

Анотація

Для дослідження структури, а також, рівнів експресії генів транскрипційних факторів у різних органах *Deschampsia antarctica* використали клонування, сиквенування та біоінформатичний аналіз нуклеотидних послідовностей. Для аналізу експресії генів провели пошук гомологічних прочитань (рідів), знайдених в архівах даних сиквенування РНК *D. antarctica* (short read archive, SRA). Окрім цього, дослідили стабільності експресії референтних генів *D. antarctica* для кПЛІР.

Довжина нуклеотидних послідовностей клонованих генів становила для *DaDREB2B* – 2902 п.н, *DaCBF4* – 935 п.н, *DaDREB2A* – 1437 п.н. При порівнянні експресії *DaDREB2B*, *DaCBF4*, *DaDREB2A* та 6 послідовностей генів *D. antarctica*, знайдених в Genbank, встановлено що рівень експресії генів факторів транскрипції був значно менший за рівень експресії інших генів. Найвищі рівні експресії досліджуваних генів були характерними для тканин суцвіття. Причиною цього є функції цих тканин. Тканини листків, кореневої шийки та коренів мали нижчі рівні експресії досліджуваних генів. Показники експресії, отримані нами за допомогою аналізу даних сиквенування РНК, збігаються з даними про тканино-специфічну експресію цих генів *D. antarctica*, отриманими іншими дослідниками. В тканинах досліджених органів рослин *D. antarctica* найбільш стабільно експресуються гени *bTUB*, *Act2*, *aTUB*, *UBQ2* та *Act1*. Отримані данні свідчать про ефективність обраного методу для вивчення експресії генів а також підбору референтних генів.

Кваліфікаційна робота викладена на 51 сторінці, ілюстрована 4 таблицями та 11 рисунками. Список використаних джерел включає 53 роботи.

Ключові слова: транскрипційні фактори, short read archive, *Deschampsia antarctica*