

**МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра молекулярной биологии**

Аннотация к дипломной работе

**ПИНЧУК
ИВАН АНДРЕЕВИЧ**

**ХАРАКТЕРИСТИКА ТРАНСКРИПЦИОННОГО ФАКТОРА OA04_03480
*PESTOVACTERIUM VERSATILE***

Научный руководитель:
Кандидат биологических наук,
Доцент Е.А. Николайчик

Минск, 2024

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 36 с., 10 рис., 5 табл., 17 источников.

Ключевые слова: транскрипционный фактор, *Pectobacterium versatile*, *Nicotiana tabacum*, FadR подсемейство генов, GntR семейство генов, сверхэкспрессия гена, реакция гиперчувствительности.

Объект исследования: бактерия *Pectobacterium versatile* JN42 и её транскрипционный фактор OA04_03480.

Цель: характеристика транскрипционного фактора OA04_03480 *Pectobacterium versatile* JN42.

Методы исследования: микробиологические (культивирование микроорганизмов), генетические (трансформация), молекулярно-генетические (выделение ДНК, полимеразная цепная реакция, рестрикционный анализ, клонирование), методы биоинформатики.

В результате выполнения работы была осуществлена вставка открытой рамки считывания гена OA04_03480 в плазмиду pFLAG-CTC, трансформация клеток *Pectobacterium versatile* JN42 и проведение реакции гиперчувствительности растения *Nicotiana tabacum*. Существенных отличий в реакции растений табака на инфильтрацию тремя использованными культурами выявлено не было. Отличия в интенсивности развития реакции между вариантами опыта не превышали 1 балла по 5-балльной шкале, что при использованных размерах выборок находится в пределах статистической погрешности. По результатам выполнения дипломной работы было установлено, что структура *idn- dgo*-локусов и их локализация на хромосоме у *Pectobacterium versatile* существенно отличается от таковой *Escherichia coli*, что предполагает разные метаболические возможности этих энтеробактерий и является основанием для исследования роли этих генов в вирулентности *P. versatile*. Присутствие гена OA04_03480, кодирующего транскрипционный фактор семейства GntR, между транскрипционными единицами *idnDO dgoA* предполагает возможность участия этого транскрипционного фактора в контроле экспрессии этих транскрипционных единиц.

РЭФЕРАТ

Дыпломная праца 36 с., 10 мал., 5 табл., 17 крыніц.

Ключавыя словы: транскрыпцыйны фактар, *Pectobacterium versatile*, *Nicotiana tabacum*, FadR подсемейство генаў, GntR сямейства генаў, звышэкспрэсія гена, рэакцыя гіперадчувальнасці.

Аб'ект даследавання: бактэрыя *Pectobacterium versatile* JN42 і яе транскрыпцыйны фактар OA04_03480.

Мэта: характарыстыка транскрыпцыйнага фактару OA04_03480 *Pectobacterium versatile* JN42.

Метады даследавання: мікрабіялагічныя (культываванне мікраарганізмаў), генетычныя (трансфармацыя), малекулярна-генетычныя (вылучэнне ДНК, палімеразную ланцуговая рэакцыя, рэстрыкцыйны аналіз, кланаванне), метады біяінфарматыкі.

У выніку выканання працы была ажыццёўлена ўстаўка адкрытай рамкі счытвання гена OA04_03480 у плазміды pFLAG-CTC, трансфармацыя клетак *Pectobacterium versatile* JN42 і правядзенне рэакцыі гіперадчувальнасці расліны *Nicotiana tabacum*. Істотных адрозненняў у рэакцыі раслін тытуню на інфільтрацыю трыма скарыстанымі культурамі выяўлена не было. Адрозненні ў інтэнсіўнасці развіцця рэакцыі паміж варыянтамі досведу не перавышалі 1 бала па 5-бальнай шкале, што пры выкарыстаных памерах выбарак знаходзіцца ў межах статыстычнай хібнасці. Па выніках выканання дыпломнай працы было ўстаноўлена, што структура *idn-dgo*-локусаў і іх лакалізацыя на храмасоме ў *Pectobacterium versatile* істотна адрозніваецца ад такой *Escherichia coli*, што мяркуе розныя метабалічныя магчымасці гэтых энтеробактэрий і з'яўляецца падставай для даследавання ролі гэтых генаў у вірулентнасці *P. versatile*. Прысутнасць гена OA04_03480, кадавальныя транскрыпцыйны фактар сямейства GntR, паміж транскрыпцыйных адзінкамі *idnDO dgoA* мяркуе магчымасць удзелу гэтага транскрыпцыйнага фактару ў кантролі экспрэсіі гэтых транскрыпцыйных адзінак.

ABSTRACT

Diploma project 36 p., 10 fig., 5 tables, 17 sources.

Keywords: transcription factor, *Pectobacterium versatile*, *Nicotiana tabacum*, FadR gene subfamily, GntR gene family, gene overexpression, hypersensitivity reaction.

Object of the study: bacterium *Pectobacterium versatile* JN42 and its transcription factor OA04_03480.

Objective: characterization of the transcription factor OA04_03480 *Pectobacterium versatile* JN42.

Research methods: microbiological (cultivation of microorganisms), genetic (transformation), molecular genetic (DNA extraction, polymerase chain reaction, restriction analysis, cloning), bioinformatics methods.

As a result of the work, the open reading frame of the OA04_03480 gene was inserted into the pFLAG-CTC plasmid, *Pectobacterium versatile* JN42 cells were transformed, and a hypersensitivity reaction was carried out in *Nicotiana tabacum* plants. No significant differences in the response of tobacco plants to infiltration with the three cultures used were revealed. The differences in the intensity of reaction development between the experimental variants did not exceed 1 point on a 5-point scale, which, given the sample sizes used, is within the limits of statistical error. Based on the results of the diploma work, it was established that the structure of *idn-dgo* loci and their localization on the chromosome in *Pectobacterium versatile* differs significantly from that of *Escherichia coli*, which suggests different metabolic capabilities of these enterobacteria and is the basis for studying the role of these genes in the virulence of *P. versatile*. The presence of the OA04_03480 gene, encoding a transcription factor of the GntR family, between the *idnDO dgoA* transcription units suggests the possibility of the participation of this transcription factor in the control of the expression of these transcription units.