

**Протеотранскриптомный анализ репродуктивной системы самок
криптических видов рода *Littorina*: молекулярные основы перехода к
яйцеживорождению**

Научный руководитель – Мальцева Арина Леонидовна

Лобов Арсений Андреевич

Аспирант

Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет,
Санкт-Петербург, Россия

E-mail: arseniylobov@gmail.com

Виды рода *Littorina* (Mollusca, Caenogastropoda) широко распространены на побережьях Северо-Атлантического океана и Баренцево моря. Представители этого рода, в первую очередь *L. saxatilis*, активно используются как модель для изучения физиологии и эволюции моллюсков. Особое внимание привлекает подрод *Neritrema*, представленный на Европейских и Российских побережьях двумя группами криптических видов: группой «*saxatilis*» (*L. saxatilis* (Olivi 1792), *L. arcana* Hannaford Ellis 1978, *L. compressa* Jeffreys 1865) и группой «*obtusata*» (*L. obtusata* (Linnaeus 1758), *L. fabalis* (Turton 1825)). Эти пять видов литоральных моллюсков сосуществуют в условиях симпатрии и занимают близкие экологические ниши. Более того, единственные морфо-анатомические различия между изучаемыми видами заключаются в особенностях формы раковины и анатомии репродуктивной системы. Тем не менее, в то время как другие виды подрода *Neritrema* формируют кладки, один из видов (*L. saxatilis*) перешел к яйцеживорождению. Вынашивание молоди *L. saxatilis* происходит в выводковой сумке - преобразованной слизистой железе, ответственной за формирование кладок у других видов. При этом, общее строение репродуктивной системы *L. saxatilis* еще не претерпело значительных изменений.

Переход к яйцеживорождению многократно происходил в разных группах беспозвоночных, однако молекулярные механизмы, которыми он сопровождается, остаются в значительной мере не исследованными. Цель этой работы - сравнить транскриптомные и протеомные профили репродуктивной системы самок четырех изучаемых видов моллюсков (*L. saxatilis*, *L. arcana*, *L. obtusata* и *L. fabalis*) и выявить изменения, потенциально связанные со сменой репродуктивной стратегии. мы провели секвенирование транскриптомов репродуктивной системы самок изучаемых видов с последующей сборкой *de novo*. Также, при помощи протеомного анализа, мы выявили видоспецифичные белки и провели их идентификацию на основе полученных транскриптомных данных.

Большинство белков, различающихся между видами, вероятно вовлечены в иммунный ответ. Тем не менее, нам удалось выявить ряд транскриптов, специфичных для *L. saxatilis*, функционирование которых могло бы быть важно для перехода к яйцеживорождению. Большинство из них представлены не аннотированными белками, функцию которых еще предстоит выяснить.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ в рамках научного проекта № 19-34-90116