

Особенности структурно-функциональной организации геномов хлорофилл-дефицитных мутантов подсолнечника с внеядерным типом наследования

Научный руководитель – Усатов Александр Вячеславович

Ковалевич А.А.¹, Губайдуллина А.М.²

1 - Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Дмитрия Иосифовича Ивановского, Кафедра генетики, Ростов-на-Дону, Россия, *E-mail: nightmare9606@gmail.com*; 2 - Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Дмитрия Иосифовича Ивановского, Кафедра генетики, Ростов-на-Дону, Россия, *E-mail: gubaydullina.s@mail.ru*

Хлорофилл-дефицитные мутанты типа *chlorina* являются хорошей моделью для изучения механизмов как ретроградной сигнализации у растений, так и синтеза пигментных и белковых компонентов фотосинтетического аппарата. На сегодняшний день лишь единичные работы посвящены изучению хлорофильных мутантов с внеядерным типом наследования. Целью работы было изучение структурно-функциональной организации геномов хлорофилл-дефицитных мутантов подсолнечника с внеядерным типом наследования.

Объектами нашего исследования служили растения подсолнечника (*Helianthus annuus*): исходной инбредной линии 3629, а также мутантные линии *en:chlorina* - 1, 6, 7, 8, с внеядерным типом наследования мутации, полученной из исходной линии с помощью индуцированного нитрозометилмочевинной мутагенеза. Методом высокопроизводительного параллельного секвенирования (NGS) были полученные данные о полной нуклеотидной последовательности хлоропластной ДНК объектов исследования.

Сравнительный анализ хлоропластных геномов мутантных линии *en:chlorina* с линией 3629 показал отсутствие крупных перестроек. Но были локализованы однонуклеотидные замены уникальные для каждой мутантной линии. Всего было обнаружено 17 полиморфных сайтов. Мутации были как в межгенных областях - 5 SNP, так и в хлоропластных генах - 12 SNP, в то числе 5 синонимичных и 7 несинонимичных мутаций. В генах *ndhD* (*en:chlorina-1*), *rps3* (*en:chlorina-6*), *rpoA*, *rps11*, *ycf1* (*en:chlorina-7*), мутации не привели к изменению транскрибируемой последовательности. Несинонимичные мутации были локализованы у линии *en:chlorina-1* в гене *psaB* (*Thr586Ile*), у *en:chlorina-6* в генах *psaB* (*Gly385Glu*), *ndhA* (*Ala141Val*), *ndhA* (*Thr356Ile*), у *en:chlorina-7* в генах *rpoB* (*Ser138Leu*), *psaA* (*Thr528Ile*), *psbB* (*His157Tyr*) .

Мутантный фенотип изученных линий наиболее вероятно связан с изменениями в генах *psaA*, *psaB*, *psbB*, кодирующих белки, необходимые для функционирования фотосистемы I (ФС I) и фотосистемы II (ФС II). Можно предположить, что мутантные белки реакционных центров ФС, способны повлиять на содержание хлорофиллов. Менее вероятно, что локализованные мутации в генах *ndhA* (субъединица оксидоредуктазы хинона хлоропластов) и *rpoB* (β -субъединицы РНК полимеразы) приводят к хлорофилл-дефицитному фенотипу у растений.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ, проект №18-34-00659.