

**Дифференциальная экспрессия мобильных элементов на разных стадиях
жизненного цикла трематоды *Himasthla elongata*****Научный руководитель – Соловьева Анна Ивановна***Смольянинова А.Р.¹, Соловьева А.И.²*

1 - Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет,
Санкт-Петербург, Россия, *E-mail: sar28sir14@rambler.ru*; 2 - Институт цитологии РАН,
Санкт-Петербург, Россия, *E-mail: orcinuca@gmail.com*

Известно, что значительную часть геномов эукариот составляют повторяющиеся последовательности ДНК, которые традиционно делят на тандемные и диспергированные повторы. Диспергированные повторы представлены мобильными элементами (МЭ) или транспозонами, которые способны занимать до 80% генома эукариот и представляют из себя инсерционные мутагены, отвечающие за пластичность эукариотических геномов, влияя на эволюцию и адаптацию видов, в том числе на физиологию или заболевания [1]. Благодаря измерению экспрессии МЭ мы можем понять не только, когда и где может происходить активация, но и как этот процесс изменяет экспрессию генов [2]. Несмотря на развитие современных технологий секвенирования генома и обработки данных, МЭ изучены лишь у ограниченного числа видов, преимущественно у высших эукариот. В то же время известно, что у эукариот на основе одного генома может реализовываться несколько фенотипов, или жизненных форм. Ярким примером может служить сложный жизненный цикл трематод, включающий в себя чередование партеногенетических и гермафродитных поколений. Регуляция цикла обеспечивается сложными молекулярными механизмами, в которых МЭ, возможно, занимают не последнее место, но насколько МЭ вовлечены в этот процесс, пока не известно.

Объектом исследования выбрали редий, церкарий и метацеркарий трематоды *Himasthla elongata* (Himasthidae). Из базы МЭ *H. elongata* мы выбрали несколько транспозонов из семейств RTE-BovB, Pao, hAT, Penelope, Tc1, Rex-Babar, CR1, L2, Zenon, MuLE-MuDR Gypsy и 4 элемента Unknown. К ним подобрали праймеры и протестировали на геномной ДНК и кДНК. Установлено, что кДНК объектов содержит транскрипты всех исследованных транспозонов. В качестве референсного гена для проведения ПЦР в реальном времени выбрали актин, так как при тестовых ПЦР в реальном времени ген GAPDH не экспрессировался равномерно.

По результатам ПЦР в реальном времени транспозоны 1997-Zenon, L2 и 2-415 Unknown демонстрируют наиболее значительные изменения экспрессии. Однако, транспозоны Pao, Penelope, RTE, Zenon, L2, CR1, Gypsy и элементы Unknown транскрибируются на всех стадиях жизненного цикла трематоды *H. elongata*. Такая неоднородность уровней транскрипции МЭ может быть связана с важными биологическими процессами, происходящими при смене стадий жизненных циклов трематод, например, изменением метаболизма или поддержанием плюрипотентности клеток в зародышевых массах редий. Однако, для полноценного анализа роли МЭ в геноме трематод мы должны сопоставить исследования объектов с аннотированными геномами, с картированием генов некодирующих РНК, а также существованием длинных некодирующих РНК.

Список литературы

1. Brown. Genomes, 2nd edition // Garland Science. 2002. P. 608-608.
2. Stetson D. B. et al. Trex1 Prevents Cell-Intrinsic Initiation of Autoimmunity // Cell. 2008. T. 134. № 4. P. 587-598.

Исследование поддержано грантом РФФ №19-74-20102.