

Установлена причина, по которой вирусу гриппа удается избежать иммунного ответа и воздействия противовирусных препаратов



Установлена причина, по которой вирусу гриппа удается избежать иммунного ответа и воздействия противовирусных препаратов — это координированная мутация разных его генов

В белковой оболочке частиц вируса гриппа типа А есть два белка — гемагглютинин и нейраминидаза, которые называют факторами агрессии вируса гриппа, потому что они особенно важны для поражения клеток-хозяев. Способность патогенов, проникающих в

организм, в частности, вируса гриппа, адаптироваться за счет эволюционных изменений — одна из главных причин безуспешной борьбы с инфекционными заболеваниями. Быстро возникающие мутации позволяют инфекционным частицам обходить защиту иммунной системы человека и обеспечивают устойчивость к лекарственным средствам, которые направлены против них. В последнем номере журнала PLoS Genetics опубликована работа российско-американской группы ученых, в которой методами биоинформатики показано, что мутации по генам гемагглютинина и нейраминидазы возникают не независимо друг от друга. Как рассказал руководитель исследования молекулярный эволюционист Георгий Базыкин из Института проблем передачи информации им. А.А. Харкевича Российской академии наук (ИППИ РАН), «мы исследовали последовательность возникновения мутаций в двух важнейших генах вируса гриппа, являющихся основными мишенями иммунной системы и лекарственных средств». В частности, учеными обнаружено, что мутации устойчивости к противогриппозному препарату осельтамивиру в гене нейраминидазы вируса подтипа H1N1 по всей вероятности обусловлены предшествующими мутациями по гемагглютинину.

«Мы показали, что изменения в разных генах были согласованы между собой: мутации в одном гене часто 'разрешались' предшествовавшими мутациями или же компенсировались последующими мутациями в другом гене. В частности, мутации в гене нейраминидазы, были 'разрешены' предшествовавшими мутациями в гене гемагглютинина», — говорит Георгий Базыкин. Полученные результаты служат указанием на то, что эволюция любого отдельного вирусного белка должна рассматриваться в контексте всего эволюционирующего генома. Такая координация означает, что естественный отбор способствует определенным сочетаниям мутаций, а знание этих сочетаний необходимо для того, чтобы понимать и, возможно, предсказывать эволюцию, считают авторы. В прошлом году группой Георгия Базыкина было установлено, что точечные мутации, вызывающие сезонный грипп, предопределяют крупные перестройки вирусного генома, реассортации, с которыми связаны большие пандемии.