

Анализ транскрипционных паттернов, ассоциированных с клеточным репрограммированием, и их взаимосвязи с возрастными изменениями.

Научный руководитель – Тышковский Александр Эдуардович

Гумеров Руслан Ильдарович

Студент (специалист)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

E-mail: ruslan0gumerov@gmail.com

Плюрипотентные стволовые клетки являются перспективными объектами исследований в регенеративной медицине и биологии старения. Было показано, что многие типы дифференцированных клеток можно репрограммировать в плюрипотентное состояние с помощью факторов OSKM [4]. Репрограммирование клеток с помощью OSKM снижает уровень метилирования, который, в свою очередь, является важным биомаркером старения [1,2,3]. Вместе с тем, связь процесса репрограммирования со старением на уровне других молекулярных процессов на данный момент неясна.

Основной целью нашей работы было получение надежных профилей генной экспрессии, связанных с репрограммированием клеток млекопитающих, путем мета-анализа доступных данных, а так же сравнение полученных профилей с паттернами, ассоциированными со старением и эффектом воздействий, продлевающих жизнь.

В ходе нашего исследования было проанализировано 38 наборов данных по изменению экспрессии генов в ходе репрограммирования с помощью нескольких систем, среди различных тканей и организмов. В ходе анализа были получены профили общего изменения экспрессии, профили репрограммирования с помощью OSKM системы, профили изменения экспрессии у мышей и человека, а так же профиль удачно прошедших репрограммирований. Найденные профили демонстрировали положительную корреляцию друг с другом. Полученные в ходе анализа зависимости сравнивались с паттернами старения и продления жизни как на уровне индивидуальных генов, так и на уровне функциональных процессов.

Источники и литература

- 1) Bocklandt et al. Epigenetic Predictor of Age. // PLoS One 2011, № 6(6).
- 2) Hannum et al. Genome-wide Methylation Profiles Reveal Quantitative Views of Human Aging Rates. // Mol Cell 2012, № 49(2) p. 359–367.
- 3) Maherali N. et al. Directly reprogrammed fibroblasts show global epigenetic remodeling and widespread tissue contribution. // Cell Stem Cell 2007, № 1(1) p. 55-70.
- 4) Takahashi K., Yamanaka S. Induction of pluripotent stem cells from mouse embryonic and adult fibroblast cultures by defined factors. // Cell 2006, № 126(4) p. 663-676.