

**Выявление филогенетических взаимосвязей сериновых пептидаз семейства химотрипсина и их неактивных гомологов у насекомых *Tribolium castaneum* и *Tenebrio molitor***

**Научный руководитель – Элпидина Елена Николаевна**

*Салимгареев Р.С.<sup>1</sup>, Терещенкова В.Ф.<sup>2</sup>, Жиганов Н.И.<sup>3</sup>*

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия, *E-mail: s18b1\_salimgareev@179.ru*; 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*

*Tribolium castaneum* и *Tenebrio molitor*, представители семейства жуков-чернотелок (Tenebrionidae), — вредители зерновых запасов и важные модельные объекты генетических и биохимических исследований. Сериновые пептидазы семейства химотрипсина S1 наряду с цистеиновыми пептидазами семейства папаина С1 являются главными пищеварительными пептидазами чернотелок. Важным эволюционным фактором формирования пула пищеварительных пептидаз тенебрионид являются генные дубликации. Помимо роли в пищеварении, сериновые пептидазы выполняют и регуляторную функцию, участвуя в посттрансляционных модификациях белков (специфическом протеолизе). Пептидазы могут включать различные регуляторные домены, связанные с их ролью в организме.

В данной работе исследуется доменная архитектура сериновых пептидаз семейства S1 химотрипсина и их неактивных гомологов, филогенетические отношения их каталитических доменов и белков в целом. Анализируемые последовательности были получены путём трансляции нуклеотидных последовательностей, найденных в транскриптомах жуков при поиске алгоритмом tBLASTn (запрос - последовательность белка trypsin 2 *Homo sapiens*, UniProt AC P07478). Для аннотации доменов была использована программа InterProScan 5.50-84.0, выравнивания доменов и белков строились алгоритмом MAFFT L-INS-i 7.475, построение филогенетических деревьев выполнено программой IQ-TREE 1.6.12.

Были проанализированы последовательности 35 трипсинов (ТП), 5 химотрипсинов (ХТП), 4 эластаз (ЭП), 4 коллагеназ (КП), 6 трипсиноподобных (ТПП) и 12 химотрипсиноподобных (ХТПП) пептидаз, 21 пептидазы с иным строением субсайта S1 (НАП) и 49 псевдопептидаз (СПГ) *T. castaneum*, 62 ТП, 4 ХТП, 3 КП, 3 ТПП, 17 ХТПП, 14 эластазоподобных пептидаз (ЭПП), 23 НАП, 95 СПГ *T. molitor*.

Анализ первичной структуры пептидаз и уровня экспрессии их мРНК показал, что высокоэкспрессируемые предположительно пищеварительные пептидазы обычно не содержат регуляторных доменов, в то время как большинство последовательностей трипсинов содержало различные регуляторные домены (CLIP, SUSHI, LDLa и др.), что позволяет предположить для них регуляторную функцию.

Из анализа филогенетических деревьев следовало, что пептидазы группируются по типам (в частности, КП, ТП и ТПП). Большая часть СПГ, как выяснилось, входит в обособленную кладу. Кроме того, важнейшие пищеварительные пептидазы *T. castaneum* и *T. molitor* образуют несколько отдельных ветвей, причём белки обоих жуков лежат рядом. Пептидазы с регуляторным CLIP-доменом группируются, даже если строить дерево только на основании каталитических и пептидазоподобных доменов белков.

Работа выполнена при поддержке грантов РФФИ № 20-54-56044 Иран\_т и Российского научного фонда № 19-74-00080 (исследование неактивных гомологов сериновых пептидаз семейства химотрипсина S1).