

**Экспрессия гена *atrx* в лимфоцитах человека в зависимости от стадии  
клеточного цикла**

**Научный руководитель – Машкина Елена Владимировна**

**Кулаева Елизавета Дмитриевна**

*Студент (бакалавр)*

Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Дмитрия  
Иосифовича Ивановского, Ростов-на-Дону, Россия

*E-mail: ked05685@gmail.com*

*Atrx* - это ген, кодирующий хроматин-ремоделлирующий белок, который участвует в образовании гетерохроматина в области теломер. Определение точных связей продуктов этого гена с другими генами и белками, для которых биоинформатически предсказано взаимодействие, затруднено из-за отсутствия данных об уровне транскрипции *atrx* в различных фазах клеточного цикла. Достоверно установлена взаимосвязь ATRX с белками, работающими в течение S-фазы, но нет полных данных о коэкспрессии с белками, работающими во время других фаз клеточного цикла. Некоторые опухоли и бессмертные клетки сохраняют свои теломеры с помощью теломеразно-независимого механизма, получившего название «альтернативное удлинение теломер» (АЛТ), связанного с мутациями в *atrx* [1]. Например, потеря белка ATRX встречается в значительном количестве сарком с неспецифическими генетическими изменениями. Причинная связь с АЛТ может быть указана, по крайней мере, в случаях полной потери способности к экспрессии *atrx* клеткой [2].

Таким образом, исследование уровня экспрессии *atrx* в течение каждой фазы клеточного цикла в нормальных клетках является важным для понимания его взаимодействия с другими белками, а также для дальнейшего уточнения роли белка ATRX в АЛТ [3,4].

Целью исследования является анализ экспрессии мРНК гена *atrx* в течение клеточного цикла лимфоцитов, стимулированных к делению с помощью фитогемагглютина (ФГА). В задачи исследования входит выделение РНК из клеточных культур лимфоцитов периферической крови, проведение обратной транскрипции, количественной ПЦР и анализ полученных результатов уровня экспрессии гена в различных фазах клеточного цикла.

Ожидаемым результатом исследования является получение количественной оценки уровня экспрессии *atrx* в течение каждой фазы клеточного цикла в лимфоцитах периферической крови. Полученные результаты могут быть основой для углубленного анализа механизмов регуляции активности хроматина и разработки новых подходов к терапии онкологических заболеваний, связанных с блокированием процесса альтернативного удлинения теломер.

**Источники и литература**

- 1) Fan, Hueng-Chuen, et al. «Targeting telomerase and ATRX/DAXX inducing tumor senescence and apoptosis in the malignant-glioma»; International journal of molecular sciences 20.1 (2019): 200.
- 2) Koelsche, Christian, et al. «Differential nuclear ATRX expression in Sarcomas»; Histopathology 68.5 (2016): 738-745.
- 3) Schimmel, Joost, et al. «Uncovering SUMOylation dynamics during cell-cycle progression reveals FoxM1 as a key mitotic SUMO target protein»; Molecular cell 53.6 (2014): 1053-1066.
- 4) <http://version10.string-db.org/cgi/network.pl?taskId=V2ljP1rXmxCq-5>