

Сравнительный анализ геномов апикопласта *Plasmodium falciparum* и водорослей отдела *Rhodophyta*

Научный руководитель – Гринев Александр Борисович

Фокина Наталья Юрьевна

Студент (специалист)

Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова,
Москва, Россия

E-mail: retrospector@yandex.ru

Одной из мишеней для применения химиотерапии в лечении малярии является апикопласт - вторичный эндосимбионт прокариотной природы, наличие которого характерно для большинства представителей типа *Apicomplexa*, в т.ч. относящихся к роду *Plasmodium*. Действие таких препаратов направлено на различные механизмы, в которые вовлечен данный органоид: репликацию ДНК, биосинтез белка, метаболические пути синтеза ряда незаменимых соединений [3]. Вместе с тем, борьба с малярией затруднена, в частности, быстрым приобретением малярийным плазмодием резистентности к различным лекарственным препаратам. Известно, что филогенетически апикопласт происходит от водорослей отдела *Rhodophyta* [2], в связи с чем можно предположить, что водоросли, входящие в данный отдел, могут быть использованы в качестве модельных организмов для исследования лекарственной устойчивости плазмодия, что актуально из-за сложности поддержания его в культуре.

В рамках настоящей работы было исследовано филогенетическое родство апикопласта *P. falciparum* (изолят 3D7) и 19 различных представителей водорослей отдела *Rhodophyta*: *Porphyridium purpureum* CCMP 1328, *Cyanidioschyzon merolae* 10D, Soos_CM, GT, *Galdieria sulphuraria* 5572, RT22, MtSh, 2, MS1, Az2, YNP5578.1, SAG21, 107.79, *Pyropia yezoensis* RZ, *Galdieria phlegrea* Soos_GS, *Pyropia haitanensis* PH40, *Gracilariopsis chorda* SKKU-2015, *Carparhycus alvarezii* кр, *Digenea simplex* OPJ-A18. Анализ производился с помощью программы Mauve (версия 20150226, сборка 10) [1]. Для анализа был использован геном апикопласта *P. falciparum* 3D7 из базы данных PlasmoDB [4] и геномы красных водорослей из базы данных GenBank [5].

В результате проведенного исследования было установлено, что наибольшей филогенетической близостью к апикопласту *P. falciparum* характеризуются виды *P. haitanensis* и *D. simplex*. Несколько меньшее сходство наблюдается между геномами апикопласта и *C. merolae* Soos_CM, *P. sulphuraria* (штаммы 5572, 2), а также *P. yezoensis* (культивар RZ). Полученный результат свидетельствует о потенциальной пригодности данных организмов для моделирования взаимодействия апикопласта малярийного плазмодия с различными лекарственными препаратами, воздействующими на него.

Источники и литература

- 1) Darling A.C.E., Mau B., Blattner F.R., Perna N.T. Mauve: Multiple Alignment of Conserved Genomic Sequence With Rearrangements // Genome Res. 2004. No. 14. P. 1394–1403.
- 2) Striepen B. The apicoplast: a red alga in human parasites // Essays Biochem. 2011. No. 51. P. 111–125.
- 3) Uddin T., McFadden G.I., Goodman C.D. Validation of Putative Apicoplast-Targeting Drugs Using a Chemical Supplementation Assay in Cultured Human Malaria Parasites // Antimicrobial Agents and Chemotherapy. 2017. No. 62.

- 4) PlasmoDB. Release 46: <https://plasmodb.org/plasmo/>.
- 5) Rhodophyta – Assembly – NCBI: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/?term=Rhodophyta>.