

НТО структуры флавиподобных вирусов с сегментированным геномом

Научный руководитель – Карганова Галина Григорьевна

Охезин Егор Валерьевич

Аспирант

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра вирусологии, Москва, Россия

E-mail: oe-74@mail.ru

Большая часть представителей рода флавивирусов являются арбовирусами, которые представляют угрозу с точки зрения эпидемиологической науки ввиду того что в связи изменением климата наблюдается расширение ареала их членистоногих переносчиков. Недавно описаны Джангменвирусы, которые отличаются от классических тем, что их биологические свойства такие как спектр хозяев, структура вириона, патогенность слабо изучены. Геном этих вирусов состоит из 4-х сегментов РНК позитивной полярности, которые кодируют РНК-зависимую РНК-полимеразу и хеликазу, а так же белки уникальные для данной группы вирусов. Особый интерес среди членов этой группы представляют вирусы Алонгшан и Янггоу. Появились сообщения, что они могут быть связаны с заболеваниями человека. НТО вирусных геномов зачастую являются высококонсервативными и важны для жизненного цикла вируса. При этом их определение невозможно без специальных методов, поэтому данные о концах Джангменвирусов практически отсутствуют. Целью нашего исследования стало точечное секвенирование этих участков генома вирусов Алонгшан и Янггоу, поиск консенсусных последовательностей и моделирование структуры РНК НТО данных участков. Для этого вирусы Алонгшан и Янггоу были размножены в культуре клеток клещей и проведено выделение тотальной РНК из культуральной жидкости. При синтезе комплементарной цепи ДНК использовались адаптеры, специфичные к поли-А последовательности, а буфер модифицировался для индукции нематричного добавления ревертазой олиго-С на 3' конце синтезируемой цепи. Далее была проведена ПЦР с использованием адаптер- и вирус-специфичных олигонуклеотидов отдельно для 5' и 3' концов. В итоге были получены ПЦР-продукты концов всех 4 сегментов вируса Алонгшан и Янггоу и отсекуены. В результате данной работы были определены последовательности 5' и 3'- концов 5 штаммов вирусов Алонгшан и Янггоу. На основании этих данных были установлены консервативные для данных вирусов последовательности. Использование литературных данных позволило высказать предположение о нуклеотидах на 5' конце, консервативных для всей группы Джангменвирусов. Кроме того, полученные данные так же позволили выявить структуры РНК, консервативные для вирусов Янггоу и Алонгшан.