

*Бабаева Е. О.*

## **МОЛЕКУЛЯРНАЯ ЭВОЛЮЦИЯ ВИРУСНОГО ГЕПАТИТА Е**

*Научный руководитель канд. биол. наук, доц. Давыдов В. В.*

*Кафедра биологии*

*Белорусский государственный медицинский университет, г. Минск*

**Актуальность.** Вирусный гепатит Е – острая вирусная инфекция с фекально-оральным механизмом передачи, склонная к эпидемическому распространению, протекающая с большой частотой неблагоприятных исходов у женщин в последнем триместре беременности. Ежегодно (по оценкам ВОЗ) происходит 20 миллионов случаев инфицирования, что приводит к 3 миллионам симптоматических случаев заболевания и около 70 000 смертей, связанных с ВГЕ. Изучение закономерностей эволюционного процесса вируса даст представление о направлении и типе нуклеотидных замен, которые определяются его жизненным циклом. Располагая информацией о мутационном давлении, можно предположить наличие определенных особенностей жизненного цикла. В зависимости от того насколько часто будут возникать мутации, настолько быстрее будет происходить уход от иммунного ответа и, возможно, изменяться механизмы взаимодействия с организмом хозяина.

**Цель:** определить направление, силу и ведущий механизм мутационного давления на основании анализа нуклеотидных последовательностей генома вируса гепатита Е, полученных от разных хозяев.

**Материалы и методы.** В работе использовались нуклеотидные последовательности разных генотипов вирусного гепатита Е длиной в 273 нуклеотида, выровненные с помощью MEGA10. Подсчет количества нуклеотидных замен в выровненных нуклеотидных последовательностях производился с помощью VVKCONSENSUSALGORITHM. Для подсчета переменных сайтов разных типов в выровненных нуклеотидных последовательностях использовался VVTAKVARINVARALGORITHM взятые с сайта кафедры общей химии <https://chemres.bsmu.by/sk%20eng.htm>. Чтобы определить предпочтительное направление мутаций, использовалась теория мутационного давления. Чем больше процент содержания данного нуклеотида, особенно в третьем положении кодонов, тем чаще должны происходить замены, приводящие к увеличению частоты его использования.

**Результаты и их обсуждение.** В изученных нуклеотидных последовательностях больше всего замен выявлено в третьем положении кодона. Значительное количество нуклеотидных замен на сайт и на нуклеотид приходится на Т/С и составляет 30 и 669 соответственно и меньше всего выявлено в направлении А/Г (5 и 74).

**Выводы.** Большинство замен Т/С имеет направление С на Т, т.к.  $3Т > 3С$ , А/Г имеет направление А на Г, т.к.  $3Г > 3А$ . В основе механизма мутационного давления лежат транзиции  $T \rightarrow C$  и  $C \rightarrow T$ , приводящие к преимущественному содержанию Т в третьей позиции кодона.