

Поиск и аннотация цистеиновых катепсинов в новосеквенированном геноме *Tribolium madens* и их сравнение с гомологами из *Tribolium castaneum***Научный руководитель – Элпидина Елена Николаевна***Иванов М.М.¹, Терещенкова В.Ф.², Жиганов Н.И.³*

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

Хрущаки - жуки-вредители из родов *Tenebrio* и *Tribolium* семейства чернотелок (*Tenebrionidae*). Данные насекомые встречаются повсеместно, обитают в складах и домах в муке, хлебопродуктах, кукурузе, бобовых, что приводит к порче продуктов. Семейство чернотелок является объектом многочисленных исследований. Так, геном *Tribolium castaneum* был секвенирован первым среди жуков. К числу важнейших пищеварительных ферментов чернотелок относятся цистеиновые и сериновые пептидазы. Они отличаются многообразием и разнообразием, предположительно имеют ряд отличий от пептидаз млекопитающих и слабо изучены. Среди пищеварительных пептидаз изученных видов чернотелок, главная роль принадлежит цистеиновым катепсинам семейства С1 папаина. Исследования *Tenebrio molitor* и *Tribolium castaneum* свидетельствуют о имеющихся различиях в организации их пищеварительного протеолиза, несмотря на принадлежность к одному семейству жуков и сходство способов питания. Для того, чтобы оценить масштаб межвидовых различий в организации пищеварения у чернотелок, представляет научный интерес анализ набора цистеиновых катепсинов в новосеквенированном геноме другого вида *Tribolium - T. madens*, и сравнение его с имеющимися данными у изученных видов *T. castaneum* и *T. molitor*.

Целью данной работы являлся поиск последовательностей цистеиновых катепсинов в геноме *T. madens* и сравнение их с известными последовательностями из *T. castaneum* и *T. molitor*.

С помощью программы Apollo, используя алгоритм BLAT, был проведен поиск последовательностей катепсинов К, О, L и В в геноме *T. madens*, схожих с таковыми у модельного насекомого *T. castaneum*. Всего было получено 16 последовательностей близких к катепсину L, 8 близких к катепсину В, и по одной последовательности близкой к катепсинам К и О. После поиска похожих последовательностей с помощью blastp большинство найденных белков оказались близки к таковым у *T. castaneum*. Затем для данных последовательностей было получено множественное выравнивание с гомологами из *T. castaneum*, отмечены ортологичные последовательности и выделены аминокислотные остатки их активных центров и субсайтов связывания S1 и S2. На основании множественного выравнивания с охарактеризованными цистеиновыми пептидазами *T. castaneum* и *T. molitor* найдены предположительно пищеварительные пептидазы, а на основе широкого сравнения с участием катепсинов млекопитающих выявлены высоко консервативные ортологичные лизосомальные катепсины.

Исследование выполнено за счет гранта Российского фонда фундаментальных исследований № 20-54-56044 Иран_т.

Выражаю благодарность научному руководителю к.б.н., с.н.с. Е.Н. Элпидиной и д.х.н., проф. И.Ю. Филипповой.