

Національна академія наук України
Інститут молекулярної біології і генетики
Українське товариство генетиків і селекціонерів
ім. М.І. Вавилова

**ФАКТОРИ ЕКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЇ
ЕВОЛЮЦІЇ ОРГАНІЗМІВ**

**FACTORS IN EXPERIMENTAL
EVOLUTION OF ORGANISMS**

Збірник наукових праць

Видається з 2003 р.

ТОМ 35

Присвячено

145-річчю від дня народження В. Я. Юр'єва

Київ – 2024

РЕДАКЦІЙНА КОЛЕГІЯ

Головний редактор **В.А. Кунах** (Київ)

Заступник головного редактора **Н.М. Дробик** (Тернопіль)

І.В. Азізов (Баку, Азербайджан)	Г.В. Єльська (Київ)	І.Д. Рашаль (Рига, Латвія)
І.О. Андрєєв (Київ)	А.І. Ємець (Київ)	Т.М. Сатарова (Дніпро)
А. Атанасов (Софія, Болгарія)	І.С. Карпова (Київ)	А.В. Сиволоб (Київ)
Я.Б. Блюм (Київ)	С.І. Ковтун (Київська обл.)	В.А. Сідоров (Україна, США)
Д.Г. Буткаускас (Вільнюс, Литва)	В.А. Кордюм (Київ)	М.А. Тукало (Київ)
Ю.В. Вагін (Київ)	Л.А. Лівшиць (Київ)	Г. Федак (Оттава, Канада)
Ю.Ю. Глеба (Україна, ФРН)	Л.Л. Лукаш (Київ)	А.М. Хохлов (Харківська обл.)
А.В. Голубенко (Київ)	І.І. Панчук (Чернівці)	М. Шандор (Мошонмадяровар, Угорщина)
Д. Грауда (Рига, Латвія)		Р.А. Якимчук (Черкаська обл.)

Відповідальний секретар **М.З. Прокоп'як**

Адреса редакції:

Інститут молекулярної біології і генетики НАНУ, вул. Акад. Заболотного, 150, Київ, 03143
e-mail: kunakh@imbg.org.ua, <http://www.utgis.org.ua>

EDITORIAL BOARD

Editor-in-Chief **V.A. Kunakh** (Kyiv)

Deputy editor **N.M. Drobnyk** (Ternopil)

I.O. Andreev (Kyiv)	A.V. Holubenko (Kyiv)	I.D. Rashal (Riga, Latvia)
A. Atanasov (Sofia, Bulgaria)	I.S. Karpova (Kyiv)	M. Sándor (Mosonmagyaróvár, Hungary)
I.V. Azizov (Baku, Azerbaijan)	A.M. Khokhlov (Kharkiv region)	T.M. Satarova (Dnipro)
Ya.B. Blume (Kyiv)	V.A. Kordium (Kyiv)	V.A. Sidorov (Ukraine, USA)
D.G. Butkauskas (Vilnius, Lithuania)	S.I. Kovtun (Kyiv region)	A.V. Syvolob (Kyiv)
A.V. El'ska (Kyiv)	L.A. Livshyts' (Kyiv)	M.A. Tukalo (Kyiv)
G. Fedak (Ottawa, Canada)	L.L. Lukash (Kyiv)	Yu.V. Vagin (Kyiv)
Yu.Yu. Gleba (Ukraine, FRG)	I.I. Panchuk (Chernivtsi)	R.A. Yakymchuk (Cherkasy region)
D. Grauda (Riga, Latvia)		A.I. Yemets (Kyiv)

Responsible secretary **M.Z. Prokopiak**

Editorial office address:

Institute of Molecular Biology and Genetics, National Academy of Sciences of Ukraine,
150, Zabolotnogo St., Kyiv, 03143

e-mail: kunakh@imbg.org.ua, <http://www.utgis.org.ua>

Збірник наукових праць включено до переліку наукових фахових видань України, в яких можуть публікуватися результати дисертаційних робіт на здобуття наукових ступенів доктора і кандидата наук у галузі біологічних наук (біологічні спеціальності – 091, Категорія «Б», Наказ Міністерства освіти і науки України № 409 від 17.03.2020)

Свідоцтво про державну реєстрацію друкованого засобу масової інформації
серія КВ № 20936-10736ПП від 29.08.2014

Фактори експериментальної еволюції організмів: зб. наук. пр. / Національна академія наук України, Інститут молекулярної біології і генетики, Укр. т-во генетиків і селекціонерів ім. М.І. Вавилова; редкол.: В.А. Кунах (голов. ред.) [та ін.]. – Київ: Укр. т-во генетиків і селекціонерів ім. М.І. Вавилова, 2024. Т. 35. 187 с. ISSN 2415-3826 (Online), ISSN 2219-3782 (Print)

ЕВОЛЮЦІЙНІ ПАРАМЕТРИ СПУМАВІРУСУ ВЕЛИКОЇ РОГАТОЇ ХУДОБИ

Швидкість мутацій, як і тиск відбору, є важливим параметром для вивчення еволюції організмів. Стосовно вірусів швидкість мутацій може бути використано, наприклад, для встановлення ризиків емерджентних інфекційних захворювань, оцінювання стратегії вакцинації тощо. Найбільш високою швидкістю мутацій характеризуються РНК-віруси, у тому числі ретровіруси, одними з представників яких є спумавіруси, поширені серед різних видів тварин. Спумавірус великої рогатої худоби (СВ ВРХ, BFV) є об'єктом уваги дослідників внаслідок можливості використання як вектора при проведенні генної терапії, потенційного зоонозного потенціалу, більш складної, порівняно з відомими ретровірусами, геномної організації. Проте еволюційні характеристики СВ ВРХ до теперішнього часу не встановлено. Мета роботи – характеристика нуклеотидних геномних послідовностей ізолятів спумавірусу ВРХ з бази даних GenBank та визначення впливу природного відбору на гени за допомогою біоінформатичних методів. Для маніпулювання з нуклеотидними та амінокислотними послідовностями, мутаційного аналізу протеїнів СВ ВРХ, побудови графіків ентропії Шеннона для визначення несинонімічних та синонімічних заміни, побудови матриці відмінностей послідовностей для розрахунку швидкості мутацій використано програму BioEdit, для визначення кількості стоп-кодонів – програму NuPhy. Оцінку впливу природного відбору на гени шляхом визначення dN/dS проводили з використанням методу SLAC (single likelihood ancestor counting) на сервері Datamonkey, Z-тесту в програмі MEGA, а також через визначення коефіцієнту тесту Таджими (MEGA). Проведено мутаційний аналіз повновимірних генів *gag*, *pol*, *env*, *bell*, *bel2* для 27 ізолятів спумавірусу ВРХ: з графіків ентропії Шеннона визначено несинонімічні та синонімічні заміни. Відповідно до даних, отриманих за допомогою методу SLAC, встановлено, що на ген *bel2*, який кодує протеїн Tas, діє позитивний відбір (dN/dS = 1,57), а на гени *gag*, *pol*, *env*, *bell* – очищуючий відбір (dN/dS <1). Швидкість мутацій, яку визначено для генів BFV (*gag* (0,0150 %), *pol* (0,0073 %), *env*(0,0103 %), *bell* (0,0290 %), *bell* (0,0206 %)), значно (в 8-37 разів) перевищує таку для вірусу імунодефіциту (ВІ) ВРХ. (ВІВ) (*gag* (0,0004 %), *pol* (0,0002 %), *env* (0,0013 %)). Для порівняння визначено швидкість мутацій гена ORF1ab (0,059 %), що кодує протеїн NSP3, який має високу мінливість, для 27 ізолятів коронавірусу SARS-CoV2, що розподілено на два набори (один набір складено з 14 ізолятів за 2003 рік, а другий – з 13 ізолятів за 2024 рік), швидкість мутацій всередині яких становить 0,00007 % та 0,00012 % відповідно. Встановлено кількість стоп-кодонів для генів BFV. Ген *gag* містить 1 стоп-кодон, ген *pol* – 4(5), ген *env* – 9(10), ген *bell* – 1, ген *bel2* – 7(8) для різних ізолятів. Відмітною особливістю BFV порівняно з ВІВ є надзвичайно висока кількість стоп-кодонів в генах *env*, *bel2*, *pol*, що перевищує таку для генів *env* та *pol* іншого ретровірусу – ВІ ВРХ – у 4-9 разів. Швидкість мутацій генів BFV перевищує таку для генів *env* та *pol* ВІ ВРХ. в 8-37 разів.