

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 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 — изучить и обобщить паттерны рекомбинации внутри рода *Sapovirus*. Для этой цели были разработаны средства анализа нуклеотидных последовательностей саповирусов. Геномы саповирусов были проанализированы программами 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.