



НПО «ДОМ ФАРМАЦИИ»



Rus-LASA  
АССОЦИАЦИЯ СПЕЦИАЛИСТОВ ПО ЛАБОРАТОРНЫМ  
ЖИВОТНЫМ

# GLP-PLANET V

г. Санкт–Петербург 03 - 05 июля 2024 г.

## Тезисы докладов

**Конференция GLP-PLANET V**

Тезисы докладов/Сост. Дуброва М.С.

Под редакцией: Кушнир Е.А., Ловать М.Л., Попов В.С.

## **ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ ВРОЖДЕННОГО ИММУННОГО ОТВЕТА БОЛЬШОЙ ВОСКОВОЙ МОЛИ *GALLERIA MELLONELLA*, ПОЛУЧЕННАЯ НА ОСНОВЕ БИОИНФОРМАЦИОННОГО АНАЛИЗА АНТИМИКРОБНЫХ ПЕПТИДОВ**

*Шамаев Николай Дмитриевич*

*Казанский (Приволжский) федеральный университет, г. Казань  
Казанская государственная медицинская академия – филиал ФГБОУ ДПО РМАНПО  
Минздрава России, г. Казань  
Казанский государственный медицинский университет Минздрава России, г. Казань*

[Nikolai.shamaev94@mail.ru](mailto:Nikolai.shamaev94@mail.ru)

Заключение комиссии по биоэтике не требуется

Генетическая изменчивость при наличии биогеографически обусловленного внутривидового разнообразия дает важную информацию о наличии таких колебаний у вида, широко используемого в лабораториях и распространенного по всему миру, что позволяет предположить наличие различного иммунного ответа против патогенов [1]. Селекция у беспозвоночных может происходить при различной экспрессии генов АМП, а также на уровне аминокислотной последовательности, что может эффективно подействовать на восприимчивость к патогенам [2]. Культивирование нескольких промышленных продуцентов с различными патоген-индуцированными реакциями дадут возможность производства различных ферментов и фармсубстанций.

*Цель работы:* Установить факт существования отдельного гаплотипа генов, кодирующих АМП среди модельных организмов не млекопитающих – большой восковой моли *Galleria mellonella*, используемых в исследованиях вирулентности и патогенности различных агентов.

*Методы:* Последовательности анионного пептида 1, аполифорицина, цекропина, цекропина D-подобного пептида, дефенсина, галиомицина, галлеримицина, гловерина, индуцибельного ингибитора сериновой протеазы 2 и лизоцима были введены в качестве запроса TBLASTN для поиска сходной последовательности в сборках генома *G. mellonella*. Филогенетические деревья ожидаемых аминокислотных последовательностей АМП были построены двумя методами с использованием MEGA X [3].

*Результаты:* Среди проанализированных геномных сборок *G. mellonella* было обнаружено шесть биогеографически различных экземпляров, полученных как из естественных, так и из искусственных экосистем; либо от имаго, либо от личинок *G. mellonella*. 11 ядерных мишеней, кодирующих антимикробные пептиды и 16S участок рибосомальной РНК помогли выделить три группы популяций, что потенциально подтверждает гипотезу о существовании варибельного врожденного иммунного ответа у данной лабораторной модели при наличии биогеографически обусловленного внутривидового разнообразия.

*Выводы:* Благодаря пониманию генетического разнообразия *G. mellonella* можно облегчить анализ признаков для поиска выгодных генетических вариаций. К слову, АМП, использованные в этом исследовании, могут привести к образованию отдельных групп *G. mellonella*. Аллели генов, кодирующих АМП, исследованные среди зарегистрированных изолятов *G. mellonella*, демонстрируют наличие разнообразия аминокислот АМП и, следовательно, разнообразия специфических молекулярных функций кодируемых генов и характера их взаимодействия с патогенами и, следовательно, разнообразного иммунного ответа хозяина.

1. Unckless R.L. and Lazzaro B.P. *Phil. Trans. R. Soc.*, B3712015029120150291 (2016).
2. Ramirez J.L., Hampton K.J., Rosales A.M. and Muturi E.J. *Front Microbiol.*, 13, 1062383 (2023).
3. Tamura K., Stecher G. and Kumar S. *Mol. Biol. Evol.*, 10.1093/molbev/msab120 (2021).