



Рис. 3. Структура геномов трьох чорноморських альговірусів. 1 – *T. viridis virus* (штамм TvV-S20), 2 – *T. viridis virus* (штамм TvV-S11), 3 – *D. viridis virus* (штамм DvV-S12).

Кластери прямокутників d1, e1...e3, d3 – групи ORC, кодуючих гіпотетическіе или ідентифікованіе вірусніе білки. Чередування світліх і темніх прямокутників – сусідніе ORC одної відносної рамки, які сливаються на рисунку із-за малого відстані між ними. Ідентичніе ORC в геномах альговірусів TvV-S20 і TvV-S11: 6, 7, 8, 9 (d1) і 40...43 (d2); 14...21 (e1) і 48...55 (e2); 22 (e1a) і 1 (e2a); 5...1 (h1) і 39...35 (h2); 13...10 (g1) і 47...44 (g2); 55...23 (f1) і 34...2 (f2); “↓” – ORC 04 вірусу TvV-S20 і ORC 38 вірусу TvV-S11, які кодують 381 і 180 амінокислот, відповідно; d3, e3, d2, e2, d1, e1 – мелкіе кластери короткіх ORC, локалізованні на ланцюгах ДНК, протівоположніх тем, які кодують більшість вірусніх білків. 21, 35, 40 – номери ORC, кодуючих ідентифікованіе білки альговірусу DvV-SI

Таким образом, проведений нами попередній аналіз геномів трьох штамів чорноморських альговірусів свідчує про їх схожість з найбільш вивченими вірусами мікрободорослей родини *Phycodnaviridae*, так і об унікальності і індивідуальності їх властивостей.

Дальнійший порівняльний аналіз секвенірованніх геномів вірусів мікрободорослей представляє особливий інтерес для розуміння забезпечення *status quo* на Планеті.

О.А. Степанова¹, А.Л. Бойко², І.С. Щербатенко³

¹Інститут біології південних морів ім. А.О. Ковалевського НАН України, Севастополь

²Київський національний університет імені Тараса Шевченка, Київ

³Інститут мікробіології і вірусології ім. Д.К. Заболотного НАН України, Київ

КОМП'ЮТЕРНИЙ АНАЛІЗ ГЕНОМІВ ТРЬОХ МОРСЬКИХ АЛЬГОВІРУСІВ

Резюме

Проведено комп'ютерний аналіз геномних секвенсів трьох нових чорноморських альговірусів: *Tetraselmis viridis virus* (штами TvV-S20, TvV-S11) та *Dunaliella viridis virus* (штам DvV-S12). Виявлено як значну схожість, так і суттєві відмінності між дослідженими штамми і найбільш вивченими морськими альговірусами родини *Phycodnaviridae*. Отримані результати дають підставу вважати, що досліджені штамми є новими вірусами з наступними властивостями: лише вони були виділені з морських еукаріотичних мікрободорослей *T. viridis* і *D. viridis*; ділянки їх геномів, що кодують білки (CDSs), локалізовані переважно на одному з двох ланцюгів ДНК і утворюють кілька кластерів з короткими міжгенними проміжками; структура геномів різних вірусів, а також різних штамів одного вірусу значно варіює; геномні ДНК вірусів мають високий GC-вміст (55,5 – 67,4 %); їх гени не містять відомих оптимальних контекстів стартових кодонів трансляції, а також контекстів прочитування термінальних кодонів; переважна більшість вірусних генів і білків не мають аналогічних нуклеотидних чи амінокислотних послідовностей в генетичних банках.

К л ю ч о в і с л о в а: морські альговіруси, *Dunaliella*, *Tetraselmis*, комп'ютерний аналіз вірусних геномів.