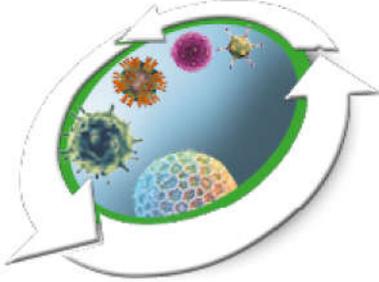


rus (/ru-issue-article-1735/Noviy-koronavirus-struktura-genomu-replikaciya-ta-patogenez) ukr
eng (/en-issue-article-1735/Noviy-koronavirus-struktura-genomu-replikaciya-ta-patogenez)

(http://health-ua.com/)

видання для лікаря-практика



Клінічна імунологія Алергологія Інфектологія

(https://kiai.com.ua)



ГОЛОВНА (/UA)

ПОТОЧНИЙ НОМЕР (/UA-ARCHIVE-CURRENTISSUE-)

РЕКОМЕНДАЦІЇ (/UA-ISSUE-RECOMENDS-)

АРХІВ (/UA/ARCHIVE)

Видання входить до електронної бази даних «Наукова періодика України НБУ імені В.І. Вернадського» (http://nbuv.gov.ua/) та індексується Google Scholar (https://scholar.google.com.ua/).

(http://nbuv.gov.ua/)

(https://scholar.google.com.ua/)

ПРО ЖУРНАЛ (/UA-SITE-PAGE-ABOUT)
РОЗДІЛИ
АВТОРАМ (/UA-SITE-PAGE-AUTHORS)
ПЕРЕДПЛАТА (/UA-SITE-PAGE-SUBSCRIPTION)
РЕКЛАМА (/UA-SITE-PAGE-ADVERTISING)
КОРИСНІ ПОСИЛАННЯ
КОНТАКТИ (/UA-SITE-PAGE-CONTACTS)

ПІДПИСКА

Будьте в курсі останніх оновлень – підпишіться на розсилку матеріалів на Ваш e-mail

ПІДПИСАТИСЯ



(/ua-site-book-10/Zbirnik-klinichnih-rekomendacij)

Збірник клінічних рекомендацій (/ua-site-book-10/Zbirnik-klinichnih-rekomendacij)

ПАРТНЕРИ





(<http://utiai.org.ua>)



(<http://www.aalu.org.ua>)



(<http://naca.net.ua>)

Головна (/) » Архів номерів (/ua/archive) » Стаття опублікована в номері » 1 (122) ' 2020 (/ua-archive-issue-144/Nomer-zhurnalu-)

СТАТТЯ В PDF-ФОРМАТІ ([https://kiai.com.ua/uploads/files/2020/1\(122\)/kiai20_1_19-21_6f0fee30cfa66296c39f93cabf8e535f.pdf](https://kiai.com.ua/uploads/files/2020/1(122)/kiai20_1_19-21_6f0fee30cfa66296c39f93cabf8e535f.pdf))

Розділи: Зарубіжний досвід »

ЗМІСТ НОМЕРА » (#)

Новий коронавірус: структура геному, реплікація та патогенез

сторінки: 19-21

Yu Chen¹, Qianyun Liu¹, Deyin Guo². ¹State Key Laboratory of Virology, Modern Virology Research Center, College of Life Sciences, Wuhan University, Wuhan, China. ²Center for Infection and Immunity Study, School of Medicine, Sun Yat-sen University, Guangzhou, China

Зміст статті:

- [Структура вірусного геному та реплікація](#) (#h3-1)
- [Роль неструктурних і структурних білків у реплікації CoV](#) (#h3-2)
- [Різноманітність патогенезу CoV-інфекції](#) (#h3-3)
- [Лікування та профілактика](#) (#h3-4)

Коронавіруси (CoV) відіграють значущу роль як збудники хвороб людини та хребетних тварин. Вони можуть уражати дихальний і травний тракт, печінку та центральну нервову систему людини, худоби, птахів, кажанів, мишей та інших диких тварин [1–3]. Спалахи тяжкого гострого респіраторного синдрому (Severe acute respiratory syndrome; SARS) у 2002–2003 рр. і Близькосхідного респіраторного синдрому (Middle East respiratory syndrome; MERS) у 2012 р. продемонстрували можливість передачі нових CoV від тварини до людини та від людини до людини [4, 5].

Спалах незвичної пневмонії в Ухані, що почався в грудні 2019 р., привернув величезну увагу всього світу. Китайський уряд і дослідники вживають швидких заходів для контролю спалаху та проведення етіологічних досліджень. Збудник загадкової пневмонії був визначений як новий коронавірус (nCoV) за допомогою глибокого секвенування та етіологічних досліджень принаймні 5 незалежними лабораторіями Китаю (www.virological.org та www.gisaid.org). 12 січня 2020 р. Всесвітня організація охорони здоров'я (ВООЗ) тимчасово назвала його новим коронавірусом 2019 року (2019-nCoV) (11 лютого 2020 р. ВООЗ визначилась з офіційною назвою – COVID-19, що є скороченням від Coronavirus disease. – Прим. ред.).

Спорадичне виникнення нових типів CoV і обумовлених ними спалахів нагадують, що CoV становить серйозну глобальну загрозу для здоров'я. Дуже ймовірно, що у зв'язку зі змінами клімату, екології, а також збільшенням взаємодії людини з тваринами нові спалахи цієї інфекції неминучі. Таким чином, виникає нагальна потреба в розробці ефективних методів терапії та профілактики CoV-інфекції.

Структура вірусного геному та реплікація

вгору (#hereStart)

CoV належить до підродини *Coronavirinae* родини *Coronaviridae* порядку *Nidovirales*. До цієї підродини належать 4 роди: *Alphacoronavirus*, *Betacoronavirus*, *Gammacoronavirus* і *Deltacoronavirus*. Геном CoV являє собою одноланцюгову позитивну РНК (+ssRNA) (~30 тис. пар нуклеотидів; т.п.н.) з 5'-метильованим кепом і 3'-полі-А-хвостом. Геномна РНК виступає матрицею для прямої трансляції поліпротеїну 1a/1ab (pp1a/pp1ab), який кодує неструктурні білки (nsP), що утворюють реплікаційно-транскрипційний комплекс (RTC) у везикулах, утворених двошаровою мембраною [6]. Далі за допомогою RTC шляхом переривчастої транскрипції синтезується вкладений набір субгеномних РНК (сРНК) [7]. Ці субгеномні месенджерні РНК (мРНК) мають спільні 5'-лідерні та 3'-термінальні послідовності. Припинення транскрипції та формування лідерної РНК відбувається на регуляторних послідовностях транскрипції, розташованих між відкритими рамками зчитування (open reading frames; ORF). Ці мінус-ланцюги РНК слугують шаблонами для утворення субгеномних мРНК [8, 9].

Геном і субгеноми типового CoV містять щонайменше 6 ORF. Перші ORF (ORF1a/b) становлять приблизно дві третини довжини геному, кодуєть 16 неструктурних білків (nsP1–16), за винятком гаммакоронавірусу, в якого nsP¹ зчитування, що забезпечує утворення двох поліпептидів: pp1a та pp1ab. З цих поліп протеази (3CLpro) або основної протеази (Mpro) та однієї або двох папаїноподібних пр І]. Інші ORF, що займають третину геному біля 3'-кінця, кодуєть щонайменше 4 основні структурні білки: шип (S), мембрану (M), оболонку (E)



та нуклеокаспидні білки (N). Крім цих 4 основних структурних білків різні CoV кодують спеціальні структурні та допоміжні білки, такі як HE, За/b, 4а/b. Усі структурні та допоміжні білки утворюються за допомогою трансляції з гРНК [7].

Вирівнювання геномної послідовності різних CoV демонструє 58% ідентичність на ділянці, що кодує nsр, 43% ідентичність на ділянці кодування структурних білків і 54% – на рівні всього геному, що свідчить про те, що nsр є консервативнішими, а структурні білки – різноманітнішими, бо мають адаптуватись до нових хазяїв. Оскільки частота мутацій під час реплікації РНК-умісних вірусів значно вища, ніж ДНК-умісних, довжина геному РНК-умісних вірусів зазвичай становить менше ніж 10 т.п.н. Однак довжина геному CoV набагато більша, приблизно 30 т.п.н., у порівнянні з найвідомішими РНК-умісними вірусами. Підтримання такої довжини геному CoV може забезпечуватись завдяки особливим властивостям RTC, який містить ферменти, що забезпечують процесинг РНК, зокрема 3'-5'-екзорибонуклеаза nsр14.

Екзорибонуклеаза 3'-5' є унікальною для CoV і не виявляється в інших РНК-умісних вірусів. Вона, ймовірно, забезпечує корекційну функцію RTC [12–14]. Аналіз послідовності показує, що 2019-nCoV має типову структуру геному і належить до кластеру бетакоронавірусів, до якого належать CoV кажанів – Bat-SARS-like (SL)–ZC45, Bat-SL ZXC21, – а також SARS-CoV і MERS-CoV. Виходячи з філогенетичного дерева CoV, 2019-nCoV тісніше пов'язаний з Bat-SL–CoV ZC45 і Bat-SL–CoV ZXC21 та більш віддалено – з SARS-CoV.

Роль неструктурних і структурних білків у реплікації CoV

вгору (#hereStart)

Більшість nsр1–16 беруть участь у реплікації CoV. Однак функції деяких nsр невідомі або вивчені недостатньо.

Основними для збирання віріонів і інфікування є 4 структурні білки. Гомотримери білків S утворюють на поверхні вірусу шипи і відповідають за приєднання до рецепторів хазяїна [53]. М-білок має три трансмембранні домени, відповідає за форму віріону, сприяє формуванню вигинів мембрани та утворює зв'язки з нуклеокаспидом [52, 53]. Білок Е бере участь у збиранні та виході вірусу, а також у патогенезі вірусної інфекції [54, 55]. Білок N має два домени, обидва з яких за допомогою різних механізмів можуть зв'язувати геном вірусної РНК. Повідомляють, що N-білок може зв'язуватися з nsр3, сприяючи приєднанню геному до RTC і упакуванню інкапсидованого геному у віріони [56–58]. Білок N також є антагоністом інтерферону (INF) і репресором інтерференції РНК, що, очевидно, є сприятливим для реплікації вірусу [59].

Різноманітність патогенезу CoV-інфекції

вгору (#hereStart)

Різні CoV мають різноманітний спектр хазяїв і тропні до різних тканин. Зазвичай альфакоронавіруси та бетакоронавіруси вражають ссавців. Гаммакоронавіруси та дельтакоронавіруси вражають птахів і риб, але деякі з них можуть вражати і ссавців [4, 60]. До 2019 р. було відомо лише 6 CoV, здатних інфікувати людину та спричинювати респіраторні захворювання.

НСoV-229E, НCoV-OC43, НCoV-NL63 і HKU1 спричинюють легкі захворювання верхніх дихальних шляхів, в рідкісних випадках деякі з них можуть спричинювати тяжку інфекцію у немовлят, дітей молодшого та осіб похилого віку. SARS-CoV і MERS-CoV можуть вражати нижні дихальні шляхи та спричинювати тяжкий респіраторний синдром людини [56, 61]. Деякі CoV можуть вражати худобу, птахів, кажанів, мишей, китів і багатьох інших диких тварин, що може обумовлювати значні економічні втрати. Наприклад, у 2016 р. CoV кажанів HKU2, пов'язаний з синдромом гострої діареї свиней, спричинив масштабний спалах смертельного захворювання у Південному Китаї. Загибло понад 24 000 поросят [62]. Це перший документально підтверджений випадок поширення CoV кажанів, що спричинив тяжкі захворювання у худоби [4, 63].

Новий CoV, 2019-nCoV, який на основі аналізу послідовності відносять до бетакоронавірусів, також може вражати нижні дихальні шляхи та спричинювати пневмонію в людини, але, очевидно, з легшим перебігом, ніж у випадку SARS і MERS.

Спочатку багато хворих мали прямий чи опосередкований зв'язок з оптовим ринком морепродуктів Huanan в м. Ухань, який, як вважають, є початковим місцем спалаху 2019 р. Однак передача 2019-nCoV від риб до людини малоімовірна. 2019-nCoV і CoV білуги – Beluga Whale CoV/SW1 – належать до різних родів і, очевидно, мають різний спектр хазяїв. Оскільки ринок морепродуктів в Ухані продає і інших тварин, природнього хазяїна 2019-nCoV ще належить ідентифікувати.

У зв'язку з можливістю передачі вірусу від тварини до людини слід постійно контролювати CoV-інфекцію серед свійської худоби та інших тварин, у тому числі кажанів і диких тварин, що продаються на ринку. Крім того, з'являється все більше свідчень, що 2019-nCoV передається від людини до людини, оскільки інфекція розвивається в людей, які не відвідували Ухань, але мали тісний контакт з членами сім'ї, які відвідали і були інфіковані (www.cctv.com).

Основні патогенні CoV наведено в таблиці.

Таблиця. Основні патогенні CoV

Вірус	Рід	Хазяїн	Симптоми
CoV-229E людини	Альфакоронавіруси	Людина	Нетяжке ГРЗ
CoV-NL63 людини	Альфакоронавіруси	Людина	Нетяжке ГРЗ
PRCV/ISU-1	Альфакоронавіруси	Свиня	Нетяжке ГРЗ
TGEV/PUR46-MAD	Альфакоронавіруси	Свиня	Діарея зі 100%
PEDEV/ZJU-G1-2013	Альфакоронавіруси	Свиня	Тяжка водяниста



[herpesvirusni-
neyroinfekcyiji\)](#)[bolezni-
cheloveka\)](#)[vikovomu-
aspekti\)](#)[lechenie-
gerpeticheskikh-
infekciy-
cheloveka-
rukovodstvo-
dlya-vrachej\)](#)[immunologiya-i-
allergologiya\)](#)

Copyright ©



Повне або часткове відтворення або розмноження будь-яким способом матеріалів, опублікованих на цьому сайті, допускається тільки з письмового дозволу редакції та з посиланням на джерело.

[Головна \(/ua\)](#) [Поточний номер \(/ua-archive-currentIssue-\)](#) [Рекомендації \(/ua-issue-recomends-\)](#) [Архів \(/ua/archive\)](#)

[Про журнал \(/ua-site-page-about\)](#) [Розділи \(/ua-issue-sections-\)](#) [Корисні посилання \(/ua-site-links-\)](#)

[Авторам \(/ua-site-page-authors\)](#) [Передплата \(/ua-site-page-subscription\)](#) 

Наш журнал
у соцмережах:



[\(https://www.facebook.com/%D0%96%D1%83%D1%80%BD%D0%B0%D0%BB-%D0%9A%D0%BB%D1%96%D0%BD%D1%96%D1%87%D0%BD%D0%B0-%D1%96%D0%BC%D1%83%D0%BD%D0%BE%D0%BB%D0%BE%D0%B3%D1%96%D1%8F-%D0%90%D0%BB%D0%B5%D1%80%D0%B3%D0%BE%D0%BB%D0%BE%D0%B3%D1%96%D1%8F-%D0%BD%D1%84%D0%B5%D0%BA%D1%82%D0%BE%D0%BB%D0%BE%D0%B3%D1%96%D1%8F-642477072557801/\)](https://www.facebook.com/%D0%96%D1%83%D1%80%BD%D0%B0%D0%BB-%D0%9A%D0%BB%D1%96%D0%BD%D1%96%D1%87%D0%BD%D0%B0-%D1%96%D0%BC%D1%83%D0%BD%D0%BE%D0%BB%D0%BE%D0%B3%D1%96%D1%8F-%D0%90%D0%BB%D0%B5%D1%80%D0%B3%D0%BE%D0%BB%D0%BE%D0%B3%D1%96%D1%8F-%D0%BD%D1%84%D0%B5%D0%BA%D1%82%D0%BE%D0%BB%D0%BE%D0%B3%D1%96%D1%8F-642477072557801/)

Матеріали, розміщені на сайті,
призначені для спеціалістів охорони здоров'я.

