

## Поиск и аннотация ТААР генов в собранных геномах позвоночных

Научный руководитель – Комиссаров Алексей Сергеевич

*Ряховский Сергей Сергеевич*

*Студент (магистр)*

Санкт-Петербургский национальный исследовательский университет информационных технологий, механики и оптики, Санкт-Петербург, Россия

*E-mail: Ryakhovsky@scamt-itmo.ru*

Обоняние является основной нейросенсорной функцией, с помощью которой многие виды изучают химический состав своих природных сред, чтобы найти пищу, избежать потенциально опасных ситуаций, распознать территорию, идентифицировать членов своей собственной группы или хищников и выбрать себе пару. В организмах позвоночных одним из рецепторов, ответственных за распознавание запахов и поведение являются аминокислотосвязывающие рецепторы ТААР. Связывающиеся с аминами ТААР являются одним из подсемейств белково-связывающих рецепторов. Следовые амины химически очень схожи с естественными биогенными аминами такими, как дофамин, гистамин, серотонин[1]. Особенно большая концентрация ТААР наблюдается в нейронах головного мозга в зоне, ответственной за обоняние, что образует систему обонятельных ТААР рецепторов. Было доказано, что ген ТААР6 способен распознавать такие лиганды, как путресцин и кадаверин, образующиеся декарбоксилированием аминокислот при разложении белка. На рецепторы ТААР6 летучие полиамины действуют либо как раздражитель, либо как аттрактант для падальщиков и разного рода паразитов[2].

Целью работы является поиск и аннотация ТААР генов в трех группах животных: травоядные, хищники и падальщики.

Для этого нами создан пайплайн, основанный на аннотации ТААР генов в собранном геноме с использованием программы Exonerate[3]. Для начального поиска мы использовали ТААР гены мыши. Поиск был проведен в сборках геномов следующих видов: евразийский волк (*Canis lupus*), горилла (*Gorilla gorilla*), длиннохвостый суслик (*Spermophilus undulatus*), африканский слон (*Loxodonta africana*), тасманский дьявол (*Sarcophilus harrisi*).

Так как ТААР гены содержат повторяющиеся домены, то нефильТРованные данные содержали более 2000 совпадений, в результате фильТРации по score и длине совпадающей последовательности количество было сокращено до 6-9 в зависимости от вида. Из-за повторяющейся природы ТААР генов вопрос об их истинной копийности и наличия схлопнутых в результате сборки генов остается открытым. В настоящий момент мы разрабатываем подход к таргетной сборке ТААР генов из несобранных ридов на основании индекса, построенного с использованием идеальной функции хеширования.

### Источники и литература

- 1) Duan J, Martinez M, Sanders AR, Hou C, Saitou N, Kitano T, et al. "Polymorphisms in the trace amine receptor 4 (TRAR4) gene on chromosome 6q23.2 are associated with susceptibility to schizophrenia". American Journal of Human Genetics. 2004.
- 2) Izquierdo C, Gómez-Tamayo JC, Nebel JC, Pardo L, Gonzalez A "Identifying human diamine sensors for death related putrescine and cadaverine molecules". 2018
- 3) <https://www.ebi.ac.uk/about/vertebrate-genomics/software/exonerate-user-guide>