

УДК 591.2+571.27:597.553.2+576.89

<https://doi.org/10.31016/978-5-6050437-8-2.2024.25.251-255>

## ТРАНСКРИПТОМНЫЙ АНАЛИЗ СЕЛЕЗЕНКИ БАЙКАЛЬСКОГО ОМУЛЯ (ОЗ. БАЙКАЛ, ВОСТОЧНАЯ СИБИРЬ)

**Мазур О. Е. <sup>1</sup>,**

кандидат биологических наук, научный сотрудник  
лаборатории паразитологии и экологии гидробионтов,  
olmaz33@yandex.ru

**Кутырев И. А. <sup>1</sup>,**

доктор биологических наук, старший научный сотрудник  
лаборатории паразитологии и экологии гидробионтов

**Сидорова Т. В. <sup>2</sup>,**

ведущий инженер лаборатории ихтиологии

**Суханова Л. В. <sup>2</sup>,**

кандидат биологических наук,  
старший научный сотрудник лаборатории ихтиологии

**Теренина Н. Б. <sup>3</sup>,**

доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник

**Мовсесян С. О. <sup>3</sup>,**

доктор биологических наук, главный научный сотрудник

### Аннотация

Впервые представлены новые данные по транскриптому селезенки байкальского омуля *Coregonus migratorius* Georgi, 1775 (Salmoniformes: Coregonidae), зараженного паразитами разных систематических групп. Секвенирование транскриптомных библиотек осуществлялось на секвенаторе Illumina NextSeq550 с использованием набора NextSeq® 550 High Output Kit v2. Проведена сборка транскриптома de-novo. Консервативные домены и связанные с ними аннота-

---

<sup>1</sup> Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей и экспериментальной биологии Сибирского отделения Российской академии наук (670047, Россия, г. Улан-Удэ, ул. Сахьяновой, д. 6)

<sup>2</sup> Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук (664033, Россия, г. Иркутск, ул. Улан-Баторская, д. 3)

<sup>3</sup> Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт проблем экологии и эволюции им А. Н. Северцова Российской академии наук (119071, Россия, г. Москва, Ленинский проспект, д. 33)

ции Gene Ontology были предсказаны с использованием Blast2Go. В результате аннотирования полученных транскриптов установлено, что в селезенке транскрипты были распределены по следующим категориям: молекулярные функции, биологические процессы, клеточные компоненты. Среди молекулярных функций преобладают транскрипты связывания ферментов (25,8%), трансферной активности (24,7%), гидролазной активности (24,4%), каталитической активности, действующей на белок (22,2%), связывания ДНК (21%). В биологических процессах преобладают транскрипты клеточных процессов (46,7%), метаболических процессов (38,6%), биологической регуляции (38,2%) и компонентов регуляции биологических процессов (36,6%). В категории клеточных компонентов GO в большей степени выявлялись термины – цитоплазматические везикулы (25,9%), цитоплазматические мембраны (23,1%), нуклеоплазма (22,1%), цитоскелетная часть (18,6%), цитозоль и клеточные соединения (17%).

**Ключевые слова:** транскриптом, *Coregonus migratorius*, селезенка, гельминты

## TRANSCRIPTOME ANALYSIS OF THE SPLEEN OF THE BAIKAL CISCO (LAKE BAIKAL, EASTERN SIBERIA)

**Mazur O. E.**<sup>1</sup>,

Candidate of Biological Sciences, Researcher of the Laboratory  
of Parasitology and Ecology of Hydrobionts,  
olmaz33@yandex.ru

**Kutyrev I. A.**<sup>1</sup>,

Doctor of Biological Sciences, Senior Researcher of the Laboratory  
of Parasitology and Ecology of Hydrobionts

**Sidorova T. V.**<sup>2</sup>,

Leading Engineer of the Laboratory of Ichthyology

**Sukhanova L. V.**<sup>2</sup>,

Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher of the Laboratory of Ichthyology

**Terenina N. B.**<sup>3</sup>,

Doctor of Biological Sciences, Leading Researcher

**Movsesyan S. O.**<sup>3</sup>,

Doctor of Biological Sciences, Chief Researcher

---

<sup>1</sup> Institute of General and Experimental Biology of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences (6, Sakhyanovoi st., Ulan-Ude, 670047, Russia)

<sup>2</sup> Limnological Institute, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences (3, Ulan-Batorskaya st., Irkutsk, 664033, Russia)

<sup>3</sup> Severtsov Institute of Ecology and Evolution, Russian Academy of Sciences (33, Leninsky Avenue, Moscow, 119071, Russia)

**Abstract**

For the first time, new data have been presented on the spleen transcriptome of the Baikal cisco *Coregonus migratorius* Georgi, 1775 (Salmoniformes: Coregonidae), infected with parasites of different systematic groups. Transcriptomic libraries were sequenced on an Illumina NextSeq550 sequencer using the NextSeq® 550 High Output Kit v2. The de-novo transcriptome was assembled. Conserved domains and their associated Gene Ontology annotations were predicted with Blast2Go. The annotation results of the obtained transcripts found that transcripts were distributed in the spleen into the following categories: molecular functions, biological processes, and cellular components. Among the molecular functions, transcripts of enzyme binding (25.8%), transferase activity (24.7%), hydrolase activity (24.4%), catalytic activity affecting proteins (22.2%), and DNA binding (21%) predominated. Biological processes were dominated by transcripts of cellular processes (46.7%), metabolic processes (38.6%), biological regulation (38.2%), and regulation components of biological processes (36.6%). The category of cellular GO components identified terms, namely cytoplasmic vesicles (25.9%), cytoplasmic membranes (23.1%), nucleoplasm (22.1%), cytoskeletal part (18.6%), cytosol and cellular compounds (17%) in a greater extent.

**Keywords:** transcriptome, *Coregonus migratorius*, spleen, helminths

**Введение.** Негативные экологические факторы оказывают существенное воздействие на гомеостаз биоты водных экосистем, а паразиты могут выступать дополнительным дестабилизирующим стрессором [3]. *Coregonus migratorius* (Georgi, 1775) (Salmoniformes: Coregonidae) – эндемичный вид в оз. Байкал, численность которого в последнее время существенно снижается [1]. Омуль включается в жизненный цикл многих паразитических организмов. В этой проблематике возрастает особый интерес к механизмам регуляции гомеостаза на молекулярно-генетическом уровне. Селезенка является универсальным органом гемопоэза, а также вторичным иммунным органом [2]. В ней также происходит разрушение старых и поврежденных эритроцитов и тромбоцитов, она играет важную роль в обмене жиров и белков. Цель работы – проведение транскриптомного анализа селезенки *C. migratorius* из природной популяции.

**Материалы и методы.** Образцы селезенки (1 г ткани) от байкальского омуля (5+...6+) гомогенизировали в жидком азоте и выделяли РНК с использованием RNEasy Mini (Qiagen). Затем получали библиотеки кДНК с использованием 250–500 нг общей РНК. Адаптеры для секвенирования Illumina затем лигировали к кДНК, которую после подвергали ПЦР-амплификации в течение 15 циклов: денатурации при 98°C 10 секунд, отжига при 60°C 30 секунд и элонгации при 72°C

30 секунд, с использованием конечного этапа элонгации при 72 °С 5 минут. Все полученные образцы секвенировались на платформе Illumina NextSeq550 с использованием NextSeq® 550 High Output Kit v2 (300 циклов) в режиме парно-концевого чтения по 150 bp. Чтения высокого качества были объединены с помощью Trinity. Открытые рамки считывания были предсказаны с использованием программы Transdecoder (<http://transdecoder.sf.net>). Далее произведена сборка de-novo с использованием Trinityrnaseq. Консервативные домены и связанные с ними аннотации Gene Ontology (GO) были предсказаны с использованием Blast2Go.

**Результаты исследований.** У омуля зафиксированы: Cestoda – 3 (*Dibothriocephalus dendriticus* Nitzsch, 1824; *Proteocephalus longicollis* Zeder, 1800; *Eubothrium crassum* Bloch, 1779); Nematoda – 1 (*Contracecum osculatum baicalensis* Mozgovoï et Ryjikov, 1950). Впервые проведен полнотранскриптомный анализ селезенки омуля. Среди молекулярных функций преобладали транскрипты связывания ферментов (25,8%), трансферазной активности (24,7%), гидролазной активности (24,4%), каталитической активности, действующей на белок (22,2%), связывания ДНК (21%). В биологических процессах доминировали транскрипты клеточных процессов (46,7%), метаболических процессов (38,6%), биологической регуляции (38,2%) и компонентов регуляции биологических процессов (36,6%). В категории клеточные компоненты GO в большей степени выявлялись термины – цитоплазматические везикулы (25,9%), цитоплазматические мембраны (23,1%), нуклеоплазма (22,1%), цитоскелетная часть (18,6%). Выявлено, что значимая доля терминов GO связана с развитием органов (55,6%), с клеточными ответами на органические вещества (35,3%) и на стресс (32,3%), с клеточными процессами (30,1%), с дифференцировкой клеток (30%), с гомеостатическими процессами (23,3%), с защитными реакциями (22,5%), с регуляцией иммунного ответа (20,2%).

**Заключение.** В селезенке обнаружены транскрипты, связанные, в первую очередь, с клеточными процессами, затем с метаболическими процессами и с биологической регуляцией. Наибольшая доля терминов GO ассоциирована с развитием органов, клеточными ответами на стресс и на органические вещества, с дифференцировкой клеток, с защитными реакциями, в том числе иммунными. Аннотированный

транскриптом может быть использован для более глубокого изучения функций иммунных органов у лососевых рыб при различных патологиях, а также характера взаимодействия в системе паразит-хозяин.

*Работа выполнена в рамках проекта (FWSM-2021-0002). Авторы благодарны инж. О. Б. Жепхоловой и инж. Л. В. Толочко, с.н.с. М. Д. Батуевой, н.с. Т. Г. Бурдуковской, м.н.с. Л. Д. Сондуевой (ИОЭБ СО РАН) за помощь в паразитологическом вскрытии.*

#### Список источников

1. Базов А. В., Базова Н. В. Селенгинская популяция байкальского омуля: прошлое, настоящее, будущее. Улан-Удэ: БНЦ СО РАН, 2016. 352 с.
2. Flajnik M. F. A cold-blooded view of adaptive immunity // *Nature Reviews Immunology*. 2018; 18(7): 438-453.
3. Souza D. C. M., Santos M. C., Chagas E. C. Immune response of teleost fish to helminth parasite infection // *Brazilian Journal of Veterinary Parasitology*. 2019; 28(4): 533-547.

#### References

1. Bazov A. V., Bazova N. V. Selenga population of the Baikal cisco: past, present, and future. Ulan-Ude, the BSC SB RAS, 2016. 352 p. (In Russ.)
2. Flajnik M. F. A cold-blooded view of adaptive immunity. *Nature Reviews Immunology*. 2018; 18(7): 438-453.
3. Souza D. C. M., Santos M. C., Chagas E. C. Immune response of teleost fish to helminth parasite infection. *Brazilian Journal of Veterinary Parasitology*. 2019; 28(4): 533-547.