

HIV je starší, než jsme si mysleli

05. 10. 2016 avcr.cz str.0 sekce: Tiskové zprávy
www.avcr.cz Akademie věd ČR

Vědci z Ústavu molekulární genetiky AV ČR zjistili, že stáří viru HIV je mnohem větší, než se předpokládalo. Zatímco původní odhady byly 12 milionů let, Dr. Daniel Elleder se svými spolupracovníky ve své poslední práci popsal lentivirovou DNA, kterou způsobuje HIV, u letuch malajských, do jejichž genomu se HIV dostal už přibližně před 60 milióny lety.

Podle nejnovějších statistik je virem HIV nakaženo až 36 milionů lidí a každoročně jich na následky AIDS umírá přibližně jeden milion. I když byl tento virus objeven až v roce 1983 a nemoc AIDS se považuje za moderní onemocnění, původ virů podobných HIV sahá daleko do minulosti -- doposud se předpokládalo přibližně 12 milionů let. Vědci z Ústavu molekulární genetiky AV ČR ve své poslední práci posunuli ručičku na pomyslné ose času o několik desítek miliónů let zpět a ukázali, že původ lentivirů, ke kterým patří i HIV, pravděpodobně sahá až do doby před 60 milióny lety.

HIV (Human Immunodeficiency Virus) patří mezi retroviry, do podskupiny lentivirů. Po napadení hostitele retroviry přepíší svou genetickou informaci z RNA do DNA, to znamená opačně než například člověk, a takto přepsanou DNA začlení do chromosomální DNA (genomu) hostitelského organismu. Jestliže k infekci dojde v zárodečné linii (vajíčka a spermie), kopie retroviru se přenesou z generace na generaci společně s hostitelskou DNA. Tyto takzvané „endogenní“, nebo chcete-li „vnitřní“ retroviry se označují také jako virové fosilie; jsou to jakési historické záznamy, ze kterých je možné vyčíst historii retrovirů. Samy o sobě se retroviry vyvíjejí velmi rychle, neboť při jejich množení dochází k velkému počtu mutací, což vede k jejich neustálé a rychlé evoluci. Pokud jsou ale začleněny do genomu hostitele, začnou se množit pouze přenosem z generace svého hostitele na generaci další a četnost mutací v jejich sekvencích dramaticky klesá. To dovoluje vědcům zrekonstruovat, jak tyto viry vypadaly před desítkami miliónů let.

Lentiviry dokáží infikovat široké spektrum savců, jako jsou primáti, kočky či koně. Prvně byly popsány jejich endogenní formy v roce 2007 v genomu králíka. Pak následovaly objevy endogenních lentivirových sekvencí u lemuru a fretky. Dr. Daniel Elleder z Ústavu molekulární genetiky AV ČR popsal v roce 2014 lentivirovou DNA u letuch malajských. Tento endogenní lentivirus u letuch, nazvaný ELVgv, je doposud nejstarší popsaná lentivirová sekvence a poskytuje cenné informace o původu těchto virů.

Letucha malajská, jejíž předci byli původně napadeni virem ELVgv, je stromový plachtící savec jihovýchodní Asie. Letuchy jsou nejbližší příbuzní primátů, od kterých se oddělily přibližně před 81 milióny lety. Ve své poslední práci, která právě vychází v prestižním evolučním časopise *Molecular Biology and Evolution*, Dr. Elleder se svými spolupracovníky analyzovali

staré lentivirové ELVgv kopie u čtyř druhů letuch. Zjistili, že ELVgv se nachází u všech těchto druhů, což znamená, že tento lentivirus musel existovat a infikovat letuchy již před jejich rozdělením na jednotlivé druhy. A protože ELVgv se u jiných savců nenachází, časový interval, ve kterém ELVgv pronikl do genomu letuch, je 15 až 81 milionů let. Použitím přesnějších fylogenetických metod, kdy lze analyzovat změny v sekvencích endogenních ELVgv, které se dějí během přepisu RNA na DNA a začleňování do genomu hostitele, badatelé tento časový úsek ještě zúžili na 40 - 60 milionů let. V současné práci se také podařilo detekovat genetické změny v jednom z protivirových genů letuchy (gen TRIM5). To by mohlo v budoucnu vést k objasnění mechanismů kterými se předkové dnešních letuch lentivirové infekci ubránili.

Dr. Elleder věří, že pokud se podaří objevit další endogenní sekvence lentivirů u jiných savců, budou schopni historii lentivirů stopovat ještě hlouběji do minulosti.

Více informací naleznete v publikaci:

Tomáš Hron, Helena Farkašová, Abinash Padhi, Jan Pačes, and Daniel Elleder. **Life History of the Oldest Lentivirus: Characterization of ELVgv Integrations in the Dermopteran Genome.** Mol Biol Evol. 2016 Oct;33(10):2659-69.

Kontakt:

MUDr. Daniel Elleder, Ph.D., Ústav molekulární genetiky AV ČR, v.v.i.; tel: 241063145, e-mail: elleder@img.cas.cz , <http://www.img.cas.cz/research/jiri-hejnar/>

Výsledky této práce byly již hojně komentovány v zahraničním tisku:

<http://www.dailymail.co.uk/sciencetech/article-3731507/Is-origin-HIV-Scientists-study-ancient-strains-lemurs-date-60-MILLION-years-ago.html>

<http://cool.com.ng/scientists-study-ancient-strains-in-lemurs-which-date-back-to-60-million-years-ago/>

<http://www.leedstimes.com/index.php/sid/246588467>