

## A DIPLOMADOLGOZAT TARTALMI KIVONATA

### **A hőindukált GUT15/CR20 lncRNS család vizsgálata bioinformatikai módszerekkel**

**Gál Nóra**

Mezőgazdasági biotechnológus Msc, levelező tagozat

Genetikai és Biotechnológia Intézet, Növénybiotechnológia tanszék

*Belső témavezető: Dr. Csorba Tibor Levente, csoportvezető, tudományos főmunkatárs csoportvezető, Genetika és Biotechnológia Intézet, Növénybiotechnológia tanszék,*

*Növényi Stresszbiológia csoport*

Míg korábban úgy vélték, hogy a hosszú nem-kódoló RNS-ek (lncRNS-ek) csak transzkripcionális melléktermékek, mára egyre több lncRNS-ről bizonyosodik be, hogy szabályozott módon keletkezik és jól meghatározott funkciója van. Mivel azonban az lncRNS-ek vizsgálata konzerváltságuk hiánya miatt kihívást jelent, egy olyan vizsgálati eszköztárra van szükség, mely alkalmas a funkcionális kandidánsok kiválasztására.

Munkánk során egy részben konzervált, HCR (Highly Conserved Region) régiót tartalmazó lncRNS családot vizsgálunk bioinformatikai módszerekkel.

Eredményeink alapján a HCR-ek jellemzően legalább két kópiában vannak jelen a zárwatermőkban, és – míg maga a HCR rendkívül konzervált – környezetük diverzitást mutat. Ezek alapján valószínűsíthető, hogy a GUT15/CR20 gének biológiai funkciója a HCR régióhoz kötődik és annak struktúrája révén valósul meg. A HCR régió magas fokú konzerváltsága arra enged következtetni, hogy a zárwatermők őséiben jelent meg egy alkalommal, konzerválódott, és a zárwatermő életmódhoz kötött ősi funkciót lát el.

Ezek fényében a jövőben kísérletet fogunk tenni a konzervált szerkezet és a funkció kapcsolatának meghatározására, illetve a lehetséges (fehérje)partnerek azonosítása révén pedig a pontos funkció meghatározására, ezzel elősegítve a magas hőmérsékleti stressz során betöltött funkciójuk megértését.

A munkafolyamat melyet a munkánkban alkalmaztunk, a jövőben alkalmas lehet más lncRNS-ek vizsgálatára is ezzel elősegítve ezek funkciójának jobb megértését.