

Можаровская Л.В., науч. сотр.;
Разумова О.А., ст. науч. сотр., канд. биол. наук;
Пантелеев С.В., ст. науч., канд. биол. наук;
Баранов О.Ю., зав. сектором, д-р биол. наук
(ГНУ «Институт леса НАН Беларуси», Гомель)

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ СКРИНИНГ ГЕНОВ ЦЕЛЛЮЛОЗОСИНТАЗЫ СОСНЫ ОБЫКНОВЕННОЙ

Целлюлозосинтаза является одним из ключевых ферментов связанных с биогенезом клеточной стенки растений. Идентификация генов детерминирующих целлюлозосинтазу является актуальной задачей для проведения генетико-селекционных мероприятий по признаку длины целлюлозного волокна.

Целью данной работы являлось выявление генов кодирующих целлюлозосинтазу в транскриптоме сосны обыкновенной и проведение их сравнительного анализа. Объектом для проведения исследований являлись, как взрослые деревья (фрагменты одревесневших вегетирующих побегов), так и ювенильные растения (проростки) сосны обыкновенной. Исследование выполнялось на основе технологии высокопроизводительного секвенирования.

В результате проведенных исследований, в транскриптоме сосны обыкновенной идентифицировано пять генов, ассоциированных с биогенезом целлюлозы: *CesA1*, *CesA2*, *CesA3*, *Cs1A1* и *Cs1A2*. Установлено, что гены семейства *CesA* являются паралогами, характеризуются сходной структурно-функциональной организацией, несмотря на высокий уровень различий первичной структуры, выявляемый между некоторыми доменами. Общая структура транслируемых полипептидов CESA-суперсемейства (в N → C направлении) включала Zn-связывающий консервативный домен RING и каталитический домен, состоящий из гипервариабельного региона 1 (HVR1) и гипервариабельного региона 2 (HVR2), фланкируемого высококонсервативными A и B субдоменами, обозначаемыми как CR1 и CR2. Показано, что различия в структурно-функциональной организации генов *Cs1A* от *CesA* связаны с отсутствием области, кодирующей Zn-связывающий домен, при этом первичная структура каталитического центра полипептидов CSLA и CESA является сходной, что также указывает на общность их происхождения.