

**Структурно-функциональная организация митохондриальных геномов у аллоплазматических линий подсолнечника с различными типами ЦМС****Научный руководитель – Усатов Александр Вячеславович****Макаренко Максим Станиславович**

Аспирант

Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Дмитрия Иосифовича Ивановичского, Кафедра генетики, Ростов-на-Дону, Россия

E-mail: mcmakarenko@yandex.ru

Митохондриальной ДНК (мтДНК) растений имеет высокую частоту рекомбинаций. Одним из следствий этого феномена является возникновение новых открытых рамок считывания в мтДНК, что часто приводит к цитоплазматической мужской стерильности (ЦМС) растений. ЦМС - наиболее коммерчески востребованные мутации, широко используемые в гибридном производстве сельскохозяйственных культур.

Методом высокопроизводительного параллельного секвенирования (NGS) были получены нуклеотидные последовательности ДНК и проведена сборка *de novo* митохондриальных геномов у фертильной линии подсолнечника НА89 и двух стерильных линий аналогов НА89(РЕТ1) и НА89(РЕТ2) из коллекции ВИР. В качестве образца сравнения использовали последовательность мтДНК фертильной линии НА412 подсолнечника из базы данных NCBI (NC\_023337.1).

Сравнительный анализ мтДНК двух фертильных линий подсолнечника НА89 и НА412 выявил только две однонуклеотидные инсерции в геноме линии НА89. Однако, структура мтДНК стерильных аналогов НА89 (РЕТ1, РЕТ2) существенно отличалась от своего фертильного аналога. В митохондриальном геноме ЦМС линии НА89 (РЕТ1) были выявлены крупные аберрации: инверсия участка размером 11852 п.н., инсерция 4732 п.н. и делеция 451 п.н. Результатом перестроек является возникновение двух новых открытых рамок считывания - *orf306* и *orfH522*. Экспрессия *orfH522* приводит к ЦМС типа РЕТ1. В митохондриальном геноме НА89(РЕТ1) также были выявлены незначительными изменениями структуры ДНК, представленные 17 вариантными сайтами, среди которых: 8 SSR полиморфизмов, 7 SNP и 2 делеции (1-2 п.н.).

В митохондриальном геноме ЦМС линии НА89 (РЕТ2) также были выявлены крупные перестройки: две делеции 711 и 3780 п.н. и четыре инсерции 1165, 5037, 6097 и 8233 п.н. Результатом перестроек является дупликация гена *atp6*, а также возникновение новых открытых рамок считывания - *orf228*, *orf246*, *orf645*, *orf2565*. Молекулярной причиной ЦМС у цветковых растений чаще всего является химерный белок, имеющий в своем составе трансмембранный домен, подобный субъединицам АТФ синтетазы. Исходя из этого, можно предположить, что влияние *orf645* и *orf2565* на возникновение ЦМС фенотипа маловероятно. Напротив, *orf228* и *orf246* кодируют полипептиды с трансмембранными доменами гомологичные 9 субъединице АТФ синтетазы, связи с этим *orf228* и *orf246* скорее всего являются причиной возникновения ЦМС типа РЕТ2. Сравнительный анализ мтДНК фертильной линии НА89 и ЦМС линии НА89(РЕТ2) выявил 80 вариантных сайтов, среди которых 1 делеция (1 п.н.), 12 инсерций (1-29 п.н.), 12 SSR полиморфизмов и 55 SNP.

В результате всех выявленных мутационных изменений в мтДНК ЦМС линий НА89(РЕТ1) и НА89(РЕТ2) размер митохондриальных геномов составляет 305217 и 316587 п.н., соответственно, что превышает на 4270 и 15640 п.н. соответствующий показатель фертильного аналога линии НА89.

Результаты получены в рамках выполнения государственного задания Минобрнауки России, проект № 6.929.2017/4.6, на оборудование ЦКП «Высокие технологии» Южного федерального университета.