

# **Поиск ультраконсервативных элементов у простейших типа Aricomplexa**

О.А. Зверков, Л.И. Рубанов, А.В. Селиверстов  
Институт проблем передачи информации  
им. А.А. Харкевича РАН



В 2004 г. в геномах позвоночных были открыты

**ультраконсервативные элементы,**

сначала как точные повторы, затем как повторы, которые могут незначительно отличаться. Первоначально был выделен 481 такой участок с сохранением синтении.

Bejerano G., Pheasant M., Makunin I., Stephen S., Kent W.J., Mattick J.S., Haussler D. Ultraconserved elements in the human genome // *Science*. – 2004. – V. 304 (5675). – P. 1321–13254

Функциональная роль таких элементов до сих пор не определена, но их очень высокая консервативность, сложность и специфическое расположение в геноме указывают на вероятную роль в регуляции экспрессии генов эукариот.

Однако у простейших такие элементы до сих пор не исследовались.

- Ультраконсервативные элементы позволяют получать новые сведения о распространении возбудителей инфекций и путях заражения. В свою очередь это позволит целенаправленно проводить противоэпидемиологические мероприятия.
- Примером возбудителя протозойных инфекций, имеющего всесветное распространение, служит *Toxoplasma gondii*, который относится к наиболее важным для медицины и ветеринарии представителям типа Apicomplexa.

Церебральный токсоплазмоз, как оппортунистический паразитоз, занимает третье место в структуре летальных исходов при ВИЧ-инфекции.

- Ультраконсервативные элементы служат маркёрами (зондами) для определения филогенетического положения малоизученных видов беспозвоночных животных.
- Это особенно актуально для видов, составляющих зоопланктон и в значительной степени определяющих продуктивность водных экосистем.
- Геномные данные брались из базы данных Eukaryotic Pathogen Database Resources (<http://eupathdb.org/>).

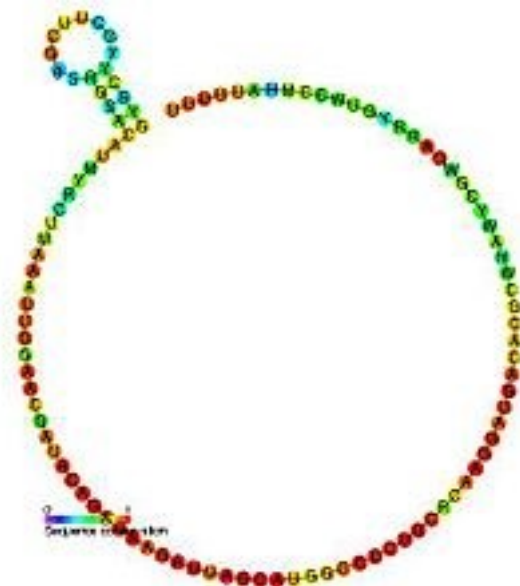
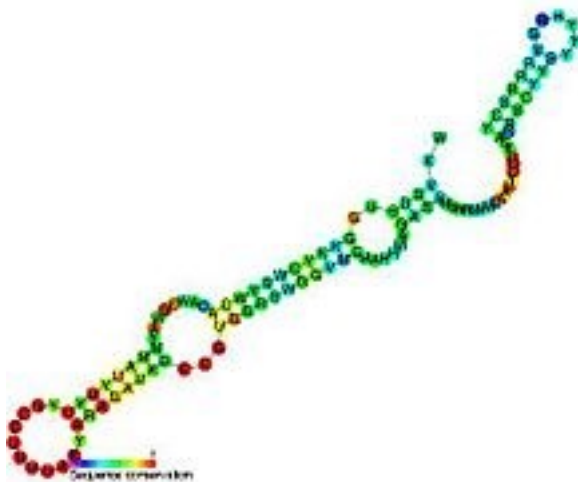
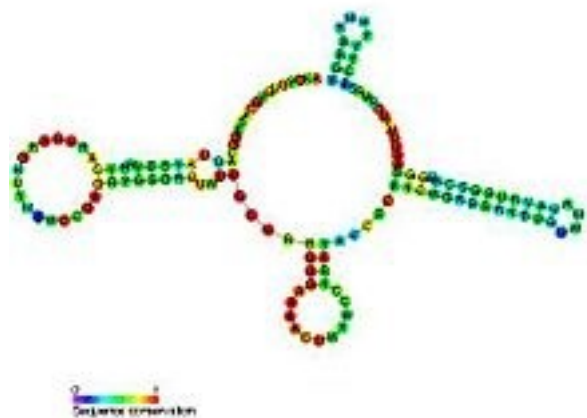
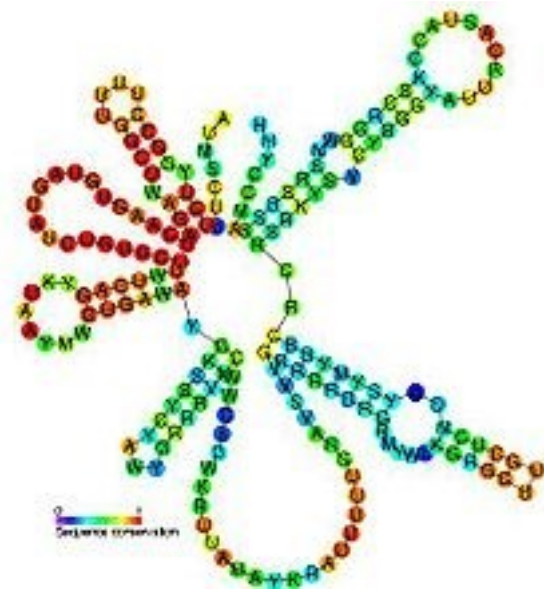
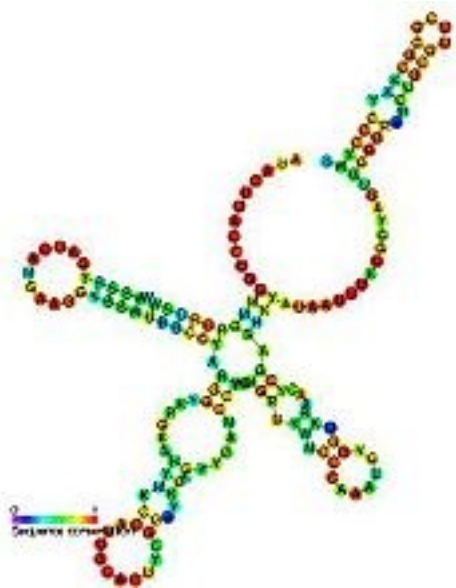


# мЯРНК

U1

U2

U4 U5 U6



# **Результаты поиска ультраконсервативных элементов у простейших типа Apicomplexa**

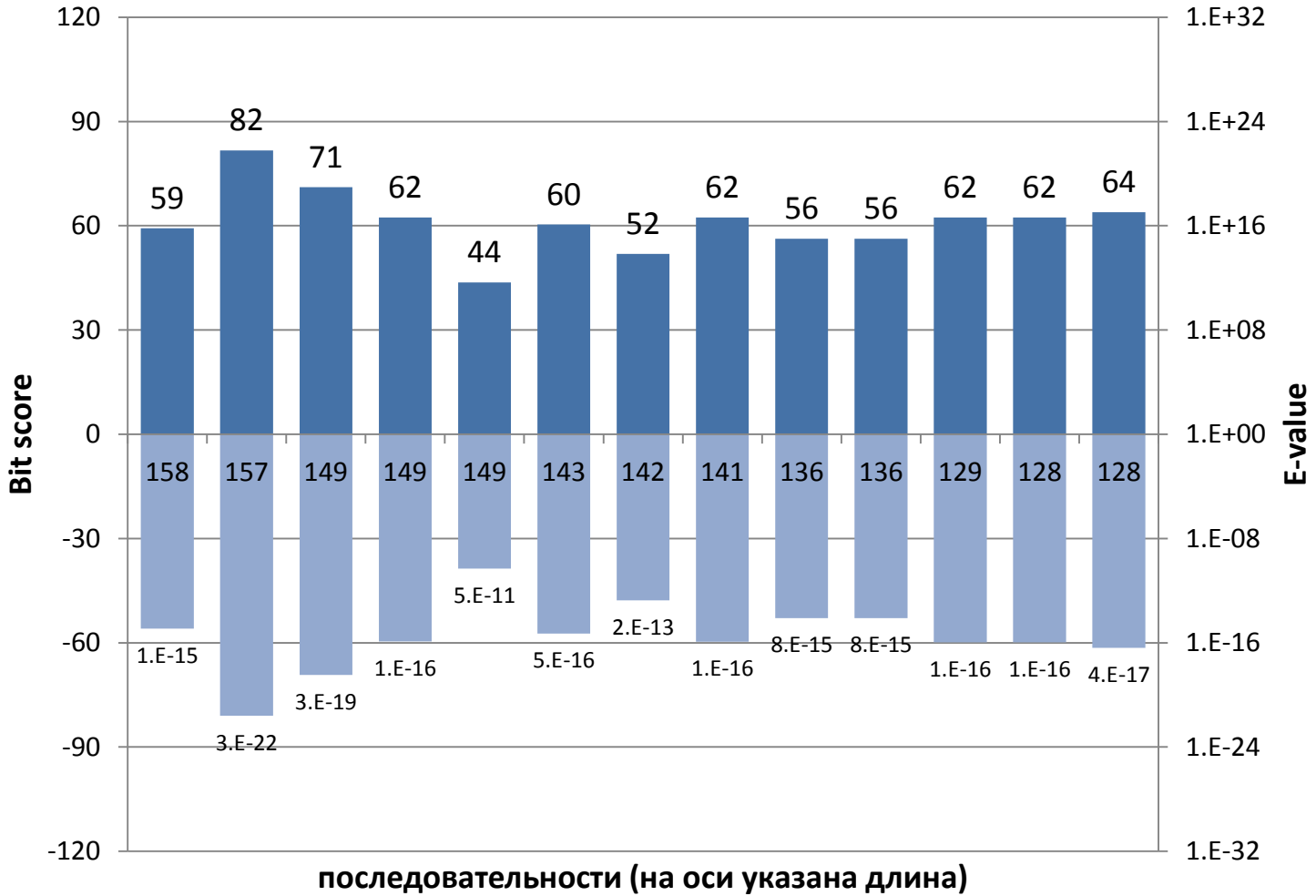
Среди найденных ультраконсервативных элементов представлены фрагменты рРНК, тРНК и участвующие в сплайсинге мяРНК.

Всего найден 171 потенциальный ультраконсервативный элемент.

**5S рРНК – 2, SSU рРНК – 13, LSU рРНК – 20, SRP – 1, тРНК – 65,**  
**мяРНК: U1 – 2, U2 – 2, U4 – 2, U5 – 1, U6 – 1.**

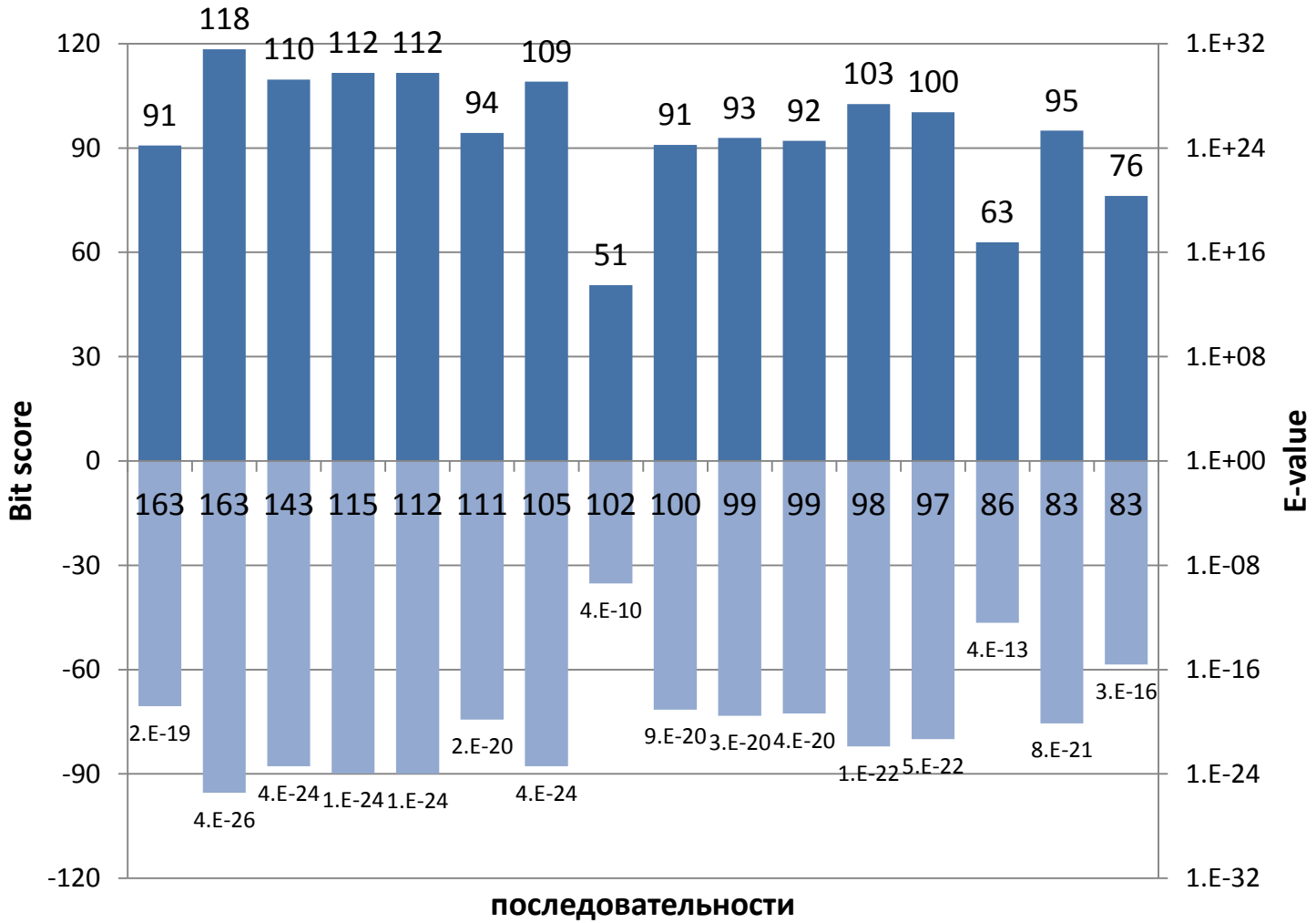
Неизвестна роль 64 предсказанных ультраконсервативных элементов.

# U1

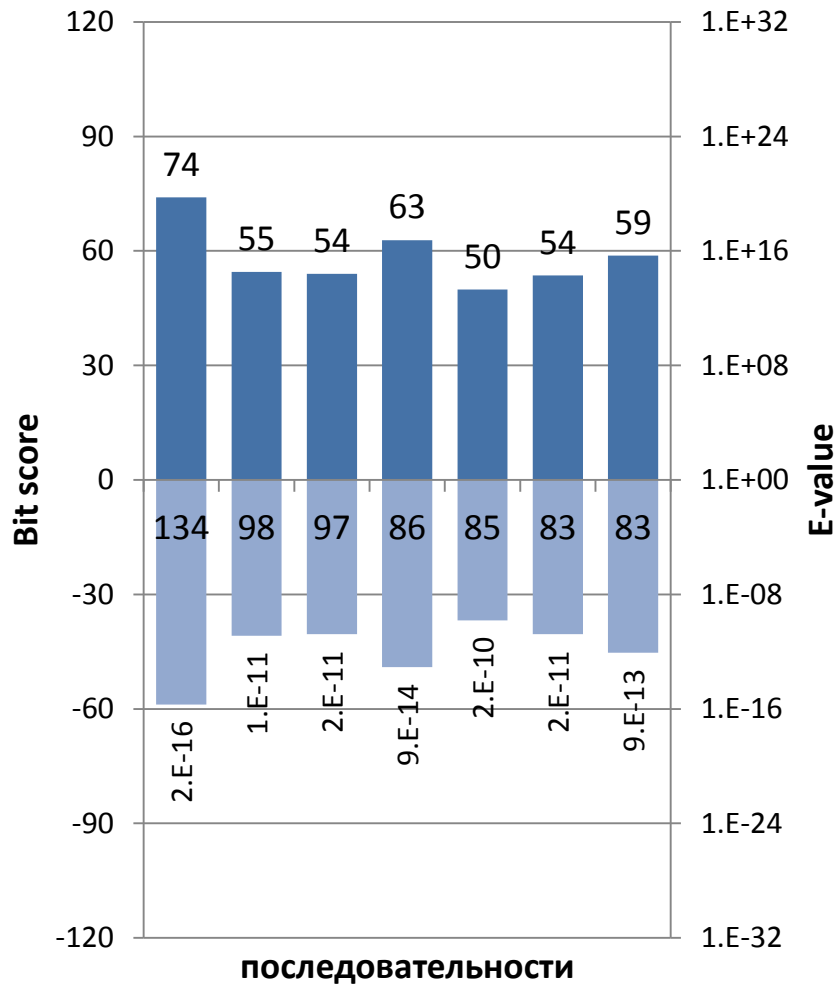




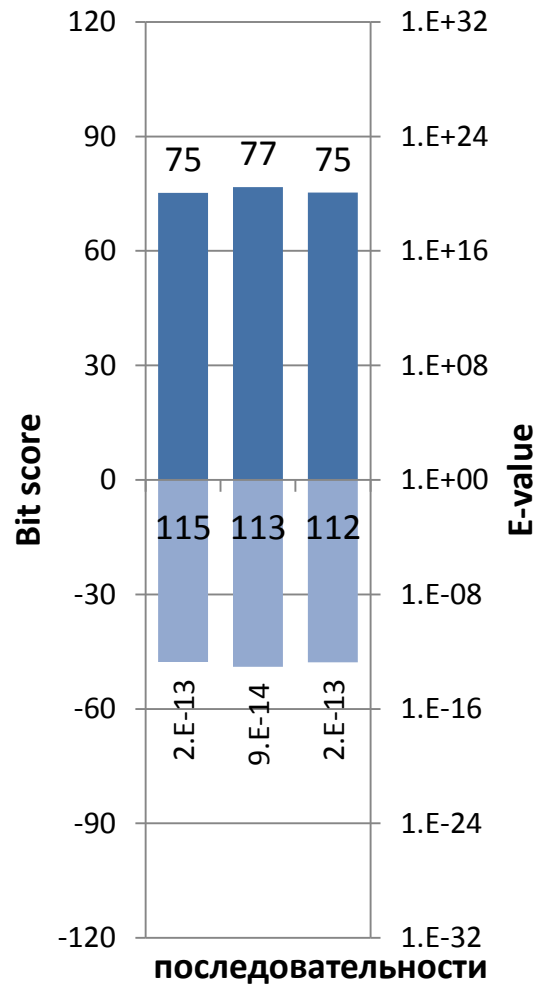
# U2



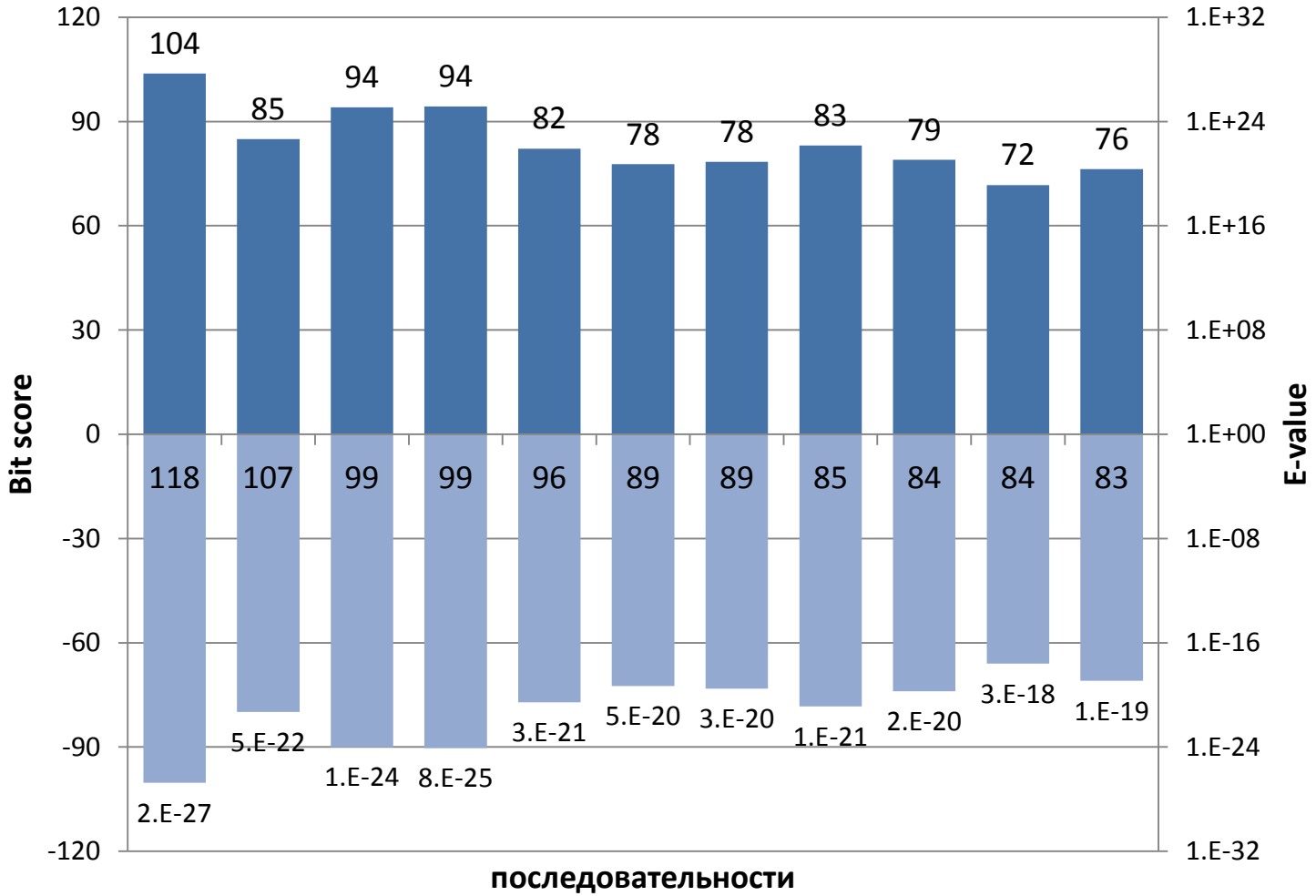
# U4



# U5



# U6



# Поиск ультраконсервативных элементов у простейших Амеоба

Представлено всего 7 различных видов из трёх родов:

*Acanthamoeba castellanii*,

*Entamoeba dispar*,

*Entamoeba histolytica*,

*Entamoeba invadens*,

*Entamoeba moshkovskii*,

*Entamoeba nuttalli*,

*Naegleria fowleri*

В одном геноме не более ~40 мегабаз (в сумме ~200).

Контигов (кроме 3-х случаев) не больше 1.5 тысяч на геном

(максимум ~5 тыс., в сумме ~17 тыс.).

# **Результаты поиска ультраконсервативных элементов у простейших типа Амёба**

Среди найденных ультраконсервативных элементов представлены фрагменты рРНК, тРНК, и участвующие в сплайсинге мяРНК.

Всего найдено 766 потенциальных ультраконсервативных элементов.

**5S рРНК – 1, SSU рРНК – 3, LSU рРНК – 3,**

**тРНК – 34, мяРНК: U2 – 2, U6 – 2.**

Неизвестна роль 721 предсказанного ультраконсервативного элемента.

Спасибо за внимание

Работа выполнена при частичной  
поддержке Российского фонда  
фундаментальных исследований  
(проект 13-04-40196-Н).