



**Дифференциальная экспрессия генов, связанных с острым
и хроническим температурным стрессом у пеляди
(*Coregonus peled*) и байкальского омуля (*C. migratorius*)**

Вахтеева Евгения Аликовна

Бакалавр 4 года обучения биолого - почвенного факультета
Иркутского государственного университета

Е. А. Вахтеева, А. А. Епифанцев, А. Г. Королева, Т. В.
Сидорова, С. А. Потапов, Л. В. Суханова, О. Ю. Глызина, В.
М. Черезова, В. М. Яхненко, Ю. П. Сапожникова

Мотивация и цель

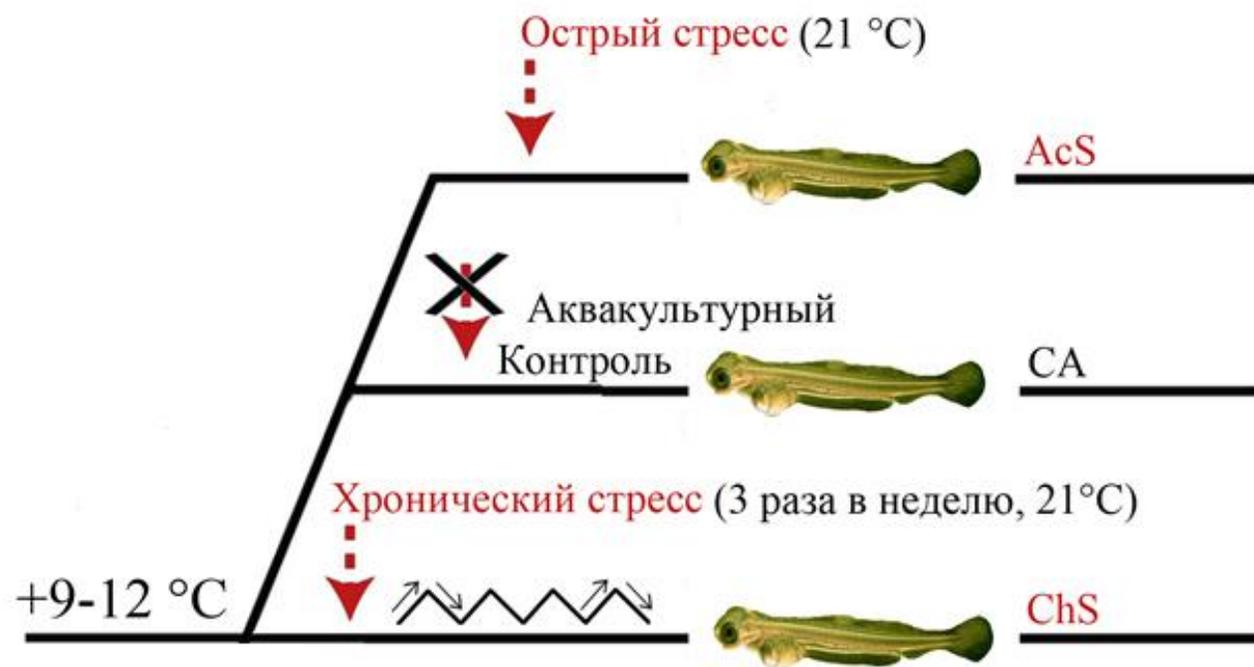
Сложная природа терморегуляции у сиговых рыб усложняет определение их физиологического статуса на основе маркерных генов [1]. Данное исследование направлено на сравнение дифференциальной экспрессии генов (ДЭГ) после острого и хронического теплового стресса у байкальского омуля и пеляди, экономически значимых видов, перспективных для аквакультуры.

Объектами послужили молодь пеляди и байкальского омуля, содержащиеся в аквакультуре в Экспериментальном пресноводном аквариумном комплексе для Байкальских гидробионтов при Лимнологическом институте (ЛИН СО РАН).

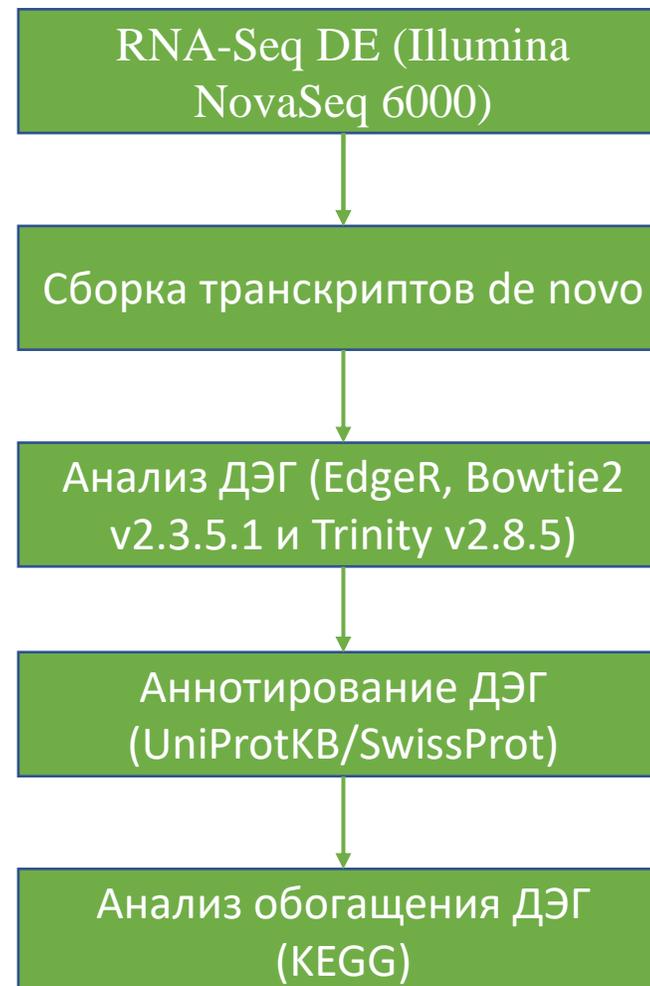


[1]. Koroleva A.G. et al. Acclimation during Embryogenesis Remodulates Telomerase Activity and Gene Expression in Baikal Whitefish Larvae, Mitigating the Effects of Acute Temperature Stress. *Animals* 2024, 14: 2839.

Схема эксперимента

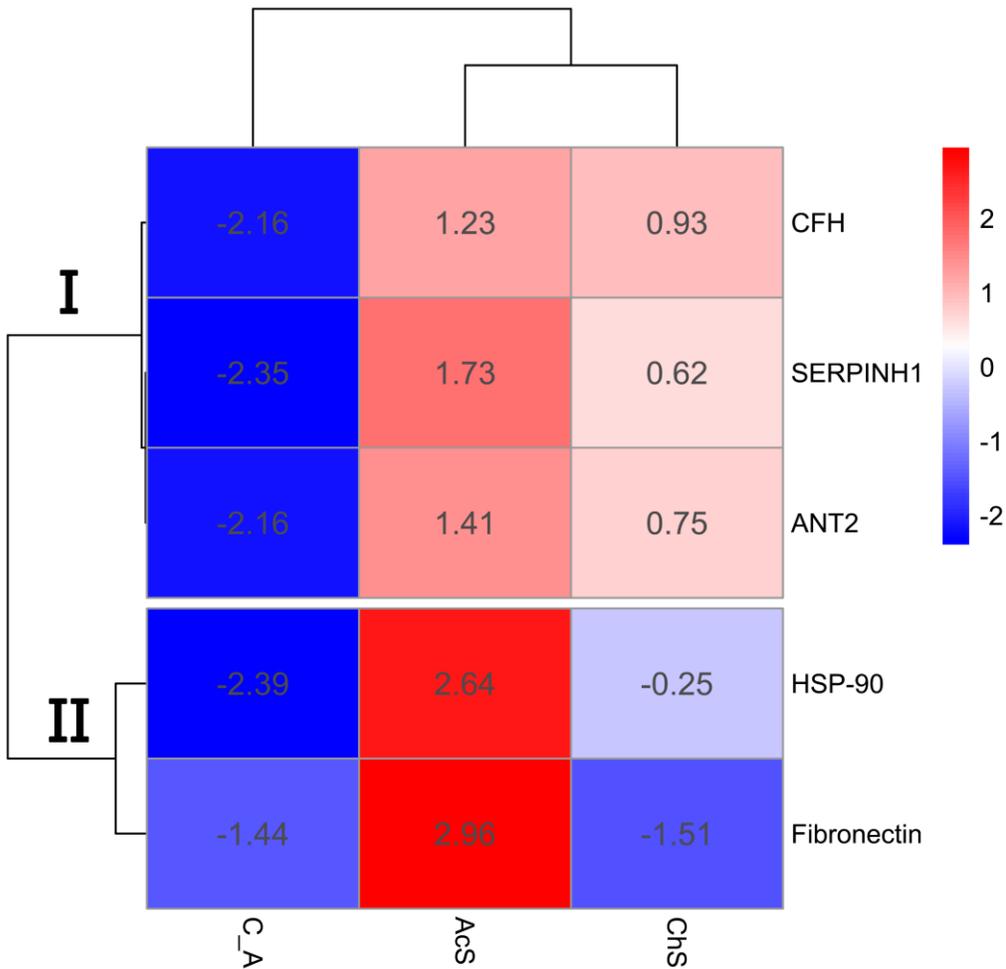


Методы



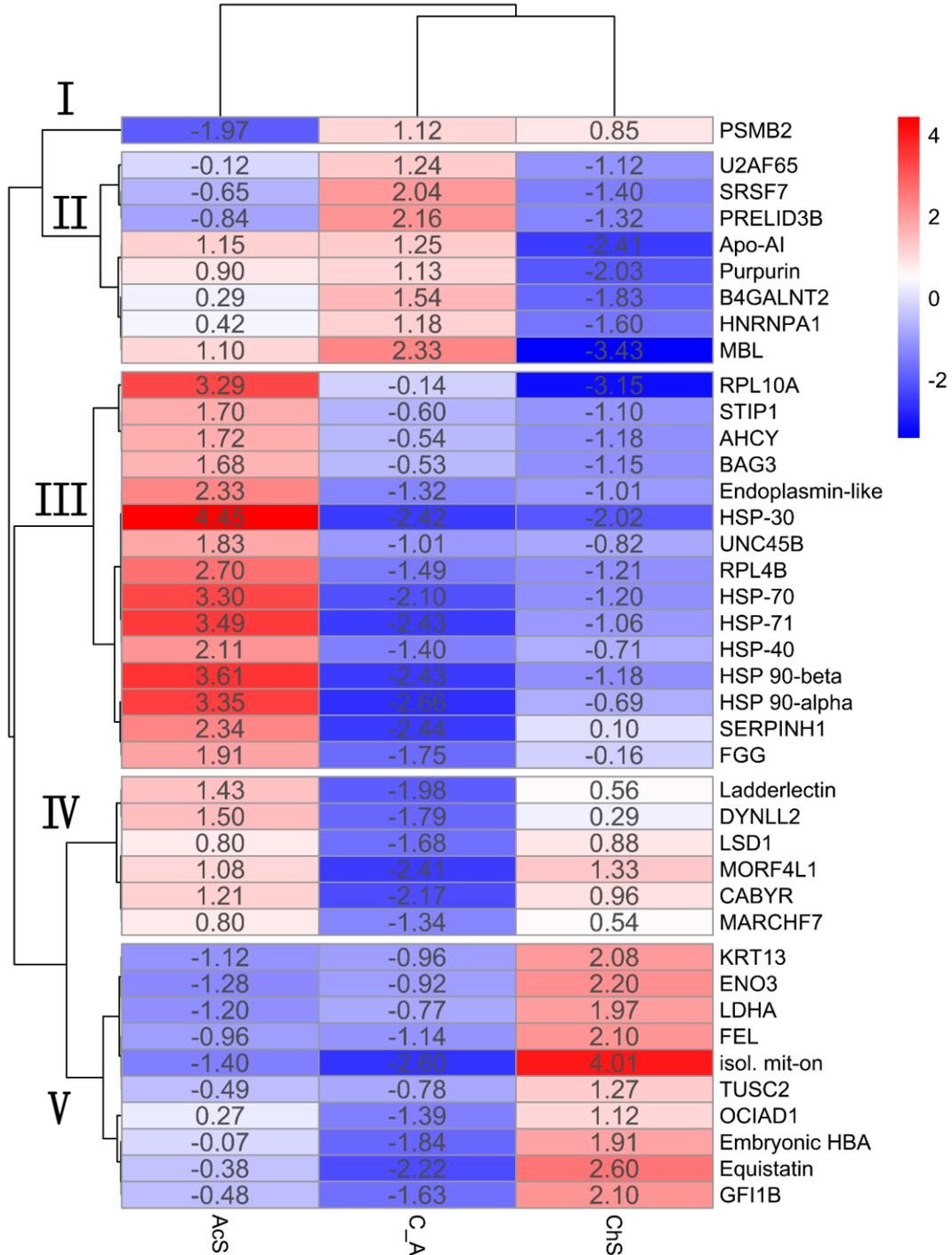
Результаты

Анализ дифференциальной экспрессии генов, представленный в виде тепловой карты



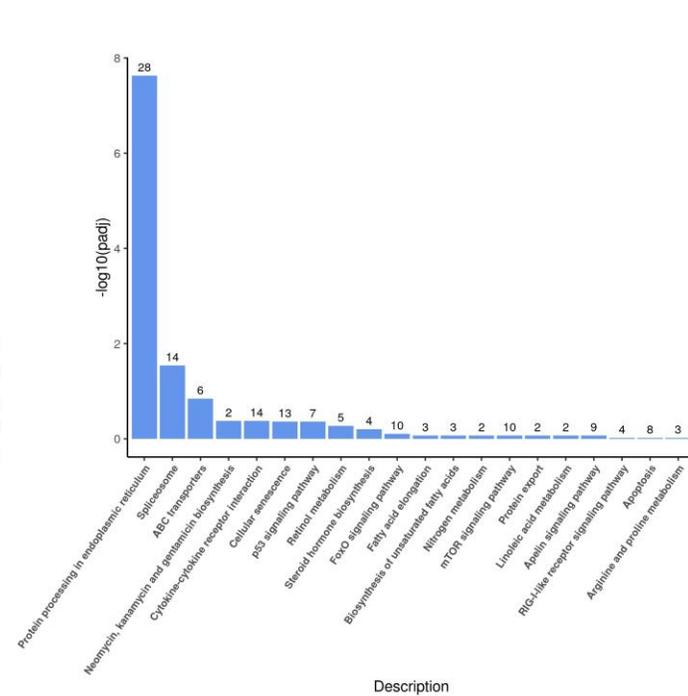
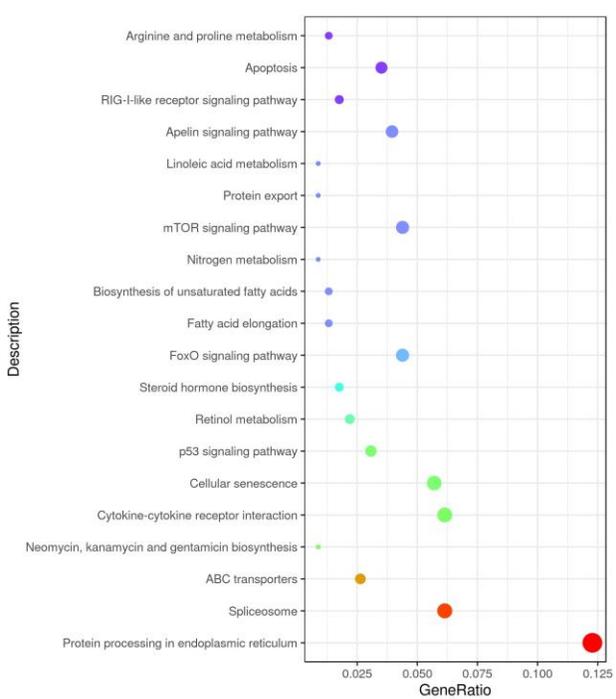
В эксперименте по изучению влияния термического стресса на личинок байкальского омуля кластеризация показала разделение дифференциально экспрессирующихся генов на две группы, сгруппированные по схожим паттернам экспрессии:

1. Группа генов, ответственная за метаболизм и иммунный ответ: CFH, SERPINH1, ANT2;
2. Группа генов, ответственная за устойчивость к температурному стрессу: HSP-90, Fibronectin.



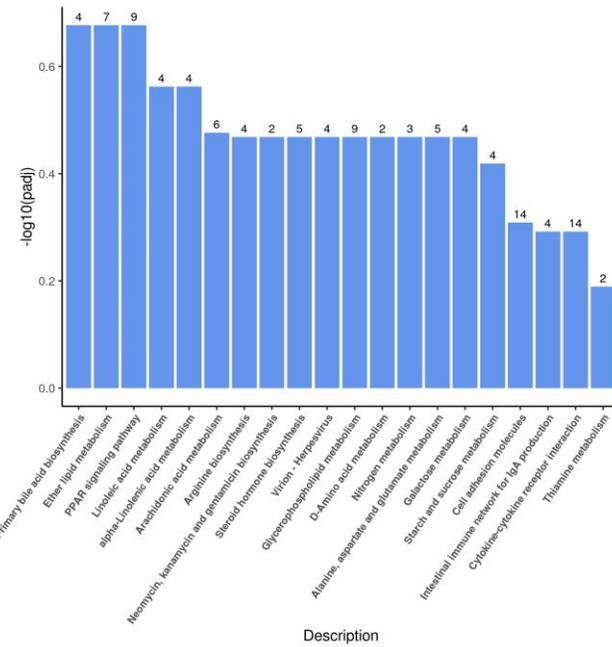
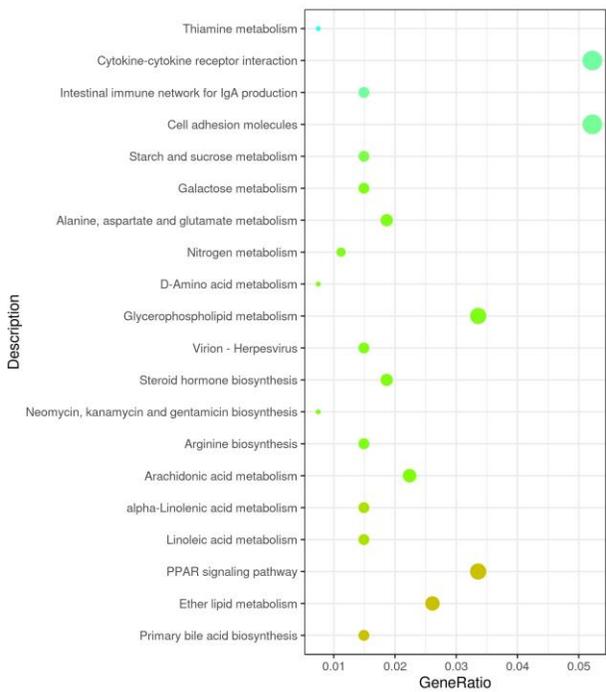
У личинок пеляди кластеризация показала разделение дифференциально экспрессирующихся генов на пять групп:

1. Ген, ответственный за деградацию и деактивацию разрушающихся белков в результате температурного стресса (PSMB2);
2. Группа генов, связанная с антиоксидантной защитой, внутриклеточным транспортом и белковообразующей функцией (U2AF65, MBL, Apo-AI и др);
3. Группа генов, ответственная за реакцию на температурный стресс (HSP-70, HSP-40, SERPINH1 и др.)
4. Группа генов, связанная с внутриклеточными сигнальными каскадами, иммунными реакциями, цитоскелетной активностью, репарацией ДНК и процессами убиквитинирования (LSD1, MORF4L1 и др.);
5. Группа генов, ответственная за иммунный ответ (ENO3, FEL, TUSC2 и др.).



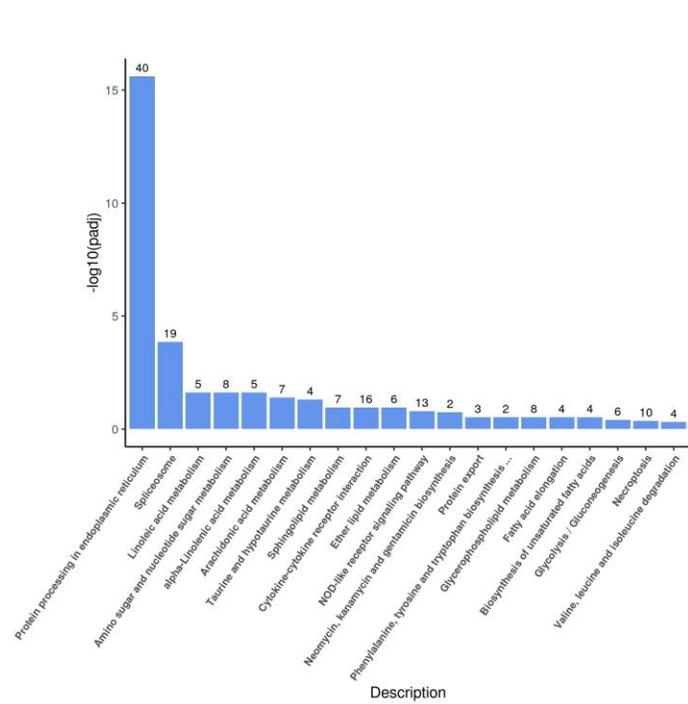
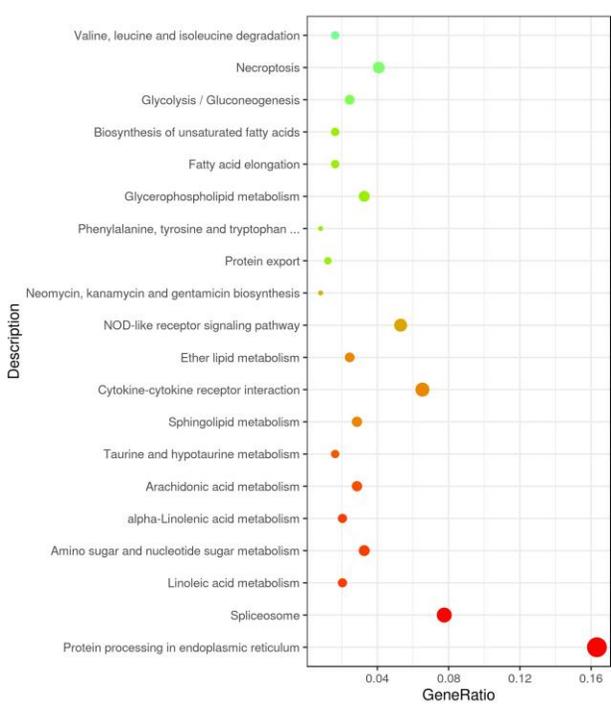
Согласно анализу KEGG, у омуля при остром стрессе ДЭГ были обогащены следующими путями:

- Процессинг белков в эндоплазматическом ретикулуме;
- Сплайсосома (сплайсинг пре-мРНК);
- ABC транспортёры (транспорт субстратов через клеточные мембраны).



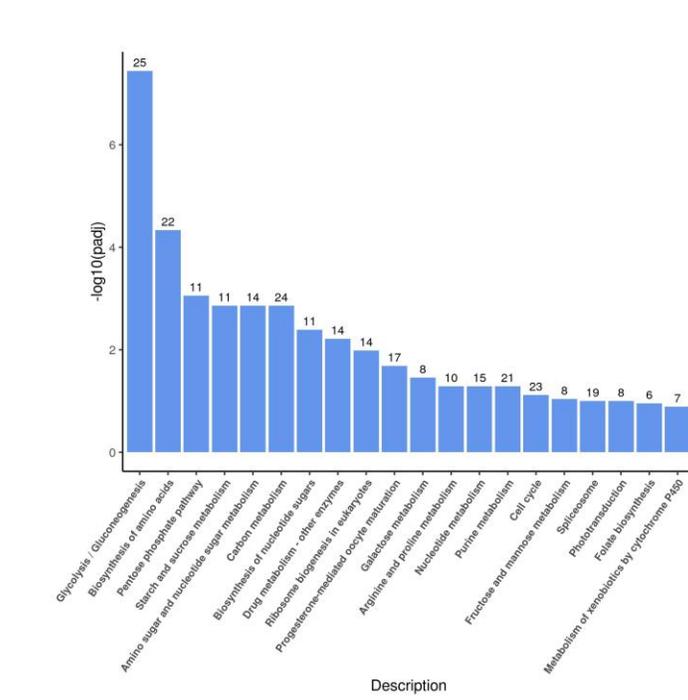
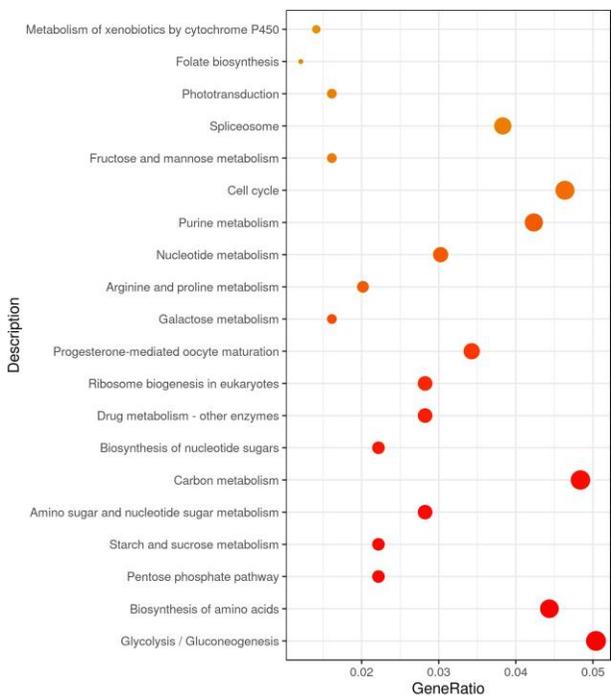
Согласно анализу KEGG, у омуля при хроническом стрессе ДЭГ были обогащены следующими путями:

- Биосинтез желчных кислот;
- Эфирный липид (внутриклеточный мембранный транспорт);
- Активация PPAR (усиление метаболизма глюкозы).



Согласно анализу KEGG, у пеляди при остром стрессе ДЭГ были обогащены следующими путями:

- Процессинг белков в эндоплазматическом ретикулуме;
- Сплайсосома (сплайсинг пре-мРНК);
- Эфирный липид (внутриклеточный мембранный транспорт);
- Метаболизм аминокислот и нуклеотидов (регуляция функций белков).



Согласно анализу KEGG, у пеляди при хроническом стрессе ДЭГ были обогащены следующими путями:

- Гликолиз;
- Биосинтез аминокислот;
- Пентозофосфатный путь;
- Метаболизм крахмала и сахарозы;
- Метаболизм аминокислот и нуклеотидов (регуляция функций белков);
- Метаболизм углерода (окислительно-восстановительная защита).

Выводы

Получен набор ДЭГ, который указывает на транскрипционные корректировки, вызванные острым или хроническим стрессом у видов, значительно отличающихся по физиологии (байкальский омуль и пелядь). Омуль показал выраженную реакцию на острый стресс, в то время как у пеляди ДЭГ преимущественно изменяли экспрессию после хронического стресса. Полученная информация будет способствовать дальнейшему пониманию механизмов стрессоустойчивости сиговых рыб в условиях аквакультуры для .

Исследование выполнено при поддержке РФФ, № 23-24-00644.



Проект РФФ



Российский
научный фонд