

**Влияние процесса нонсенс-опосредованной деградации РНК (NMD) на транскрипцию длинных некодирующих РНК у растений**

**Научный руководитель – Фесенко Игорь Александрович**

**Петров Егор Андреевич**

*Студент (бакалавр)*

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра биоорганической химии, Москва, Россия

*E-mail: egor.vyatka@mail.ru*

Эукариотическая система нонсенс-опосредованной деградации мРНК (NMD, nonsense-mediated mRNA decay) контролирует качество мРНК, деградируя транскрипты, содержащие преждевременный стоп-кодон [1]. Предполагается, что таким образом система NMD может останавливать синтез абберантных белков, которые могут быть токсичны для клетки. Оказалось, что система NMD также регулирует около 10% всех транскриптов, 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 потенциально кодировать пептиды.

В своей работе мы исследовали влияние системы NMD на регуляцию транскрипции длнкРНК у растений. Для исследований использовали модельный объект растительной биологии - мох *Physcomitrium (Physcomitrella) patens*. Ранее, в нашей лаборатории были идентифицированы длнкРНК, кодирующие функциональные пептиды у *P. patens*.

В экспериментах по изучению регуляции транскрипции длнкРНК были использованы нокаутные линии по гену SMG1, полученные нами из всемирной коллекции Moss Stock Center [2] и растения дикого типа. Мутантные линии отличаются от дикого типа менее интенсивным ростом. Используя ранее полученные данные транскриптомного анализа мутантных линий [3], для дальнейшего анализа мы отобрали около 40 длнкРНК, уровень транскрипции которых значительно поменялся в мутантных линиях. Кроме того, мы проанализировали те длнкРНК, для которых идентифицировали пептид-кодирующие короткие рамки. Уровень транскрипции этих длнкРНК в мутантных линиях и при стрессовых воздействиях оценили при помощи количественного ОТ-ПЦР-анализа в режиме реального времени с использованием флуоресцентного красителя SYBR GreenI. Мы установили, что у нокаутных линий *smg1-1* и *smg1-2* действительно наблюдается повышение уровня транскрипции некоторых длнкРНК. Наиболее интенсивно в линиях *smg1-1* и *smg1-2* растет транскрипция длнкРНК, кодирующей 57-аа микробелок PSEP3, а также его паралога Pr3c16\_24530. В стрессовых условиях, таких как осмотический шок, уровень транскрипции данной длнкРНК значительно снижался.

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 приводить к увеличению количества продуктов трансляции длнкРНК.

Работа поддержана грантом РФФИ № 20-04-00938.

**Источники и литература**

- 1) Baker, K. E., Parker, R. Nonsense-mediated mRNA decay: Terminating erroneous gene expression // Current Opinion in Cell Biology. 2004, №16(3), p. 293-299.

- 2) <http://www.moss-stock-center.org>
- 3) Lloyd J.P.B., et al. The loss of SMG1 causes defects in quality control pathways in *Physcomitrella patens* // Nucleic Acids Research. 2018, №46(11), p. 5822–5836.