

## Изучение протеома гемоцитов байкальских амфипод на примере вида *Eulimnogammarus verrucosus*

Научный руководитель – Тимофеев Максим Анатольевич

Золотовская Е.Д.<sup>1</sup>, Назарова А.А.<sup>2</sup>, Лубяга Ю.А.<sup>3</sup>, Дроздова П.Б.<sup>4</sup>

1 - Иркутский государственный университет, Биолого-почвенный факультет, Иркутск, Россия, *E-mail: zolotovskayaelenad@gmail.com*; 2 - Иркутский государственный университет, Биолого-почвенный факультет, Иркутск, Россия, *E-mail: annazarova1995@gmail.com*; 3 - Иркутский государственный университет, Иркутск, Россия, *E-mail: yuliya.a.lubyaga@gmail.com*; 4 - Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет, Санкт-Петербург, Россия, *E-mail: drozdovapb@gmail.com*

Защита от воздействия паразитов или инородных тел, обеспеченная иммунным ответом, является важным аспектом жизнедеятельности любого организма. Ключевым компонентом иммунитета ракообразных являются гемоциты, циркулирующие в гемолимфе. Эти клетки способны инкапсулировать инородные объекты, а также секретировать в гемолимфу некоторые вещества, участвующие в иммунном ответе. Однако молекулярные процессы, лежащие в основе функционирования гемоцитов, у байкальских эндемичных амфипод остаются неизученными.

Работа посвящена изучению протеома гемоцитов байкальских амфипод вида *Eulimnogammarus verrucosus*.

Амфипод отлавливали в прибрежной зоне озера Байкал в районе пос. Листвянка и акклиматизировали в аэрируемых аквариумах при температуре 6 °С в течение 4 суток. Гемолимфу отбирали, с последующей очисткой гемоцитов по методике, описанной в Shcharova E. et al., 2019 [3]. Выделение белка выполняли, как описано у Bedulina et al., 2016 [1] с модификациями. Протеом гемоцитов оценивали с применением жидкостной хромато-масс-спектрометрии (LC-MS/MS). LC-MS/MS-анализ белков гемоцитов проводили в Центре коллективного пользования “Передовая масс-спектрометрия” Сколковского института науки и технологий. Данные анализировали с использованием программного обеспечения SearchGUI v3.3.17 и Peptide Shaker v1.16.44. Белки идентифицировали на основе сборки транскриптома *E. verrucosus* GHHK01 [2].

Было обнаружено 1152 белка. Аннотация этих последовательностей по базе данных Panther показала, что в наибольшем количестве в протеоме гемоцитов содержатся белки семейства larval storage protein/phenoloxidase. Также в большом количестве были найдены белки семейства лектинов С-типа, участвующие в распознавании молекулярных паттернов патогенов. Кроме лектинов, были обнаружены интегрины, супероксиддисмутаза, скавенджер-рецепторы и антимикробные пептиды, участвующие в иммунном ответе.

Таким образом, был впервые проанализирован протеом гемоцитов амфипод на примере байкальского эндемичного вида *E. verrucosus* и идентифицированы белки, которые прямо или косвенно участвуют в иммунном ответе.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ и Правительства Иркутской области в рамках научного проекта № 20-44-383007 и проекта Госзадания FZZE-2020-0026.

### Источники и литература

- 1) Bedulina D.S. et al. Preliminary analysis of hemocyanins in hemolymph plasma of Baikal endemic amphipods // Journal of Stress Physiology & Biochemistry. – 2016. – V. 12. – No. 1.

- 2) Drozdova P. et al. Comparison between transcriptomic responses to short-term stress exposures of a common Holarctic and endemic Lake Baikal amphipods // BMC Genomics. – 2019. – V. 20. No 1. – P. 1-14.
- 3) Shchapova E. et al. Application of PEG-Covered non-biodegradable polyelectrolyte microcapsules in the crustacean circulatory system on the example of the amphipod *Eulimnogammarus verrucosus* // Polymers. – 2019. – V. 11. – No. 8. – P. 1246.