

*Мельникова Д. В., Подмоство М. С.*  
**ПОДХОДЫ К АНАЛИЗУ ГЕНОМА PITHOVIRUS**  
*Научный руководитель канд. мед. наук, доц. Сычик Л. М.*  
*Кафедра биологии*

*Белорусский государственный медицинский университет, г. Минск*

Гигантские ДНК-вирусы – вирусы, которые видны под световым микроскопом, и чьи геноотипы кодируют больше протеинов, чем геномы некоторых бактерий или внутриклеточных паразитических эукариотов. Ранее научному миру были известны два вида подобных вирусов – Megavirida и Pandoravirus. В прошлом году был описан новый вид – Pithovirus.

Pithovirus sibericum возрастом более 30000 лет был обнаружен в процессе исследования Сибирской вечной мерзлоты. Вирус обладает большими размерами в 1,5 мкм и сравнительно небольшим геномом, который насчитывает в себе около 600000 пар оснований. Геном включает в себя нетипично большое для вирусов количество некодирующих повторов, что снижает его плотность до 68%. После секвенирования ДНК Pithovirus было выявлено предполагаемое количество кодируемых белков (467), из которых только 152 имели гомологи в базе данных Национального центра биотехнологической информации. Геном вируса не кодирует никакой из компонентов синтеза белка, однако кодирует полный набор белков, необходимых для синтеза мРНК. Поэтому Pithovirus сам обеспечивает себе весь цикл репликации в цитоплазме клетки-хозяина, не используя при этом её белки. Стратегия репликации Pithovirus была описана в ходе его распространения в культуре Acanthamoeba в течение всего цикла размножения. Анализ протеома очищенных вирионов определил 159 различных генных продукта, две трети которых обладают неизвестной функцией.

Пробуждение такого древнего амебопоражающего вируса, позволяет говорить о том, что таяние вечной мерзлоты в результате глобального потепления или промышленной эксплуатации приполярных регионов не может исключать будущих угроз здоровью человека и животных. Поэтому данная проблема требует детального и всестороннего изучения и привлечение внимания научного сообщества.