

БІОІНФОРМАЦІЙНИЙ АНАЛІЗ *DREB* ГЕНІВ ПОСУХОСТІЙКОСТІ ПШЕНИЦІ (*TRITICUM AESTIVUM* L.)

Доповідач – студ. IV курсу Ю. А. Шарук

Науковий керівник – проф., д.біол.н. С. В.Чеботар

Метою роботи було визначення нуклеотидних послідовностей генів *DREB* з геному *Triticum aestivum* L., що представлені в базі даних Phytozome, та аналіз їх екзон-інтронної структури і філогенетичних відносин.

В базі даних Phytozome було ідентифіковано 651 ген, 527 з яких кодують білки, що характеризуються наявністю лише одного домену AP2, а отже є ймовірними членами родини DREB-транскрипційних факторів. Після вирівнювання амінокислотних послідовностей за допомогою програмного забезпечення DNAMAN виявлено, що лише 78 генів з аналізованих 527 кодують білки, що зберегли консервативні валін (V) та глутамінову кислоту (E) у 14-тій та 19-тій позиціях відповідно, тому можуть належати до родини транскрипційних факторів DREB. Інші амінокислотні послідовності були віднесені до підродин RAV, ERF та AP2 на основі отриманих даних про кількість та тип доменів.

За амінокислотними послідовностями білків аналізували філогенетичні зв'язки між *DREB* генами модельного об'єкту *Arabidopsis thaliana* і 78 *DREB* послідовностями *Triticum aestivum* L., які були класифіковані на п'ять груп (A1-A5), найбільш чисельною з яких виявилась четверта. Представників групи A-6 виявлено не було.

З метою аналізу структури кожного з ідентифікованих генів *TaDREB* було виконано порівняння повнорозмірних послідовностей кДНК з відповідними послідовностями геномної ДНК. За результатами виконаного аналізу показано, що дев'яносто відсотків (70/78) послідовностей не мали у своїй структурі інтронів. Три представники родини *TaDREB* мали по одному інтрону (ідентифікатор генів в Phytozome *TraesCS1B03G0846400*, *TraesCS3A03G0218100* та *TraesCS6B03G0784500*). Одна з проаналізованих послідовностей характеризувалась наявністю двох інтронів (*TraesCS1A03G0580100*), і, нарешті, дві останніх мали три інтрони (*TraesCS1B03G0672800* та *TraesCS1D03G0554000*). У структурі решти генів було виявлено більше 3 інтронів (*TraesCS3B03G0262600* та *TraesCS3D03G0199200*). Цікаво, що гени, які мають у своїй структурі інтрони, в основному належали до групи A-2.