

УДК 630*165.3

О.Ю. Баранов, зав. сектором, канд. биол. наук, доц.;
П.С. Кирьянов, мл. науч. сотр., магистрант;
С.В. Пантелеев, ст. науч. сотр., канд. биол. наук;
В.Е. Падутов, зав. лабораторией, д-р биол. наук, чл.-корр. НАН Б
(Институт леса НАН Беларуси, г. Гомель)

ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ xpДНК КАРЕЛЬСКОЙ БЕРЕЗЫ

Карельская береза – редкая и хозяйственно-важная разновидность березы повислой или пушистой, представляющая собой ценное сырье для лесобрабатывающей промышленности. Характерной особенностью карельской березы является высокодекоративная текстура древесины, напоминающая мрамор с переливами различных оттенков и темными включениями разнообразной формы, получившая мировую известность.

Среди основных вопросов, связанных с промышленным выращиванием карельской березы, рассматривают различные аспекты сохранения и воспроизводства качественных характеристик текстуры древесины у культивируемых растений.

Наследование признака узорчатости в семенном потомстве карельской березы является невысоким и нестабильным, что связано со сложным характером его детерминации. При этом воспроизводство типа текстуры материнских деревьев у сеянцев является практически невозможным. Кроме того, наряду с расщеплением в потомстве по признаку узорчатости, в посадочном материале наблюдается и явно выраженное формирование смеси различных габитуальных форм. В связи с этим, в лесохозяйственной практике различных стран все большее внимание уделяется использованию микроклонально размноженного посадочного материала карельской березы.

Следующим важным аспектом является генетико-селекционная оценка и верификация индивидов карельской березы при промышленном культивировании. Как показывает многолетняя мировая практика, использование ДНК-маркеров является быстрым и точным инструментом в ходе реализации той или иной селекционной программы. ДНК-маркеры позволяют производить: отбор ценного селекционного материала на ранних этапах онтогенеза, подбор родительских пар и анализ системы (в т.ч. и эффективности) скрещивания, что является также весьма существенным. Кроме того, использование ДНК-маркеров позволяет охарактеризовать не только селективируемый признак (ген), но и предоставить информацию о состоянии других генов и генома индивидуума в целом, т. к. для обеспечения жизненных про-

цессов организма необходимо нормальное функционирование большого числа генов.

К настоящему времени в базе данных GenBank представлены более 25 тысяч нуклеотидных последовательностей, относящихся к экспрессируемым и не экспрессируемым областям ДНК берез, что позволяет использовать данную информацию для изучения ряда аспектов по отдельным генам. В тоже время информация о формировании разнообразия карельской березы в существенной степени ограничена. Кроме того, следует отметить, что имеющаяся в базе данных информация отражает изменчивость, представленную лишь небольшим числом индивидуумов и не учитывает географическую изменчивость.

Геномные исследования карельской березы начаты различными группами исследователей, однако к настоящему времени результаты анализа генома являются незавершенными и не опубликованы.

Исходя из всего выше сказанного, целью данной работы явилось с использованием технологии высокопроизводительного секвенирования провести анализ хпДНК, как составной части генома карельской березы.

В ходе секвенирования хпДНК-обогащенной библиотеки *invitro* линии карельской березы (короткоствольная форма) получено 459 259 парноконцевых чтений. Общий объем полученных данных секвенирования равнялся 105,0 миллионов нуклеотидов (показатель качества $Q \geq 20$). Длина прочтения варьировала от 229 до 263 нуклеотидов (среднее 259). Общий размер хпДНК после сборки составил ≈ 160 тыс. п.н.

Проведенная аннотация пластома позволила выявить 134 кодирующих локуса, из которых: 40 – представлены генами тРНК (ассоциированы с 19 типами аминокислот), 8 – гены рРНК (по 2 копии генов 4,5S-, 5S-, 16S-, 23SpРНК), 25 – гены рибосомальных белков (большой и малой субъединиц), 25 – гены белков фотосистемы 1 (11) и 2 (14), 6 – кодируют субъединицы хпАТФазы, 4 – гены РНК-полимеразы, 12 – кодируют субъединицы НАДН-дегидрогеназы, 14 – гены белков с различными функциями (элементы электронно-транспортной цепи, ферменты карбоксилирования и др.).

Полученные результаты будут использованы для филогенетических исследований, анализа структурно-функциональной организации хлоропластного генома и разработки ДНК-маркеров для молекулярно-генетического типирования индивидуальных деревьев и насаждений карельской березы.