

обнаружено, что ингибитор ERK приводит к существенному замедлению регенерации головной части и нарушению морфогенеза – наблюдали более 60 % животных с аномально развитым только одним глазом. При РНК интерференции экспрессии обнаруженных изоформ ERK и MEK наблюдали следующие явления: циклопичных животных (до 50%), недоразвитость бласты (5%), у 45% животных наблюдался нормальный фенотип. Также у циклопичных животных наблюдали аномальное развитие головных ганглиев и гиперпролиферацию необластов. Таким образом, нами показано, что ERK и MEK необходимы в процессах регенерации и морфогенеза низших животных – планарий, причем вероятно их роль опосредуется путем регуляции пролиферации и дифференцировки стволовых клеток – необластов.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 14-04-01517-а и № 15-04-05948-а.

РОЛЬ ГЕНА *Sym31* ГОРОХА ПОСЕВНОГО (*PISUM SATIVUM* L.) В РАЗВИТИИ АЗОТФИКСИРУЮЩИХ КЛУБЕНЬКОВ

Жуков В.А., Жернаков А.И., Федорина Я.В., Борисов А.Ю., Тихонович И.А.
ФГБНУ ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

zhukoff01@yahoo.com

Бобовые растения в симбиозе с клубеньковыми бактериями (ризобиями) способны к биологической фиксации атмосферного азота. Мутация в гене *Sym31* гороха посевного приводит к образованию клубеньков, не фиксирующих азот, в которых бактерии не дифференцируются в азотфиксирующую форму – бактериоиды.

Из клубеньков растений линии Sprint-2Fix-, мутантных по гену *sym31*, а также корней и клубеньков растений исходной линии Sprint-2 была выделена РНК, секвенированная с использованием протокола MACE (massive analysis of cDNA ends) на приборе Illumina HiSeq2000 (компания GenXpro, Германия). Благодаря тому, что ген *Sym31* ранее был с высокой точностью локализован в геноме гороха, анализ синтенного района генома люцерны слабоусеченной (*Medicago truncatula* Gaertn.) позволил выявить около 70 генов, потенциально являющихся кандидатами на роль гомолога *Sym31* гороха. Соответствующие гены гороха были выявлены в секвенированном транскриптом, и среди них были обнаружены 4 гена, преимущественно экспрессирующиеся в клубеньках (уровень экспрессии в клубеньках «дикого типа» достоверно превышал уровень экспрессии в корнях). В последовательности одного из них, кодирующего сульфуразу молибденового кофактора, была обнаружена нуклеотидная замена у растений линии Sprint-2Fix- (*sym31*) по сравнению с исходной линией Sprint-2. Данный результат представляется интригующим, поскольку считается, что молибденовый кофактор, необходимый для работы нитрогеназы, должен иметь бактериальное, а не растительное происхождение.

Для определения детальной роли гена *Sym31* проведен анализ дифференциальной экспрессии генов растения в клубеньках линии Sprint-2 («дикий тип») и Sprint-2Fix- (*sym31*). Дифференциально экспрессирующиеся гены гороха аннотированы на основании сходства их мРНК с известными последовательностями люцерны слабоусеченной и других бобовых растений. В результате выявлены группы растительных генов, экспрессия которых контролируется геном *Sym31*. Продолжение работы позволит определить детальную роль гена *Sym31* в развитии азотфиксирующего симбиоза. Исследование поддержано грантами Президента РФ (НШ-4603.2014.4) и РФФИ (13-04-01702-а, 13-04-01703-а и 14-04-01442-а).

КЛОНИРОВАНИЕ ГЕНОВ *glnR* и *glnA* ИЗ *LACTOBACILLUS PLANTARUM*

Журавлева Д.Э., Халитова А.В., Каюмов А.Р.

ФГАОУ ВПО Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, Россия

darya.ed@gmail.com

Несмотря широкое использование бактерий рода *Lactobacillus*, в настоящее время их азотный метаболизм остается неизученным. У бактерий *Lactobacillus plantarum* 8PA3 в геноме нами идентифицированы ген глутаминсинтетазы *glnA* и ген *glnR*, который кодирует фактор