

Эволюция архитектурных РНК млекопитающих

Научный руководитель – Миронов Андрей Александрович

Мыларциков Дмитрий Евгеньевич

Студент (специалист)

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

E-mail: dmitrymvl@gmail.com

Архитектурные РНК являются структурным и функциональным компонентом ядерных телец. Известно множество ядерных телец в различных тканях и клеточных линиях человека с предполагаемыми архитектурными РНК, но хорошо охарактеризованы лишь небольшое их число[1]. Предполагается, что ядерные тельца представлены у многих живых организмов, так как они играют важную роль в жизнедеятельности клетки. Таким образом, компоненты ядерных телец - белки и РНК - должны быть консервативными структурами. Однако архитектурные РНК как длинные некодирующие обладают слабой консервативностью[3]. В данной работе мы исследуем эволюцию архитектурных РНК внутри млекопитающих.

При объединении двух методов: множественного картирования RNAseq[6] линии HeLa и дифференциальной экспрессии между обычным выделением РНК и усиленным[2] — было обнаружено множество РНК, возможно вовлечённых в тесные взаимодействия с белками, в том числе известные ранее архитектурные и другие регуляторные, а также ранее неаннотированные РНК.

Поиск гомологичных РНК у других млекопитающих вёлся программой VLAT по синтетичным участкам, определённым с помощью OrthoDB. Обнаруженные консервативные РНК были подвергнуты функциональной классификации по содержанию k-меров[5]. Взаимодействие этих РНК с белками ядерных телец было предсказано с помощью модели HLPI-Ensemble[4]. Предсказанные комплексы позволяют определить эволюционную роль архитектурных РНК в истории млекопитающих. Достоверные находки, обнаруженные биоинформатическими методами, планируется проверить на живых клетках методами RNAseq и FISH.

Источники и литература

- 1) Chujo, T., & Hirose, and T. (n.d.). Nuclear Bodies Built on Architectural Long Noncoding RNAs: Unifying Principles of Their Construction and Function // *Molecules and Cells*. 2017. No. 40(12). С. 889-896.
- 2) Chujo, T., Yamazaki, T., Kawaguchi, T., Kurosaka, S., Takumi, T., Nakagawa, S., & Hirose, T. Unusual semi-extractability as a hallmark of nuclear body-associated architectural noncoding RNAs // *The EMBO Journal*. 2017. No. 36(10). С. 1447-1462.
- 3) Hezroni, H., Koppstein, D., Schwartz, M. G., Avrutin, A., Bartel, D. P., & Ulitsky, I. Principles of long noncoding RNA evolution derived from direct comparison of transcriptomes in 17 species // *Cell Reports*. 2015. No. 11(7). С. 1110-1122.
- 4) Huan Hu, Li Zhang, Haixin Ai, Hui Zhang, Yetian Fan, Qi Zhao & Hongsheng Liu. HLPI-Ensemble: Prediction of human lncRNA-protein interactions based on ensemble strategy // *RNA Biology*. 2018. No. 15(6). С. 797-806.

- 5) Kirk, J. M., Kim, S. O., Inoue, K., Smola, M. J., Lee, D. M., Schertzer, M. D., ... Calabrese, J. M. Functional classification of long non-coding RNAs by k-mer content // *Nature Genetics*. 2018. No. 50(10). C. 1474-1482.
- 6) Yap, K., Mukhina, S., Zhang, G., Tan, J. S. C., Ong, H. S., & Makeyev, E. V. (n.d.). A Short Tandem Repeat-Enriched RNA Assembles a Nuclear Compartment to Control Alternative Splicing and Promote Cell Survival // *Molecular Cell*. 2018. No. 72(3). C. 525-540.