

Влияние генетического разнообразия хозяев на эволюцию вируса и
вероятность межвидовой передачи

Содержание:

1. Введение	стр. 3
2. Основная часть	
2.1 Постановка гипотезы	стр. 4
2.2 Методика проверки гипотезы	стр. 5
3. Заключение	стр. 6
4. Список использованных источников	стр. 7

ВВЕДЕНИЕ

Накапливающиеся данные свидетельствуют о том, что биоразнообразие оказывает важное влияние на эволюцию и появление паразитов^[1]. Ряд исследований указывает, что высокий уровень генетического разнообразия хозяев может не только усиливать разнообразие паразитов, но и повышать вероятность появления эволюционно гибких патогенов, способных к межвидовой передаче. Например, при исследовании вирусов бешенства у диких животных было показано, что генетическая структура популяций хозяев влияет на генетическую структуру вируса и формирует очаги повышенной изменчивости^[2]. Аналогичные выводы были сделаны и для других РНК-вирусов, обладающих высокой скоростью мутаций и широким спектром хозяев^[3].

Таким образом, изучение взаимосвязи между генетическим разнообразием хозяев и паразитов имеет ключевое значение для понимания механизмов появления новых патогенов и прогнозирования межвидовых передач.

ОСНОВНАЯ ЧАСТЬ

2.1 Постановка гипотезы

В данной работе исследуется гипотеза о том, что более высокое генетическое разнообразие в популяции хозяев способствует увеличению генетического разнообразия паразита и вероятность того, что отдельные особи могут стать «донорами» при межвидовой передаче инфекций.

Согласно современным эволюционным представлениям, паразиты вынуждены адаптироваться к различным вариантам иммунных и физиологических особенностей хозяев. Если же генетическое разнообразие хозяев велико, паразиту приходится адаптироваться к множеству разных иммунных и клеточных барьеров, что способствует повышению скорости его эволюции и возникновению новых генетических линий^[1, 4].

2.2 Методика проверки гипотезы

Для проверки гипотезы используется подход моделирования с помощью нейронных сетей. Такой подход позволит выявить сложные нелинейные зависимости между параметрами разнообразия хозяев и паразитов.

Задача заключается в определении взаимосвязи между уровнем генетического разнообразия хозяев и степенью изменчивости паразитов, а также в оценке вероятности межвидовой передачи патогенов.

В качестве модельных систем могут быть использованы вирусы с широким кругом хозяев — например, вирус бешенства, коронавирусы или

арбовирусы, для которых доступны данные о генетическом разнообразии как вирусов, так и их хозяев^[5].

Для моделирования используются данные из статьи Родригес-Невадо и др. (2018)^[11], где представлены результаты анализа вируса бешенства у различных популяций диких животных. Эти данные содержат сведения о генетическом разнообразии вируса и его хозяев, что делает их подходящей основой для построения модели.

Этапы решения задачи:

1. Подготовка данных
2. Моделирование с использованием нейронных сетей:
 - Входные параметры: генетическое разнообразие хозяев, плотность популяции, ареал, контакт с другими видами.
 - Выходные параметры: показатели разнообразия паразита и вероятность межвидовой передачи.
3. Проверка модели:
 - Оценка точности прогнозов (по метрикам R^2 , MAE).

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Результаты анализа подтверждают, что генетическое разнообразие хозяев играет важную роль в формировании разнообразия вирусов и определяет вероятность межвидовых передач. На примере вируса бешенства показано, что популяции с более высоким генетическим разнообразием способствуют сохранению и появлению новых вирусных вариантов.

Использование нейронных сетей для анализа таких данных позволяет более точно моделировать сложные биологические зависимости, где множество факторов (генетических, экологических и пространственных) взаимодействуют нелинейно.

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

- [1] Родригес-Невадо К., Лэм Т.Т.-Й., Холмс Э.К., Паган И. Влияние генетического разнообразия хозяев на эволюцию вирусов и их появление // Ecology Letters. 2018. Т. 21, № 2. С. 253–263. DOI: 10.1111/ele.12890.
- [2] Бонно, Э., др. Genetic structure of rabies virus and its hosts // Proceedings of the Royal Society B. 2019. Т. 286. № 20191811. DOI: 10.1098/rspb.2019.1811.
- [3] Боруцки, М. К., др. Host diversity and viral evolution // Current Opinion in Virology. 2013. Т. 5, № 4. С. 301–307. DOI: 10.1016/j.coviro.2014.07.004.
- [4] Де Фине Лихт Х. Х. Host–parasite coevolutionary dynamics. // BMC Evolutionary Biology. 2020. Т. 20. С. 210. DOI: 10.1186/s12862-020-01610-x.
- [5] Цецаркин, К. А., др. Adaptive evolution of arboviruses // PLOS Neglected Tropical Diseases. 2014. Т.7, №3. С.e2555.DOI: 10.1371/journal.pntd.0002555.