

**Биоинформатическая характеристика субтилизин-подобных пептидаз дикариомицетов****Научный руководитель – Дунаевский Яков Ефимович***Селивановский А.В.<sup>1</sup>, Алкин Н.А.<sup>2</sup>*

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Москва, Россия, *E-mail: arseniy3001@mail.ru*; 2 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра микологии и альгологии, Москва, Россия, *E-mail: nikita9801@mail.ru*

Набор специфических протеаз является одним из основных факторов, определяющих возможность заселения грибом различных субстратов. Так, протеазы семейства SLP (subtilisin-like proteases) могут являться факторами патогенности, служат для питания, защиты и поддержания клеточного метаболизма. Наиболее полно набор SLP описан у паразитических и эндофитных грибов, в частности у гриба-эндофита травянистых растений *Epichloe festucae* [1]. В задачи исследования входили поиск и характеристика гомологов SLP *Epichloe festucae* в геномах 42 видов высших грибов. В рамках исследования был произведён поиск гомологов данных белков в геномах более широкого спектра видов высших грибов, а также изучены некоторые характеристики их последовательностей.

В качестве запроса для поиска гомологов были использованы последовательности белков Prt(A-L) и Kex(A-B) *E. festucae*, полученные из публичной базы данных UniProt [6]. Поиск гомологов в геномах грибов осуществляли с помощью и программы ProteinBlast [3]. За пороговое значение характеристики схожести (E-value) было взято  $1 \times 10^{-5}$ . Впоследствии обнаруженные последовательности анализировались на предмет наличия и длина сигнального пептида, наличия, положения и длины трансмембранного домена (ТМД), изоэлектрической точки и молекулярной массы. Для анализа длины сигнального пептида была использована программа Signal IP [4], за пороговое значение вероятности было взято 0,75. Для выявления трансмембранного домена использовали программу ТМНММ [5]. Вычисление молекулярной массы и изоэлектрической точки производилось с помощью программы IPC (isoelectric point calculator) [2].

Всего было обнаружено 825 уникальных аминокислотных последовательностей. Все белки имели широкую представленность в обоих отделах и каждый имеет большое число гомологов (до 50). Наиболее представлены гомологи протеиназ Prt(A-D), они обнаружены в геномах всех видов, за исключением *Nectria haematococca* и *Hypocrella siamensis*. Широко варьирует количество гомологов у Prt(E-L). KexA и KexB малокопийны (1-4 копии), но представлены у всех видов, за исключением *Nectria haematococca*. У 753 белков найден сигнальный пептид, длина которого варьирует от 15 до 27 аминокислотных остатков, что свидетельствует о том, что эти белки могут секретироваться во внешнюю среду. Некоторые гомологи SLP каждого вида грибов обладают как сигнальным пептидом, так и ТМД. У *Saitoella complicata* встречены гомологи с ТМД без сигнального пептида; скорее всего, в данных последовательностях присутствуют неклассические сигнальные пептиды. Молекулярная масса гомологов варьирует в широких пределах - от 14 до 150 кДа. Изоэлектрическая точка варьирует от 4,7 до 8,5.

**Источники и литература**

- 1) Bryant M.K., Schardl C.L., Hesse U., Scott B. Evolution of a subtilisin-like protease gene family in the grass endophytic fungus *Epichloë festucae* // BMC evolutionary biology. 2009. V. 9. No. 1. P. 1-13. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-9-168>

- 2) IPC: <http://isoelectric.org/>
- 3) ProteinBlast: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov>
- 4) Signal IP: <http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/>
- 5) TMHMM: <http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/>
- 6) UniProt: <https://www.uniprot.org/>