

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

ХОМЕНКО
Вероника Руслановна

**ИЗУЧЕНИЕ АССОЦИИИ ЭПИГЕНЕТИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ С
ЭКСПРЕССИЕЙ ПСЕВДОГЕНОВ В ЛЕЙКОЗНЫХ И НОРМАЛЬНЫХ
КЛЕТКАХ КРОВИ ЧЕЛОВЕКА**

Аннотация
к дипломной работе

Научный руководитель:
Кандидат биологических наук
Т. В. Романовская

Минск, 2025

РЕФЕРАТ

Дипломная работа включает: страниц – 71, рисунков – 8, таблиц – 7, приложений – 5, источников – 42.

Ключевые слова: ЭПИГЕНЕТИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ, ПСЕВДОГЕНЫ, ОСТРЫЙ МИЕЛОИДНЫЙ ЛЕЙКОЗ, НЕОАНТИГЕНЫ, БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ.

Объект исследования: эпигеном и транскриптом клеточной линии Kasumi-1.

Цель: изучить ассоциацию эпигенетических маркеров с экспрессией псевдогенов в лейкозных и нормальных клетках крови человека.

Методы: специализированные инструменты биоинформационного анализа, выделение РНК, реакция обратной транскрипции, полимеразная цепная реакция в режиме реального времени, электрофорез в агарозном геле.

Были изучены паттерны различных эпигенетических маркеров в лейкозной клеточной линии человека Kasumi-1 и нормальных гемопоэтических стволовых клетках человека. В виду отсутствия многих данных и малой выборки выявить закономерность в изменении экспрессии псевдогенов за счет изменения их эпигенетического профиля не удалось. Однако для многих псевдогенов наблюдалась тенденция к увеличению количества эпигенетических маркеров, указывающих на активную транскрипцию.

Для шести транскриптов, соответствующих псевдогенам, была проведена количественная ПЦР в реальном времени, результаты которой подтвердили наличие транскрипционной активности в указанных регионах. В четырёх из шести случаев уровень экспрессии оказался умеренным, что свидетельствует о потенциальной функциональной значимости этих псевдогенов на транскрипционном уровне.

Данная работа имеет большой потенциал в будущем, при увеличении количества эпигеномных данных как для клеточной линии Kasumi-1, так и для нормальных гемопоэтических стволовых клеток человека.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа ўключае: 71 старонкі, 8 ілюстрацый, 7 табліц, 5 дадаткаў, 42 крыніцы.

Ключавыя словы: ЭПІГЕНЕТЫЧНЫЯ МАРКЕРЫ, ПСЕЎДАГЕНЫ, ВОСТРЫ МІЕЛОЇДНЫ ЛЕЙКОЗ, НЕААНТЫГЕНЫ, БІЯІНФАРМАТЫЧНЫ АНАЛІЗ.

Аб'ект даследавання: эпігеном і транскрыптом клетачнай лініі Kasumi-1.

Мэта: даследаць сувязь паміж эпігенетычнымі маркерамі і экспрэсіяй псеўдагенаў у лейкозных і нармальных клетках крыві чалавека.

Метады: спецыялізаваныя інструменты біяінфарматычнага аналізу, выдзяленне РНК, рэакцыя зваротнай транскрыпцыі, колькасная ПЦР у рэжыме рэальнага часу, электрофарэз у агарозным гелі.

Былі вывучаныя патэрны розных эпігенетычных маркераў у клетачнай лініі Kasumi-1 і нармальных гемапаэтычных ствалавых клетках чалавека. З-за абмежаванасці даных і малога аб'ёму выбаркі не ўдалося выявіць выразную заканамернасць паміж зменамі ў эпігенетычным профілі і экспрэсіяй псеўдагенаў. Аднак для многіх псеўдагенаў назіралася тэндэнцыя да павелічэння колькасці маркераў, якія сведчаць пра актыўную транскрыпцыю.

Для шасці транскрыптаў, адпаведных псеўдагенам, была праведзена колькасная ПЦР у рэжыме рэальнага часу, якая пацвердзіла наяўнасць транскрыпцыйнай актыўнасці ў гэтых рэгіёнах. У чатырох з шасці выпадкаў узровень экспрэсіі быў умераны, што сведчыць пра патэнцыяльную функцыянальную значнасць гэтых псеўдагенаў на транскрыпцыйным узроўні.

Гэтая работа мае вялікі патэнцыял у будучыні, асабліва пры пашырэнні аб'ёму эпігеномных даных як для клетачнай лініі Kasumi-1, так і для нармальных гемапаэтычных ствалавых клетак чалавека.

ABSTRACT

The thesis includes: 71 pages, 8 figures, 7 tables, 5 appendices, and 42 sources.

Keywords: EPIGENETIC MARKERS, PSEUDOGENES, ACUTE MYELOID LEUKEMIA, NEOANTIGENS, BIOINFORMATIC ANALYSIS.

Object of study: epigenome and transcriptome of the Kasumi-1 cell line.

Objective: to study the association of epigenetic markers with the expression of pseudogenes in leukaemic and normal human blood cells.

Methods: specialised bioinformatic analysis tools, RNA isolation, reverse transcription, real-time polymerase chain reaction, agarose gel electrophoresis.

The patterns of various epigenetic markers were studied in the human leukaemia cell line Kasumi-1 and normal human haematopoietic stem cells. Due to the lack of data and small sample size, it was not possible to identify a pattern in the change in pseudogene expression due to changes in their epigenetic profile. However, for many pseudogenes, there was a tendency toward an increase in the number of epigenetic markers indicating active transcription.

Quantitative real-time PCR was performed for six transcripts corresponding to pseudogenes, and the results confirmed the presence of transcriptional activity in these regions. In four of the six cases, the expression level was moderate, indicating the potential functional significance of these pseudogenes at the transcriptional level.

This work has great potential for the future, with the increase in epigenetic data for both the Kasumi-1 cell line and normal human haematopoietic stem cells.