

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ И НАУКИ
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное
учреждение высшего образования
«ЮЖНЫЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

Академия биологии и биотехнологии им. Д.И. Ивановского

ЦКП «Высокие технологии»

ГЕНЕТИКА – ФУНДАМЕНТАЛЬНАЯ ОСНОВА ИННОВАЦИЙ В МЕДИЦИНЕ И СЕЛЕКЦИИ

Материалы
Научно-практической конференции с международным участием
(Ростов-на-Дону, 2–4 ноября 2017 г.)

Ростов-на-Дону – Таганрог
2017

ББК 28.04я43

Г34

*Конференция поддержана Российским фондом фундаментальных исследований:
«Проект организации Научно-практической конференции с международным участием
«Генетика – фундаментальная основа инноваций в медицине и селекции"»
(проект № 17-04-20580)*

Главные редакторы:

доктор биологических наук, профессор *Т. П. Шкурат*;
доктор биологических наук, профессор *А. В. Усатов*;
доктор технических наук, профессор *А. Е. Панич*

Редакционная коллегия:

доктор биологических наук, профессор *М. М. Асланян*;
доктор биологических наук, профессор *А. М. Менджерский*;
доктор биологических наук, профессор *Е. В. Машкина*;
доктор биологических наук *В. А. Чистяков*

Г34

Генетика – фундаментальная основа инноваций в медицине и селекции : материалы Научно-практической конференции с международным участием (Ростов-на-Дону, 2–4 ноября 2017 г.) / Южный федеральный университет ; [гл. ред.: Т. П. Шкурат, А. В. Усатов, А. Е. Панич]. – Ростов-на-Дону ; Таганрог : Издательство Южного федерального университета, 2017. – 158 с.

ISBN 978-5-9275-2542-3

Конференция широко известна и очень популярна как в российских научных кругах (Москва, Санкт-Петербург, Новосибирск, Ростов-на-Дону, Краснодар, Ставрополь, Томск, Красноярск, Челябинск, Казань), так и среди ученых ближнего и дальнего зарубежья (Беларусь, Украина, Армения, Казахстан, Германия, США). В конференции традиционно принимают участие более 300 научных сотрудников и студентов, специалистов в области генетики, фармакогенетики, селекции, биотехнологии.

В настоящем сборнике представлены результаты исследований по клинической генетике и персонализированной медицине, организации генома и биоинформатике, клеточным и геномным технологиям, генетическим основам биотехнологии и селекции.

УДК 575(063)

ББК 28.04я43

ISBN 978-5-9275-2542-3

© Южный федеральный университет, 2017

СТРУКТУРНЫЕ ПЕРЕСТРОЙКИ МИТОХОНДРИАЛЬНОГО ГЕНОМА У АНАЛОГОВ ЛИНИИ НА89 ПОДСОЛНЕЧНИКА С РАЗЛИЧНЫМИ ТИПАМИ ЦМС

М.С. Макаренко¹, М.Д. Логачева², А.В. Усатова¹, К.В. Азарин¹, А.А. Ковалевич¹

¹Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Д.И. Ивановского, 344090, Российская Федерация, г. Ростов-на-Дону, пр. Стачки, 194/1

²Институт физико-химической биологии им. А.Н. Белозерского, Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

E-mail: usatova@mail.ru

Для митохондриальной ДНК (мтДНК) растений характерна высокая интенсивность рекомбинаций [1]. Одним из следствий этого феномена является возникновение новых открытых рамок считывания в мтДНК, что часто приводит к цитоплазматической мужской стерильности (ЦМС). ЦМС – наиболее коммерчески востребованные мутации, широко используемые в гибридном производстве сельскохозяйственных культур.

Методом высокопроизводительного параллельного секвенирования (NGS) впервые были получены нуклеотидные последовательности ДНК и проведена сборка *de novo* митохондриальных геномов у четырех аллоплазматических линий НА89 подсолнечника из коллекции ВИР – фертильной и трех стерильных РЕТ1, РЕТ2, ANN2. В качестве образца сравнения использовали последовательность мтДНК фертильной линии НА412 подсолнечника из базы данных NCBI (NC_023337.1).

Сравнительный анализ митохондриальной ДНК двух фертильных линий подсолнечника НА89 и НА412 не выявил различий. Однако структура мтДНК стерильных линий НА89 (РЕТ1, РЕТ2, ANN2) существенно отличалась от своего фертильного аналога. В митохондриальном геноме линии подсолнечника на основе ЦМС типа РЕТ1 были выявлены крупные aberrации: инверсия участка 12,1 т.п.н. и инсерция 4,7 т.п.н. Данные полногеномного секвенирования согласуются с данными, полученными ранее с помощью рестрикционного анализа [2]. В митохондриальном геноме линии подсолнечника на основе ЦМС типа РЕТ2 также были выявлены крупные перестройки: две делеции (0,9 и 3,8 т.п.н.), две инсерции (5 и 7,5 т.п.н.) и транспозиция участка около 5,5 т.п.н. Важно отметить, что выявленная транспозиция включает участок гена *atpB* и, вероятнее всего, приводит к появлению химерного гена, что может быть причиной возникновения ЦМС типа РЕТ2 у подсолнечника. Наибольшее количество перестроек в мтДНК было обнаружено у стерильной линии НА89 (ANN2), а именно: 7 делеций, 12 транслокаций, 5 инсерций. Размер 5 из 7 обнаруженных делеций был в пределах 300–700 п.н., а остальные 2 отличались большим размером делетированного участка – 3,8 и 4,8 т.п.н. Интересно отметить, что делеция 3,8 т.п.н., локализованная в межгенном регионе *cob-ccmFс*, оказалась схожей для двух типов ЦМС – ANN2 и РЕТ2. Размер выявленных инсерций составил 0,4; 0,6; 1,4; 3,8; 10,6 т.п.н. Большая часть выявленных транслокаций и делеций в мтДНК у стерильной линии НА89 (ANN2) связана с некодирующими регионами. Однако локализация мутаций в мтДНК, приводящих к ЦМС типа ANN2, требует дополнительного анализа, что и станет целью нашего дальнейшего исследования.

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

ЛИТЕРАТУРА

1. Liu H., Cui P., Zhan K. et al. Comparative analysis of mitochondrial genomes between a wheat K-type cytoplasmic male sterility (CMS) line and its maintainer line // BMC Genomics. 2011. Vol. 12. DOI 10.1186/1471-2164-12-163.
2. Kohler R.H., Horn R., Lossl A., Zetsche K. Cytoplasmic male sterility in sunflower is correlated with the co-transcription of a new open reading frame with the *atpA* gene // Molecular & General Genetics. 1991. Vol. 227. P. 369–376.