

**Использование транскрипционных профилей для аннотации
митохондриального генома птичьей шистосомы *Trichobilharzia szidati***

Научный руководитель – Семенова Серафима Константиновна

Нефедова Дарья Александровна

Сотрудник

Институт биологии гена РАН, Москва, Россия

E-mail: Dasha9593@mail.ru

В настоящее время последовательности мРНК применяют для идентификации новых генов, картирования транскрибируемых областей, выявления SNPs, а также для оценки их экспрессии в разных тканях и на разных стадиях онтогенеза. Недавно определена *in silico* последовательность полного мт генома одного из видов кровяных сосальщиков птиц *T. szidati*, инфицирующего в природных условиях одного моллюска *L. stagnalis*. Он представляет собой кольцевую молекулу длиной 14293 п.н., содержащую 12 белок-кодирующих генов, два гена рРНК и 22 тРНК. Как и у всех трематод, в его составе отсутствует ген *atp8*, а все гены расположены на одной цепи (Semyenova et al., 2017). В настоящем исследовании впервые проведено картирование набора мт ESTs на аннотированный ранее мт геном паразита. Для секвенирования ДНК и мРНК использован один и тот же пул церкарий *T. szidati*, инфицирующих одного и того же моллюска.

При выравнивании ридов и наиболее протяженных контигов (n=15, размер до ≈ 11000 п.н.) идентифицированы и подтверждены все полноразмерные мРНК, рРНК и тРНК. Показано, что все гены транскрибируются на тяжелой и легкой цепях мтДНК и почти одинаково представлены в наборе ESTs. Показано изменение размеров транскриптов двух некодирующих участков *atp6-nad2* (инсерция 20 п.н.) и *nad1-nad3* (делеция 117 п.н.), в связи с чем общая длина транскриптов, покрывающих мт геном составила 14190 п.н. Кроме того, в 10 последовательностях мРНК обнаружено от одного до четырех SNPs ($\Sigma = 17$), из которых только единичные замены в генах *nad1*, *cox1*, *atp6* могут приводить к замене аминокислоты и возможному изменению гидрофильных свойств мт молекулы. Обсуждаются особенности транскрипции мт паразитических червей по сравнению с модельными организмами (*Homo sapiens*, *D. melanogaster*, *C. elegans*). Работа выполнена в ФГБУ ИБГ РАН и частично финансирована из гранта РФФИ №18-04-01047.

Источники и литература

- 1) Semyenova S. K. et al. The complete mitochondrial genome of the causative agent of the human cercarial dermatitis, the visceral bird schistosome species *Trichobilharzia szidati* (Platyhelminthes: Trematoda: Schistosomatidae) // *Mitochondrial DNA Part B*, 2017, 2(2). p. 469-470.