

ИЗУЧЕНИЕ ЭВОЛЮЦИИ АУКСИНОВОГО РЕЦЕПТОРА TIR1 У ЦВЕТКОВЫХ РАСТЕНИЙ

Сагомонов А.В., Манахова Д.В.

Научный руководитель: старший преподаватель Харитонов Н.В.

Кафедра медицинской биологии

Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет

Актуальность исследования: известно, что для нормального роста растений необходим гормон ауксин [3]. В процессе эволюции растения приобрели сложные молекулярные механизмы восприятия ауксина несколькими типами рецепторов [2]. Регуляция физиологических механизмов развития растительных организмов используется в эпигенетике.

Цель исследования: рассмотреть эволюцию ауксинового рецептора — TIR1; найти в геномах цветковых растений гомологи гена TIR-1; изучить различия этих генов у *Arabidopsis thaliana* и других растений.

Материалы и методы: из базы данных PLAZA получены последовательности гена TIR1; множественное выравнивание с помощью BLAST; реконструкция филогении алгоритмом MAFFT [1]; анализ локальной консервативности промоторов программой eShadow и поиск мотивов сайтов связывания транскрипционных факторов в PLANTPAN2.0.

Результаты: на основе базы данных сравнительной геномики растений PLAZA были определены 7 ортологичных генов рецепторов (TIR1, AFB1, AFB2, AFB3, AFB4, AFB5 и Col1) у цветковых. При этом шесть из них связывают ауксин, а Col1 — метил жасмонат. Возможно, изученные рецепторы — и ауксиновые, и жасмонатный имеют общее происхождение. Схожие по структуре ауксиновые рецепторы представлены в организме высших растений в 6 копиях и выявляют различный набор сайтов связывания транскрипционных факторов. Найдены мотивы сайтов связывания транскрипционных факторов с учётом локальной консервативности последовательностей. Наиболее вероятно тканеспецифическая экспрессия связана с факторами семейств C2H2, AT-Hook и HD-ZIP. По близкородственным группам последовательностей гена TIR1 построено филогенетическое дерево.

Вывод: реконструкция эволюционной истории и предсказание регуляции генов при помощи современных методов биоинформатики поможет лучше изучить механизмы развития и функционирования растительных организмов. Изучение механизма восприятия гормонального сигнала и самих рецепторов позволит использовать эти данные в сельском хозяйстве.

Литература

1. Taly J.F. et al. Using the T-Coffee package to build multiple sequence alignments of protein, RNA, DNA sequences and 3D structures //Nature Protocols.— 2011. — Т. 6.— № . 11. — С. 1669–1682.
2. M. Lavy, M. Estelle «Mechanisms of auxin signaling»\\ Development. 2016 Sep 15; 143(18): 3226–3229.
3. O. Leyser «Auxin Signaling»\\ Plant Physiology 2018. DOI: <https://doi.org/10.1104/pp.17.007>.

ДИАГНОСТИКА МУЖСКОГО БЕСПЛОДИЯ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МЕТОДОВ ВЫЯВЛЕНИЯ МУТАЦИЙ В ГЕНАХ AZF, CFTR И AR.

Статниченко Я.В., Орозалиева А.Э.

Научный руководитель: старший преподаватель Старунова З.И.

Кафедра медицинской биологии

Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет

Актуальность исследования: по данным ВОЗ, 15% — это предел, за которым бесплодие становится социальной проблемой. Причины мужского бесплодия (Гоголевская, 1999), так же