

ИДЕНТИФИКАЦИЯ КОМПОНЕНТОВ SLAMF9-РЕЦЕПТОРНОГО КОМПЛЕКСА ЧЕЛОВЕКА

Сократян А.М.^{1,2}, Баранов К.О.², Гусельников С.В.², Таранин А.В.²

¹ФГАОУ ВО Новосибирский национальный исследовательский государственный университет, ²ФГБУН Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН, Новосибирск, Россия

howors@gmail.com

Изучение иммунорегуляторных молекул является перспективным направлением в создании модулирующих препаратов для лечения аутоиммунных и хронических вирусных заболеваний. Экспериментально было показано, что белки-рецепторы семейства SLAM участвуют в регуляции иммунного ответа, способствуя как активации клеток в присутствии патогена, так и ее подавлению для предотвращения аутоиммунных реакций. Наименее изученным белком семейства является SLAMF9, экспрессия которого в линиях клеток и лимфоидных тканях на уровне белка не детектировалась. Функция, локализация и лиганды белка неизвестны.

Одним из способов определения природной локализации и возможных функций рецептора является идентификация компонентов его рецепторного комплекса. Для определения компонентов SLAMF9-рецепторного комплекса человека необходимо увеличить экспрессию SLAMF9 в содержащих его клетках. Различные лейкоцитарные линии клеток человека подвергали обработке стимулирующими агентами, данные анализировали с целью определения состояния клеток, при котором происходит увеличение экспрессии SLAMF9-рецепторного комплекса. Также в интактных линиях клеток индуцировали эктопическую экспрессию SLAMF9 с помощью системы рекомбинантных лентивирусов.

В результате среди линий клеток, используемых в анализе, отобрали линию THP-1 моноцитарного происхождения, в которой происходит увеличение экспрессии SLAMF9 при индукции бактериальным ЛПС и NiCl₂. Вестерн-блот анализом клеточных линий, эктопически экспрессирующих SLAMF9, было показано, что в той же линии THP-1 при отсутствии восстановителя выявляется белковый комплекс, содержащий помимо SLAMF9 и другие белки. В данный момент идет работа по идентификации этих белков. Таким образом, мы показали, что SLAMF9 образует рецепторный комплекс в моноцитах и уровень его экспрессии увеличивается при воздействии стимулирующими агентами.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (грант №14-04-31858).

ПОЛИМОРФИЗМ РАСПРЕДЕЛЕНИЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ МОБИЛЬНЫХ ЭЛЕМЕНТОВ В ГЕНОМАХ ПАРТЕНИТ *HIMASTHLA ELONGATA*

Соловьева А.И.¹, Галактионов Н.К.^{1,2}, Подгорная О.И.^{1,2}

¹ФГБУН Институт цитологии РАН, ²ФГБОУ ВПО Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

orcinuca@gmail.com

С развитием методов секвенирования выяснилось, что значительную часть геномов эукариот составляют повторяющиеся последовательности ДНК, которые традиционно принято делить на диспергированные и тандемные. Основную часть диспергированных повторов составляют мобильные элементы генома – транспозоны и ретротранспозоны. Мобильные элементы, или транспозоны – это последовательности ДНК, которые способны к перемещению и всячески взаимодействуют с хозяйским геномом. К сожалению, природа и функции транспозонов изучены крайне недостаточно, учитывая их количество в геноме. Для изучения функций транспозонов необходим подходящий модельный объект.

Объектом настоящей работы является *Himasthla elongata* из класса *Trematoda*. Трематоды имеют сложный жизненный цикл, который протекает со сменой животных-хозяев и чередованием партеногенетических и гермафродитных поколений. Ранее считали, что особи партеногенетического поколения – редии или дочерние спороцисты, происходящие от одной материнской особи и обитающие в первом промежуточном хозяине (моллюске), равно как и