

Варианты кодирующих последовательностей нового белка асцидии *Styela rustica*, рустикалина.

Научный руководитель – Подгорная Ольга Игоревна

Тылец М.И.¹, Даугавет М.А.², Егорова Е.Л.³, Соловьева А.И.⁴

1 - Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет, Санкт-Петербург, Россия, E-mail: Masana97@yandex.ru; 2 - Институт цитологии РАН, Санкт-Петербург, Россия, E-mail: kabtank@yandex.ru; 3 - Дальневосточный федеральный университет, Школа естественных наук, Владивосток, Россия, E-mail: envelope2006@yandex.ru; 4 - Институт цитологии РАН, Санкт-Петербург, Россия, E-mail: orcinuca@gmail.com

Оболочники (Tunicata) являются группой, находящейся у основания ветви Хордовых. Именно Оболочники, а не Головохордовые, как считалось ранее, являются ближайшей предковой группой позвоночных животных [2]. В нашей исследовательской группе описан новый белок клеток крови представителя Оболочников, асцидии *Styela rustica*, рустикалин, и продемонстрировано его вероятное происхождение путём горизонтального переноса от прокариотического организма. В составе рустикалина предсказано присутствие двух структурных доменов: N-концевого домена и С-концевого домена. Обнаружено сходство С-концевого домена с ферментом карбоксипептидазой, однако аминокислотная последовательность рустикалина укорочена по сравнению с последовательностью фермента [1].

Гомологи рустикалина у других видов асцидий, *Ciona intestinalis*, *C. savignyi*, представлены в геномах более чем одним вариантом этого гена. Целью данной работы был поиск и описание других кодирующих последовательностей рустикалина среди транскриптов *Styela rustica*.

Используя специфические праймеры к последовательности рустикалина, были клонированы и секвенированы две новые последовательности кДНК - *транскрипт 1* и *транскрипт 2*. Сравнение новых последовательностей кДНК с кодирующей последовательностью рустикалина показало, что их степень сходства с кДНК рустикалина составляет 96.08% для *транскрипта 1* и 96.23% для *транскрипта 2*. При этом одиночные нуклеотидные замены расположены по всей длине транскриптов. Таким образом, можно предположить, что в геноме *Styela rustica* существуют и другие варианты гена рустикалина.

Для каждого варианта кодирующей последовательности предсказаны наиболее вероятные белковые продукты. Полученные аминокислотные последовательности каждого из возможных белков сравнивали с последовательностью рустикалина. *Транскрипт 1* имеет две открытые рамки считывания, которые соответствуют N- и С- концевым доменам рустикалина. *Транскрипт 2* имеет одну открытую рамку считывания, соответствующую С-концевому домену исходного белка. Предсказание субклеточной локализации показывает, что белковый продукт *транскрипта 1* и белковый продукт *транскрипта 2*, скорее всего, относятся к группе секреторных белков. При этом предсказанные белки, соответствующие С-концевому домену, содержат полную последовательность фермента карбоксипептидазы.

Таким образом, в транскриптоме клеток крови *Styela rustica* существуют различные варианты кодирующих последовательностей рустикалина.

Источники и литература

- 1) Daugavet, M.A., Shabelnikov, S., Shumeev, A., Shaposhnikova, T., Adonin, L.S., and Podgornaya, O. (2019). Features of a novel protein, rusticalin, from the ascidian *Styela rustica* reveal ancestral horizontal gene transfer event. *Mob. DNA* 10, 4.

- 2) Delsuc, F., Brinkmann, H., Chourrout, D., and Philippe, H. (2006). Tunicates and not cephalochordates are the closest living relatives of vertebrates. *Nature* 439, 965–968.