

**Анализ временной динамики естественной рекомбинации вируса ящура****Научный руководитель – Алешина Юлия Александровна*****Маличава Мате Мамукаевич****Студент (специалист)*Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова,  
Москва, Россия*E-mail: mate\_malichava@mail.ru*

Вирус ящура (Foot-and-mouth disease virus) - это небольшой безоболочечный вирус с РНК-геномом положительной полярности относительно мРНК, который относится к семейству *Picornaviridae* и является патогеном сельскохозяйственных животных: крупного рогатого скота, свиней, коз, овец, оленей. Одним из механизмов поддержания высокой генетической изменчивости вируса ящура является гомологичная рекомбинация, с которой связывают появление новых линий и штаммов, в том числе панзоотических [2,3]. Однако временные масштабы, в которых происходят события рекомбинации, для вируса ящура остаются неизученными.

Для исследования использовались все доступные нуклеотидные последовательности вируса ящура, депонированные в базе данных GenBank Nucleotide (N=1764). С помощью методов детекции рекомбинации, реализованных в программе RDP4, были определены события рекомбинации на уровне всего вида *Aphthovirus vesicululae* и отдельных серотипов. Как и было показано ранее [1], горячие точки рекомбинации находятся на границах регионов L-P1 и P1-P2, а в регионах, кодирующих белки L, VP3, 3A, 3B, 3C и РНК-зависимую РНК-полимеразу, рекомбинация отсутствует. При этом, большинство сигналов рекомбинации на границе L-P1 детектировано у серотипов А и SAT1, а на границе P1-P2 количество сигналов рекомбинации примерно равномерно распределено по серотипам. Клады, соответствующие отдельным топотипам, оставались интактными на филогенетических деревьях, построенных по регионам, в которых отсутствовали точки разрыва. В этих же регионах было проверено наличие временного сигнала двумя способами: с помощью программы TempEst и методом байесовской оценки временного сигнала (BETS). В регионе L временной сигнал был обнаружен у серотипов А, Asia1 и О, а в регионах P1, P2, P3 - у всех серотипов. Для региона P1, где выявлен самый сильный и статистически подтвержденный временной сигнал, были построены филогенетические деревья с разверткой по времени с использованием программы BEAST. Возраста клад, которые совпадали на деревьях, построенных по участкам, рекомбинирующим относительно друг друга, были оценены по датированным филогениям. Таким образом, рекомбинация между участками P1-P2 и P1-P3 происходит в среднем раз в 8-15 лет, в зависимости от серотипа. Работа поддержана грантом РФФИ №24-74-00097.

**Источники и литература**

- 1) Aiewsakun P., Pamornchainavakul N., Inchaisri C. Early origin and global colonisation of foot-and-mouth disease virus // Scientific Reports 2020 10:1. Nature Publishing Group, 2020. Vol. 10, № 1. P. 1–9.
- 2) Bachanek-Bankowska K. et al. Reconstructing the evolutionary history of pandemic foot-and-mouth disease viruses: the impact of recombination within the emerging O/ME-SA/Ind-2001 lineage // Sci Rep. Nature Publishing Group, 2018. Vol. 8, № 1.

- 3) Lewis-Rogers N., McClellan D.A., Crandall K.A. The evolution of foot-and-mouth disease virus: Impacts of recombination and selection // Infection, Genetics and Evolution. 2008. Vol. 8, № 6. P. 786–798.