

Эволюционный анализ структурных белков денсовирусов членистоногих

¹Зимин А. А., ²Назипова Н.Н., ³Дроздов А.Л.

¹Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН – обособленное подразделение ФИЦ «Пушкинский научный центр биологических исследований РАН»,

г. Пушкино, Российская Федерация zimin@ibpm.pushchino.ru

²ИМПБ РАН – филиал ИПМ им. М.В. Келдыша РАН, г. Пушкино, Российская Федерация

³ННЦ МБ им. М.А.Жирмунского ДВО РАН, Российская Федерация, г. Владивосток

Введение. Одними из самых мелких вирусов являются денсовирусы и родственные им павовирусы. С эволюционной точки зрения структурные белки мелких вирусов могут содержать последовательности, являющиеся следами происхождения и эволюции первых вирусов. С этой точки зрения филогенетический анализ этих белков может дать представление о современной эволюции и изменчивости этих белков. Данные сведения могут помочь в корректном последующем выявлении основных консервативных мотивов этих белков. Одновременно такой анализ - это путь создания нового инструментария для понимания и преодоления денсовирусной и парвовирусной инфекции самых различных животных, а также человека. В число видов, страдающих от заболеваний денсовирусной инфекцией входят различные существенные животные и объекты аквакультуры. Это, например, шмели, пчелы, тутовый шелкопряд, морские ежи и морские огурцы, кукумария, тли, искодовые кдещи, различные разноусые чешуекрылые и другие вредители сельскохозяйственных растений. *Филогенетический анализ аминокислотных последовательностей структурных белков денсовирусов различных беспозвоночных.* В качестве маркерного белка был выбран структурный белок десовируса морской звезды - SSaDV (1). После четвертой итерации программы сравнения PSI-BLAST (2) было найдено 87 гомологов при значении $E < 3e-29$. Для анализа филогении с помощью пакета программ Megaб (3) был использован статистический метод UPGMA. Для статистического теста использовался Bootstrap method (4). Ранее мы использовали ряд методов для построения этого дерева и анализа устойчивости его ветвления. В этой работе мы остановились на вопросе укоренения дерева. Попытки укоренения дерева с помощью использования гомологов из группы парвовирусов человека, гуся и свиньи не дали результата (черные квадраты).

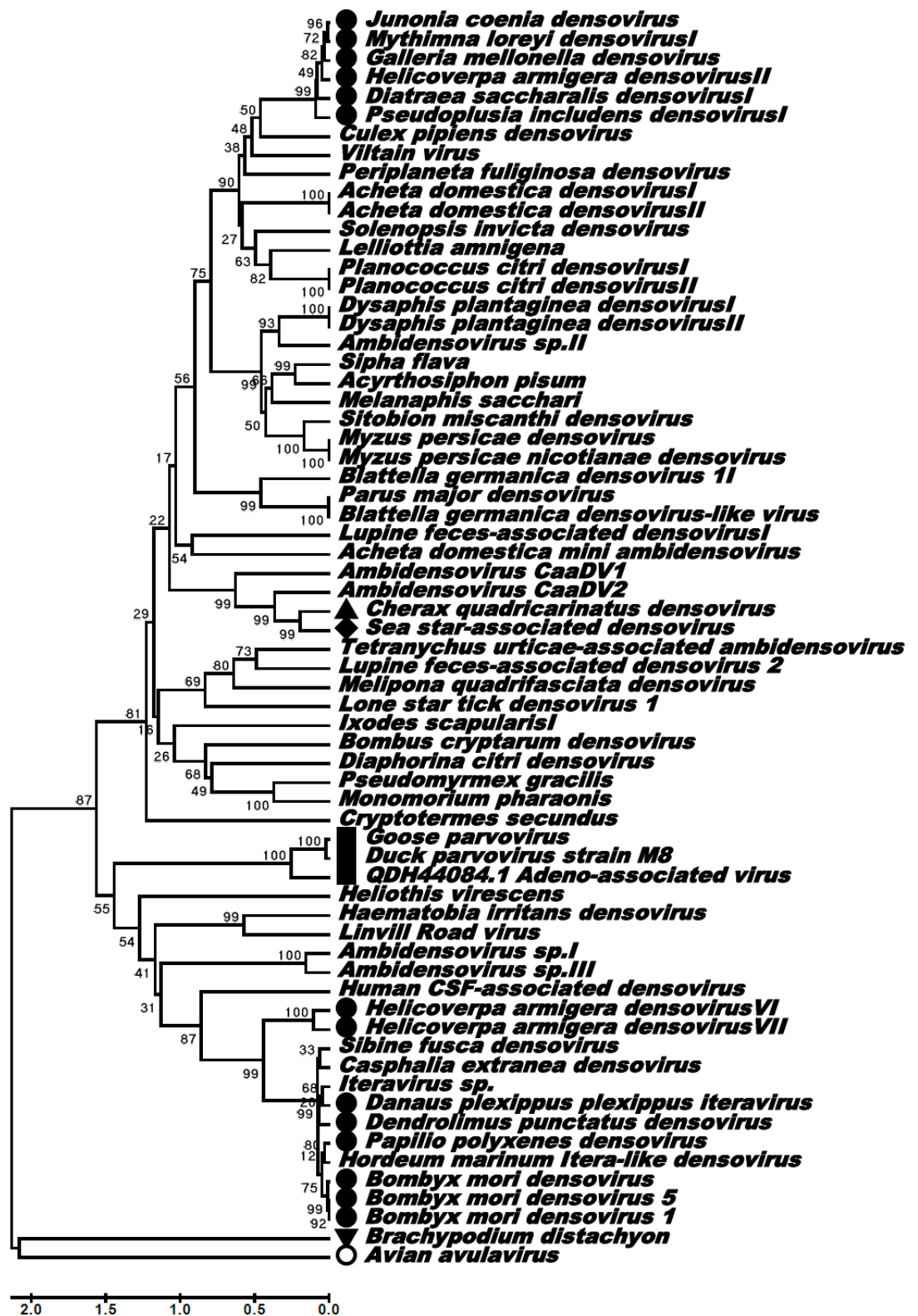


Рис. 1. Филогенетическое дерево структурных белков денсовирусов членистоногих.

Эти белки располагались в центре радиации при использовании, как метода максимального правдоподобия, так и других подходов. Было решено использовать сильно удаленную последовательность, но имеющую гомологию с структурными белками парвовирусов.

Среди РНК-вирусов была найдена последовательность белка слияния авуловируса птиц (*Avian avulavirus*) (кольцо). Дерево, полученное нами в данной работе (Рис.1.), имеет укоренение, так как последовательности авуловируса и денсовируса, как ни удивительно, растения *Brachypodium distachyon* (треугольник, вершиной вниз) располагаются на отдельной ветви.

Корень располагается между этими двумя ветвями. Белки вирусов различных чешуекрылых (черные кружки) разнесены на две родственные внутри, но сильно удаленные друг от друга группы последовательностей. Это говорит о том, что данные вирусы однозначно тяготеют к распространению на родственные виды членистоногих, но могут заражать и не родственные исходному хозяину виды. Расположение близко друг к другу белков вирусов морских звезд (ромб) и австралийского водного рака (треугольник вверх вершиной) может говорить о экологическом факторе в приобретении новых хозяев.

Исследование поддержано РФФИ для Назиповой Н.Н. грантом №19-07-00996.

Литература

1. Hewson, Ian; et al. Densovirus associated with sea-star wasting disease ... PNAS 2014, 111 (48): 17278–83.
2. Altschul S.F., Madden T.L., Schäffer A.A., Zhang J., Zhang Z., Miller W., Lipman D.J. Gapped BLAST and PSI-BLAST... NAR, 1997. V. 25. P. 3389–3402.
3. Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A., and Kumar S. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. Molecular Biology and Evolution. 2013. V. 30. P. 2725–2729.
4. Felsenstein J. Confidence limits on phylogenies.... Evolution. 1985. V. 39. P. 783–791.
5. Jones D.T., et all. The rapid generation of mutation data matrices ... CAB, 1992. V. 8. P. 275–282.