

TISKOVÁ ZPRÁVA

Brno 5. října 2022

Akademie věd ČR
Národní 1009/3, 110 00 Praha 1
www.avcr.cz

NOVÉ METODY POMOHLY ODHALIT INFEKCI DVĚMA LINIEMI VIRU U DIVOKÉ MYŠI Z AFRIKY

Podobný objev se dá přirovnat k nalezení hroudy zlata. Vědkyně z Ústavu biologie obratlovců z AV ČR díky genomickým analýzám odhalily u divoké myši z Tanzanie infekci vyvolanou hned dvěma liniemi viru mafeiga. Tento nedávno objevený virus patří mezi mammarenaviry, z nichž některé se můžou přenášet ze zvířat na člověka – jako třeba virus lassa, jenž způsobuje hemoragické horečky v západní Africe, nebo virus LCMV, který se vyskytuje u myši domácí i v České republice a může přivodit stavy podobné meningitidě. Koinfekce, tedy nakažení minimálně dvěma liniemi viru, umožňuje viru rychle změnit svůj genom, což může vylepšit jeho vlastnosti.

Týmy z Ústavu biologie obratlovců AV ČR (ÚBO AV ČR) dlouhodobě zkoumají viry u drobných savců a mají na kontě již několik objevů (viz [zde](#) a [zde](#)). Teď si připisují další. Nákazu dvěma liniemi viru mafeiga u divoké myši z Tanzanie (*Lemniscomys Rosalia*). Mezi virology se jedná o unikátní objev, jelikož výskyt více linií viru ve stejném organismu nelze zjistit standardními sekvenčními metodami.

„Objev koinfekce v divokých populacích živočichů je vždy zajímavý a zaslouží si naši pozornost. V našem případě jde o první pozorovaný případ u mammarenavirů ve volné přírodě. Případy koinfekce známe z laboratoří např. u podobných virů plazů, tzv. reptarenavirů, ale ve volné přírodě je takové pozorování velmi vzácné,“ vysvětluje Laura Cuypers, hlavní autorka publikace, Ph.D. studentka na Univerzitě v Antverpách a badatelka z Ústavu biologie obratlovců AV ČR.

„Nikdo moc neví, jak častá vlastně koinfekce je a jak k ní dochází,“ dodává vědkyně Joëlle Goüy de Bellocq, vedoucí výzkumné skupiny [Evoluční interakce holobiontů](#) z ÚBO AV ČR. *„Virus u tohoto druhu myši jsem objevila již v roce 2010 u jednoho jedince z Tanzanie. Když se nám při běžném virologickém screeningu objevil u stejného druhu myši v roce 2020 další pozitivní vzorek, který nebyl úplně totožný s tím prvním, rozhodli jsme se pro genomickou analýzu, abychom mohli popsat celý genom tohoto viru. A právě tato analýza odhalila, že myš je ve skutečnosti infikována dvěma různými liniemi.“*

Kontakt pro média: **Eliška Zvolánková**
Divize vnějších vztahů AV ČR
press@avcr.cz
+420 739 535 007

Alena Fornůšková
Ústav biologie obratlovců AV ČR
fornuskova@ivb.cz
+420 605 464 704

Náročné odhalování koinfekcí

Získání pozitivního vzorku obnáší zkontrolovat i několik stovek myší nejprve klasickými metodami a pozitivní vzorky pak znovu analyzovat metodami, které se zaměřují na celý genom. „*Jde vlastně o podobné metody, které jsou dnes v obecném povědomí kvůli SARS-CoV-2 pandemii. Nejprve se udělá PCR diagnostika (tj. namnožení krátkého úseku virového genomu) a klasické sekvenování tohoto krátkého úseku. Teprve u takto předem vybraných vzorků se provádí sekvenování celých genomů. Důvodem je finanční náročnost, náklady na celkové genomové sekvenování jsou řádově vyšší než u klasického sekvenování PCR produktu. Náročnější jsou také analýzy úplných genomových dat, kdy je zapotřebí poměrně velkých výpočetních kapacit a zvládnutí dost složitých bioinformatických postupů. Ale právě celogenomové sekvenování představovalo v tomto případě jediný možný způsob, jak nejen potvrdit objev nového druhu mammarenaviru, ale také jak odhalit koinfekci, tj. přítomnost vícero podobných virových genomů v jediném vzorku,*“ vysvětluje Dagmar Čížková, vědkyně z ÚBO AV ČR zodpovědná za genomické analýzy.

U virů s nízkou prevalencí (výskytem v populaci) je objev koinfekce o to složitější. Prevalence u většiny mammarenavirů je velmi nízká. I proto ho vědkyně přirovnávají k objevu zlata. Význam objevu podtrhuje, že článek o něm vyšel v časopise [Virus Evolution](#).

Příležitost dělá zloděje

Koinfekce, tedy nakažení organismu dvěma liniemi viru, je příležitostí k jejich vzájemnému „zkřížení“. Může vést k náhlému vzniku nových virových variant „kříženců“ s podstatně odlišnými vlastnostmi. Rozdíly mohou nastat třeba ve schopnosti proniknout do nového hostitele nebo ve změnách infekivity a virulence u stávajícího hostitele.

„*Genom viru mafiga se skládá ze dvou částí, velkého L segmentu a malého S segmentu. Když jsme ze sekvencí ze zmíněného vzorku poskládaly (tj. de-novo assemblovaly) virové genomické segmenty, k našemu překvapení jsme zjistily přítomnost dvou odlišných typů L a jednoho typu S segmentu,*“ říká Dagmar Čížková. „*Tyto dva L segmenty odpovídají dvěma evolučním liniím mafiga viru, proč ale ve vzorku chybí také druhý S segment, není zatím jasné. Je například možné, že virové částice, které obsahovaly „chybějící“ S segment, pozbyly proti částicím s detekovaným S segmentem nějakou evoluční výhodu, a proto vymizely. To mohlo nastat buď v tomto vzorkovaném jedinci, nebo třeba i u případné předchozí koinfekce v jiném jedinci,*“ dodává Dagmar Čížková.

Co znamená koinfekce a proč je důležitá pro evoluci viru?

Pokud je jedna buňka hostitele infikována dvěma liniemi viru se segmentovaným genomem, mohou vzniknout virové částice s novou kombinací segmentů (tzv. reassortment). Kromě v tomto případě studovaných mammarenavirů mají segmentované genomy také například ortomyxoviry. Konkrétně chřipkový virus A je nechvalně znám svou schopností se přeskupovat. Mnohé z významných chřipkových epidemií v historii lidstva byly způsobeny právě viry s novou kombinací segmentů, a tudíž s novými, nečekanými vlastnostmi. Dalším možným výstupem koinfekce je rekombinace mezi segmenty, tedy výměna „pouze“ odpovídajících částí virových úseků. Proti evoluci probíhající postupným hromaděním bodových mutací tedy oba zmíněné mechanismy umožňují vznik velmi odlišných a pro hostitele potenciálně více nebezpečných genetických variant virů – a to v jediném evolučním kroku. Zatímco ale bodové mutace vznikají při každém množení viru, k jejich přeskupování a rekombinacím je potřeba právě mnohem vzácnější koinfekce.

Více informací:

Alena Fornůsková
Ústav biologie obratlovců AV ČR
fornuskova@ivb.cz
+420 605 464 704

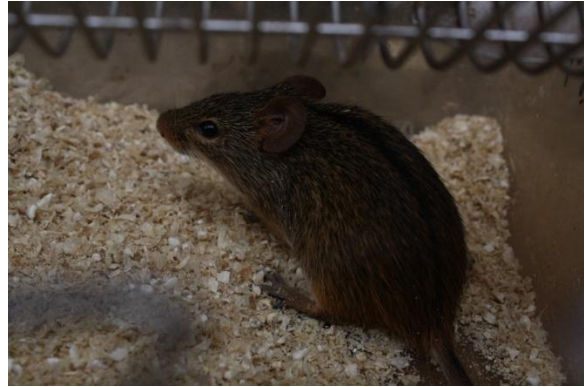
Fotogalerie, © archiv Laura Cuypers:



Tým vědkyň při práci v terénu v Tanzanii (zleva Edita Lišková, Joëlle Gouy de Bellocq, Laura Cuypers)



Na fotce Laura Cuypers v terénu v Tanzanii



Rod Lemniscomys patří do čeledi myšovitých hlodavců obývajících různé biotopy v Africe. Od ostatních myší se liší pruhováním, které je pro jednotlivé druhy specifické.

