

Экспрессия мРНК сериновых пептидаз семейства S1 на разных стадиях онтогенеза жука *Tribolium castaneum*

Косимов М.Н.¹, Жиганов Н.И.², Терещенкова В.Ф.³

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия, *E-mail: mihamzik00@gmail.com*; 2 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра энтомологии, Москва, Россия, *E-mail: nikitoos@rambler.ru*; 3 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Химический факультет, Кафедра химии природных соединений, Москва, Россия, *E-mail: lerunehka_lu@mail.ru*

Сериновые пептидазы (СП) семейства химотрипсина S1 являются одной из крупнейших групп пептидаз. Они катализируют реакцию расщепления пептидной связи в белках, что позволяет им участвовать во многих пищеварительных и защитных процессах живых организмов, а также СП находят широкое применение в современной биоинженерии и молекулярной биологии.

Одним из модельных организмов для изучения СП является *Tribolium castaneum* - жук-вредитель запасов зерновых культур из семейства Tenebrionidae, для которого СП являются крупнейшей группой пищеварительных ферментов. Согласно актуальным данным, полученным автоматической аннотацией генома, у *T. castaneum* закодировано 115 последовательностей активных СП и 60 гомологов, которые содержат замены аминокислотных остатков активного центра [1]. Эти гомологи также представляют интерес, так как в случае консервативной замены в каталитической триаде ферменты могут сохранять свою каталитическую активность.

Целью работы стало исследование результатов секвенирования транскриптома 4 жизненных стадий *T. castaneum*: яйца, личинки, куколки и имаго, с целью сравнения экспрессии СП на разных стадиях развития *T. castaneum*.

Были проанализированы результаты высокопроизводительного секвенирования транскриптов *T. castaneum* (Ion Torrent). Из первичных РНК-чтений после фильтрации были собраны транскриптомы с учетом имеющейся разметки генома программой StringTie, которая способна найти новые транскрипты, отсутствующие в актуальной разметке *T. castaneum*. В итоговой объединенной разметке транскриптов оказалось 31066 транскриптов из которых 25188 полностью были найдены в референсной разметке, а остальные 5878 собранных транскриптов оказались новыми. Собранные транскрипты имеют схожее распределение длин с транскриптами из актуальной аннотации, и покрывают все координаты генома, соответствующие аннотированным сериновым протеазам.

Было проведено сравнение уровней экспрессии СП на всех жизненных стадиях *T. castaneum*, что позволило выявить высокоэкспрессируемые СП на питающихся стадиях личинки и имаго, которые предположительно являются пищеварительными, а также пептидазы, специфичные для стадий яйца и куколки, где протеолиз значительно слабее.

Работа поддержана грантом РФФИ № 20-54-56044 Иран_т.

Выражаю благодарность научным руководителям: сотруднику лаборатории к.б.н., с.н.с. Е.Н. Элпидиной и с.п. ФББ А. А. Жариковой. Также выражаю благодарность проф. И.Ю. Филипповой

Источники и литература

- 1 Cao X, Jiang H. 2018. Building a platform for predicting functions of serine protease-related proteins in *Drosophila melanogaster* and other insects. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 103, 53-69.