

ИЗУЧЕНИЕ ХАРАКТЕРА РАСПРЕДЕЛЕНИЯ ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ СЕМЕЙСТВА NF1 В ХРОМАТИНЕ ПРОМОТОРНОЙ ОБЛАСТИ ГЕНА ТРИПТОФАНДИОКСИГЕНАЗЫ КРЫСЫ НА МОДЕЛИ АКТИВНОЙ ТРАНСКРИПЦИИ

Вихнина М.В., Бобров Е.А., Романовская Е.В., Чихиржина Г.И.

ФГБОУ ВПО Санкт-Петербургский государственный университет,

Санкт-Петербург, Россия

vikhnina@gmail.com

Показано, что транскрипционные факторы семейства NF1 (nuclear factor 1) участвуют в регуляции экспрессии более 100 клеточных и вирусных генов. Среди механизмов, посредством которых белки семейства NF1 осуществляют контроль транскрипции, особо следует выделить их возможное участие в формировании и поддержании ремоделированной структуры хроматина регуляторных областей индуцибельных генов. Особенности формирования подобной структуры хроматина гормон-зависимых генов активно изучаются на модельных системах *in vitro*, однако получаемые экспериментальные данные противоречивы и не дают однозначного ответа по поводу участия транскрипционных факторов NF1 в этом процессе.

Цель нашего исследования заключается в выявлении тканеспецифического характера распределения *in vivo* белков семейства NF1 в хроматине промоторной области глюкокортикоид-зависимого гена триптофандиоксигеназы крысы (*tdo*). Для этого гена ранее было показано наличие в промоторной области двух сайтов гиперчувствительности к ДНКазе I, что указывает на ремоделированное состояние хроматина.

С помощью биоинформатического анализа последовательности регуляторной области гена *tdo* было выявлено несколько сайтов взаимодействия с белками семейства NF1. С помощью методов ретардации в геле и иммуноблоттинга продемонстрировано связывание белков, принадлежащих к семейству NF1, с участками регуляторной области гена *tdo*. Все эти данные свидетельствуют о том, что структура хроматина промоторной области гена *tdo* компетентна к транскрипции и в формировании подобной структуры могут быть задействованы факторы семейства NF1.

Дальнейшие исследования проводятся с использованием метода ChIP-qPCR на модели активной (хроматин печени крыс), репрессированной (хроматин почек крыс) транскрипции, а также на модели компетенции гена к транскрипции (хроматин клеток гепатомы линии НТС). На данный момент методом ПЦР в реальном времени на модели активной транскрипции в одной из областей гиперчувствительности к ДНКазе I (-470/-420) для белков семейства NF1 не выявлено существенного обогащения. В настоящее время проводится анализ второго сайта гиперчувствительности к ДНКазе I, локализованном в промоторной области гена *tdo* от -250 п.о. до -130 п.о.

ПОЛНОГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ В КАМБАЛОВИДНОЙ МЫШЦЕ СОНИ-ПОЛЧКА (*GLIS GLIS*) ПРИ ГИПОКИНЕЗИИ

Газизова Г.Р.¹, Тяпкина О.В.², Логачева М.Д.³, Нуруллин Л.Ф.², Вихлянцев И.М.⁴,

А. Ишихара⁵, Н. Ишиока⁶, Гусев О.А.^{1,6}

¹ФГАОУ ВПО Казанский (Приволжский) федеральный университет,

²ФГБУН Казанский институт биохимии и биофизики КазНЦ РАН, Казань;

³ФГБОУ ВО МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва; ⁴ФГБУН Институт теоретической и экспериментальной биофизики РАН, Пушкино, Россия; ⁵Киотский университет, Киото, Япония; ⁶Японское агентство аэрокосмических исследований (JAXA), Токио, Япония

grgazizova@gmail.com

Спячка, или гибернация, – уникальный способ гипометаболического переживания рядом млекопитающих неблагоприятных условий. Во время спячки у животных происходит замедление физиологических процессов, снижение уровня метаболизма и температуры тела, а также достаточно длительное ограничение подвижности (до 6-8 месяцев). У человека и большинства млекопитающих вынужденная гипокинезия (ограничение подвижности) приводит