

Сборка *de novo* транскриптома организма *Rathkea octopunctata*

Научный руководитель – Григоренко Анастасия Петровна

Попов Михаил Дмитриевич

Студент (специалист)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

E-mail: mishapopov05@gmail.com

Rathkea octopunctata (M. Sars, 1835) – морские колониальные организмы класса Hydrozoa. Интерес к изучению этого вида заключается в особенности его медузоидной жизненной стадии: помимо обычного полового размножения, медузы обладают способностью к почкованию: на манубриуме взрослой особи образуются вегетативные почки, из которых впоследствии развиваются новые медузки. В настоящее время в доступных базах данных для *R. octopunctata* нет ни собранного генома, ни каталога последовательностей белок-кодирующих генов, что затрудняет его изучение. Данная работа ставит своей целью получить сборку *de novo* транскриптома *R. octopunctata* и создать первый каталог аннотированных белок-кодирующих последовательностей для дальнейшего использования в протеомных исследованиях.

Работа была выполнена на лабораторной модели *R. octopunctata*, первоначально собранной на Белом море, и включала следующие этапы: получение и сбор образцов *R. octopunctata* на разных стадиях развития, выделение тотальной РНК образцов, получение транскриптомных библиотек, их глубокое секвенирование и биоинформатическая обработка полученных прочтений. Тотальная РНК выделялась из четырех-пяти особей *R. octopunctata* в трех биологических повторностях: на стадии молодой медузы, до образования вегетативных почек, и на стадии колонии из гидрантов и столонов. Далее из выделенной РНК при помощи магнитных частиц, связанных с олиго-dT последовательностями, была выделена мРНК соответствующих образцов. Из мРНК готовились РНК-библиотеки для секвенирования на платформе Illumina. Качество и количество полученных библиотек оценивали на биоанализаторе и с помощью ДНК-амплификации в реальном времени. Готовые библиотеки смешивали и секвенировали на приборах Illumina. Дальнейшая биоинформатическая обработка включала стадии анализа качества прочтений, обрезания адаптеров, сборки *de novo* транскриптомов, оценки качества сборки. Сборка транскриптома проведена с использованием алгоритма SPAdes 4.1.0, оценка качества сборки – BUSCO. Каталог белковых последовательностей в FASTA формате получен с помощью TransDecoder. Аннотация транскриптома проведена с использованием программы eggNOG-mapper. Кроме того, проведен анализ по методу главных компонент (PCA), который показал степень однородности образцов каждой из стадий развития. С помощью пакетов программ получены профили дифференциальной экспрессии генов на разных стадиях развития *R. octopunctata*.

Таким образом, в результате выполнения работы впервые получена сборка транскриптома и каталог белков беломорской *R. octopunctata*, которые будут использованы для изучения регуляции активности генов и белков в развитии этого малоизученного вида гидроидных организмов.