

УДК 578.5:578.89

И. Э. Рубель, магистрант; О. Ю. Баранов, канд. биол. наук, доц.;  
С. В. Пантелеев, канд. биол. наук; О. А. Разумова, канд. биол. наук<sup>1</sup>;  
В. А. Гуцин, канд. биол. наук; В. В. Макаров, канд. биол. наук<sup>2</sup>.

(1- Институт леса НАН Беларуси, г. Гомель;

2 - НИИ ФХБ им. А. Н. Белозерского МГУ им. М.В.Ломоносова, г. Москва)

### **МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ВИРУСОПОДОБНЫХ ЭЛЕМЕНТОВ В ГЕНОМЕ ХВОЙНЫХ**

Вирусоподобные генетические элементы, несмотря на утрату инфекционных свойств по сравнению с вирусами, имеют существенное негативное значение для лесного хозяйства, поскольку они могут вызывать различные нарушения структурно-функциональной организации генома растения. Это является причиной возникновения нежелательных фенотипических эффектов. ВГЭ являются также одной из причин возникновения выраженной инбредной депрессии у хвойных.

В данной работе рассматривается разнообразие вирусоподобных генетических элементов хвойных. Данные для последующего анализа и поиска вирусоподобных последовательностей в растительном геноме были получены в результате высокопроизводительного секвенирования на основе полупроводниковой детекции протонов (технология Ion Torrent). Приведены общие сведения о схеме секвенирования по этой технологии. В качестве исходного материала использовались геномные и транскриптомные ДНК- и кДНК-библиотеки сосны обыкновенной и ели европейской. Поиск среди полученных протяженных последовательностей проводился путем сопоставления с записями базы данных GenBank NCBI, с использованием онлайн-программы BLAST. Был аннотирован ряд последовательностей, имеющих сходство с ранее описанными вирусоподобными генетическими элементами. Среди них – ретротранспозоны групп Ty3/gypsy и Ty1/copia, содержащие длинные концевые повторы (LTR) и широко распространенные в геноме ели, а также ретротранспозоны, не содержащие LTR и относящиеся к семейству LINE. Стоит отметить, что все обнаруженные последовательности были уникальными, а большая их часть содержала участки различных генов первичного и вторичного метаболизма хвойных, что может косвенно свидетельствовать об их роли в формировании адаптивной изменчивости растений. Полученные результаты могут представлять интерес для генетики и селекции лесных древесных видов, расширить знания о вирусоподобных генетических элементах хвойных и их значении.