

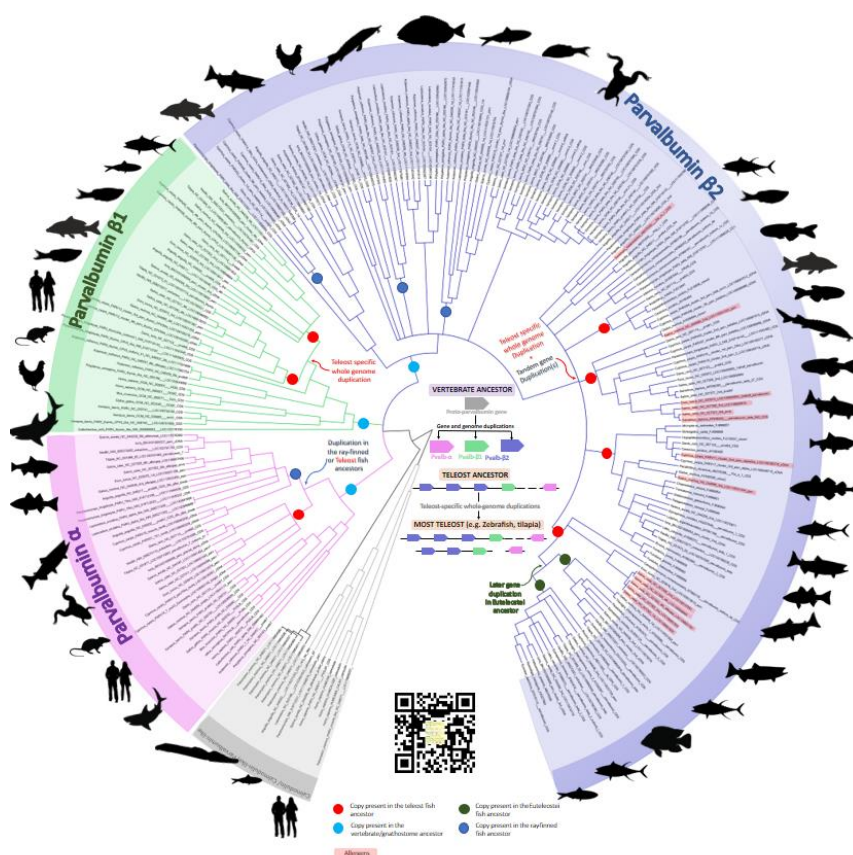
Veřejná databáze nukleotidových sekvencí parvalbuminového genu ryb

Protein parvalbumin (PVALB) má důležitou roli v mnoha biologických procesech; základní funkcí je regulace výměny intracelulárních vápenatých iontů (Ca^{2+}) v rychlých svalových vláknech. Koncentrace PVALB ve svalovině se u ryb pohybuje od 0 do $>1,5$ mmol na litr.

Rodina genů kódující PVALB se dělí na dva typy genů, alfa (α) a beta ($\beta 1$, $\beta 2$). Na molekulární úrovni se tyto isoformy významně liší. Bylo prokázáno, že kostnaté ryby (Teleostei) převážně exprimují ve svalové tkáni β -PVALB, zatímco chrupavčití (Chondrostei) exprimují α -PVALB.

α -PVALB u ryb je pro lidi obecně nealergický (zatímco např. v žabím, kuřecím a krokodýlím mase působí jako alergen); naopak β -parvalbumin je považován za hlavní alergen. Detekce tohoto genu tak umožňuje nepřímý průkaz přítomnosti rybiho alergenu ve vzorku.

Parvalbuminový gen také slouží jako vhodný genomový marker pro identifikaci ryb. Vysoce konzervované čtyři exony a tři introny z něj dělají vhodný nástroj pro autentizaci rybích druhů, což umožňuje odhalovat podvody s rybami (náhrada dražších druhů levnějšími apod), a zároveň umožňuje kvantifikovat zastoupení rybí svaloviny.



Obr.1: Přehled zastoupení parvalbuminového genu u živočichů dle sekvencí dostupných v databázi NCBI. Červeně podbarvené jsou známé alergeny. Upraveno dle Mukherjee, S., Bartoš, O., Zdeňková, K., Hanák, P., Horká, P., & Musilova, Z. (2021). Evolution of the parvalbumin genes in teleost fishes after the whole-genome duplication. *Fishes*, 6(4), 70.

Databáze vznikla ve spolupráci s pracovníky Přírodovědecké fakulty Univerzity Karlovy, Vysoké školy chemicko-technologické a společností BidFood Czech Republic s.r.o. v rámci řešení projektu NAZV **QK1910231**.

Kolekce celogenomových sekvencí ryb, zahrnující parvalbumin

(Výstup projektu QK1910231-V9)

Data jsou dostupná v databázi GenBank pod přístupovým číslem „BioProject ID: PRJNA915854“ (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/PRJNA915854>), případně pod samostatnými přístupovými čísly:

- jelec tloušť (*Squalius cephalus*): SAMN32407622 / SRX18849585,
- ouklej obecná (*Alburnus alburnus*): SAMN32407623 / SRX18849586,
- plotice obecná (*Rutilus rutilus*): SAMN32407624 / SRX18849587,
- perlín ostrobřichý (*Scardinius erythrophthalmus*): SAMN32407625 / SRX18849588,
- cejn velký (*Abramis brama*): SAMN32407626 / SRX18849589.

Celogenomové sekvenování bylo provedeno s využitím platformy Illumina (Illumina HiSeq 2500) u pěti vybraných druhů ryb z čeledi Cyprinidae. Získané sekvence byly zveřejny v databázi Short Read Archive, která poskytuje prostor pro uložení a zveřejnění celého datasetu zdrojových čtení (raw reads), na základě kterých pak lze následně analyzovat celé genomy.

Sekvenované druhy byly vybrány tak, aby pokrývaly diverzitu kaprovitých ryb žijících v ČR, a to za účelem prozkoumání diverzity a evoluce parvalbuminových genů a zároveň zajištění specifity (a nebo naopak univerzality) navrhovaných primerů pro testování rybích výrobků.

Výstup QK1910231V009 byl schválen Ministerstvem zemědělství (číslo jednací: MZE-36115/2023-18122).

Práce byla finančně podpořena grantem Ministerstva zemědělství ČR, NAZV (**QK1910231**).

