

транскрипции, гомологи которого у многих бактерий регулируют гены азотного обмена. Эти два гена объединены в оперон *glnRA*, белки имеют 85% идентичности с белками *Bacillus subtilis*. Поэтому можно ожидать, что роль и закономерности регуляции и экспрессии этих белков у *L.plantarum* и *B.subtilis* будут сопоставимы. Интересно, что гомологи данных белков у других бактерий необходимы в условиях ограничения по источнику восстановленного азота, что не соответствует обычным средам обитания лактобацилл. Поэтому интересно выяснить роль данных белков в клетках *L.plantarum*. Целью работы явилось получить штаммы, продуцирующие рекомбинантные белки GlnR и GS с аффинными метками.

Гены *glnR* и *glnA* получали с помощью ПЦР с геномной ДНК *L.plantarum* и клонировали в вектор pET15b с получением плазмид pET15b-LpGlnR и pET15b-LpGS. Данный вектор обеспечивает гиперпродукцию белков с N-концевой гексагистидиновой последовательностью. Белки были экспресированы в клетках кишечной палочки и очищены до электрофоретической гомогенности на Ni-NTA агарозе. Очищенная рекомбинантная глутаминсинтетаза обладала синтетической активностью. Анализ белка LpGlnR путем гельфильтрации выявил его способность к димеризации, что позволяет ожидать наличие ДНК связывающей активности.

Наши последующие исследования будут посвящены исследованию ферментативных, кинетических свойств глутаминсинтетазы и исследованию физиологической роли белков GlnR и глутаминсинтетазы в клетках *L.plantarum*.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ 15-04-02583.

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИЙ ДИКИХ И КУЛЬТУРНЫХ ВИДОВ ХЛОПЧАТНИКА С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МИКРОСАТЕЛЛИННЫХ МАРКЕРОВ

**Закирова Д.В., Урмонов Х., Салахутдинов И.Б., Эгамбердиев Ш.Ш.,
Абдуллаев А.А., Абдукаримов А.А.**

Центр геномики и биоинформатики АН РУз, Министерства сельского и водного хозяйства, ассоциации «Узпахтасаноат», Ташкент, Узбекистан

catdasha@mail.ru

Диплоидные виды хлопчатника разделяются на 8 геномных групп (A-G и K). Африканская группа (A, B, E и F геномы) встречается в природе в Африке и Азии, в то время как D геном является коренным для Америки. Третий клад (C, G и K геномы) были найдены в Австралии. Культурные тетраплоидные виды представлены AD геномом. Оценка генетического разнообразия диких представителей рода *Gossypium* является важным аспектом в улучшении культивируемых сортов хлопчатника, так как в процессе длительной селекции они утратили ряд полезных генов присущих диким типам. Поэтому изучение генетической структуры популяций диких представителей и их связь с культурными сортами является актуальным.

С целью оценки генетического разнообразия и родства 19 образцов диких видов хлопчатника и двух культивируемых видов были генотипированы при помощи микросателлитных маркеров. Амплификация экстрагированной ДНК хлопчатника была выполнена с помощью ПЦР-анализа с использованием 108 микросателлитных праймеров из коллекций BNL, CIR, CM, GH, JESPR, NAU, TMB, которые дали 567 полиморфных локусов. Определение структуры популяции и кластерный анализы были проведены при помощи программ Structure 2.3.4.

Результаты анализов позволили разделить образцы на 6 субпопуляций. Представитель культурного *G. hirsutum* (AD геном) был выделен в отдельный кластер, второй кластер был представлен тремя американскими видами (D геном). Третий кластер включал в себя африканский и американские виды (A и D геномы). Африканские виды, представляющие B и E геномы попали в четвертый кластер. Пятая группа содержала в себе два американских вида D геномов и культурный вид *G. barbadense* (AD геном). Все австралийские виды (C и G геномы) и два американских (D геном) образовали шестой кластер.

Коэффициент расхождения (различия) между образцами, основанный на микросателлитных маркерах варьировал от 0,29 до 0,36. Коэффициент расхождения между культурными видами (AD геном) и дикими представителями хлопчатника составил 0,42, что обусловлено направленной селекцией культурных видов. Микросателлитные маркеры