

УДК 575.113

РАЗРАБОТКА МЕТОДИКИ ПРИМЕНЕНИЯ SINGLE CELL ПОДХОДА ПРИ ИЗУЧЕНИИ КЛЕТОЧНЫХ ЦИКЛОВ ПРОСТЕЙШИХ

Барзасекова К.О. (Университет ИТМО)

Научный руководитель - Поздняков И.Р.

(Зоологический Институт Российской академии наук)

Введение. Изучение генетических механизмов простейших (одноклеточных эукариот), в том числе механизмов клеточного цикла позволяет получить много данных, важных для изучения клеточной биологии в целом, и решения важных вопросов эволюции. Оно, однако, имеет ряд особенностей: простейших сложно изолировать от среды, в которой они обитают, и синхронизировать клетки по срокам клеточного цикла. В итоге мы часто не имеем больших масс клеток, одинаковых по физиологическому состоянию и свободных от контаминантов. Поэтому при исследовании генетических механизмов простейших перспективным оказывается single cell подход, всё больше набирающий популярность при изучении процессов транскрипции, клеточной дифференцировки и клеточной физиологии.

Основная часть. В настоящей работе разрабатывается методика изучения клеточного цикла амебодного протиста *N. thermophila* с применением single cell подхода. Разрабатываемая методика состоит из пяти этапов:

- 1) Приготовление кДНК и библиотек для секвенирования на основе мРНК одиночных клеток.
- 2) Секвенирование полученных библиотек на платформах Illumina и Oxford Nanopore и сравнительный анализ результатов секвенирования.
- 3) Определение дифференциации экспрессии генов в образцах на основе результатов секвенирования.
- 4) Выявление стадий клеточного цикла на основе генов-маркеров, в первую очередь генов белков-Циклинов.
- 5) Сопоставление экспрессии генов на разных этапах клеточного цикла *N. thermophila*

Вывод: обсуждаются подходы и решения, найденные для каждого из этапов разрабатываемой методики. Предлагаются пути их дальнейшего развития.

Список используемых источников:

1. DJ Lew, Duke University Medical Center Cell Cycle // Brenner's Encyclopedia of Genetics. - 2013. - №Volume 1. - С. 456-464.
2. Matilde I. Conte, Azahara Fuentes-Trillo, Cecilia Domínguez Conde Opportunities and tradeoffs in single-cell transcriptomic technologies // PlumX Metrics. - 2024. - №Volume 40. - С. 83-93.
3. Martin Kolisko, Vittorio Boscaro, Fabien Burki, Denis H. Lynn, Patrick J. Keeling Single-cell transcriptomics for microbial eukaryotes // Current Biology. - 2014. - №Volume 24. - С. R1081-R1082.
4. Zhenfeng Liu, Sarah K Hu, Victoria Campbell, Avery O Tatters, Karla B Heidelberg & David A Caron Single-cell transcriptomics of small microbial eukaryotes: limitations and potential // The ISME Journal . - 2017. - №Volume 12. - С. 1282–1285.
5. Simone Picelli, Omid R Faridani, Åsa K Björklund, Gösta Winberg, Sven Sagasser & Rickard Sandberg Full-length RNA-seq from single cells using Smart-seq2 // Nature Protocols. - 2014. - №Volume 9. - С. 171-181.
6. Nathan H. Lents, Richard T. Piszczatowski Cyclins, Cyclin-Dependent Kinases, and Cyclin-Dependent Kinase Inhibitors // Encyclopedia of Cell Biology (Second edition). - 2023. - №Volume 5. - С. 224-234.