

АНОТАЦІЯ

Створено лінії рослин, трансформованих генетичною конструкцією на основі плазмідної ДНК, яка містить ділянку Т-ДНК агробактерії з послідовностями генів α та β субодиниць проліл-4-гідроксилази та селективний ген *Bar*.

На першому етапі роботи було створено рекомбінантні плазмідні вектори, які несуть гени субодиниць α і β проліл-4-гідроксилази, та після клонування в *E. coli* отримано Ті-плазмідні з відповідними трансгенами, якими трансформовано *A. tumefaciens*. Після чого проведено трансформацію рослин *N. benthamiana* за допомогою *A. tumefaciens*, що було підтверджено хімічною селекцією на фосфінотрицині, та молекулярно-біологічним аналізом за допомогою ПЛР на ген *Bar*.

За допомогою схрещування та в результаті котрансформації обома трансгенами отримано лінії рослин, що містять гени обох субодиниць проліл-4-гідроксилази, що було підтверджено ПЛР-аналізом на відповідні гени.

Створення трансгенних рослин *N. benthamiana*, які мають у своїх клітинах проліл-4-гідроксилазну активність, дає можливість отримати адаптовані продуценти для синтезу колагену в рослинній системі.

Кваліфікаційна робота викладена на 50 сторінках; ілюстрована 11 таблицями та 17 рисунками. Список використаних джерел включає 45 робіт.

Ключові слова: *Nicotiana benthamiana*, трансгени, проліл-4-гідроксилаза, агробактеріальна трансформація, хімічна селекція, полімеразна ланцюгова реакція.

Цемко Д.С.

