

Поиск длинных некодирующих РНК в транскриптоме трематоды *Himasthla elongata*.

Научный руководитель – Соловьева Анна Ивановна

Габдрахманова Мария Салаватовна

Студент (бакалавр)

Российский государственный педагогический университет им. А.И. Герцена, Факультет биологии, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: m.gabdrakhmanova2020@gmail.com

Длинные некодирующие РНК (днРНК) играют важную роль в регуляции генной экспрессии и участвуют в различных клеточных процессах. Однако их исследование затруднено из-за низкого уровня экспрессии и нестабильности молекул. Установлено, что днРНК могут быть связаны с транспозонами — диспергированными повторяющимися последовательностями, потенциально способными перемещаться в пределах генома. Считается, что транспозоны могут служить источником функциональных доменов для днРНК. Паразитические черви, чей сложный жизненный цикл протекает через чередование поколений, смену хозяев и среды обитания, представляют особый интерес в плане исследования регуляторных функций днРНК и их связи с мобильными элементами. Кроме того, данные о днРНК трематод фрагментарны и получены только для нескольких видов. Настоящее исследование направлено на поиск днРНК трематоды *Himasthla elongata* (Himasthlidae), паразита чаек.

Поиск днРНК проводили по ранее собранному в нашей лаборатории транскриптому *H. elongata* [2], кроме того в исследовании были использованы базы повторов *H. elongata* и днРНК трематод *Fasciola gigantica*, *Fasciola hepatica* и *Schistosoma mansoni* [1,2,6]. При помощи инструментов веб-платформы Galaxy [3] и сервиса NCBI Conserved Domain Search [5] мы провели поиск днРНК, используя две различных стратегии: 1) поиск по гомологии с транспозонами и 2) прямая фильтрация транскриптома при помощи инструмента TransDecoder без привязки к транспозонам. Дополнительно мы проверили полученные данные инструментом LncFinder [4], чтобы убедиться в отсутствии кодирующего потенциала у найденных транскриптов.

Таким образом, разработанные нами алгоритмы анализа позволили впервые описать в транскриптом *H. elongata* 14322 днРНК. Следует отметить, что результаты отличаются в зависимости от используемых алгоритмов. Так, поиск по гомологии с транспозонами выявил 5897 днРНК, фильтрация без привязки к транспозонам — 8966 днРНК, а финальная проверка при помощи LncFinder позволила дополнительно исключить 79 транскриптов с потенциальными открытыми рамками считывания. Мы наблюдали наибольшее сходство между повторами *H. elongata* и днРНК *F. gigantica* (24,1%) и наименьшее — между повторами *H. elongata* и днРНК *F. hepatica* (1,8%). Для некоторых из найденных в ходе *in silico* анализа днРНК мы подтвердили экспрессию методом ПЦР со специфическими праймерами на матрице кДНК.

«Проект выполняется при поддержке гранта РНФ № 23-74-01060.»

Источники и литература

- 1) McVeigh P. et al. Discovery of long non-coding RNAs in the liver fluke, *Fasciola hepatica* // PLOS Neglected Tropical Diseases. 2023. № 9 (17). p. e0011663.
- 2) Solovyeva A. et al. Transposons-Based Clonal Diversity in Trematode Involves Parts of CR1 (LINE) in Eu- and Heterochromatin // Genes. 2021. № 8 (12). p. 1129.

- 3) Galaxy: <https://usegalaxy.org/>
- 4) LncFinder: <https://lncfinder.osubmi.org/>
- 5) NCBI Conserved Domain Search: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/wrpsb.cgi>
- 6) Schistosoma mansonі lncRNAs Database: <http://schistosoma.usp.br:8081/>