

**МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ**  
**БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ**  
**БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ**  
**Кафедра генетики**

**ТОКАРЕВА**  
Анна Андреевна

**АНАЛИЗ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ СИСТЕМЫ NMD В КЛЕТКАХ**  
**ХРОНИЧЕСКОГО МИЕЛОЙДНОГО ЛЕЙКОЗА ЧЕЛОВЕКА**

Аннотация  
к дипломной работе

Научный руководитель:  
Доцент, к.б.н. Ильюшенок И.Н.

Минск, 2024

## РЕФЕРАТ

*Дипломная работа* содержит 33 страницы, 16 рисунков, 68 использованных источников.

*Ключевые слова:* ЗАБОЛЕВАНИЕ, РАК, ЛЕЙКОЗ, ХМЛ, СИСТЕМА NMD, РТС, ГЕНЕТИКА.

*Объект исследования:* библиотеки коротких чтений, полученных в результате полнотранскриптомного парноконцевого секвенирования клеточных линий K562, HAP1, MAG-01 и клеток периферической крови здоровых доноров из хранилища European Nucleotide Archive.

*Цель работы:* оценить экспрессионный статус генов системы NMD в клетках хронического миелоидного лейкоза человека.

*Методы исследования:* анализ качества библиотек чтений, анализ дифференциальной экспрессии, анализ наличия РТС с помощью пакета ORFhunteR, анализ литературы.

*Полученные результаты:* Показано, что экспрессия генов системы NMD в клеточных линиях ХМЛ может сильно изменяться, однако статистически значимые различия наблюдаются только в некоторых случаях. Для клеточной линии K562 это гены *UPF2* (0,8548) и *SMG1* (1,4150), для HAP1 – *RBM8A* (-1,119), *UPF3A* (0,73), *SMG5* (-1,079), *DCP1B* (0,67), для MEG-01 – *RBM8A* (-0,5943), *UPF2* (1,2716), *SMG1* (1,0944). В транскриптоме этих клеточных линий не наблюдается существенных различий по числу транскриптов с РТС при сравнении с клетками крови здоровых доноров. Следовательно, обнаруженные нами изменения генов системы NMD не оказали заметного эффекта на её функционирование.

## РЭФЕРАТ

*Дыпломная работа* ўтрымлівае 33 старонкі, 16 малюнкаў, 68 выкарыстаных крыніц.

*Ключавыя словы:* ЗАХВОРВАННЕ, РАК, ЛЕЙКОЗ, ХМЛ, СІСТЭМА NMD, РТС, ГЕНЕТЫКА.

*Аб'ект даследавання:* бібліятэкі кароткіх чытанняў, атрыманыя у выніку поўнатранскрыптнага парнаканцавога секвеніравання клеткавых ліній K562, HAP1, MAG-01 і клетак перыферычнай крыві здаровых донараў са сховішча European Nucleotide Archive.

*Мэта працы:* ацаніць экспрэсійны статус генаў сістэмы NMD у клетках хранічнага миелоидного лейкозу чалавека.

*Метады даследавання:* аналіз якасці бібліятэк чытанняў, аналіз дыферэнцыяльнай экспрэсіі, аналіз наяўнасці РТС з дапамогай пакета ORFhunteR, аналіз літаратуры.

*Атрыманыя вынікі:* Паказана, што экспрэсія генаў сістэмы NMD ў клеткавых лініях ХМЛ можа вельмі змяняцца, аднак статыстычна значныя адрозненні назіраюцца толькі ў некаторых выпадках. Для клеткавай лініі K562 гэта гены *UPF2* (0,8548) і *SMG1* (1,4150), для HAP1 – *RBM8A* (-1,119), *UPF3A* (0,73), *SMG5* (-1,079), *DCP1B* (0,67), для MEG-01 – *RBM8A* (-0,5943), *UPF2* (1,2716), *SMG1* (1,0944). У транскрыптом гэтых клеткавых ліній не назіраецца істотных адрозненняў па колькасці транскрыптаў з РТС пры параўнанні з клеткамі крыві здаровых донараў. Такім чынам, выяўленыя намі змены генаў сістэмы NMD не аказалі прыкметнага эфекту на яе функцыянаванне.

## ABSTRACT

*The thesis* contains 33 pages, 16 drawings, 68 sources used.

*Keywords:* DISEASE, CANCER, LEUKEMIA, CML, NMD SYSTEM, RTS, GENETICS.

*Object of study:* libraries of short reads obtained as a result of whole-transcriptome paired-terminal sequencing of cell lines K562, HAP 1, MAG -01 and peripheral blood cells of healthy donors from the European Nucleotide Archive .

*Goal of the work:* to evaluate the expression status of NMD system genes in human chronic myeloid leukemia cells.

*Research methods:* analysis of the quality of read libraries, analysis of differential expression, analysis of the presence of PTC using the ORFhunterR package, literature analysis.

*Results obtained:*

It has been shown that the expression of NMD system genes in CML cell lines can vary greatly, but statistically significant differences are observed only in some cases. For the K562 cell line these are the genes *UPF* (0,8548) and *SMG1* (1,4150) , for NAR 1 – *RBM8A* (-1,119) , *UPF3A* (0,73) , *SMG5* (-1,079) , *DCP1B* (0,67) , for MEG-01 – *RBM8A* (-0,5943) , *UPF2* (1,2716) , *SMG1* (1,0944).. In the transcriptome of these cell lines, there are no significant differences in the number of transcripts with PTC when compared with blood cells from healthy donors. Consequently, the changes we discovered in the genes of the NMD system did not have a noticeable effect on its functioning.