

Az adenovírusok evolúciója

Körülbelül húsz évvel ezelőtt a gerincesek már minden osztályából izoláltak adenovírusokat és mindegyiket az *Adenoviridae* család két genusába sorolták be. A *Mastadenovirus* genusba az emlősök vírusait sorolták, az *Aviadenovirus* nemzetségbe pedig a madarak vírusai kerültek. Kezdetben úgy gondolták, hogy ez a felosztás elégséges. A problémák ezzel csak akkor kezdődtek, amikor a szarvasmarha adenovírusának megismerésekor azt találták, hogy nem hasonlít a *Mastadenovirus* genus tagjaihoz. Ezek után harmadik nemzetséggé létrehozták az *Atadenovirus* nemzetséget, és a szarvasmarha AdV-a került ide. Az ő vírusuk leginkább a hüllők vírusaihoz hasonlítanak.

Ahogy egyre több vírus szekvenciája vált ismertté, a három genus nem tűnt elegendőnek.

Mára már az *Adenoviridae* családba négy genus tartozik. (*Mastadenovirus* (emlősök), *Aviadenovirus* (madár), *Atadenovirus* (hüllők), *Siadenovirus* (kételtűek))

Mostanában gondolkodnak egy újabb genus bevezetésén, ahová a halak adenovírusait sorolnák. A legjobban kutatott csoport az ember adenovírusa. Számos szerotípust különítettek el, amelyek hol kisebb, hol nagyobb mértékben egyeznek a majmokban megtalálható vírusokkal.

Vajon van-e hasonlóság a vírusok törzsfája és a gazdaállatoké között?

Ha megvizsgáljuk a proteáz enzimeket és a mitokondriális RNS-ek kis darabját a vírus és a gazdaállat között, akkor jelentős hasonlóságot látunk. Ebből lehet arra következtetni, hogy van ko-evolúció.

A Mastadenovírusok kizárólag emlősöket fertőznek meg. (Az alacsonyabb rendű taxonokban még nem találtak). Az Atadenovírusok esetében nehezebb megállapítani a rokonsági kapcsolatokat, mert e nemzetség tagjai előfordulnak különböző szárnyasokban, vad és háziállatokban, valamint erszényesekben. Bár eredetileg ez a csoport a hüllőkben található vírusokból (főleg kígyók és gyíkok) eredeztethető. Emlősökben és madarakban is megfigyeltek atadenovírusokat.

A siadenovírusok egyike madarakat is megfertőz.

Tehát az emlősök vírusai gond nélkül nyomon követhetők, nem találhatók meg semmilyen más gerinces csoportban. A többi AdV genus tagjai más különböző gazda csoportban előfordulhat.

De hogyan kerülhet hulló AdV egy szarvasmarhába?

Mennyi változásnak kellett végbemennie, míg átkerült egyik fajtól a másikba és életképes maradt?

Az adenovírusok szétválása akkor kezdődött, amikor a különböző gazdafajok elkülönültek egymástól. Ez körülbelül 400 millió évvel ezelőtt történhetett. Mivel nincsenek fosszilis maradványok a vírusokról ezért nagyon nehéz teljesen biztos megállapításokat tenni. A jelenlegi vírusok kutatásával tudunk következtetni a közös ősrre. A jobb megértés végett szükség lenne az alacsonyabb rendű gerincesek vírusainak feltárására is.

Az első adenovírus genomja valószínűleg nagyon rövid volt és csak minimális információt tartalmazott a szaporodásra és a túlélésre vonatkozóan. Ahogy az evolúció során elkülönültek egymástól a különböző élőlénycsoportok, úgy követték egymást a rekombinációk, gén kicserélődések, gén duplikációk, mutációk a vírusok genomjában is. A gazdaállattól és más fertőző ágenstől ellopva egy-egy hasznos DNS darabot alakultak ki a jelenlegi vírusok.

Minél előbb jelent meg egy vírus egy állatfajban annál jobban alkalmazkodott hozzá, kevésbé okoz megbetegedést és annál több szerotípusa alakul ki. Például a szarvasmarha atadenovírusa változatosabb, mint a madarakban előforduló vírusok. Tehát a madarak később fertőződtek meg.

A vírus együtt fejlődik, alakul a gazdaállattal, a legtöbb esetben nem okoz halált, kommenzalizmus van a két élőlény között. Manapság egyre több vírust ismerünk meg és egyre pontosabb képet kapunk a vírusok az evolúciójukról.

Forrás:

-Andrew J. Davison, Mária Benkő, Harrach Balázs, Genetic content and evolution of adenoviruses, Journal of General Virology(2003), 84, 2895-2905

-Mária Benkő, Harrach Balázs, Molecular Evolution of Adenovirus (PDF formátumban olvastam, nem tudom melyik folyóiratban jelent meg, ha megjelent)

