

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

АНАЛИЗ ПЛАСТОМНЫХ ГЕНОВ КАРЕЛЬСКОЙ БЕРЕЗЫ

Карельская береза является ценным представителем лесной древесной флоры Республики Беларусь, имеющая характерный фенотипический признак – узорчатый рисунок древесины. Изучение генетических аспектов образования особенностей данного растения является ценной информацией для изучения процессов аномального ксилогенеза. Участие фотоассимилятов в процессе формирования узорчатого рисунка и изменение насыщенности проявления признака в зависимости от освещенности места произрастания указывает на причастие хлоропластов в процессе аномального ксилогенеза. Хлоропласт – клеточная органелла имеющая собственную кольцевую ДНК, экспрессия генов которой напрямую влияет на процесс фотоассимиляции растительного организма.

В связи с вышесказанным целью данной работы явилось проведение полногеномного секвенирования хлоропластного генома карельской березы с последующей аннотацией и структурно-функциональным описанием данной молекулы.

В результате проведенных исследований было выявлено 134 кодирующих области причастных к разным функциональным системам (гены фотосистемы 1 и 2, рРНК, тРНК, одиночные гены транскрипционного аппарата и др.). Полная нуклеотидная последовательность хлоропластного генома карельской березы была зарегистрирована в NCBI (National Center for Biotechnology Information), с присвоением идентификационного номера MG966529.1.

В ходе исследований проведен сравнительный анализ с хпДНК филогенетически близких видов – березой повислой, березой карликовой и ольхой черной. Было установлено, что максимальную схожесть с хпДНК карельской березы имеет береза повислая – уровень сходства превысил 99,96%. Выявленные единичные различия в структуре хпДНК относились исключительно к некодирующим областям, включая регионы, содержащие повторяющиеся (микросателлитные) последовательности.