

**Анализ транскриптома кариосферы ооцита травяной лягушки****Научный руководитель – Комиссаров Алексей Сергеевич***Дикая В.А.<sup>1</sup>, Травина А.О.<sup>2</sup>*

1 - Санкт-Петербургский национальный исследовательский университет информационных технологий, механики и оптики, Санкт-Петербург, Россия, *E-mail: animeshizik@gmail.com*; 2 - Институт цитологии РАН, Санкт-Петербург, Россия, *E-mail: alotra1234@gmail.com*

Оогенез - определяющая стадия индивидуального развития. Опыты по клонированию показали, что состав ооплазмы и нуклеооплазмы является определяющим для репрограммирования генома. Ооциты амфибий являются удобным объектом благодаря большому размеру, но их геном изучен плохо из-за высокого содержания повторов. Ооциты у *Rana temporaria* отличаются наличием кариосферы, содержащей хромосомы, окруженные белковой капсулой, что удобно для выделения и последующей локализации транскриптов. Сравнение транскриптомов ядра и ооплазмы (отдельно) амфибии *Xenopus laevis* (без кариосферы) показало ассиметричное распределение транскриптов: в ооплазме преобладали белок-кодирующие гены, в нуклеооплазме - транскрипты повторов [1]. В настоящей работе впервые поставлена задача определения качественного и количественного состава транскриптома кариосферы с акцентом на наличие повторяющихся элементов. Известно, что повторы отличаются относительной видоспецифичностью для транспозонов и высокой для тандемных повторов.

Препараты РНК кариосферы были получены методом микродиссекции. Полученная на основе выделенной РНК кДНК секвенирована на Illumina HiSeq 2500, было получено 11552749 парных ридов. После удаления адаптеров с использованием V2\_trim осталось 11083753 ридов. Проведено удаление оптических дубликатов с использованием rmdup, осталось 9525156 ридов. Очищенные и дедулицированные риды собраны с помощью Trinity v2.8.5. в 41121 контигов (27126 без учета изоформ). Собранный транскриптом проаннотирован с помощью Trinotate v3.2.0. В результате аннотировано 3961 или 14.6% последовательностей соответственно. Большинство (93.48%) несобранных ридов локализованы в черновой версии сборки генома *R. temporaria* с помощью программы STAR v. 2.7.3a. Дополнительно мы сравнили все собранные контиги с базой данных NCBI Nucleotide, но только для 4078 последовательностей найдено совпадение (9.91%). В ходе анализа данных обнаружили, что несмотря на присутствие в черновой сборке генома, большинство транскриптов отсутствует в нуклеотидных базах данных. Мы предполагаем, что значительная часть этих последовательности является видоспецифичными повторами травяной лягушки, и наша дальнейшая работа будет направлена с одной стороны на их аннотацию в черновой сборке генома, а с другой стороны на физическое картирование методами FISH и RNA-FISH.

**Источники и литература**

- 1) Gardner E.J., Nizami Z.F., Talbot C.C. Jr., Gall J.G. Stable intronic sequence RNA (sisRNA), a new class of noncoding RNA from the oocyte nucleus of *Xenopus tropicalis* // Genes Dev. 26(22). 2012. p. 2550–2559.