

Аннотация

к научно-квалификационной работе Неждановой Анны Владимировны «Эффекты гетерологичной экспрессии генов транскрипционных факторов (*MADS-box*, *YABBY*) и редактирования генов метаболизма (*PHO1a*, *PDS*) на особенности регуляции онтогенеза *Nicotiana tabacum* и *Solanum tuberosum*». Профиль и специальность: 1.5.6. Биотехнология, направление подготовки: 06.06.01 Биологические науки.

Транскрипционным факторам (ТФ) семейств *MADS-box* и *YABBY* принадлежит одна из ключевых ролей в регуляции роста, развития и адаптации растений. Кроме того, эволюционная дупликация и неофункционализация генов *MADS-box* и *YABBY* считается одной из главных причин возникновения репродуктивной системы и морфологического разнообразия растений. В числе прочего, белки *MADS-box* участвуют в регуляции путей метаболизма, включая биосинтез и деградацию углеводов и каротиноидов. Настоящая работа сфокусирована на характеристике генов ТФ семейств *MADS-box* и *YABBY* у различных видов высших двудольных растений. В первой части исследования проведен анализ структуры и филогении ТФ семейств *YABBY* и *MADS-box* исследуемых видов растений в сравнении с модельным видом *Arabidopsis thaliana*. В результате изучаемые белки были распределены по отдельным подсемействам *YABBY* и *MADS-box*, что позволило предположить их функции. Вторая часть работы посвящена функциональному анализу отдельных представителей семейств *MADS-box* и *YABBY*. Анализ был проведен с помощью получения и характеристики трансгенных растений табака *N. tabacum* со сверхэкспрессией изучаемых генов, как индивидуальной, так и совместной. В результате было показано, что *YABBY*-гены подсемейства *FIL* могут определять асимметричное развитие латеральных органов растения, а *MADS-box* гены предположительно участвуют в спецификации идентичности репродуктивных меристем и различных органов цветка. Третья часть работы посвящена анализу участия ТФ семейства *MADS-box* в ответе растения на стрессовые факторы. Для этого были получены и охарактеризованы трансгенные растения табака и картофеля с нарушением метаболизма крахмала (мутация или нокаут гена пластидной крахмалфосфорилазы *PHO1a*) или каротиноидов (нокаут гена фитоиндесатуразы *PDS*). В результате было показано, что в ответ на изменения в содержании крахмала или каротиноидов изменяется экспрессия *MADS-box* генов, что подтверждает их участие в адаптации растения к неблагоприятным условиям.