 2018. Т. 99. №. 8. С. 970-988.
- 2) Vakulenko Y. A., Orlov A. V., Lukashev A. N. Patterns and Temporal Dynamics of Natural Recombination in Noroviruses // *Viruses*. 2023. Т. 15. №. 2. С. 372.