

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ

БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ

Кафедра молекулярной биологии

Аннотация к дипломной работе

Кукреш
Глафира Васильевна

**РАЗВИТИЕ ИММУННЫХ РЕАКЦИЙ РАСТЕНИЙ ТОМАТОВ В
ОТВЕТ НА ВНЕДРЕНИЕ ПАТОГЕНА *PESTOVACTERIUM VERSATILE***

Научный руководитель:
старший преподаватель кафедры
молекулярной биологии
А.В. Колубако

Минск, 2024

РЕФЕРАТ

Дипломная работа объемом 37 страниц, содержит 14 рис., 2 табл., 20 источников литературы.

Ключевые слова: транскрипционные факторы *WRKY6*, *WRKY65*, абсцизовая кислота, *Pectobacterium versatile*, *Agrobacterium tumefaciens*, *Solanum lycopersicum*

Объект исследования: растения томата *Solanum lycopersicum*

Цель: изучить механизмы развития иммунных реакций растений *Solanum lycopersicum* в ответ на внедрение патогенов

Методы исследования: вирус-индуцированный сайленсинг генов, инфильтрация растений *S. lycopersicum* клетками бактериальных культур, выделение тотальной растительной РНК с использованием горячего фенола, синтез первой цепи кДНК, количественная полимеразная цепная реакция в реальном времени, электрофорез ДНК и РНК в агарозном геле.

Результаты работы: фенотип сайленсинга гена фермента биосинтеза АБК NCED3 в растениях *S. lycopersicum* проявляется в уменьшении надземной части растений по сравнению с контрольной группой, такие растения оказались более восприимчивы к некротрофному патогену *P. versatile* вне зависимости от штамма.

Транскрипционный фактор *WRKY6* напрямую или опосредованно снижает экспрессию защитного белка *PR2*, увеличивает экспрессию гена регуляторного белка *PR5*, гена гидроксилазы абсцизовой кислоты *CYP707a* и регулирует экспрессию гена транскрипционного фактора *WRKY65*.

Транскрипционный фактор *WRKY65*, возможно, участвует в распознавании эффектора системы секреции третьего типа *DspE* патогена *Pectobacterium versatile*, участвует в снижении экспрессии гена защитного белка *PR2* и увеличивает экспрессию гена регуляторного белка *PR5*.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа аб'ёмам 37 старонак, змяшчае 14 мал., 2 табл., 20 крыніц літаратуры.

Ключавыя словы: транскрыпцыйныя фактары *WRKY6*, *WRKY65*, абсцызаваая кіслата, *Pectobacterium versatile*, *Agrobacterium tumefaciens*, *Solanum lycopersicum*

Аб'екты даследвання: расліны тамата *Solanum lycopersicum*

Мэта даследвання: вывучыць механізмы развіцця імунных рэакцый раслін *solanum lycopersicum* у адказ на ўкараненне патагенаў

Метады даследвання: вірус-індукаваны сайленсінг генаў, інфільтрацыя раслін *S. lycopersicum* клеткамі бактэрыяльных культур, метады вылучэння татальнай расліннай РНК з выкарыстаннем гарачага фенолу, апрацоўка прэпаратаў РНК ДНКазай, пераасаджэнне РНК, сінтэз першага ланцуга кДНК, колькасная палімеразная ланцуговая рэакцыя, электрафарэз ДНК і РНК у агарозным гелі.

Вынікі працы: фенатып сайленсінгу гена фермента біясінтэза АБК NCED3 ў раслінах *S. lycopersicum* выяўляецца ў памяншэнні надземнай часткі раслін у параўнанні з кантрольнай групай, такія расліны апынуліся больш успрымальныя да некротрофнага патагену *P. versatile* па-за залежнасці ад штаму.

Транскрыпцыйны фактар *WRKY6* напрамую або апасродкавана зніжае экспрэсію ахоўнага бялку PR2, павялічвае экспрэсію гена рэгуляторнага бялку PR5, гена гідраксілазы абсцызавааы кіслаты *CYP707a* і рэгулюе экспрэсію гена транскрыпцыйнага фактару *WRKY65*.

Транскрыпцыйны фактар *WRKY65* магчыма ўдзельнічае ў распазнанні эфектара сістэмы сакрэцыі трэцяга тыпу DspE бактэрыі *Pectobacterium versatile*, удзельнічае ў зніжэнні экспрэсіі ахоўнага бялку PR2 і павялічвае экспрэсію гена рэгуляторнага бялку PR5.

ABSTRACT

The thesis is 37 pages long, contains 14 figures, 2 tables, 20 literature sources.

Key words: transcription factors *WRKY6*, *WRKY65*, abscisic acid, *Pectobacterium versatile*, *Agrobacterium tumefaciens*, *Solanum lycopersicum*

Object of study: tomato plants *Solanum lycopersicum*

The aim of the research: to study the mechanisms of development of immune reactions of *Solanum lycopersicum* plants in response to the introduction of pathogens

The research methods: virus-induced gene silencing, infiltration of *S. lycopersicum* plants with bacterial cultures, method of isolating total plant RNA using hot phenol, treatment of RNA preparations with DNase, RNA reprecipitation, first-strand cDNA synthesis, real-time quantitative polymerase chain reaction, electrophoresis DNA and RNA in agarose gel.

Results of the work: the silencing phenotype of the ABA biosynthesis enzyme gene *NCED3* in *S. lycopersicum* plants is manifested in a decrease in the aerial parts of plants compared to the control group; such plants were more susceptible to the necrotrophic pathogen *P. versatile*, regardless of the strain.

The transcription factor *WRKY6* directly or indirectly reduces the expression of the protective protein *PR2*, increases the expression of the regulatory protein gene *PR5*, the abscisic acid hydroxylase gene *CYP707a*, and regulates the expression of the transcription factor gene *WRKY65*.

The transcription factor *WRKY65* is possibly involved in recognizing the effector of the third type of secretion system *DspE* of the bacterium *Pectobacterium versatile*, participates in reducing the expression of the protective protein *PR2* and increases the expression of the gene for the regulatory protein *PR5*.