

Влияние процесса нонсенс-опосредованной деградации РНК (NMD) на регуляцию транскрипции коротких открытых рамок считывания у растений.

Научный руководитель – Фесенко Игорь Александрович

Петров Егор Андреевич

Студент (бакалавр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Москва, Россия
E-mail: egor.vyatka@mail.ru

Эукариотическая система нонсенс-опосредованной деградации РНК (nonsense-mediated mRNA decay) контролирует качество мРНК, деградируя транскрипты, содержащие преждевременный стоп кодон (РТС). Предполагается, что таким образом система NMD может предотвращать синтез абберантных белков, которые могут оказаться опасными для клетки. Однако оказалось, что около 10% транскриптов регулируются системой NMD, позволяя клетке тонко подстраивать экспрессию генов под внешние воздействия. При этом, мало известно о регуляции системой NMD длинных некодирующих РНК (длнкРНК), которые содержат короткие открытые рамки считывания, способные кодировать пептиды. В своей работе мы впервые исследовали влияние системы NMD на регуляцию транскрипции таких пептид-кодирующих РНК у растений. Ранее в нашей лаборатории были идентифицированы функциональные пептиды, кодируемые короткими открытыми рамками считывания в клетках модельного растения - мха *Physcomitrella patens* [1]. Это растение обладает рядом преимуществ в качестве объекта для системных исследований: короткий жизненный цикл, простота культивирования *in vitro*, преобладание гаплоидной стадии развития и легкость проведения генетических манипуляций. Не менее важным является хорошая аннотированность генома и наличие подробных баз данных. Интересно отметить, что наиболее часто используемый объект биологии растений *Arabidopsis thaliana* не имеет киназы SMG1, одного из ключевых компонентов системы NMD у животных и большинства растений.

В экспериментах по изучению регуляции транскрипции длнкРНК были использованы нокаутные линии по гену SMG1 [2], полученные нами из всемирной коллекции Moss Stock Center [3] и растения дикого типа. Мутантные линии по системе NMD содержат инактивированный ген киназы SMG1 и отличаются от дикого типа менее интенсивным ростом. Для анализа транскрипции были взяты 4 длнкРНК, кодирующих пептиды, для которых получены мутантные линии. Уровень транскрипции оценили при помощи количественного ОТ-ПЦР-анализа в режиме реального времени с использованием флуоресцентного красителя SYBR GreenI. В качестве референсного гена использовали АСТ (актин). Нормализацию осуществляли на уровень экспрессии исследуемых генов в растениях дикого типа. Мы установили, что у нокаутных *smg1* и *smg2* линий мха наблюдается повышение уровня транскрипции всех четырех длнкРНК. Наиболее интенсивно растет транскрипция длнкРНК, кодирующей 57-АА микробелок PSEP3.

Наши результаты указывают на то, что у растений транскрипция длинных некодирующих РНК, содержащих транслирующиеся короткие открытые рамки считывания, может контролироваться системой нонсенс-опосредованной деградации РНК. Выключение данной системы может приводит к увеличению количества продуктов трансляции длнкРНК.

Работа поддержана грантом РФФИ № 20-04-00938.

Источники и литература

- 1) Igor Fesenko et al. Distinct types of short open reading frames are translated in plant cells // Genome Research 2019. V. 29. P. 1464-1477.
- 2) Lloyd J.P.B., Davies B. SMG1 is an ancient nonsense-mediated mRNA decay effector // The Plant Journal. 2013. V. 76. P. 800-810.
- 3) <http://www.moss-stock-center.org>