

## Секция «Биоинженерия и биоинформатика»

### Сравнительное исследование экспрессий белков кишечника жуков-чернотелок *Tenebrio molitor* и *Tribolium castaneum*

Мартынов Александр Геннадьевич

Студент

Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Факультет  
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

E-mail: agmart@mail.ru

Большой урон сельскому хозяйству по всему миру наносят насекомые-вредители. Большой мучной хрущак *Tenebrio molitor* и малый булавоусый хрущак *Tribolium castaneum* принадлежат к семейству чернотелок. Несмотря на эволюционное родство, личинки этих организмов имеют отличия в физико-химических условиях в содержимом кишечника и в роли различных групп пептидаз в пищеварении.

Для сопоставления экспрессий белков в кишечниках *T. castaneum* и *T. molitor* были взяты последовательности предполагаемых наиболее высоко экспрессируемых кишечных белков *T. castaneum*, ранжированных по экспрессии (общий размер базы – 11545 белков), и база ридов EST кишечника *T. molitor*, полученная методом 454-пиросеквенирования (общий размер базы – 134090 ридов, средняя длина – 248).

На первом этапе работы для получения последовательностей ридов из *T. molitor*, гомологичных белкам *T. castaneum*, было использовано программное обеспечение (ПО) BLAST (алгоритм tblastn, стартовый порог e-value - 1e-40, затем поэтапно понижался). Затем вручную написанное ПО было использовано для обособления группы ридов, соответствующих предполагаемым ортологичным белкам, построения выравнивания фрагментов и сборки их в полную последовательность предполагаемого ортолога. Ортологичными считались максимально идентичные находки (дополнительно был введен фильтр на минимальную идентичность лучшей находки – 50%), имеющие высокое сходство между собой (не менее 90% идентичности с лучшей находкой на данном участке выравнивания).

Экспрессия белков *T. castaneum* была оценена по результатам анализа гибридизации РНК на ДНК-микрочипах, а экспрессия белков *T. molitor* – как отношение суммарной длины найденных ридов, к длине последовательности (из предположения, что длина ортологов в *T. molitor* и *T. castaneum* существенно не отличаются).

Среди белков, высоко экспрессируемых в *T. castaneum*, лишь основные пищеварительные ферменты - главная амилаза (максимальная экспрессия), главный катепсин L (82% от максимума), главный трипсин (47%), запасующие белки – гексамерин (47%) и арилфорин (51%) имели высоко экспрессируемых ортологов в *T. molitor*. Также высокой экспрессией в обоих организмах обладает белок, сходный с аллергеном Aca s 13, вероятно, обладающий способностью связывания жирных кислот. Для многих белков (XP\_975298, XP\_973072, XP\_975666), имеющих в *T. castaneum* экспрессию более 50% от максимальной, ортологичных ридов в *T. molitor* не было найдено, или найдено незначительное число.

Группа рибосомальных белков (S23e, L15e, S7e и другие) в *T. castaneum*, имели сходный уровень экспрессии (40-50%). Группа их ортологов в *T. molitor* имеют также сходную экспрессию, но, вероятно, их доля в общей экспрессии значительно меньше.

Таким образом, сходство экспрессий наблюдается лишь для самых ключевых пищеварительных ферментов, по одному из каждой группы. Для минорных пептидаз и многих других белков сходство в степени экспрессии не так значительно.

**Слова благодарности**

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (гранты 12-04-01562-а, 11-04-93964-ЮАР\_а).