

Молекулярная эволюция неполиомиелитных энтеровирусов

Научный руководитель – Лукашев Александр Николаевич

Вакуленко Юлия Александровна

Студент (специалист)

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

E-mail: vjulia94@gmail.com

Неполиомиелитные энтеровирусы - это повсеместно распространенная и разнообразная группа РНК-вирусов. Как правило, энтеровирусная инфекция проходит без клинических проявлений, но иногда энтеровирусы могут вызывать тяжелые заболевания, такие как полиомиелит, серозный менингит, энцефалит и др.

Энтеровирусы человека представлены более чем 100 серотипами, отличающимися по патогенетическим характеристикам. Ежегодно открывают новые серотипы, однако механизмы происхождения серотипов и время их возникновения неизвестны. Для некоторых серотипов было показано, что их общий предок появился не более 150 лет назад [1,2], но неясно, насколько этот результат универсален для всех серотипов, и не является ли он результатом недостаточно репрезентативной выборки вирусов, выделенных преимущественно в Европе и США.

Цель данной работы - систематически изучить филогенетику наиболее распространенных серотипов энтеровирусов, обобщить данные об их внутритиповом разнообразии и возможных механизмах происхождения разнообразия серотипов. Для достижения цели были разработаны средства автоматизации анализа нуклеотидных последовательностей, и был проведен Байесовский филогенетический анализ 3712 нуклеотидных последовательностей гена VP1 для 32 серотипов.

Скорость накопления замен внутри серотипов, выведенные с помощью Байесовского филогенетического анализа, составляли $0,44-1,5 \times 10^{-2}$ замен/сайт/год и практически не зависели от количества последовательностей в выборке и от неравномерности выборки по датам выделения изолятов. Было показано, что ближайших общих предков каждого серотипа существовал примерно 80-150 лет назад, и эти значения зависят от количества последовательностей в выборке, если оно не превышает 100, и от даты выделения самого раннего штамма. Таким образом, датирование общего предка современных штаммов можно считать достаточно надежным, но это значение не может рассматриваться, как время возникновения серотипа. В 16 из 32 деревьев для отдельных серотипов прототипный штамм занимал базальное положение, что может свидетельствовать о том, что глобальные популяции энтеровирусов периодически проходят через бутылочные горлышки, за счет чего время ближайшего общего предка «сбрасывается» и не отражает время возникновения серотипа. При одновременном анализе всех серотипов таксономического вида энтеровирусов даты узлов, объединяющих несколько серотипов (т.е. отражающих предположительное время возникновения серотипов) имели возраст порядка 200-500 лет. Таким образом, современное разнообразие энтеровирусов действительно могло возникнуть в течение последних нескольких веков.

Источники и литература

- 1) Savolainen-Kopra C. et al. A large Finnish echovirus 30 outbreak was preceded by silent circulation of the same genotype // Virus Genes. 2011. Vol. 42, № 1. P. 28–36.

- 2) Tee K.K. et al. Evolutionary genetics of human enterovirus 71: origin, population dynamics, natural selection, and seasonal periodicity of the VP1 gene. // J. Virol. 2010. Vol. 84, № 7. P. 3339–3350.