

Функциональная аннотация белков на основе выравнивания и экспрессии генов

Научный руководитель – Девятияров Руслан Мансурович

Галлимуллина Розалина Ростамовна

Студент (бакалавр)

Казанский (Приволжский) федеральный университет, Институт фундаментальной
медицины и биологии, Казань, Россия

E-mail: grrozalina@gmail.com

Ангидробиоз (жизнь без воды) - состояние, при котором останавливаются все биологические процессы организма - является перспективной темой для изучения, так как позволит многократно сократить энергозатраты, а также увеличить срок хранения белков, клеток и тканей, в том числе млекопитающих и человека. На данный момент самым большим и эволюционно близким к человеку ангидробиотическим организмом является личинка африканского комара *Polypedilum vanderplanki*, которая в естественных условиях ежегодно сталкивается с полным обезвоживанием.

Сравнительный геномный анализ показал, что геном *P. vanderplanki* содержит специфичные кластеры мультикопийных генов, которых не обнаружено в близкородственном виде *P. nubifer*, не способном переживать обезвоживание. Было также показано, что такие «новые» гены реагируют на различные внешние стрессовые воздействия и потерю воды [1]. Однако, несмотря на большое количество накопленных транскриптомных данных, понимания роли такой многократной паралогизации пока нет.

Пользуясь высоким уровнем сходства паралогов и данными по их активности, мы разработали подход для поиска и аннотации участков белковых продуктов этих генов, связанных с тем или иным профилем экспрессии. Это даст представления об особенностях строения паралогов и их роли как отдельных генов, так и конкретных доменов. Например, мы показали, что С-концевой участок белков Lil и TRX коррелирует с экспрессией соответствующих генов в экспериментах с высушиванием, но не с тканеспецифичностью.

Более того, мы показали, что алгоритм успешно определяет ключевые домены транскрипционных факторов семейства PAX *Mus musculus*, и таким образом, является принципиально новым универсальным подходом для аннотации белковых молекул.

Источники и литература

- 1) Gusev O. Comparative genome sequencing reveals genomic signature of extreme desiccation tolerance in the anhydrobiotic midge. [Article] // Nature Communications. - September 12, 2014. - 5:4784.