

**МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ
БЕЛАРУСЬ**

БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ

Кафедра молекулярной биологии

Аннотация к дипломной работе

ШУМСКИЙ
Владимир Дмитриевич

МЕТИЛИРОВАНИЕ ДНК У РАСТЕНИЙ

Научный руководитель
Старший преподаватель Ю.В. Дюбо

Минск, 2025

Аннотация

Дипломная работа 55 стр., включающих 6 рисунков, 4 таблицы, 59 источников.

МЕТИЛИРОВАНИЕ ДНК, ГЕНОМ, ЦИТОГЕНОМ, БИСУЛЬФИТНАЯ КОНВЕРСИЯ.

Предмет исследования: Растительное ДНК.

Объект исследования: статус метилирования растительного ДНК.

Цель: провести анализ глобального уровня метилирования ДНК в растительном объекте, оценить уровень метилирования ДНК в определённых сайтах.

Методы исследования: микробиологические (культивирование микроорганизмов, скрещивание), генетические (трансформация и выделение ДНК), физико-химические (электрофорез), инфильтрация в листья растений, биоинформатические (анализ глобального метилирования ДНК).

Метилирование ДНК — модификация ДНК, присоединение метильной группы к азотистому основанию, по определённому положению. Метилирование ДНК контролирует экспрессию генов, молчание транспозонов и взаимодействие хромосом. Этот процесс, является важным в развитии и регуляции жизнедеятельности всех живых организмов и растений в частности.

Полученные результаты и их новизна: проведён анализ метилирования ДНК в растительном объекте (дикой мексиканской картошке *Solanum hjertingii*), а именно: глобального уровня метилирования цитозина по 5-му положению, метилирования цитозинов по 5-му положению в сайтах CpG, CHH, CHG, глобального уровня метилирования аденинов по 6-му положению, а также глобальных уровней метилирования цитозинов и аденинов по вышеуказанным положениям в цитогеноме, а именно, в хлоропластной хромосоме и трёх митохондриальных. Несмотря на то, что за последнее время данных по эпигенетическим модификациям становится всё больше и больше, данных по метилированию ДНК дикой мексиканской картошки *Solanum hjertingii* нет, соответственно полученные данные могут оказаться полезными при дальнейшем изучении метилирования ДНК растений.

Анатацыя

Дыпломная праца 53 стар., якія ўключаюць 6 мал., 4 табл., 59 крыніц.
МЕЦІЛІРАВАННЕ ДНК, ГЕНОМ, ЦЫТАГЕНОМ, БІСУЛЬФІТНАЯ
КАНВЕРСІЯ.

Прадмет даследавання: расліннае ДНК.

Аб'ект даследавання: становішча мецільравання расліннага ДНК.

Мэта: правесці аналіз глабальнага ўзроўню мецільравання ДНК у раслінным аб'екце, ацаніць узровень мецільравання ДНК у пэўных сайтах.

Метады даследавання: мікрабіялагічныя (культываванне мікраарганізмаў, скрыжаванне), генетычныя (трансфармацыя і вылучэнне ДНК), фізіка-хімічныя (электрафарэз), інфільтрацыя ў лісце раслін, біяінфарматычныя (аналіз глабальнага мецільравання ДНК).

Мецільраванне ДНК—мадыфікацыя ДНК, далучэнне мецільнай групы да азоцістай падставы, па вызначаным становішчы. Мецільраванне ДНК кантралюе экспрэсію генаў, маўчанне транспозонаў і ўзаемадзеянне храмасом. Гэты працэс, з'яўляецца важным у развіцці і рэгуляцыі жыццядзейнасці ўсіх жывых арганізмаў і раслін у прыватнасці.

Атрыманыя вынікі і іх навізна: праведзены аналіз мецільравання ДНК у раслінным аб'екце (дзікай мексіканскай бульбы *Solanum hjertingii*), а менавіта: глабальнага ўзроўню мецільравання цытазіну па 5-му становішчу, мецільравання цытазінаў па 5-му становішчу ў сайтах CpG, CHG, CHN, глабальнага ўзроўню мецільравання адэнінаў па 6-му становішчу, а таксама глабальных узроўняў мецільравання цытазінаў і адэнінаў па вышэйпаказаных палажэннях у цытагеноме, а менавіта, у хларапластнай храмасоме і трох мітахандрыяльнай. Нягледзячы на тое, што за апошні час дадзеных па эпигенетычным мадыфікацыям становіцца ўсё больш і больш, дадзеных па мецільраванню ДНК дзікай мексіканскай бульбы *Solanum hjertingii* няма, адпаведна атрыманыя дадзеныя могуць аказацца карыснымі пры далейшым вывучэнні мецільравання ДНК раслін.

Annotation

Diplom work includes 55 pages, 6 figures, 4 tables, 59 sources.

DNA METHYLATION, GENOME, CYTOGENOME, BISULFITE CONVERSION.

The item of research: Plant DNA.

The object of research: methylation status of plant DNA.

Objective: to analyze the global level of DNA methylation in a plant object, to assess the level of DNA methylation in certain sites,

Research methods: microbiological (cultivation of microorganisms, crossing), genetic (transformation and isolation of DNA), physico-chemical (electrophoresis), infiltration into plant leaves, bioinformatic (analysis of global DNA methylation).

DNA methylation is the modification of DNA by attaching a methyl group to a nitrogenous base at a specific position. DNA methylation controls gene expression, transposon silencing, and chromosome interaction. This process is important in the development and regulation of vital activity of all living organisms and plants in particular.

The obtained results and their novelty: the analysis of DNA methylation in a plant object (wild Mexican potato *Solanum hjertingii*) was carried out, namely: the global level of cytosine methylation at the 5th position, methylation of cytosines at the 5th position in the CpG, CHH, CHG sites, the global level of adenine methylation at the 6th position, as well as the global levels of cytosine and adenine methylation at the above-mentioned positions in the cytotenome, namely, in the chloroplast chromosome and three mitochondrial ones. Despite the fact that recently there is more and more data on epigenetic modifications, there is no data of DNA methylation of the wild Mexican potato *Solanum hjertingii*, respectively, the obtained data may be useful in further studying DNA methylation in plants.