

Pētniecības pieteikuma vienošanās Nr. *1.1.1.2/VIAA/1/16/094*

**Pusgada populārzinātnisks pārskats (1.09.2018.-28.02.2019.) par projekta īstenošanas gaitu  
“Transponējamo elementu variāciju izpēte parastās priedes (*Pinus sylvestris* L.) gēnu rajonos”**

Trešā pusgada laikā sāku veidot molekulāros marķierus atrasto polimorfismu validēšanai. Darba gaitā atklāju ievērojamas kļūdas *P.taeda* v.2.0. gēnu anotācijā, par ko informēju atbildīgos autorus. Iegūtie rezultāti liecina, ka priedes references genomu kvalitāte un gēnu anotācija joprojām ir zemā līmenī, ko atdzīst arī citi nozares pētnieki. Lai turpināt darbu un novērst kļūdas, izveidoju savu genoma anotāciju, pēc iespējas, samazinot analizējamo gēnu kopu. Izanalizējot pieejamo zinātnisko literatūru un veicot testus, izstrādāju pieeju anotācijas iegūšanai, izmantoju RTU HPC pakalpojumus intensīvās skaitļošanas veikšanai. Iepriekš izstrādātais analīzes algoritms ļāva ātri pāranalizēt priedes gēnu flankējošos rajonus. Iegūtie rezultāti apstiprina iepriekš iegūtus datus, tomēr skaitliski gēnu un saistīto atkārtojumu ir mazāk. Daļa no iepriekš iegūtiem datiem ir korekta un tā var tikt izmantota. Piemēram, atklāju ļoti perspektīvu tālākai izpētei *NPRI* gēnu tīklu. *NPRI* proteīns ir zināms kā centrālais augu sistēmiskās aizsardzības regulators, kurš ir iesaistīts salicilskābes signāla pārnēsē un gēnu ekspresijas regulēšanā. *NPRI* gēna homologam priedes genomā atradu mobila elementa atkārtojuma daļu, kas lokalizējās tā intronā. Nav zināms, vai mobilais elements atrodas pilnā garumā, jo sekvenca references genomā ir maskēta. Turklāt, šī tipa atkārtojums ir atrodams arī vairāku citu gēnu intronos, un šie gēni ir iesaistīti augu aizsardzības atbildes veidošanā. Turpmāk atrasto pārkārtojumu ir nepieciešams validēt praktiski, izmantojot molekulārās metodes. Tika izveidota DNS marķieru kolekcija šī mērķa īstenošanai.

Piedalījos VII Baltijas Ģenētikas kongresā, kas norisinājās Rīgā 2018. gada 24.-26. oktobrī. Uzstājos ar referātu 26.10. II. sekcijā. Referāta nosaukums: “Evaluation of gene networks formed by presence of similar transposable elements in gene flanking regions and introns”, autori: Angelika Voronova, Martha Rendon, Par Ingvarsson, Dainis Ruņģis. Referāta tēzes tika publicētas žurnālā “*Environmental and Experimental Biology*” (2018) vol. 16(3): 275. ISSN 1691-8088. Piedalījos mediju treniņā 2018. gada 18. decembrī, kurš tika organizēts Izglītības un zinātnes ministrijas īstenotā projekta Nr.: 1.1.1.5/17/I/002 “Integrētie nacionālā līmeņa pasākumi Latvijas pētniecības un attīstības interešu pārstāvības stiprināšanai Eiropas pētniecības telpā” ietvaros. Sagatavots un publicēts populārzinātnisks raksts “Silavas Zīlei” nr. 2018-2(8): 2 lpp. “Gēnus regulējošo sekvenču izpēte priedes genomā”. Tika sagatavota un iesniegta recenzijai zinātniskā publikācija “Retrotransposon expression in response to *in vitro* inoculation with two fungal pathogens of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.)” žurnālam *Mobile DNA*.

Sagatavoja: Angelika Voronova.