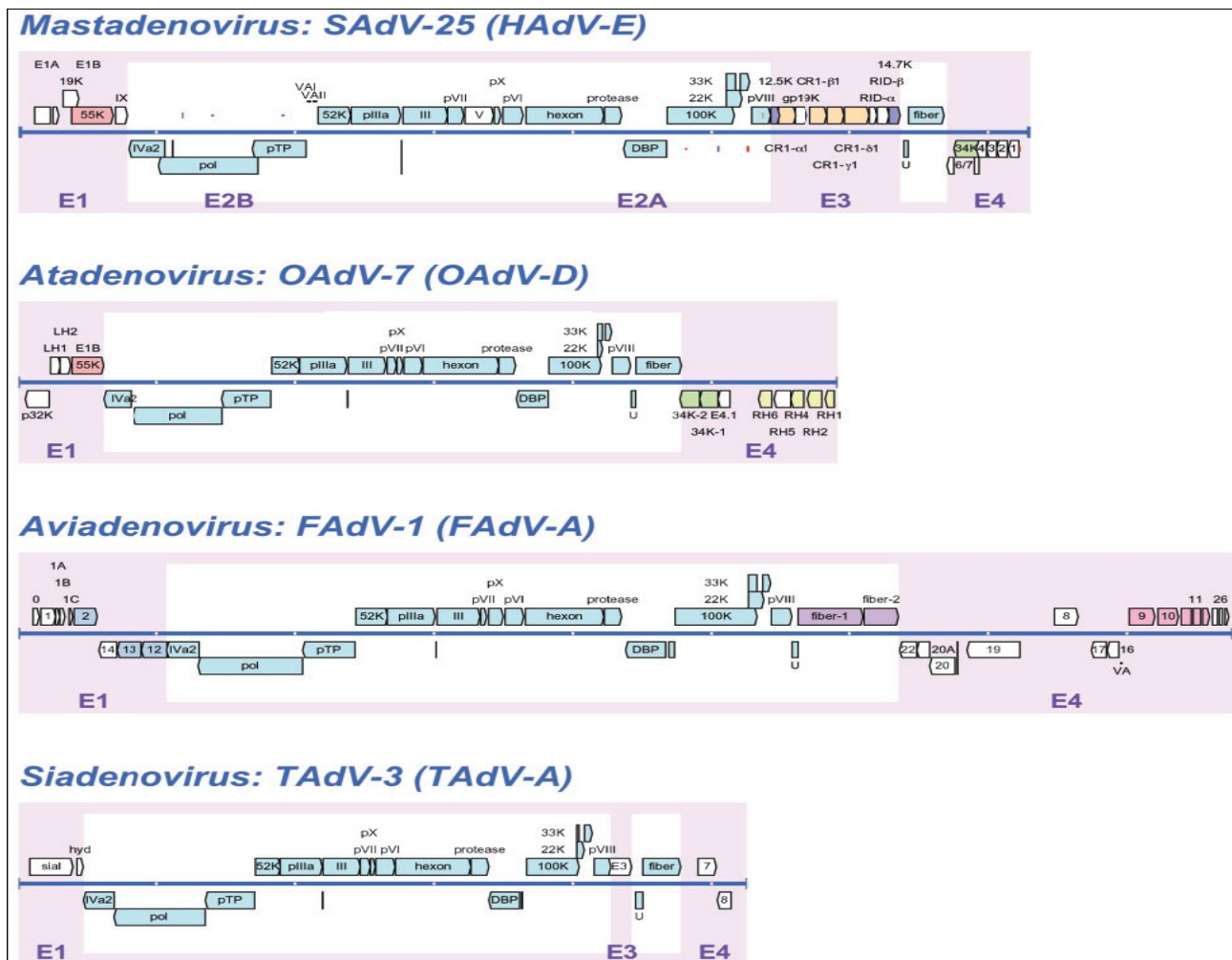


## Az adenovírusok evolúciója

Az *Adenoviridae* családba tartozó vírusok burok nélküli, ikozahedrális szerkezetűek. Morfológiai jellegzetességüket egy 20-50 nm hosszúságú fiber adja, melynek a végén található gömbszerű képződmény epitópjainak meghatározó szerepe van a vírus adszorpciójában. Örökítőanyaguk lineáris, kétszálú DNS, melynek hosszúsága 26 – 45 kbp között lehet. Az emlős adenovírusok legtöbbször általában enyhe klinikai tünetekben vagy szubklinikai formában jelentkező, felső légúti megbetegedést okoz, többnyire a fiatal állatokban.

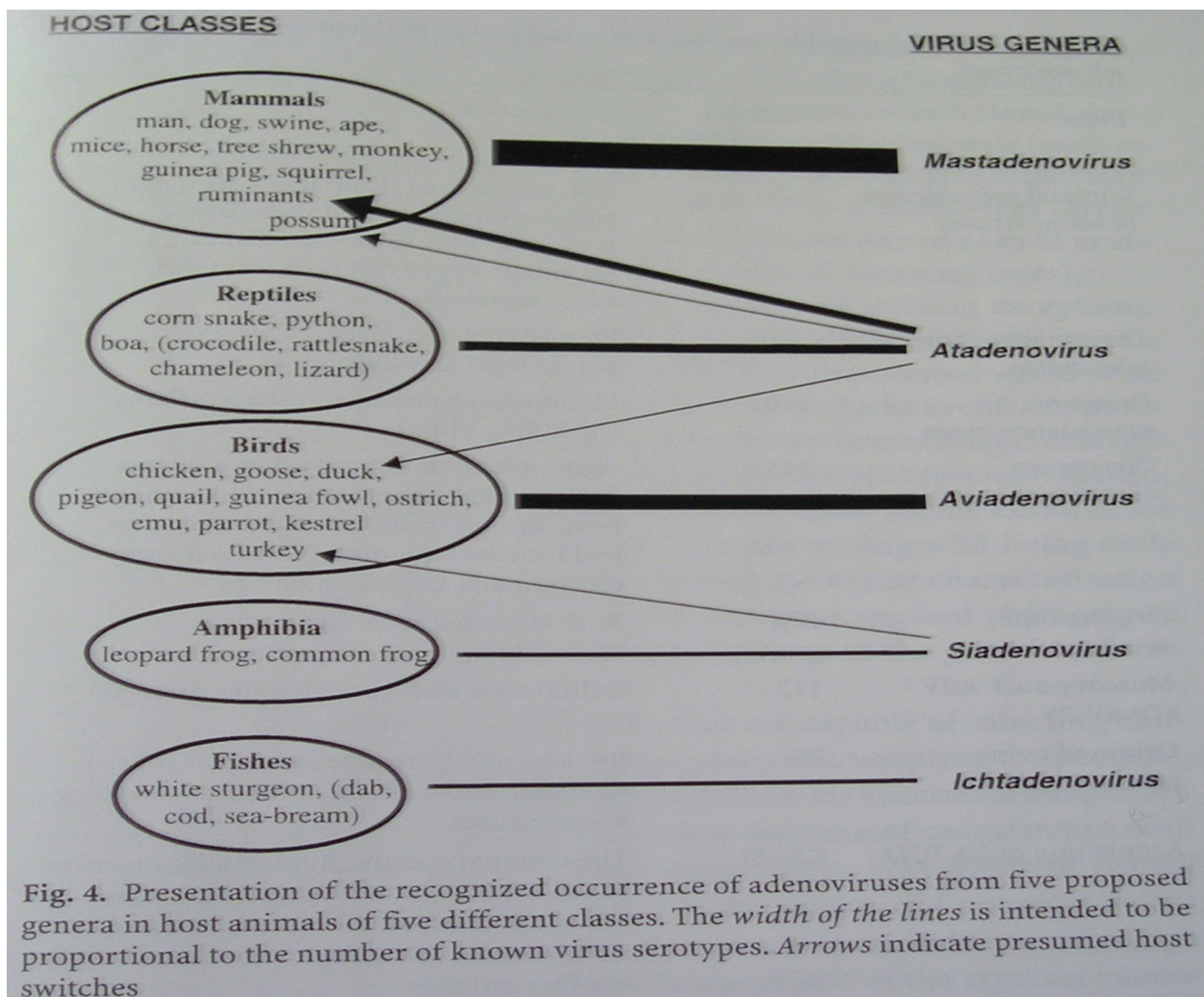
Jelenleg a Nemzetközi Vírusrendszertani Bizottság (ICTV, International Committee on the Taxonomy of Viruses) négy nemzetséget fogadott el az Adenoviridae családon belül:

- Mastadenovirus
- Aviadenovirus
- Atadenovirus
- Siadenovirus



1. kép: Az adenovírusok felépítése

Az adenovírusok és gazdáik törzsfáinak hasonlósága arra enged következtetni, hogy az adenovírusok nagyon jól alkalmazkodnak gazdáikhoz. A Mastadenovírusokat eddig még csak emlősökben találták meg, az Aviadenovírusokat, pedig csak madarakban. A kép kissé zavarossá válik, ha megnézzük a másik két csoportot. Az Atadenovírusokat viszonylag távoli csoportokban találták meg eddig: számos baromfi fajban, vadon élő és házasított kérődzőkben, valamint egy erszényes fajban. Az utóbbi időben megtalálták ennek a csoportnak a tagjait kígyókban és gyíkokban is, ami valószínűleg a csoport hulló eredetét bizonyítja. Az Atadenovírusok jelenléte emlős és madár fajokban számos (valószínűleg független) gazdaváltás révén jöhetett létre. A Siadenovírus nemzetség egyik tagja egy madárt fertőz, ennek ellenére úgy tűnik, hogy egy békákra specializálódott csoporttal van dolgunk. Egy halfajból (fehér tok) származó adenovírus részleges genom szekvenciájából úgy tűnik, hogy ez egy ötödik csoportba tartozik. A csoport még nem hivatalosan elfogadott neve: Ichtadenovirus. A jelenlegi adatok alapján tehát úgy tűnik, hogy a fő gerinces fejlődési vonalak pontosan elkülöníthető adenovírus nemzetségekkel jellemezhetőek.



2. kép: Az adenovírusok feltételezhető gazdaváltásai

Valószínűleg az adenovírusok közös őse már a gerinces fejlődési vonalak szétválása előtt jelen lehetett a csontshalakban. Mivel gerinctelenekben még nem sikerült adenovírust kimutatni, ezért csak a gerinces gazdájú adenovírusok jellegzetességeit ismerjük.

Hasonlóság van a virion és a szerkezeti fehérjék (hexon) felépítésében az adenovírusok és a PRD1 nevű bakteriofág között. A PRD1 a *Tectiviridae* családba tartozik, Gram negatív baktériumokat fertőz, lineáris dupla szálú DNS-e 15 kbp hosszú. Ez arra enged következtetni, hogy a két családnak közös őse lehetett az ősi eukarióták között. Erre az ősi morfológiára bukkantak a kutatók a Bam35 nevű bakteriofág esetén is, amely Gram pozitív gazdákat fertőz. A PRD1 és a Bam 35 a morfológia alapján megkülönböztethetetlen, annak ellenére, hogy valószínűleg több, mint egy milliárd éve elkülönültek egymástól.

Az adenovírusok valószínűleg már 400 millió évvel ezelőtt léteztek, amikor az emlős fejlődési vonalak elkülönülése megkezdődött. A virológia nem támaszkodhat fosszilis leletekre, ezért az ősi vírusokat nem lehet megvizsgálni. Emiatt a napjainkban létező adenovírusok vizsgálatával lehet a múlt eseményeire következtetni.

Feltételezett események az adenovírusok evolúciója során:

450 millió éve (legkisebb bizonyítható adenovírus kor): A hal adenovírus valószínűleg közösen fejlődött a halakkal.

360 millió éve (a béka adenovírus elkülönülése) : A béka adenovírus elkülönül a kétéltűekkel

310 millió éve (a Mastadenovírusok eredete) : Az emlősök elkülönültek a hüllőktől (és a madaraktól)

245 millió éve (az Atadenovírusok elkülönülése): A kígyó adenovírus (és más Atadenovírusok, amelyek később átkerülhettek kérődzőkre, madarakra) elkülönül a krokodil, teknős és madár fajoktól.

228 millió éve (az Aviadenovírusok eredete): A madarak elkülönülése a krokodiloktól és a teknősöktől.

Természetesen ez a történeti beosztás még nem végleges, amennyiben sikerül még több adenovírust találni a halak, kétéltűek, hüllők körében, akkor valószínűleg még pontosabb képet alkothatunk a történetükről.

Irodalomjegyzék:

- Benkő M., Harrach B.: Molecular Evolution of Adenoviruses (*Adenoviruses: Model and vectors in the virus-host interactions* (2003) 3-35 )
- Davison A., Benkő M., Harrach B.: Genetic content and evolution of adenoviruses (*Journal of General Virology* (2003) **84**, 2895-2908)
- Kovács G., LePatra S., D'Halluin J. C., Benkő M.: Phylogenetic analysis of the hexon and protease genes of a fish adenovirus isolated from white sturgeon (*Acipenser transmontanus*) supports the proposal for a new adenovirus genus (*Virus research* **98** (2003) 27-34)
- Farkas Sz.: Kígyó- adeno- és parvovírus teljes genomjának szekvenciája és analízise, mindkét víruscsoportban az első molekuláris elemzések hullő-eredetű izolátummal (PhD értekezés)
- Tuboly S.: Állatorvosi járványtan I., Mezőgazda kiadó 1998 (353-359)