

## Транспозоны как предшественник миРНК в раннем эмбриональном развитии Морского ежа

Научный руководитель – Адонин Леонид Сергеевич

Челомбиткин М.А.<sup>1</sup>, Адонин Л.С.<sup>2</sup>, Лебедев Е.Е.<sup>3</sup>

1 - Санкт-Петербургский государственный технологический институт (технический университет), Санкт-Петербург, Россия, *E-mail: mchelombitkin@gmail.com*; 2 - Институт цитологии РАН, Санкт-Петербург, Россия, *E-mail: leo.adonin@gmail.com*; 3 - Дальневосточный федеральный университет, Школа естественных наук, Владивосток, Россия, *E-mail: mainsalta@gmail.com*

МикроРНК (микроРНК) представляют собой небольшие некодирующие молекулы РНК длиной до 25 н.п. (обычно 22). Они описаны у животных, растений и даже некоторых вирусов. Первые микроРНК были описаны в начале 1990-х годов; однако, как отдельный класс биологических регуляторных молекул с определенными функциями, они были рассмотрены только в начале 2000-х годов. На сегодняшний день известно более 10000 различных миРНК, и эта цифра постоянно увеличивается с улучшением методов секвенирования. Исследователи оценивают, что мишени РНК составляют около 40-50% генов человека, кодирующих белок, хотя точная оценка общего количества уникальных мРНК, которые являются мишенями миРНК, варьируется в зависимости от метода, используемого для его оценки. miRNAs довольно высоко консервативны среди эукариот, и считается, что miRNAs являются жизненно важным и эволюционно древним компонентом системы регуляции экспрессии генов. В настоящее время установлены многочисленные регуляторные функции miRNA. Участие miRNA в регуляции генов делает ее незаменимым участником в большинстве биологических процессов. Также известно, что нарушение транскрипции некоторых микроРНК, которые происходят в раннем развитии, может привести к серьезным последствиям. Людям известно более 100 случаев различных заболеваний, включая наследственные синдромы и рак, причиной чего является нарушение транскрипционной активности miRNA.

Понимание процессов эпигенетической регуляции и роль регуляторных молекул в нормальном развитии поможет нам разобраться в процессах возникновения заболеваний связанных с нарушением функций miRNA. Модель, которую мы используем в этой работе - развитие морского ежа *Strongylocentrotus purpuratus*. Модель доказала свою ценность, на ее основе было проведено большое количество фундаментальных работ биологии развития. Используя *S. Purpuratus*, легче экстраполировать полученные результаты на людей, поскольку эволюционные различия между морским ежом и человеком меньше, чем у людей и *D.melanogaster* или *C. elegans*. В ходе нашей работы мы составили heat-map карту из 284 транспозонов (TE) *S. purpuratus*, аннотированных в RepBase (GIRI). Уровень транскрипции различных TE довольно неоднороден и не подвергается кластеризации, в отличие от классических работ Дэвидсона по транскрипции генов. Но при описании профиля транскрипции TE на этапах эмбрионального развития мы описали некоторые закономерности: (1) Интенсивность транскрипции разных участков TE варьируется от стадии к стадии (2) Пики профилей транскрипции совпадают с предсказанными функциональными микроРНК большинства TE пурпурного морского ежа. (3) В процессе анализа различных транспозонов *S. purpuratus* так же обнаружено сходство с транспозонами *Hemicentrotus pulcherrimus*, при чем совпадение участков доходило до 100%, учитывая эволюционное расстояние между ними (7~14 млн лет), можно говорить о консервативности транспозонов, а так же их сохранность на протяжении такого срока, наводит на мысль об их важности для правильного развития организма.