

Разработка пайплайна создания профилей растительных пептидов

Научный руководитель – Фесенко Игорь Александрович

Ганаева Дарья Рассовна

Студент (магистр)

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

E-mail: ganaeva.dasha@gmail.com

Пептиды являются важными регуляторами различных процессов, происходящих в растениях. Особое значение для растений имеют так называемые короткие секретлируемые пептиды (КСП) - пептиды, способные активно транспортироваться из растительных клеток. Так, известно участие КСП в регуляции следующих процессов: рост и развитие, размножение, ответ на стрессовые факторы, симбиотические отношения с микроорганизмами [2].

Однако, несмотря на растущий интерес к пептидам и их значимую роль в регуляции различных растительных процессов, функции КСП растений остаются малоизученными, а их количество и разнообразие – недооценены, ввиду небольшого размера и действия пептидов в низких концентрациях [3]. Разработка подхода для массовой идентификации и создания профилей растительных пептидных семейств позволила бы расширить наше представление об их разнообразии.

Мы разработали пайплайн для создания профилей растительных КСП, используя протеомные данные модельного растения *Arabidopsis thaliana* cv. Columbia, для которого семейства пептидов наиболее полно изучены. Пайплайн создания профилей включает такие этапы, как фильтрация последовательностей по длине, предсказание сигнальной последовательности, кластеризация, фильтрация кластеров по аннотации и размеру, создание множественных выравниваний для полной последовательности прекурсоров, а также для консервативной области на С-конце.

Для полученных профилей было проведено сравнение с профилями, из базы данных PlantSSP для арабидопсиса [1]. Для обоих наборов профилей был выполнен НММ-НММ поиск в базе данных Uniref100, а затем было подсчитано количество значимых хитов ($E\text{-value} < 0.01$) с соответствующим семейством пептидов. Для наших профилей было обнаружено большее количество значимых хитов для всех проанализированных семейств регуляторных пептидов, в сравнении с профилями из PlantSSP, и, таким образом, наш подход оказался более чувствительным и точным.

Далее разработанный нами пайплайн будет применен для профилирования широкого спектра растительных протеомов, что позволит расширить разнообразие пептидов у различных растительных таксонов. Кроме того, данные профили будут использованы для поиска миметиков растительных пептидов в микробиомных данных растений.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (Грант 23-66-10013 “Создание микробиологических препаратов для растениеводства на основе микробиомов засухоустойчивых растений”).

Источники и литература

- 1) Ghorbani S. et.al. Expanding the repertoire of secretory peptides controlling root development with comparative genome analysis and functional assays // Journal of Experimental Botany. 2015. № 17 (66). С. 5257–5269.

- 2) Hu X.-L. et. al. Advances and perspectives in discovery and functional analysis of small secreted proteins in plants // Horticulture Research. 2021. № 1 (8). С. 1–14.
- 3) Tavormina P. et. al. The Plant Peptidome: An Expanding Repertoire of Structural Features and Biological Functions // The Plant Cell. 2015. № 8 (27). С. 2095–2118.