

**Сравнительный анализ уровня экспрессии хлоропластных и митохондриальных генов у фертильной линии подсолнечника НА89 и ее аллоплазматического аналога ЦМС линии ANN2 в листовой и цветковой тканях**

**Научный руководитель – Усатов Александр Вячеславович**

**Хачумов Владимир Артурович**

*Аспирант*

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

*E-mail: rost1993ov@gmail.com*

Цитоплазматическая мужская стерильность является распространённым фенотипическим проявлением нарушения ядерно-цитоплазматического взаимодействия у высших растений. Подобные явления могут оказывать влияние на уровень экспрессии генов и, как правило, ассоциированы с дефектами в митохондриальном геноме [1].

Целью работы является сравнительный анализ уровня экспрессии хлоропластных (*psaA*, *psbA*, *atpA*, *atpB*, *atpC*, *ndhA*, *rbcL*, *rbcS*, *ycf2*) и митохондриальных (*atp1*, *atp4*, *nad3*, *coxI*, *coxIII*) генов, кодирующих субъединицы белковых комплексов пластид (фотосистемы I и II, АТФ-синтаза, NADH-дегидрогеназа, РБФК/О и др.) и митохондрий (АТФ-синтаза, NADH-дегидрогеназа, цитохром с-оксидаз), находящихся под двойным ядерно-цитоплазматическим контролем.

Материалом исследования служили фертильная линия НА89 и ее аллоплазматический ЦМС аналог ANN2 из коллекции Всероссийского института растениеводства им. Н.И. Вавилова. ЦМС линия получена на основе однолетнего *H. annuus* (ANN2) вида рода *Helianthus* L.

Растения выращивали в камере для роста растений при температуре 26 °С, 70 % влажности воздуха и 14 часовом суточном освещении. РНК выделяли из листовой ткани на стадии 3-4 пары листьев растений и из трубчатых цветков в начале фазы цветения.

В результате было показано, что в листовой ткани уровень экспрессии генов *rbcS*, *nad3*, *coxI* и *coxIII* у ЦМС линии был существенно выше, чем у фертильной линии (в 3,12 ± 0,23 раза; 4,29 ± 0,32; 4,29 ± 0,43 и в 9,40 ± 1,20 раза соответственно). Отмечено снижение уровня экспрессии генов *psaA*, *psbA*, *ndhA*, *ycf2* и *atp4* у ЦМС линии относительно фертильной линии (в 3,03 ± 0,18 раза; 4,29 ± 0,26; 3,18 ± 0,26; и в 2,70 ± 0,24 раза соответственно). Для остальных генов в листовой ткани существенных отличий выявлено не было.

В цветковой ткани уровень экспрессии генов *atpA*, *atpB*, *ndhA*, *ycf2*, *atp1* и *coxIII* у линии ЦМС-ANN2 был существенно выше, чем у фертильной линии (в 2,49 ± 0,19 раза; 2,76 ± 0,21; 5,07 ± 0,37; 2,15 ± 0,14; 2,99 ± 0,12 и в 2,98 ± 0,36 раза соответственно). У ЦМС линии отмечено снижение экспрессии генов: *atp4*, *nad3* и *coxI* (в 1,92 ± 0,21 раза; 4,04 ± 0,38 и в 2,44 ± 0,32 раза соответственно). Для остальных генов в цветковой ткани существенных отличий между исследуемыми линиями выявлено не было.

Таким образом, в ЦМС линии активность митохондриальных генов *nad3* и *coxI* повышена в листовой ткани и понижена в цветковой. Митохондриальный ген *coxIII* отмечен повышением транскрипционной активности и в листовой, и в цветковой ткани у ЦМС линии.

Работа выполнена в рамках проектной части государственного задания МОН РФ, проект № 6.929.2017/4.6.

**Источники и литература**

- 1) Hu J. et al. Comparative transcript profiling of alloplasmic male-sterile lines revealed altered gene expression related to pollen development in rice (*Oryza sativa* L.) //BMC plant biology. – 2016. – V. 16, № 1. – P. 175.