

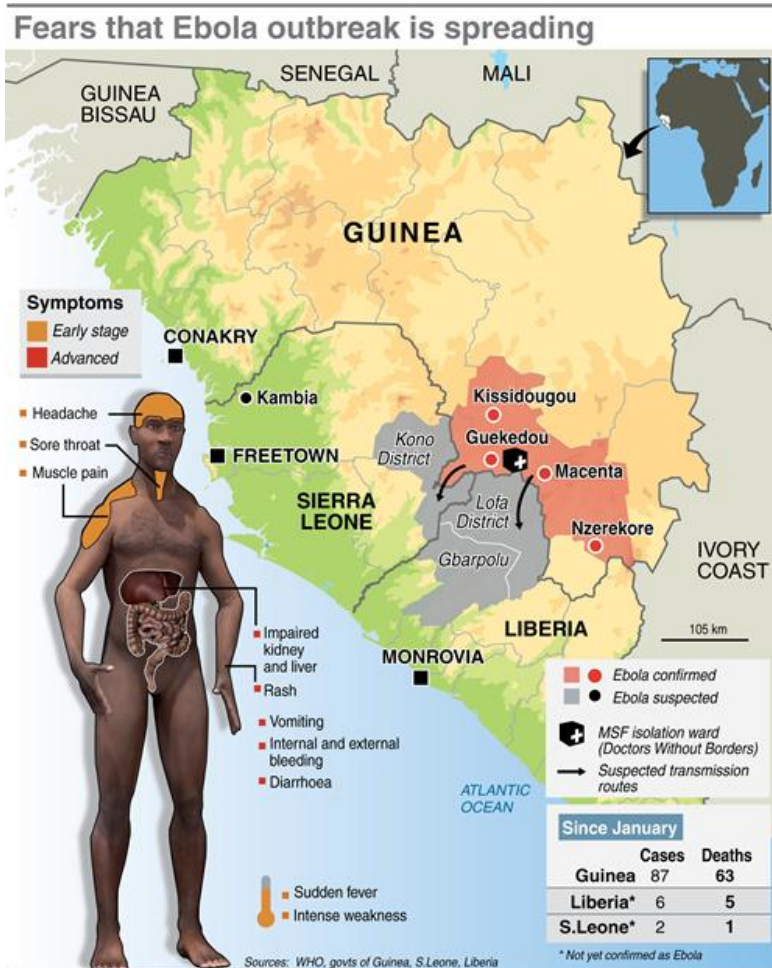
Эбола



Новые геномы вируса Эбола указали путь передачи инфекции, являющейся причиной нынешней эпидемии смертельной лихорадки в Западной Африке. Международная группа исследователей из США, Сьерра-Леоне и Великобритании выявила генетические свидетельства того, что лихорадка Эбола, распространяющаяся сейчас по Западной Африке, вызвана вирусной формой, которая не имеет отношения к предыдущим вспышкам Эбола в регионе. Ученые считают, что новый штамм — производный других линий вируса Эбола, которые возникли в Центральной Африке около 10 лет назад. В статье,

которую они опубликовали на прошлой неделе в онлайн-версии журнала Science, сообщается о 99 генетических последовательностях вируса, который был получен от 78 пациентов, заразившихся в Сьерра-Леоне в период с конца мая до середины июня этого года.

Сравнение вирусов Эбола, выделенных во время прежних эпидемий, с генетическими вариантами,



поразившими пациентов этим летом, позволяют делать вывод о том, что нынешняя западноафриканская эпидемия с большой вероятностью вызвана двумя генетически отличающимися вирусами, которые возникли в соседней Гвинее и были занесены в Сьерра-Леоне десятком человек, побывавших в Гвинее на похоронах. «Участники траурной церемонии, вероятней всего, были инфицированы двумя линиями, циркулирующими в то время в Гвинее и, в частности, на похоронах», — цитирует авторов GenomeWeb. «Все последующие производные вируса, выявленные в Сьерра-Леоне, получились на основе тех двух линий, и это согласуется с данными эпидемиологов, отслеживающих контакты и пути передачи инфекции», отмечают исследователи.

Сравнение геномов вируса Эбола, выделенного в Сьерра-Леоне, с тремя прочитанными ранее генетическими последовательностями вируса гвинейского происхождения, показало 341 стабильную замену в изолятах нынешней эпидемии, а также десятки варьирующих от образца к

образцу одиночных нуклеотидных замен. Некоторые из генетических изменений касаются синтеза вирусных белков, что побуждает к детальному исследованию этих вариантов для предупреждения, диагностики и лечения лихорадки Эбола. Насколько изменения влияют на тяжесть заболевания, ученые пока сказать не могут.

Полные геномные последовательности вируса, вызвавшего эпидемию 2014 года, доступны всем исследователям и инфекционистам, они были описаны и размещены в базе данных Национального центра биотехнологической информации Национальных институтов здоровья США еще в июне. В этом году лихорадка Эбола унесла жизни полутора тысяч человек в Западной Африке, среди них — четверо ученых, авторов статьи в Science, включая первого автора Хумарра Хана (Humarr Khan), который работал в Сьерра-Леоне в правительственной клинике Кенема (Kenema Government Hospital).