

ЛЕ ДІНЬ ХУН^{1*}
ВО ТХІ ДЬСУ ТРАНГ¹
ХОАНГ ТХІ ТРАНГ НГУЄН²
ДІНЬ ТХАНЬ ТРУНГ¹
НГО ТХІ ДУЙ НГОК¹
ФАН ТХІ ХОАЙ ТРІН¹

НОВИЙ ЧЛЕН РОДИНИ ЛЕКТИНІВ ОААН З КУЛЬТИВОВАНОЇ У В'ЄТНАМІ ЧЕРВОНОЇ ВОДОРОСТІ *EUCHEUMA DENTICULATUM*

¹Інститут океанографії В'єтнамської академії науки і технологій,
вул. Кауда, 1, Нячанг, Провінція Кханьхоа, В'єтнам

²Університет Нячанг,
вул. Нгуєн Дінь Чіу, 2, Нячанг, Провінція Кханьхоа, В'єтнам

* Адреса для листування: ledinhhungims@yahoo.co.uk

Реферат. Червона водорість *Eucheuma denticulatum* є економічно важливим харчовим продуктом, що широко культивується у В'єтнамі. У цьому дослідженні комплементарне клонування ДНК (кДНК) на основі методів швидкої ампліфікації кінців кДНК (RACE) дозволило з'ясувати повнорозмірну послідовність нового лектиноподібного білка (названого EDL) з цієї водорості. Клонування кДНК лектиноподібного білка кодувало поліпептид з 268 амінокислот, включаючи ініціюючий метіонін. Встановлена амінокислотна послідовність лектиноподібного білка, що складається з чотирьох тандемних повторюваних доменів приблизно з 67 амінокислот і має 45% ідентичності послідовності. Первинна структура лектиноподібного білка EDL дуже схожа на структуру антивірусних і протиракових лектинів з високим вмістом манози N-глікану в нижчих організмах, включаючи *Oscillatoria agardhii* NIES-240 (OAA) з ціанобактерій, *Burkholderia oklahomensis* EO147 (BOA), *Mycrococcus xanthus* (MBHA) і *Pseudomonas fluorescens* Pf0-1 (PFL) з протеобактерій, *Eucheuma serra* (ESA-2), *E. denticulatum* (EDA-2), *Kappaphycus striatus* (KSA-1 і KSA-2), *K. alvarezii* (KAA-1 і KAA-2) і *Solieria filiformis* (SfL-1 і SfL-2) з карагенофітових червоних водоростей. Висока схожість у структурі з

Надійшла до редакції 20.12.2024. Після доопрацювання 21.04.2025. Підписана до друку 20.08.2025.

Опублікована 20.09.2025

Ц и т у в а н н я . Ле Дінь Хун, Во Тхі Дьсу Транг, Хоанг Тхі Транг Нгуєн, Дінь Тхань Трунг, Нго Тхі Дуй Нгок, Фан Тхі Хоай Трін. 2025. Новий член родини лектинів ОААН з культивованої у В'єтнамі червоної водорості *Eucheuma denticulatum*. *Альгологія*. 35(3): 194–209. <https://doi.org/10.15407/alg35.03.194>

This is open access article under the CC BY license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

антивірусними та протираковими лектинами свідчить про те, що культивована червона водорість *E. denticulatum* також може стати хорошим джерелом функціонального білка (лектину) для медичного застосування.

Ключові слова: амінокислотна послідовність, карагенофіти, кДНК лектиноподібного білка, EDL, *Eucheuma denticulatum*

Вступ

Лектини, або вуглеводзв'язуючі білки, присутні в різних організмах від вірусів до ссавців і служать молекулами розпізнавання між клітинами, клітиною та матриксом, а також організмами. Завдяки здатності розрізняти вуглеводні структури лектини використовуються не лише як цінні біохімічні реагенти в багатьох галузях досліджень, включаючи глікоміку, але й як перспективні кандидати для медичного та клінічного застосування (Sharon, Lis, 2003).

Морські водорості є перспективними джерелами нових лектинів. Водоростеві лектини мають унікальну молекулярну структуру та важливу біологічну активність. Біохімічні дослідження показали, що багато лектинів, виділених з морських червоних водоростей, мають спільні властивості з лектинами прокаріотів (Hori et al., 2000). Лектини з червоних водоростей можна об'єднати в сімейство лектинів, відоме як сімейство лектинів гомологів аглютиніну *Oscillatoria agardhii* (ОААН) (Koharudin et al., 2012). ОАА містить 132 залишки з двома тандемно повторюваними доменами (Sato et al., 2007), подібно до PFA з бактерії *Pseudomonas fluorescens* (Sato et al., 2012). З іншого боку, лектини з бактерій, таких як BOA з *Burkholderia oklahomensis* EO147 (Whitley та ін., 2013), MBHA з *Mycococcus xanthus* (Romeo та ін., 1986); з червоних морських водоростей, ESA-2 з *Eucheuma serra* (Hori та ін., 2007), EDA-2 з *E. denticulatum* (Hung et al., 2015a), KSL і KSA-2 з *Kappaphycus striatus* (Hung et al., 2015b; Hung, Trinh, 2021), KAA-1/-2 з *K. alvarezii* (Hirayama et al., 2016) і SfL-1/-2 з *Solieria filiformis* (Chaves et al., 2018), усі вони містять 267–268 залишків із чотирма доменами тандемного повторення. Члени родини ОААН мають високу ідентичність амінокислотних послідовностей та мають дубльовані або чотириразові домени в своїх послідовностях, що призводить до топології типу «сингулярна бочка», що бере участь у щільному зв'язуванні з олігоманнозидами (Sato et al., 2009; Koharudin et al., 2011).

Нещодавно було виявлено та ідентифіковано кілька лектинів з високим вмістом манози, що зв'язують N-глікан, як потенційні противірусні агенти, здатні блокувати реплікацію різних вірусів з оболонкою (включаючи віруси грипу та герпесу, BJI-1 та SARS-CoV-2) (Koharudin, Gronenborn,

2014; Barre et al., 2019, 2020; Romero et al., 2021). Ці сполуки виявлені у представників різних груп нижчих організмів, зокрема, ціанобактерій: ОАА з *O. agardhii* (Sato et al., 2007; Koharudin et al., 2011), ціановірин-N (CV-N) з *Nostoc ellipsosoprum* (Boyd et al., 1997; Helle et al., 2006), сцитовірин (SVN) з *Scytonema varium* (Bokesch et al., 2003) та MVL з *Mycrocystis viridis* (Bewley et al. al., 2004), актиноміцетів: актинохівін (АН) з *Longispora albida* (Chiba et al., 2001), протеобактерій: PLA з *P. fluorescens* (Sato et al., 2012), BOA з *B. oklahomensis* (Whitley et al., 2013), МВНА з *M. xanthus* (Koharudin et al., 2012) та морських водоростей: GRFT з *Griffithsia* sp. (Mori et al., 2005; O'Keefe et al., 2010), ESA-2 з *E. serra* (Hori et al., 2007), KAA-1 і KAA-2 з *K. alvarezii* (Sato et al., 2011a; Hirayama et al., 2016), BCA з *Boodlea coacta* (Sato et al., 2011b) і HRL40 із зеленої водорості *Halimeda renschii* (Mu et al., 2017).

Ці лектини виявляють сильну антивірусну активність, блокуючи проникнення вірусів у клітини господаря через зв'язування з манозидними структурами в глікопротеїнах вірусної оболонки, які є критичними для первинної інфекції вірусів (Balzarini, 2007). Крім того, лектини морських водоростей мають протиракову активність. Зокрема, ESA з *E. serra* продемонстрували сильну активність проти ракових клітин людини, таких як клітини Colo201, HeLa, MCF-7 (Sugahara et al., 2001; Omokawa et al., 2010), Colon26 (Fukuda et al., 2006), OST (Hayashi et al., 2012), та індукували апоптотичну загибель клітин при карциномі, але не впливали на нормальні клітини, такі як нормальні фібробласти молочної залози людини MCF10-2A (Sugahara et al., 2001). SfL-лектини з *S. filiformis* продемонстрували індукцію апоптозної загибелі клітин на клітинах MCF-7 (Chaves et al., 2018); Лектин KSL з *K. striatus* продемонстрував дозозалежну протипухлинну дію з лініями ракових клітин HT29, HeLa, MCF-7, AGS та SK-LU-1 (Hung, Trinh, 2021). Це свідчить про те, що лектини червоних водоростей, карагенофітів, мають противірусну та інші види активності, що перспективно для їхнього використання як нових противірусних та протипухлинних засобів.

Раніше ми повідомляли про гени, що кодують лектини у культивованих у В'єтнамі червоних водоростей, а саме EDA-2 з *E. denticulatum* (Hung et al., 2015a), а також KSL та KSA-2 з *K. striatus* (Hung et al., 2015b; Hung, Trinh, 2021). У цьому дослідженні ми клонували кДНК, що кодує лектин-подібний білок EDL, та з'ясували структуру виведеного EDL лектину. Отримані результати можуть надати цінну інформацію щодо взаємозв'язку між лектинами червоних водоростей для майбутніх застосувань.

Матеріали та методи

Червону водорість *Eucheuntha denticulatum* було зібрано в провінції Нінътхуан, В'єтнам, у березні 2015 року. Невелику частину водоростей зберігали при температурі -20 °C у розчині RNAlater (Invitrogen, США) до використання для екстракції РНК. Набір GeneRacer було отримано від Life Technologies (Invitrogen, США).

Швидка ампліфікація кінців 3'-кДНК (3'RACE) EDL

Загальну РНК *E. denticulatum* було екстраговано з 2 грамів свіжої тканини кожного талому, обробленої RNAlater, за допомогою реагентів для виділення рослинної РНК (Invitrogen, США). Матричну РНК (мРНК) було очищено із загальної РНК за допомогою набору для очищення мРНК Oligotex™-dT30 (TaKaRa, Японія). Комплементарні ДНК (кДНК) були синтезовані зі 120 нг мРНК за допомогою набору GeneRacer (Invitrogen) згідно з інструкцією виробника.

Першу полімеразну ланцюгову реакцію (ПЛР) для швидкої ампліфікації 3'-кінця кДНК (3'RACE) EDL було проведено з використанням 50 мкл реакційної суміші, що містила 5 мкл буфера 10×Blend Taq (Toyobo, Японія), 10 пмоль кожного дезоксинуклеотидтрифосфату (dNTP), 30 пмоль GeneRacer_3'_Primer, 10 пмоль праймера EDA_common_F1, який був розроблений на основі N-кінцевої амінокислотної послідовності лектину EDA-2 (Hung et al., 2015a) (див. таблицю), 1 мкл 10-кратно розведеної синтезованої кДНК та 1,25 одиниць ДНК-полімерази Blend Taq (Toyobo).

Таблиця. Послідовність праймерів, що використовувались для клонування кДНК ED

Праймер	Послідовність (від 5' до 3')
EDL_common_F1	AGAACCAGTGGGGAGGATCT
EDL_3'RACE_d_F1	AYCAITAYAAAYGTIGARAAAYCARTGGGG
EDL_3'End_R	GTGTGTAAAACTTTAATCCTAAAAGC
EDL_R1	TTGGAATGAAAGGCGAGAAC
EDL_5'End_F	AGCAGATACCCTTCCAATCGGC
GeneRacer 3' Primer ^a	GCTGTCAACGATACGCTACGTAACG
GeneRacer 3' Nested Primer ^a	CGCTACGTAACGGCATGACAGTG
GeneRacer 5' Primer ^a	CGACTGGAGCACGAGGACACTGA
GeneRacer 5' Nested Primer ^a	GGACACTGACATGGACTGAAGGAGTA

^a Ці праймери були взяті з набору GenRacer (Invitrogen).

Умовні позначення дегенерованих нуклеотидів: I — інозин; Y — означає C та T; R — означає A та G.

Реакції проводили у термоциклері T Gradient (Biometra, Німеччина) за таких умов: денатурація при 94 °C протягом 5 хв, потім 30 циклів, що склалися з денатурації при 94 °C протягом 30 с, відпау при 60 °C протягом 30 с, подовження при 72 °C протягом 1 хв та завершального етапу подовження при 72 °C протягом 5 хв. Продукти ПЛР об'єднували, розводили у 100 разів, а потім використовували як шаблон для гніздової ПЛР. Гніздову ПЛР проводили тим самим методом, як і першу ПЛР, за винятком того, що як матрицю використовували 1 мкл 100-кратно розведеного розчину, що містить перший продукт ПЛР, 5 мкл буфера 10×Blend Taq, 10 пмоль кожного dNTP, 2 пмоль GeneRacer_3'_Nested_Primer, 50 пмоль дегенерованого праймера EDA_3'RACE_d_F1, який був розроблений на основі консервативної послідовності серед родини лектинів з високим вмістом манози, включаючи ESA-2 (Hori et al., 2007), та 1,25 одиниць ДНК-полімерази Blend Taq. Продукти гніздової ПЛР субклонували у вектор pGEM-T Easy (Promega). Секвенування ДНК проводили за допомогою набору BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit версії 3.1 з ДНК-секвенатором ABI 3130xl (Life Technologies).

Швидка ампліфікація кінців 5'- кДНК (5'RACE) EDL

Першу ПЛР 5'RACE EDL проводили так само, як і 3'RACE, як описано вище, за винятком того, що використовували GeneRacer_5'_Primer та праймер EDL_3'End_R, розроблені з 3'-кінцевої послідовності кДНК EDL, отриманої за допомогою 3'RACE (таблиця). Гніздову ПЛР проводили тим самим методом, за винятком використання 100-кратного розведення перших продуктів ПЛР як матриці, а GeneRacer_5'_Nested_Primer та праймера EDL_R1, розроблених з послідовності кДНК EDL, отриманої за допомогою 3'RACE, як пари праймерів (таблиця). Субклонування та секвенування ДНК проводили, як описано вище.

Перевірка точності послідовності повнорозмірної кДНК EDL

Для перевірки точності послідовності повнорозмірну кДНК EDL додатково ампліфікували за допомогою пар праймерів EDL_5'End_F та EDL_3'End_R відповідно, які були розроблені з 5'- та 3'-кінцевої послідовності кДНК EDL, отриманої за допомогою 5'RACE та 3'RACE. Потім було проведено субклонування та секвенування ДНК, як описано вище.

Порівняння амінокислотних послідовностей з гомологічними білками

Гомологічні послідовності були ідентифіковані за допомогою інструменту пошуку базового локального вирівнювання (BLAST). Порівняння амінокислотних послідовностей з гомологічними білками різних організмів було проведено за допомогою Clustal Omega (Sievers et al., 2011).

Результати та обговорення

Клонування кДНК, що кодує лектиноподібний білок (EDL)

Ізольована повнорозмірна кДНК EDL складалася з 1076 п.н., що містила 102 п.н. 5'UTR, 804 п.н. ORF та 170 п.н. 3'UTR (рис. 1). ORF кодувала поліпептид з 268 амінокислот, включаючи ініціюючий метіонін. Розрахована молекулярна маса виведеної амінокислотної послідовності EDL становила 27 812,34 Да. 20 N-кінцева амінокислотна послідовність EDL (GRYTVQNQWGGSSAPWNDAG), яка була визначена за допомогою деградації Едмана, була знайдена у виведеній амінокислотній послідовності кДНК EDL (Hung et al., 2015a). Первинна структура EDL має чотири тандемно повторювані домени, кожен з яких складається з 67 амінокислот та має 45% ідентичності послідовності (рис. 2).

AGCAGATACCCCTTCCAATCGGCACATCTCCAATTCGTCGCAGTCTGTAATCAATTTTATACC	63
AAAAAGACTCCTTTAGGCAGACAAAAACCTAATCAAAACATGGGTCGTTACACAGTTCAG	123
<u>M G R Y T V Q</u>	7
AACCAGTGGGGAGGTTCTTCTGCTCCATGGAATGACGCTGGCTTGTGGATTTTAGGTAGC	183
<u>N Q W G G S S A P W N D A G L W I L G S</u>	27
CGCGGGAACCAACGTCGATGTCATCGACGTTCTTCCAGCGATGTTGGCGCTAATCTC	243
R G N Q N V I A I D V S S S D V G A N L	47
AAAGGAACAATGACGTACTCTGGTGAGGGCCCATCGGTTTCAAAGGGGTACGTCGTGGC	303
K G T M T Y S G E G P I G F K G V R R G	67
GATTCAAACGTTTACGAAGTCGAAAATCAGTGGGGAGGATCTTCAGTCCCTGGCATCCT	363
D S N V Y E V E N Q W G G S S A P W H P	87
GGTGGTGATTTCTGTTATCGGTTCTAGGGCAGGGCAAGGAGTAACCTGAAGTAAAAATTTCG	423
G G D F V I G S R A G Q G V T E V K I S	107
TCCTCGGATGGAGGCAAAACCATGACAGGAACAATGACTTATGAGGGCGAAGGTCCTATC	483
S S D G G K T M T G T M T Y E G E G P I	127
GGGTTCAAAGGATCCAAGTCCGGCGGAGACAGCTATAATGTGAAGAACAGTGGGGGGGG	543
G F K G S K S G G D S Y N V K N Q W G G	147
TCCTCTGCCCATGGAATAAGGCTGGCATCTGGGCGCTCGGGGATCGCAGTGGACAAAGG	603
S S A P W N K A G I W A L G D R S G Q G	167
GTTGTTAGCATCGATGTGACCTCGTCGGATGGGGGTAAGACGCTTGAGGGGACGATGCAG	663
V V S I D V T S S D G G K T L E G T M Q	187
TATACGGGAGAGGGGCCGATTGGATTTCAGGGGACGTTAGGGGACGCTAACAATTACACT	723
Y T G E G P I G F R G R L G D A N N Y T	207
GTGGAACCAAGTGGGGCGGATCTTCTGCACCTTGAACAAAGCAGGTAACCTGGTTGATT	783
V E N Q W G G S S A P W N K A G N W L I	227
GGAGACCGTTACAATCAAAACATTATCGCGGTGAAAATATCATCAAGCGATAATGGAAG	843
G D R Y N Q N I I A V K I S S S D N G K	247
AACATGGATGGTACCTGCACCTACGCGAATGAGGGCCCAATCGGATTTAAGGGTGCCGCT	903
N M D G T C T Y A N E G P I G F K G A A	267
GTGTGAAGGCATGACCAAACTATATAGAAAAGGTTTGCCTCGACATGAGCAGAGGCTGCA	963
V *	268
TTCTCCCTATCGATTTATTAGTATTGCGTTGTCCTTTCCCTTCGTTCTCGCCTTTTCATT	1023
CCAATTCATAGGCCAGTAAAACTCGTTGCTTTTAGGATTAAAGTTTACACAC	1076

Рис. 1. Нуклеотидна та виведена амінокислотна послідовності лектиноподібного білка (EDL) з *Eucheuma denticulatum*. Стоп-кодон TGA показано зірочкою. Підкреслення вказує на 20 N-кінцевих амінокислотних послідовностей, визначених методом деградації Едмана (Hung et al., 2015a). Цифри, виділені та не виділені курсивом, позначають положення нуклеотидів та амінокислот відповідно

```

GRYTVQNQWGGSSAPWNDAGLWILGSRGNQNVIAIDVSSSDVGANLKGTMYSGEGPIGFKGVRRGDS 68
NVYEVENQWGGSSAPWHPGGDFVIGSRAGQGVTEVKISSSDGGKMTGTMTYE GEGPIGFKGSKSGG- 67
DSYNVKNQWGGSSAPWNKAGI WALGDRSGQGVVSIDVTSSDGGKTLEGTMQYT GEGPIGFRGLGDA- 67
NNYTIVENQWGGSSAPWNKAGNWLIGDRYNQNI IAVKISSSDNGKNMDGTCTYANEGPIGFKGA AV--- 65

```

Рис. 2. Порівняння тандемно-повторюваних послідовностей лектиноподібного білка (EDL). Ідентичні амінокислоти у молекулі лектиноподібного білка у чотирьох повторюваних доменах заштриховані

Клонування кДНК також з'ясувало, що транскрипти EDL не містять області, що кодує сигнальний пептид, який спрямовує трансльовані поліпептиди з цитозолу до цитоплазматичної мембрани (прокаріоти) або до мембрани ендоплазматичного ретикулуму (еукаріоти) (Imai, Nakai, 2010), як повідомлялося для ОАА з ціанобактерій (Sato, Hori, 2009) та КАА з червоної водорості *K. alvarezii* (Hirayama et al., 2016). Крім того, невідомі сигнали клітинної локалізації в первинних структурах EDL. Це свідчить про те, що EDL також синтезується на вільних рибосомах і знаходиться в нуклеоцитоплазмі. Тому необхідно з'ясувати детальну клітинну локалізацію лектинів з червоних водоростей, карагенофітів, і отримана інформація допоможе передбачити їхні функції в тілах водоростей.

Передбачувана вторинна структура EDL

Аналіз передбачуваної вторинної структури EDL за допомогою програми прогнозування PSIPRED (<http://bioinf.cs.ucl.ac.uk/psipred>) показав двадцять β-ланцюгів. Кожен повторюваний домен складається з п'яти β-ланцюгів, позначених як β1 до β5, β6 до β10, β11 до β15 та β16 до β20 для першого, другого, третього та четвертого повторів відповідно. β5-ланцюг першого повторюваного домену був з'єднаний з β6-ланцюгом другого через лінкер з чотирьох залишків від гліцину 66 до аспарагіну 69. β10-ланцюг другого повторюваного домену був з'єднаний з β11-ланцюгом третього повторюваного домену через лінкер з чотирьох залишків від серину 133 до аспарагінової кислоти 136. β15-ланцюг третього повторюваного домену був з'єднаний з β16-ланцюгом четвертого повторюваного домену через лінкер з чотирьох залишків від гліцину 200 до аспарагіну 203 (Рис. 3). Передбачувана вторинна структура EDL добре узгоджувалася з вторинною структурою лектину BOA з *B. oklahomensis* EO147 (276 амінокислот) (ZP_02360833). Кількість β-ланцюгів EDL відповідає кількості лектину BOA (Whitley et al., 2013).

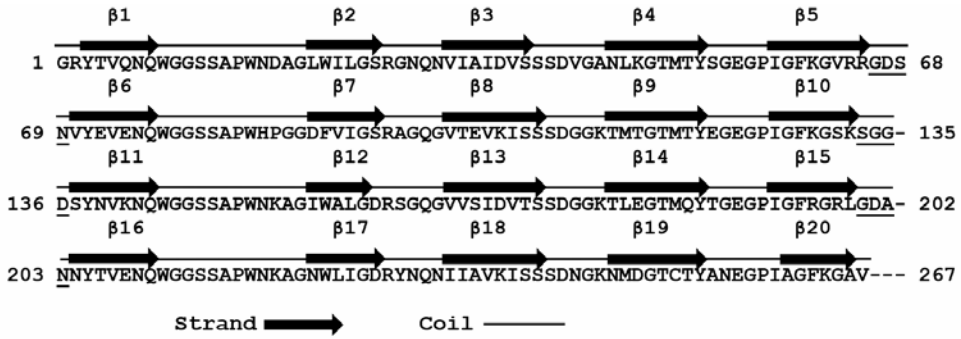


Рис. 3. Аналіз передбаченої вторинної структури EDL за допомогою програми прогнозування PSIPRED (<http://bioinf.cs.ucl.ac.uk/psipred>). Вирівнювання амінокислотної послідовності повторюваних доменів та передбачена вторинна структура EDL. Підкресленням позначено з'єднані лінкери залишків між ланцюгами β5 та β6; β10 та β11; β15 та β16

Гомологічні послідовності лектинів родини ОААН

Порівняно з дванадцятьма іншими гомологічними послідовностями, включаючи вісім лектинів з морських червоних водоростей, а саме ESA-2 (268 амінокислот) (P84331) з *E. serra*, KAA-1 (267 амінокислот) (LC007080) та KAA-2 (268 амінокислот) (LC007081) з *K. alvarezii*, EDA-2 (268 амінокислот) (BAR91516) з *E. denticulatum*, KSL (267 амінокислот) (LC517330) та KSA-2 (268 амінокислот) (BAR91206) з *K. striatus*, SfL-1 (267 амінокислот) (C0HL89) та SfL-2 (267 амінокислот) (C0HL90) з *S. filiformis*, один лектин з ціанобактерії *O. agardhii* (P84330) OAA (132 амінокислоти), три лектини з бактерій: BOA (276 амінокислот) (ZP_02360833) з *B. oklahomensis* EO147, PFA (133 амінокислоти) (YP_346241) з *P. fluorescens* Pf0-1 та MBHA (267 амінокислот) (M13831) з *M. xanthus*, всі вони містять чотири тандемно повторювані гомологічні домени приблизно з 67 амінокислот, за винятком OAA та PFA, які складаються лише з двох тандемно повторюваних гомологічних доменів (рис. 4). Ступінь ідентичності амінокислотних послідовностей EDL з EDA-2, KSL, KSA-2, ESA-2, KAA-1, KAA-2, SfL-1, SfL-2, BOA та MBHA становив 82,8%, 83,5, 83,9, 83,2, 83,5, 84,3, 79,4, 75,7, 57,4 та 59,8% відповідно, тоді як OAA та PFA (кожна з яких містить 132 залишки в N-кінцевих частинах) показали нижчу подібність послідовностей до EDL зі значеннями 61,4 та 60,6% відповідно. Цікаво, що 23 амінокислотні залишки в одному повторюваному домені абсолютно консервативні в усіх доменах серед 13 лектинів, показаних на рис. 4. Сім амінокислотних залишків на один повторюваний домен «WGGREGP», які взаємодіють з манопентаозою (Man α 1-6(Man α 1-3)Man α 1-6(Man α 1-3)Man), присутньою на поверхні ракової клітини або глікопротеїнах вірусної оболонки, абсолютно консервативні в усіх повторюваних доменах лектинів (Whitley et al., 2013),

за винятком лише заміни проліну на аланін у четвертому повторюваному домені лектину KSL.

	***	*	***	
EDL	GRYTVQNQWGGSSAPWNDAGLWILGSRGNQNVIAIDVSSSDVGANLKGTMITYSGEGPIGFKGVRRGD	67		
EDA-2	GRYTVQNQWGGSSAPWNDAGLCILGSRGNQNVIAVDVTSSDGGANLGGTMITYSGEGPIGFKGARRGE	67		
KSL	GRYTVQNQWGGSSAPWNDAGLWILGSRGNQNVMAIDVNSSDGGANLNGTMITYSGEGPIGFKGARRGE	67		
KSA-2	GRYTVQNQWGGSSAPWNDAGLWILGSRGNQNVMAIDVNSSDGGANLNGTMITYSGEGPIGFKGARRGE	67		
ESA-2	GRYTVQNQWGGSSAPWNDAGLWILGSRGNQNVMAVDVNSSDGGANLNGTMITYSGEGPIGFKGARRGE	67		
KAA-1	GRYTVQNQWGGSSAPWNDAGLWILGSRGNQNVMAIDVNSSDGGANLNGTMITYSGEGPIGFKGARRGE	67		
KAA-2	GRYTVQNQWGGSSAPWNDAGLWILGSRGNQNVMAIDVNSSDGGANLNGTMITYSGEGPIGFKGARRGD	67		
SFL-1	GRYTVQNQWGGSSAPWNDAGLWLLGSRANQNVMDVSVTSSDGGATLTGTMTITYSGEGPIGFKGTRRGD	67		
SFL-2	GRYTVQNQWGGSSAPWHDAGVFLVGRANQNVMAIDVSSDGGKTLTGTMTITYSGEGPIGFKGTRRGE	67		
BOA	NLQHVQNQWGGSSAPWHHEGGMVVLGCRSQNVVALNKSDDGGRTLTGTMTYVGEPIGFRATLTQ-	75		
MBHA	AAAYLVQNQWGGSSQATWNPGLWILGARDKQNVVALDIKSDGGKTLKGTMITYNAGEPIGFRGTLSS-	66		
OAA	ALYNVENQWGGSSAPWNEGGQWEIGSRSDQNVVAINVESDGGQTTLNGTMITYAGEPIGFRATLLG-	66		
PFL	SKYAVANQWGGSSAPWHPGGTWWLGGARDNQNVVAIEIKSDGGKSFTGTMTYAGEPIGFKQAQRTG-	66		
	***	*	***	
EDL	SNVYEVENQWGGSSAPWHPGGDFVIGSRAGQGVTEVKISSDGGKTMGTMTYEGEGPIGFKGSKSG	134		
EDA-2	SNVYDVENQWGGSSAPWHAAGGQFVIGSRSGQGVLTALSVTSSDGGKTLTGTMTYEREGPIGFKGTQSG	134		
KSL	SNVYDVENQWGGSSAPWHAAGGQFVIGSRSGQGVLAVNITSSDGGKTLTGTMTYEREGPIGFKGTQSG	134		
KSA-2	SNVYDVENQWGGSSAPWHAAGGQFVIGSRSGQGVLAVNITSSDGGKTLTGTMTYEREGPIGFKGTQSG	134		
ESA-2	SNVYDVENQWGGSSAPWHAAGGQFVIGSRSGQGVLAVNITSSDGGKTLTGTMTYEREGPIGFKGTQSG	134		
KAA-1	SNVYDVENQWGGSSAPWHAAGGQFVIGSRSGQGVLAVNITSSDGGKTLTGTMTYEREGPIGFKGTQSG	134		
KAA-2	SNVYDVENQWGGSSAPWHAAGGQFVIGSRSGQGVLAVNITSSDGGKTLTGTMTYEREGPIGFKGTQSG	134		
SFL-1	SNVYDVENQWGGSSAPWHAAGGTFVIGSRSGQGVVAVDVNSSDGGKTLTGTMTYANEGPIGFKGTQSG	134		
SFL-2	SNVYEVENQWGGSSAPWHPAGTFVIGSRSGQGVVAMNVTSHDGGKTLSGHMTYENEGPIGFKGTQAE	134		
BOA	SNYAVENQWGGSSAPWHPGGTWVIGCRVNOQVVALDIESGDQATLAGTMTYAGEPIGFKSQQAD	142		
MBHA	ANNYTVENQWGGTSAPWQPGGVVVLGARDKQNVVAVSIKSDGGKTLTGTMTYEREGPIGFKSEVTD	133		
OAA	NNSYEVENQWGGDSAPWHSGGNWILGSRGNQNVVAINVESDGGDQTTLNGTMITYAGEPIGFKGTLT-	132		
PFL	QNYNVENQWGGNDAPWHPGGKWVIGGRDNQNVIALSVTSSDGGKNLSGNTYANEGPIGFRGQIE-	132		
	***	*	***	
EDL	GDSYNVKNQWGGSSAPWNKAGIAGLWILGDRSGQGVVSIDVTSSDGGKTLLEGTMQYTGEGPIGFRGRLGD	201		
EDA-2	GDTYNVENQWGGSSAPWNKAGIAGLWILGDRNGQAMIAMDVSSDGGQTLLEGTMQYKGEPIGFRGKLSG	201		
KSL	GDTYNVENQWGGSSAPWNKAGIAGLWILGDRSGQAMIAMDVSSDGGKTLLEGTMQYKGEPIGFRGKLSG	201		
KSA-2	GDTYNVENQWGGSSAPWNKAGIAGLWILGDRSGQAMIAMDVSSDGGKTLLEGTMQYKGEPIGFRGKLSG	201		
ESA-2	GDTYNVENQWGGSSAPWNKAGIAGLWILGDRSGQAMIAMDVSSDGGKTLLEGTMQYKGEPIGFRGKLSG	201		
KAA-1	GDTYNVENQWGGSSAPWNKAGIAGLWILGDRSGQAMIAMDVSSDGGKTLLEGTMQYKGEPIGFRGKLSG	201		
KAA-2	GDTYNVENQWGGSSAPWNKAGIAGLWILGDRSGQAMIAMDVSSDGGKTLLEGTMQYKGEPIGFRGKLSG	201		
SFL-1	GDSYNVENQWGGSSAPWNKAGAWALGDRDGGQGVIGVDVTSSDGGKTLTGTMTYQNEGPIGFKGTSTG	201		
SFL-2	GDTYNVENQWGGSSAPWNKAGVWALGSRASQGVVKLDVSSDGGKTLTGTMTYQNEGPIGFRGTLTG	201		
BOA	GGVYAVENQWGGSSAPWHPGGVWVILGARDQ-ADVAVSIGSTDSGKTLNGNMTYAGEPIGFKGNSVA	208		
MBHA	GDTYSVENQWGGSSAPWHPGGVWVILGTRGKQNVINVDKSNDDGGKTLSGMTYNGEGPIGFRGTLTS	200		
	***	*	***	
EDL	ANNYTVENQWGGSSAPWNKAGNWLIGDRYNQNIIVAVKISSDNGKNMDGTCTYANEGPIGFKGAAV--	267		
EDA-2	ANNYAVENQWGGSSAPWNKAGDWLIGDRYNQNIITAVKVSSDNDGKNLDGTCTYEREGPIGFKGVATS-	268		
KSL	ANNYSVENQWGGSSAPWNKAGDWLIGDRHNQNIITAVKVSSDNDGKNLDGTCTYEREGPIGFKGVATS-	267		
KSA-2	ANNYSVENQWGGSSAPWNKAGDWLIGDRHNQNIITAVKVSSDNDGKNLDGTCTYEREGPIGFKGVATS-	268		
ESA-2	ANNYSVENQWGGSSAPWNAAGDWLIGDRHNQNIITAVKVSSDNDGKNLDGTCTYEREGPIGFKGVATS-	268		
KAA-1	ANNYSVENQWGGSSAPWNKAGDWLIGDRHNQNIITAVKVSSDNDGKNLDGTCTYEREGPIGFKGVATS-	267		
KAA-2	ANNYSVENQWGGSSAPWNKAGDWLIGDRHNQNIITAVKVSSDNDGKNLDGTCTYEREGPIGFKGVATS-	268		
SFL-1	GSNYKVENQWGGSSAPWNPAGNWLIGDRHNQNIIVAVKVTSSDNGKTLGGTCTYEREGPIGFKGTAL--	267		
SFL-2	ANNYKAENQWGGSSAPWNPAGLWILGDRHNQNIIGVKVTSSDNGKTLGGTCTYEREGPIGFKGVAN--	267		
BOA	GNNYAVENQWGGTSAPWHPGGIWLGLCRSQNVVVELYITSGDNGNTFPGSMITYSGEGPIGFRAMALPQ	276		
MBHA	PDTYTVENQWGGSTAPWNPGGFWMIGARNQNVVALNVASDGGKTLAGTMIYNGEGPIGFRARLIG--	266		

Рис. 4. Множинні вирівнювання EDL зі спорідненими білками. Ідентичні амінокислоти заштриховані. Залишки, позначені зірочками, є сайтом зв'язування амінокислот з вуглеводами згідно з Whitley et al. (2013)

Ця структурна подібність свідчить про те, що ці лектини можуть мати подібну специфічність зв'язування манози та біологічну активність.

Структурний каркас був уперше ідентифікований в лектині ціанобактерій *O. agardhii* (код PDB 3OBL) (Koharudin et al., 2011), а згодом виявлений у різних бактеріальних та родофітових лектинах. Сайти зв'язування вуглеводів на чотирьох тандемно повторюваних доменах лектину БОА показали, що високоманозоспецифічні лектини з червоних водоростей, карагенофітів, також мають чотири домени розпізнавання вуглеводів, чотиривалентні лектини (Barre et al., 2019).

Висока подібність первинної структури EDL до структури лектинів свідчить про те, що лектин з червоної водорості, *E. denticulatus*, також, як передбачається, має противірусну та протиракову активність. Відомо, що лектини з червоних водоростей, карагенофітів, проявляють противірусну (Sato et al., 2011a, 2015; Hirayama et al., 2016) та протиракову активність (Sugahara et al., 2001; Fukuda et al., 2006; Omokawa et al., 2010; Hayashi et al., 2012; Chaves et al., 2018; Hung, Trinh, 2021).

Філогенетичне дерево родини лектинів досліджених груп організмів

З філогенетичного дерева, побудованого на основі порівняння амінокислотних послідовностей, лектини ціанобактерій, бактерій та червоних водоростей показали еволюційно прямий зв'язок, як і очікувалося з їхніх таксономічних класифікацій. При цьому лектин ціанобактерії *Oscillatoria agardhii* продемонстрував еволюційно ближчий зв'язок до лектину БОА з *B. oklahomensis*. Результати показали, що червоні водорості та протео-бактерії тісно пов'язані між собою, оскільки лектини морських водоростей з *K. striatus*, *K. alvarezii*, *E. denticulatus*, *E. serra* та *S. filiformis* показали ближчу еволюційну відстань до бактеріальних лектинів *P. fluorescens* (PFA) та *M. xanthus* (МВНА), ніж лектин ціанобактерій ОАА (рис. 5), і ці лектини, здається, еволюціонували з бактеріального походження.

Згідно з гіпотезою ендосимбіогенезу, хлоропласти червоних водоростей походять від ціанобактеріального симбіонта (Moreira et al., 2000; Cavalier-Smith, 2000). Фактично, значна схожість білкових структур в межах однієї родини з різних біологічних джерел свідчить про їх еволюційну спорідненість. Однак еволюційна лінія лектинів водоростей все ще під питанням. Враховуючи еволюційну відстань між лектинами червоних водоростей, ціанобактерій та бактерій, ми не можемо виключити можливість того, що лектини ціанобактерій та макроводоростей походять від одних і тих самих бактеріальних симбіонтів, оскільки деякі бактерії були виділені з цитоплазматичних рідин макроводоростей, і такі симбіонти часто спостерігаються на поверхнях ціанобактерій (Fourcans et al., 2004).

Наприклад, *P. fluorescens* був знайдений у ризоїдах морських водоростей (Chisholm et al., 1996). Ця ж родина лектинів, виявлена у нижчих організмів, може дати нове розуміння взаємозв'язку між лектинами водоростей, бактерій та ціанобактерій.

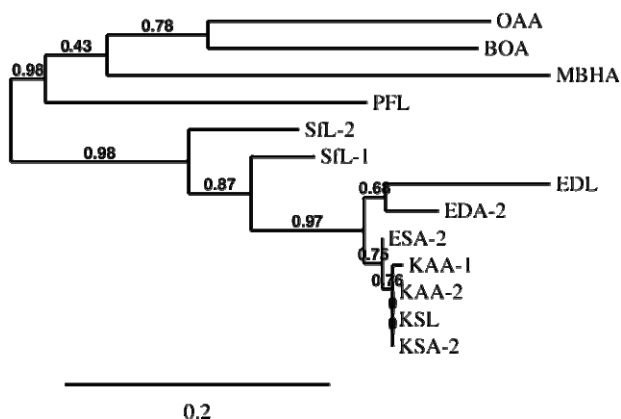


Рис. 5. Філогенетичне дерево, побудоване з множинних вирівнювань амінокислотних послідовностей за допомогою програмного забезпечення Мєга версії 6.0 із використанням методів максимальної правдоподібності та бутстрепа з 1000 бутстрепреплікаціями (Таміга et al., 2013). Масштабна шкала представляє 0,2 заміни на сайт. Наведені нижче послідовності були отримані з бази даних GenBank: KSA-2 та KSL з *K. striatum*; KAA-1 та KAA-2 з *K. alvarezii*; ESA-2 з *E. serra*; EDA-2 з *E. denticulatum*; MBHA з *M. xanthus*; BOA з *B. oklahomensis* EO147; OAA з *O. agardhii*; PFA з *P. fluorescens* Pf0-1

Заключення

Первинна структура та амінокислотні залишки на один повторюваний домен, які взаємодіють з манопентаозою лектиноподібного білка (EDL), були схожі та високо збігалися з антивірусною лектиною родиною в нижчих організмах, що свідчить про те, що лектини з культивованої водорості *E. denticulatum* мають потенціал для широкого протиракового та противірусного впливу. Важливо, щоб лектини були виділені з широко культивованих їстівних видів водоростей, на відміну від того факту, що будь-які інші гомологічні лектини походять з бактерій, ціанобактерій та некультивованих водоростей. Ці функціональні лектини стануть потужним інструментом, якщо їх постачати оптом у своїй нативній формі.

Подяки

Це дослідження підтримано фондом В'єтнамської академії наук і технологій (грант VAST03.02/24-25). Ми дуже вдячні професору Кандзі

Хорі та доктору Макото Хіраямі (Університет м. Хіросіма, Японія) за їхню технічну допомогу.

Дотримання етичних норм

Автори повідомляють про відсутність будь-якого конфлікту інтересів.

Список літератури

- Balzarini J. 2007. Carbohydrate-binding agents: a potential future cornerstone for the chemotherapy of enveloped viruses. *Antivir. Chem. Chemother.* 18(1): 1–11.
- Barre A., Simplicien M., Benoist H., Van Damme ElsJM, Rougé P. 2019. Mannose-specific lectins from marine algae: Diverse structural scaffolds associated to common virucidal and anti-cancer properties. *Mar. Drugs.* 17(8): 440.
- Barre A., Van Damme ElsJM, Simplicien M., Benoist H., Rougé P. 2020. Man-Specific, GalNAc/T/Tn-Specific and Neu5Ac-Specific Seaweed Lectins as Glycan Probes for the SARS-CoV-2 (COVID-19) Coronavirus. *Mar. Drugs.* 18(11): 543.
- Bewley C.A., Cai M., Ray S., Ghirlando R., Yamaguchi M., Muramoto K. 2004. New carbohydrate specificity and HIV-1 fusion blocking activity of the cyanobacterial protein MVL: NMR, ITC and sedimentation equilibrium studies. *J. Mol. Biol.* 339(4): 901–914.
- Bokesch H.R., O’Keefe B.R., McKee T.C., Pannell L.K., Patterson G.M., Gardella R.S., Sowder R.C., Turpin J., Watson K., Buckheit R.W., Boyd M.R. 2003. A potent novel anti-HIV protein from the cultured cyanobacterium *Scytonema varium*. *Biochem.* 42: 2578–2584.
- Boyd M.R., Gustafson K.R., McMahon J.B., Shoemaker R.H., O’Keefe B.R., Mori T., Gulakowski R.J., Wu L., Rivera M.I., Laurencot C.M., Currens M.J., Cardellina I.I.J.H., Buckheit Jr.R.W., Nara P.L., Pannell L.K., Sowder I.I.R.C., Henderson L.E. 1997. Discovery of cyanovirin-N, a novel human immunodeficiency virus inactivating protein that binds viral surface envelope glycoprotein gp120: potential applications to microbicide development. *Antimicrob. Agents Chemother.* 41: 1521–1530.
- Cavalier-Smith T. 2000. Membrane heredity and early chloroplast evolution. *Trends Plant Sci.* 5(4): 174–182.
- Chaves R.P., da Silva S.R., Neto L.G.N., Carneiro R.F., da Silva A.L.C., Sampaio A.H., de Sousa B.L., Cabral M.G., Videira P.A., Teixeira E.H., Nagano C.S. 2018. Structural characterization of two isolectins from the marine red alga *Solieria filiformis* (Kützinger) P.W. Gabrielson and their anticancer effect on MCF-7 breast cancer cells. *Int. J. Biol. Macromol.* 107: 1320–1329.
- Chiba H., Inokoshi J., Okamoto M., Asanuma S., Matsuzaki K., Iwama M., Mizumoto K., Tanaka H., Oheda M., Fujita K., Nakashima H., Shinose M., Takahashi Y., Omura S. 2001. Actinohivin, a novel anti-HIV protein from an actinomycete that inhibits syncytium formation: isolation, characterization, and biological activities. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 282(2): 595–601.

- Chisholm J.R.M., Dauga C., Ageron E., Grimont P.A.D., Jaubert J.M. 1996. Roots in mixotrophic algae. *Nature*. 381: 382.
- Fourçans A., De Oteyza T.G., Wieland A., Solé A., Diestra E., Bleijswijk J.V., Grimalt J.O., Kühl M., Esteve I., Muyzer G., Caumette P., Duran R. 2004. Characterization of functional bacterial groups in a hypersaline microbial mat community (Salins-de-Giraud, Camargue, France). *FEMS Microbiol. Ecol.* 51(1): 55–70.
- Fukuda Y., Sugahara T., Ueno M., Fukuta Y., Ochi Y., Akiyama K., Miyazaki T., Masuda S., Kawakubo A., Kato K. 2006. The anti-tumor effect of *Eucheuma serra* agglutinin on colon cancer cells in vitro and in vivo. *Anticanc. Drugs*. 17(8): 943–947.
- Hayashi K., Walde P., Miyazaki T., Sakayama K., Nakamura A., Kameda K., Masuda S., Umakoshi H., Kato K. 2012. Active targeting to osteosarcoma cells and apoptotic cell death induction by the novel lectin *Eucheuma serra* agglutinin isolated from a marine red alga. *J. Drug. Deliv.* <https://doi.org/10.1155/2012/842785> (Online Library).
- Helle F., Wychowski C., Vu-Dac N., Gustafson K.R., Voisset C., Dubuisson J. 2006. Cyanovirin-N inhibits hepatitis C virus entry by binding to envelope protein glycans. *J. Biol. Chem.* 281(35): 25177–25183.
- Hirayama M., Shibata H., Imamura K., Sakaguchi T., Hori K. 2016. High-mannose specific lectin and its recombinants from a Carrageenophyta *Kappaphycus alvarezii* represent a potent anti-HIV activity through high-affinity binding to the viral envelope glycoprotein gp120. *Mar. Biotechnol.* 18(1): 144–160.
- Hori K., Matsubara K., Miyasawa K. 2000. Primary structures of two hemagglutinins from marine red alga *Hypnea japonica*. *Biochim. Biophys. Acta*. 1474(2): 226–236.
- Hori K., Sato Y., Ito K., Fujiwara Y., Iwamoto Y., Makino H., Kawakubo A. 2007. Strict specificity for high-mannose type N-glycans and primary structure of a red alga *Eucheuma serrae* lectin. *Glycobiology*. 17(5): 479–491.
- Hung L.D., Trinh P.T.H. 2021. Structure and anticancer activity of a new lectin from the cultivated red alga, *Kappaphycus striatus*. *J. Nat. Med.* 75(1): 223–231.
- Hung L.D., Hirayama M., Ly B.M., Hori K. 2015a. Purification, primary structure and biological activity of high-mannose N-glycan-specific lectin from the cultivated *Eucheuma denticulatum*. *J. Appl. Phycol.* 27(4): 1657–1669.
- Hung L.D., Hirayama M., Ly B.M., Hori K. 2015b. Biological activity, cDNA cloning and primary structure of lectin KSA-2 from the cultivated red alga *Kappaphycus striatum* (Schmitz) Doty ex Silva. *Phytochem. Lett.* 14: 99–105.
- Imai K., Nakai K. 2010. Prediction of subcellular locations of proteins: where to proceed. *Proteomics*. 10(22): 3970–3983.
- Koharudin L.M.I., Gronenborn A.M. 2014. Antiviral lectins as potential HIV microbicides. *Curr. Opin. Virol.* 7: 95–100.
- Koharudin L.M.I., Furey W., Gronenborn A.M. 2011. Novel fold and carbohydrate specificity of from *Oscillatoria agardhii* the potent Anti-HIV cyanobacterial lectin. *J. Biol. Chem.* 286(2): 1588–1597.

- Koharudin L.M.I., Kollipara S., Aiken C., Gronenborn A.M. 2012. Structural insights into the anti-HIV activity of the *Oscillatoria agardhii* agglutinin homolog lectin family. *J. Biol. Chem.* 287(40): 33796–33811.
- Moreira D., Le Guyader H., Philippe H. 2000. The origin of red algae and the evolution of chloroplasts. *Nature*. 405(6782): 69–72.
- Mori T., O’Keefe B.R., Sowder R.C., Bringans S., Gardella R.S., Berg S., Cochran P., Turpin J.A., Buckheit R.W., McMahon J.B.Jr., Boyd M.R. 2005. Isolation and characterization of griffithsin, a novel HIV-inactivating protein, from the red alga *Griffithsia* sp. *J. Biol. Chem.* 280(10): 9345–9353.
- Mu J., Hirayama M., Sato Y., Morimoto K., Hori K.A. 2017. Novel High-Mannose Specific Lectin from the Green Alga *Halimeda renschii* Exhibits a Potent Anti-Influenza Virus Activity through High-Affinity Binding to the Viral Hemagglutinin. *Mar. Drugs*. 15(8): 255. <https://doi.org/10.3390/md15080255>
- O’Keefe B.R., Giomarelli B., Barnard D.L., Shenoy S.R., Chan P.K., McMahon J.B., Palmer K.E., Barnett B.W., Meyerholz D.K., Wohlford-Lenane C.L., McCray P.B.Jr. 2010. Broad-spectrum in vitro activity and in vivo efficacy of the antiviral protein griffithsin against emerging viruses of the family *Coronaviridae*. *J. Virol.* 84(5): 2511–2521.
- Omokawa Y., Miyazaki T., Walde P., Akiyama K., Sugahara T., Masuda S., Inada A., Ohnishi Y., Saeki T., Kato K. 2010. In vitro and in vivo anti-tumor effects of novel Span 80 vesicles containing immobilized *Eucheuma serra* agglutinin. *Int. J. Pharm.* 389: 157–167.
- Romeo J.M., Esmon B., Zusman D.R. 1986. Nucleotide sequence of the myxobacterium hemagglutinin gene contains four homologous domains. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 83(17): 6332–6336.
- Romero J.A.F., Paglini M.G., Priano C., Koroch A., Rodríguez Y., James Sailer J., Teleshova N. 2021. Algal and Cyanobacterial Lectins and Their Antimicrobial Properties. *Mar. Drugs*. 19(12): 687. <https://doi.org/10.3390/md19120687>
- Sato T., Hori K. 2009. Cloning, expression, and characterization of a novel anti-HIV lectin from the cultured cyanobacterium *Oscillatoria agardhii*. *Fish. Sci.* 75: 743–753.
- Sato Y., Okuyama S., Hori K. 2007. Primary structure and carbohydrate-binding specificity of a potent anti-HIV lectin isolated from the filamentous cyanobacterium *Oscillatoria agardhii*. *J. Biol. Chem.* 282(15): 11021–11029.
- Sato Y., Morimoto K., Hirayama M., Hori K. 2011a. High mannose-specific lectin (KAA-2) from the red alga *Kappaphycus alvarezii* potently inhibits influenza virus infection in a strain-independent manner. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 405(2): 291–296.
- Sato Y., Hirayama M., Morimoto K., Yamamoto N., Okuyama S., Hori K. 2011b. High mannose-binding lectin with preference for the cluster of α 1–2-mannose from the green alga *Boodlea coacta* is a potent entry inhibitor of HIV-1 and influenza viruses. *J. Biol. Chem.* 286(22): 19446–19458.

- Sato Y., Morimoto K., Kubo T., Yanagihara K., Seyama T. 2012. High mannose-binding antiviral lectin PFL from *Pseudomonas fluorescens* Pf0-1 promotes cell death of gastric cancer cell MKN28 via interaction with $\alpha 2$ -integrin. *PLoS One*. 7(9): e45922.
- Sato Y., Morimoto K., Kubo T., Sakaguchi T., Nishizono A., Hirayama M., Hori K. 2015. Entry inhibition of influenza viruses with high mannose binding lectin ESA-2 from the red alga *Eucheuma serra* through the recognition of viral hemagglutinin. *Mar. Drugs*. 13(6): 3454–3465. <https://doi.org/10.3390/md13063454>
- Sharon N., Lis H. 2003. *Lectins*. 2nd ed. Dordrecht: Kluwer Acad. Publ. 454 p.
- Sievers F., Wilm A., Dineen D., Gibson T.J., Karplus K., Li W., Lopez R., McWilliam H., Remmert M., Söding J., Thompson J.D., Higgins D.G. 2011. Fast, scalable generation of high-quality protein multiple sequence alignments using Clustal Omega. *Mol. Syst. Biol.* 7: 539. <https://doi.org/10.1038/msb.2011.75>
- Sugahara T., Ohama Y., Fukuda A., Hayashi M., Kawakubo A., Kato K. 2001. The cytotoxic effect of *Eucheuma serra* agglutinin (ESA) on cancer cells and its application to molecular probe for drug delivery system using lipid vesicles. *Cytotechnology*. 36(1–3): 93–99.
- Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A., Kumar S. 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* 30(12): 2725–2729.
- Whitley M.J., Furey W., Kollipara S., Gronenborn A.M. 2013. *Burkholderia oklahomensis* agglutinin is a canonical twodomain OAA-family lectin: structures, carbohydrate binding, and anti-HIV activity. *FEBS J.* 280(9): 2056–2067.

Le Dinh Hung¹

Vo Thi Dieu Trang¹

Hoang Thi Trang Nguyen²

Dinh Thanh Trung¹

Ngo Thi Duy Ngoc¹

Phan Thi Hoai Trinh¹

¹ Institute of Oceanography, Vietnam Academy of Science and Technology,
01 Cauda Str., Nhatrang City, Khanhhoa Province, Vietnam

² Nhatrang University,

2 Nguyen Dinh Chieu Str., Nhatrang City, Khanhhoa Province, Vietnam

The new member of OAAH-family lectins from the cultivated red alga *Eucheuma denticulatum* in Vietnam

The red alga *Eucheuma denticulatum* is an economically important food species extensively cultivated in Vietnam. In this study, complementary DNA (cDNA) cloning based on the rapid amplification of cDNA ends (RACE) methods elucidated the full-length sequence of a new lectin-like protein (named EDL) from this alga. The cDNA cloning of the lectin-like protein

encoded a polypeptide of 268 amino acids including an initiating methionine. The deduced amino acid sequence of lectin-like protein composed of four tandem repeated domains of about 67 amino acids and sharing 45% sequence identity. The primary structure of the lectin-like protein, EDL, highly resemble with those of the anti-virus and anti-cancer high-mannose N-glycan specific lectins in lower organisms including *Oscillatoria agardhii* NIES-240 (OAA) from cyanobacterium, *Burkholderia oklahomensis* EO147 (BOA), *Myxococcus xanthus* (MBHA) and *Pseudomonas fluorescens* Pf0-1 (PFL) from proteobacteria, *Eucheuma serra* (ESA-2), *Eucheuma denticulatum* (EDA-2), *Kappaphycus striatus* (KSA-1 and KSA-2), *Kappaphycus alvarezii* (KAA-1 and KAA-2) and *Solieria filiformis* (SfL-1 and SfL-2) from carrageenophyte red algae. The high resemblance in structure with anti-virus and anti-cancer lectins suggests that the cultivated red alga *E. denticulatum* could also be a good source of functional protein (lectin) for application.

Key words : amino acid sequence, carrageenophytes, cDNA of lectin-like protein, EDL, *Eucheuma denticulatum*

Citation. Le Dinh Hung, Vo Thi Dieu Trang, Hoang Thi Trang Nguyen, Dinh Thanh Trung, Ngo Thi Duy Ngoc, Phan Thi Hoai Trinh. 2025. The new member of OAAH-family lectins from the cultivated red alga *Eucheuma denticulatum* in Vietnam. *Algologia*. 35(3): 194–209. <https://doi.org/10.15407/alg35.03.194>