

СТРУКТУРА МИТОХОНДРИАЛЬНОГО ГЕНОМА У АЛЛОПЛАЗМАТИЧЕСКИХ ЛИНИЙ ПОДСОЛНЕЧНИКА С РАЗЛИЧНЫМИ ТИПАМИ ЦМС

М. С. Макаренко¹, А. В. Усатов¹, В. А. Гаврилова²

¹Академия биологии и биотехнологии им. Д.И. Ивановского Южного федерального университета, Ростов-на-Дону, Россия, e-mail: mcmakarenko@yandex.ru

²ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н. И. Вавилова», Санкт-Петербург, Россия

THE MITOCHONDRIAL GENOME ORGANIZATION IN ALLOPLASMATIC LINES OF SUNFLOWER WITH VARIOUS TYPES OF CMS

M. S. Makarenko¹, A. V. Usatov¹, V. A. Gavrilova²

¹Academy of biology and biotechnology after D.I. Ivanovsky, Southern Federal University, Rostov-on-Don, Russia, e-mail: mcmakarenko@yandex.ru

²Federal State Budgetary Scientific Institution Federal Research Center the N. I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia

Сегодня в коммерческом производстве семян подсолнечника доминируют гетерозисные гибриды, полученные на основе ЦМС типа PEF1. Этот тип ЦМС обусловлен изменениями в структуре мтДНК, которые уже хорошо изучены. Исследование и внедрение новых типов ЦМС в селекционный процесс подсолнечника позволит избежать генетической однородности цитоплазмона, которая может привести к различным негативным эффектам, например к массовым эпифитотиям, с которыми столкнулись селекционеры у гибридов кукурузы с техасским типом ЦМС. Таким образом, наше исследование носит как фундаментальный, так и в ближайшей перспективе прикладной характер.

Методом высокопроизводительного параллельного секвенирования (NGS) нами были получены нуклеотидные последовательности ДНК аллоплазматических линий подсолнечника из коллекции ВИР с тремя типами ЦМС – HA89 (PEF1), HA89 (PET2) и HA89 (ANN2) и проведена сборка *de novo* их митохондриальных геномов.

По сравнению с референсным митохондриальным геномом фертильной линии HA412 подсолнечника из базы данных NCBI (NC_023337.1) у исследованных образцов в мтДНК были выявлены перестройки в виде: делеций, инсерций, инверсий и транслокаций. Наименьшее количество перестроек было обнаружено в мтДНК аналога HA89 (PET2): делеция около 3900 п.н. в межгенном регионе *cob-ccmFc*, инсерция около 5000 п.н. между генами *atp6* и *cox2*. Предположительно обнаруженная вставка и является причиной ЦМС типа PET2. В митохондриальном геноме HA89 (PEF1) были выявлены: делеция 230 п.н. в межгенном регионе *cob-ccmFc*, инсерция около 4700 п.н. между генами *orf873* и *atp1*, а также инверсия участка в 12,1 т.п.н., включающего как некодирующий регион, так и кодирующие участки - ген *ccmFc* и часть гена *orf873*. Важно отметить, что в выявленной у HA89 (PEF1) инсерции имеется открытая рамка считывания *orfH522*, ассоциированная с несколькими типами ЦМС, включая и распространённый – PEF1. Наибольшее количество перестроек в мтДНК обнаружили у HA89 (ANN2): 4 делеции, 5 транслокаций, 2 небольших инсерции (1-2 т.п.н.) и две инсерции размером около 3800 и 10000 п.н., соответственно. Большая часть выявленных транслокаций и делеций в мтДНК, связана с некодирующими регионами. Однако точная 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 оборудовании ЦКП «Высокие технологии» Южного федерального университета.