

**Особенности организации митохондриальных геномов ЦМС линий
подсолнечника (*Helianthus annuus* L.)****Научный руководитель – Усатов Александр Вячеславович***Макаренко М.С.¹, Казанцев М.Ю.²*

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

Цитоплазматическая мужская стерильность (ЦМС) растений, как правило, вызвана нарушениями в структуре митохондриальной ДНК (мтДНК). На сегодняшний день у подсолнечника обнаружено более 70 типов ЦМС, однако только для двух из них выявлены специфичные реорганизации мтДНК, связанные с ЦМС фенотипом. Цель работы определить особенности структурно-функциональной организации митохондриальных геномов у фертильной линии НА89 и ее ЦМС аналогов на основе однолетних (РЕТ1, РЕТ2 - *H. petiolaris*, ANN2 - *H. annuus*) и многолетнего (МАХ1 - *H. maximilliani*) видов рода *Helianthus* L.

С помощью данных высокопроизводительного секвенирования проведена сборка *de novo* и аннотация митохондриальных геномов у фертильной линии подсолнечника НА89 и стерильных линий-аналогов: НА89(РЕТ1), НА89(РЕТ2), НА89(ANN2), НА89(МАХ1) из коллекции ВИР.

Структура мтДНК ЦМС линий подсолнечника существенно отличалась от своего фертильного аналога. Полногеномное секвенирование позволило локализовать в мтДНК ЦМС линии НА89(РЕТ1) инверсию (11852 п.н.), инсерцию (4732 п.н.), делецию (451 п.н.), 8 SSR, 7 SNP, 2 INDEL. Изменения структуры мтДНК НА89(РЕТ1) привели к возникновению 2-х ОРС: *orf306* и *orfH522*. В митохондриальном геноме ЦМС линии НА89(РЕТ2) были выявлены следующие мутации: 2 транспозиции (27,5 и 106,5 т.п.н.), 2 делеции (711 и 3780 п.н.), 2 инсерции (5050 и 15885 п.н.), 14 SSR, 55 SNP, 13 INDEL. В результате обнаруженных изменений в мтДНК НА89(РЕТ2) оказался делетирован ген *orf777*, дуплицирован ген *atp6* и возникли 4-е ОРС: *orf228*, *orf285*, *orf645*, *orf2565*. В мтДНК ЦМС линии НА89(МАХ1) была локализована транспозиция (110 т.п.н.), 4 делеции (439, 978, 3183 и 14296 п.н.), 3 инсерции (1999, 5272 и 6583 п.н.), 18 SSR, 230 SNP и 29 INDEL. Эти реорганизации мтДНК НА89(МАХ1) привели к делеции гена *orf777* и возникновению 4-х ОРС: *orf306*, *orf480*, *orf645*, *orf1287*. Наибольшее число изменений структуры мтДНК идентифицировано у НА89(ANN2), а именно: 12 транспозиций, 9 делеций, 7 инсерций, 17 SSR, 288 SNP и 35 INDEL. В результате мутаций в мтДНК НА89(ANN2) оказался делетирован ген *orf777*, произошла дисфункция генов *atp6* и *nad6*, и возникли ОРС: *orf324*, *orf327*, *orf345*, *orf558*, *orf891*, *orf933*, *orf1197*.

В большинстве случаев причиной возникновения ЦМС у цветковых растений являются митохондриальные химерные белки, содержащие один или несколько трансмембранных доменов, гомологичные субъединицам АТФ-синтазы или белкам ассоциированными с дыхательной цепью переноса электронов. Исходя из этого, мы проанализировали полипептиды, кодируемые ОРС в мтДНК ЦМС линий, на наличие трансмембранных доменов, а также оценили степень их гомологии с другими митохондриальными белками. Проведенный биоинформатический анализ полипептидов позволяет предположить, что ЦМС

типа РЕТ2 непосредственно связана с *atp9*-химерными генами *orf 228* и *orf 285*, ЦМС типа МАХ1 - с *atp6*-химерным геном *orf 1287*, ЦМС типа АНН2 - с *atp6*-химерным геном *orf1197*.

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