

**СЕРИНОВЫЕ ПЕПТИДАЗЫ СЕМЕЙСТВА S1 В ГЕНОМАХ И ТРАНСКРИПТОМАХ
ТЕНЕБРИОНИД – ВРЕДИТЕЛЕЙ ЗАПАСОВ ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР**

Н.И. Жиганов¹, В.Ф. Тереженкова¹, Ali Reza Bandani², И.Ю. Филиппова¹, Е.Н. Элпидина³

¹ Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия

² University of Tehran, College of Agriculture and Natural Resources, Tehran, Iran

³ Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, НИИ физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского, Москва, Россия

Жуки из семейства Tenebrionidae, включая *Tenebrio molitor* и *Tribolium castaneum*, являются важными вредителями запасов зерновых культур и продуктов их переработки в хранилищах и на складах. Личинки жуков обладают мощным ферментативным аппаратом и активно употребляют в пищу преимущественно муку семян пшеницы, овса и других злаковых культур, которую человечество способно переваривать только в процессированном виде, да и то у 1–2 % населения продукты из пшеницы, ржи и ячменя вызывают наследственное заболевание целиакию в связи с мальабсорбцией продуктов их переваривания. Одной из 2-х важнейших групп пищеварительных пептидаз у жуков являются сериновые пептидазы семейства химотрипсина S1. Целью нашей работы явилась аннотация и сравнительная характеристика набора транскриптов и предсказанных белковых последовательностей этих сериновых пептидаз в объединенном транскриптоме *T. molitor*, так как геном этого жука ещё не расшифрован, и в геноме и транскриптоме *T. castaneum*. Всего у *T. molitor* было выявлено 237 последовательностей предсказанных сериновых пептидаз, из которых 127 оказались активными пептидазами с канонической триадой аминокислот активного центра HDS, а 110 представляли гомологов сериновых пептидаз с 1 или 2 заменами в каталитической триаде, что обычно приводит к потере каталитической активности. У *T. castaneum* было найдено 102 последовательности активных сериновых пептидаз и 58 гомологов. Анализ подцентра связывания субстрата S1, определяющего специфичность этого семейства пептидаз, в котором выделяют 3 важнейших аминокислотных остатка, позволил выявить основные виды активных сериновых пептидаз. Самой многочисленной группой у обоих видов оказались трипсины, которых было выявлено 58 у *T. molitor* и 44 у *T. castaneum*. У большинства из них в составе пропептида были выявлены различные регуляторные домены (у 38 из 58 у *T. molitor*), однако трипсины, которые имели максимальные уровни экспрессии мРНК в кишечнике личинок обоих насекомых и предположительно выполняющие пищеварительные функции, не имели регуляторных доменов. Выделена также небольшая группа трипсиноподобных пептидаз с заменой G на A в составе субстрат-связывающего центра: 5 у *T. molitor* и 7 у *T. castaneum*. Следующей группой явились химотрипсины и химотрипсиноподобные пептидазы, которых найдено 5 и 16, соответственно у *T. molitor* и 5 и 11 у *T. castaneum*. Регуляторные домены у этой группы пептидаз малочисленны, а субстрат-связывающие сайты обладали значительным разнообразием. Следующей по численности группой явились эластазоподобные сериновые пептидазы: 14 у *T. molitor* и 5 у *T. castaneum*. Здесь были выявлены единичные регуляторные домены и существенное разнообразие в структуре субстрат-связывающих сайтов. Наиболее малочисленной оказалась группа сериновых коллагеназ: 5 у *T. molitor* и 4 у *T. castaneum*. Регуляторные домены у них отсутствовали, а состав субсайта связывания консервативен – GGD. И кроме того, была выделена группа неаннотированных сериновых пептидаз с неканоническим субсайтом связывания субстрата. В неё вошли 24 пептидазы у *T. molitor* и 26 у *T. castaneum*. В её составе довольно много пептидаз с регуляторным доменом. Отметим, что во всех группах присутствовали пептидазы с высоким уровнем экспрессии в кишечнике личинок тенебрионид и не содержащие в структуре регуляторных доменов. Именно эти пептидазы предположительно являются пищеварительными.

Таким образом, спектр пищеварительных пептидаз тенебрионид обладает высоким разнообразием и это способствует их устойчивости к действию белковых ингибиторов, входящих в их диету.

Работа поддержана грантом РФФИ № 20–54–56044 Иран_m.