

Поиск «генов паразитизма»: сравнительная транскриптомика разных стадий жизненного цикла нематоды *Alloionema appendiculatum***Мазакина Виолетта Владимировна**

Студент (магистр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра генетики, Москва, Россия

E-mail: mazakina98@gmail.com

Паразитизм — явление, широко распространенное в природе и характерное для большинства таксонов. В эволюции нематод переход к паразитизму осуществлялся неоднократно, поэтому представители данного таксона вступают в широкий спектр взаимоотношений: от форезии до облигатного паразитизма [2]. Интересным объектом для изучения паразитизма являются нематоды, в жизненном цикле которых присутствует свободноживущая и паразитическая стадии, а также переходная стадия - дауровская личинка, которая имеет пре-адаптации к паразитизму и необходима для проникновения в организм хозяина [3]. Анализ дифференциальной экспрессии генов разных стадий жизненного цикла дает представление о функционировании путей метаболизма паразита, что имеет практическое значение - поиск мишеней антигельминтных препаратов [4]. Так, было обнаружено, что группы генов, ассоциированных с переходом к паразитизму, кодируют семейства белков со следующими функциями: иммунномодуляция (SCP/TAPS, ингибиторы протеиназ), ингибирование механизмов кишечных сокращений (ацетилхолинэстераза), а также проникновение в ткани хозяина (пропил олигопептидаза) [1].

Вышеупомянутые стадии развития имеет объект исследования данной работы - нематода-паразит наземных брюхоногих моллюсков - *Alloionema appendiculatum*. Хозяева паразита, моллюски рода *Arion*, были найдены на территории РГАУ-МСХА им.К.А.Тимирязева. Транскриптом был собран на кластере Макарьич, далее был проведен анализ дифференциальной экспрессии генов четырех стадий развития (свободноживущей, паразитической, постпаразитической и инвазионной), сравнение с модельными объектами - *Strongyloides stercoralis* и *Caenorhabditis elegans*. Функциональная аннотация выявила гены и пути метаболизма, предположительно ассоциированные с паразитизмом. Полученные результаты способствуют дальнейшему расширению нашего понимания физиологии, биохимии и генетики паразитизма.

Источники и литература

- 1) Hunt V. L. et al. The genome of *Strongyloides* spp. gives insights into protein families with a putative role in nematode parasitism //Parasitology. 2017. Т. 144. №. 3. С. 343-358.
- 2) Lee D. L. Cuticle, moulting and exsheathment //The biology of nematodes. 2002. С. 171-209.
- 3) Ogawa A. et al. *Pristionchus pacificus* daf-16 is essential for dauer formation but dispensable for mouth form dimorphism //Development. 2011. Т. 138. №. 7. С. 1281-1284.
- 4) Patton J. B. et al. Methylprednisolone acetate induces, and Δ^7 -dafachronic acid suppresses, *Strongyloides stercoralis* hyperinfection in NSG mice //Proceedings of the National Academy of Sciences. 2018. Т. 115. №. 1. С. 204-209.