

аккумуляцией пролина и глутатиона, которые играют важную роль в механизмах адаптации за счет антиоксидантных свойств и способности стабилизировать субклеточные структуры.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (грант № 14-04-31676–мол_а).

ИЗУЧЕНИЕ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ, ПРИОБРЕТЕННЫХ ПРЕДСТАВИТЕЛЯМИ РОДА *NICOTIANA* ОТ АГРОБАКТЕРИЙ

Хафизова Г.В., Матвеева Т.В.

ФГБОУ ВПО Санкт-Петербургский государственный университет,
Санкт-Петербург, Россия

galina.khafizova@gmail.com

Agrobacterium tumefaciens и *A. rhizogenes* вызывают развитие на растениях трансгенных опухолей и бородачатых корней в результате переноса фрагмента своей плазмиды (Т-ДНК). Ранее была обнаружена последовательность, гомологичная Т-ДНК агробактерий, в геноме растения *Nicotiana glauca*, не подвергавшегося инфекции. Позже подобные последовательности, названные клТ-ДНК (клеточная Т-ДНК), были найдены и у других представителей рода *Nicotiana*. У исследованных видов вставка различается по длине и по составу онкогенов. Часть генов экспрессируется, вызывая изменение соотношения фитогормонов в растении, что влияет на протекание процессов регенерации и опухолеобразования. На сегодняшний день известно, что вставки были приобретены от разных штаммов, но данные о количестве актов агробактериальной трансформации отсутствуют. В своей работе мы ставили задачу сравнить сайты интеграции Т-ДНК у *N. tabacum* и *N. glauca*, далеко отстоящих друг от друга в древе рода *Nicotiana*. В ходе работы были подобраны сочетания праймеров для анализа пограничной с Т-ДНК последовательности в геномах *Nicotiana*. На матрице *N. glauca* была поставлена ПЦР с праймерами к растительной части последовательности, и к Т-ДНК. Анализ ПЦР-продукта с помощью электрофореза показал, что в ходе реакции нарабатывается ампликон ожидаемого размера. Полученный с ПЦР-продукта сиквенс подтвердил, что нарабатывается клТ-ДНК *N. glauca*. Проведение подобной реакции на матрице *N. tabacum* схожих результатов не дало. Также были поставлены ПЦР на этих же растительных матрицах с другим сочетанием праймеров, подобранных к растительным участкам по краям сайта вставки. В ходе реакции на ДНК *N. glauca* фрагмент не нарабатывался, так как вставка имеет большую протяженность, а в ходе реакции на матрице *N. tabacum* нарабатывался короткий фрагмент, что подтверждает отсутствие вставки в этом месте в геноме *N. tabacum*. Таким образом, данная тест-система позволила определить, что места интеграции у двух изучаемых видов различны, что может служить ещё одним доводом в пользу предположения о нескольких актах агробактериальной трансформации в ходе эволюции рода *Nicotiana*.

Данная работа была выполнена при поддержке гранта РФФИ №14-04-01480 А, темпланов СПбГУ 1.39.315.2014, 0.37.526.2013. с использованием оборудования ресурсного центра СПбГУ «Развитие молекулярных и клеточных технологий».

ПОЛУЧЕНИЕ КДНК ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ МИКРОРНК, ИНДУЦИРУЕМЫХ СОЛЕВЫМ СТРЕССОМ У ГАЛОФИТА

Шувалова Е.Ю.^{1,2}, Шувалов А.В.³

¹ФГАОУ ВПО Волгоградский государственный университет, Волгоград;

²ФГБУН Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта РАН,

³ФГБУН Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, Москва, Россия

Hritova_Katia@mail.ru

МикроРНК представляют собой разновидность регуляторных РНК длиной в 20-24 нт. Комплементарно связываясь с мРНК-мишенью, они регулируют экспрессию на пост-транскрипционном уровне. Их регуляторный потенциал может быть широко применим в биотехнологии растений. Анализ изменения набора микроРНК в галофитах при солевом