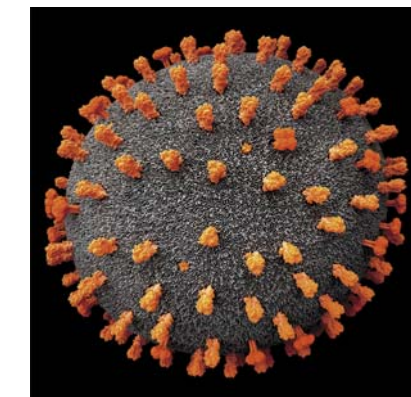


В 3-D реальности



В феврале 2011 г. на Международном конкурсе научной и инженерной визуализации, ежегодно организуемом журналом *Science* и Национальным научным фондом (США), победу одержала российская компания *Visual Science*. Лучшей научной иллюстрацией года было признано изображение трехмерной модели вируса иммунодефицита человека, опубликованное на обложке спецвыпуска журнала *Nature Medicine*, подготовленного Всемирным центром по разработке вакцин от ВИЧ.

Сегодня в молодой отечественной студии научной графики, анимации и моделирования создаются самые разные продукты: от научно-популярных иллюстраций для журналов до пластиковых моделей медико-биологических объектов и схем производств. Среди ее заказчиков много крупных отечественных и зарубежных организаций: Российская академия наук, ОАО «Роснано», МГУ им. М. В. Ломоносова, Королевское общество химии (Великобритания), издательства *Elsevier* (Нидерланды) и *Wiley* (США) и многие др.

Что касается модели-призера, то известно, что вирус иммунодефицита человека заражает преимущественно клетки иммунной системы человека, приводя к развитию *синдрома приобретенного иммунодефицита* (СПИД). Размеры этой вирусной частицы варьируют в пределах 100–180 нм. Она окружена мембраной, в которой заякорены поверхностные белковые комплексы. Часть из них кодируется геномом самого вируса, а часть, как и мембрана, захватывается из хозяйской клетки. Мембранные белки ВИЧ позволяют вирусной частице взаимодействовать с рецепторами на поверхности клеток-мишеней. После этого вирусная и клеточная мембраны сливаются, и содержимое вириона попадает внутрь цитоплазмы.

Вирион содержит белковый капсид конической формы, в котором находится геном вируса в виде двух идентичных молекул РНК и ферменты, обеспечивающие его размножение в клетке. Всего геном вируса включает 9 генов, кодирующих 15 различных белков. Внутри частицы ВИЧ помимо вирусных белков находятся также белки, захваченные из клетки-хозяина.

Для создания модели ВИЧ (слева) были использованы результаты более ста научных публикаций по вирусологии, рентгеноструктурному анализу и ЯМР-спектроскопии. Потребовалось графически воссоздать уже известные точные пространственные структуры 17 белков вирусного и клеточного происхождения в различных конформациях (с учетом межбелковых взаимодействий), а также структуры трансмембранных участков ряда белков и их гликозилированных форм. Для моделирования мембраны вирусной частицы было использовано около 160 тыс. изображений молекул липидов восьми видов.

Структуры вирусного происхождения на модели обозначены оттенками оранжевого цвета, компоненты клетки-хозяина – оттенками серого.

*И. Константинов, Ю. Стефанов, А. Ковалевский (Visual Science, Москва),
Е. Воронин (Global HIV Vaccine Enterprise)*

*Вверху – 3-D модель вирусной частицы гриппа А/Н1N1, на которой видны поверхностные белки гемагглютинин и нейраминидаза. Строение частицы и плотность белков на ее поверхности соответствует изображениям вируса, полученным методом криоэлектронной микроскопии.
Visual Science*