ЛАБОРАТОРИЯ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ГЕНЕТИКИ И ЦИТОГЕНЕТИКИ РАСТЕНИЙ

Сравнительная структурно-функциональная организация генома растений

Изучение структурной организации и эволюции субтеломерных участков хромосом представляет огромный интерес для понимания структурно-функциональной организации генома. Считается, что эти районы отвечают за позиционирование хромосом в интерфазе и оказывают влияние на поведение хромосом в митозе и мейозе.

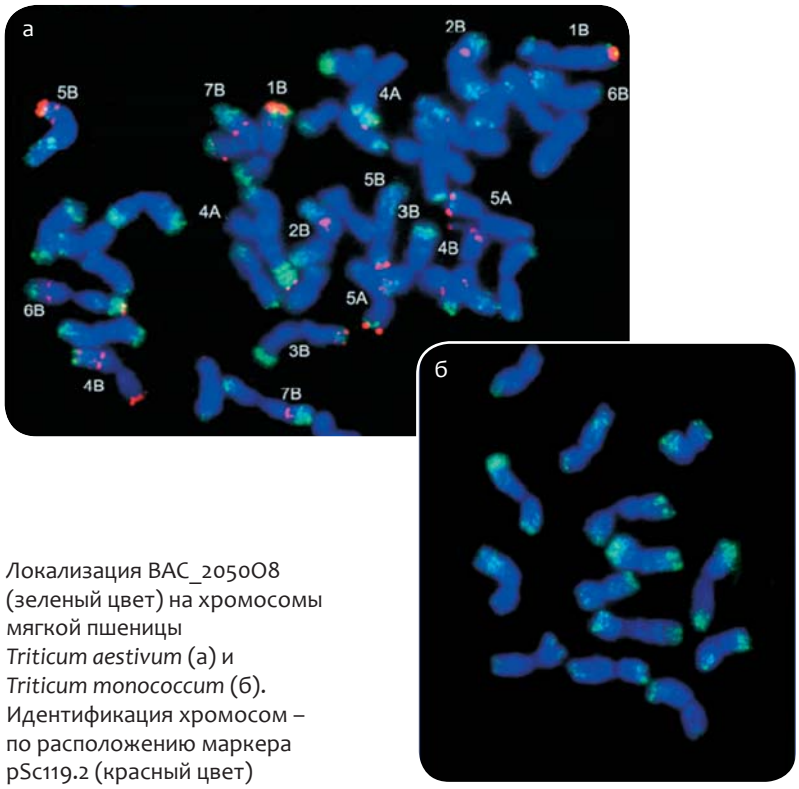
Салина Елена Артемовна
доктор биологических наук,
заведующая лабораторией

Целью исследования являлось изучение структурной организации субтеломерных участков хромосом мягкой пшеницы посредством анализа протяженных участков ДНК в составе BAC (bacterial artificial chromosome) клонов.

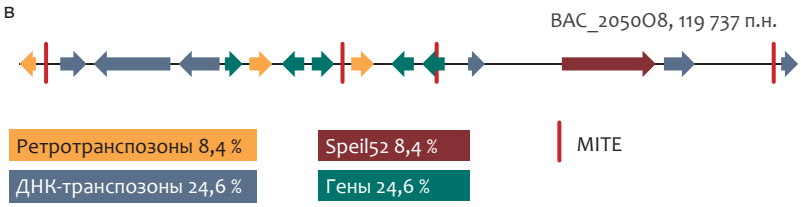
С помощью субтеломерных маркеров Spelt1 и Spelt52, разработанных впервые в лаборатории, были отобраны BAC клоны, локализующиеся на концах хромосом различных видов пшениц (рис. а, б). Анализ нуклеотидной последовательности BAC_2050O8 длиной 119737 п.н., локализованного на конце длинного плеча хромосомы 4B мягкой пшеницы, показал, что в составе BAC_2050O8 преобладают CACTA ДНК-транспозоны (17,5 % от всей длины BAC-клона), наблюдается низкое содержание ретроэлементов (8,4 %) и генов (6,1 %) (рис. в).

Сравнение первичной структуры BAC_2050O8 с ортологичным участком дистального района короткого плеча хромосомы 3 риса показало, что область гомологии ограничивается только 4 кодирующими участками ДНК. Гомологии в межгенных районах протяженностью 22769 п.н. у пшеницы и 3641 п.н. у риса обнаружено не было.

Таким образом, было показано, что субтеломерные районы хромосом пшеницы и ее предшественников содержат помимо экспрессирующих последовательностей ДНК ряд общих повторов, в том числе CACTA ДНК-транспозоны Caspar, которые концентрируются преимущественно в дистальных районах хромосом. Сходство между субтеломерными участками хромосом у более отдаленных видов злаков, пшеницы и риса, ограничивается только кодирующими участками ДНК.



Локализация BAC_2050O8 (зеленый цвет) на хромосомы мягкой пшеницы *Triticum aestivum* (а) и *Triticum monococcum* (б). Идентификация хромосом – по расположению маркера pSc119.2 (красный цвет)



в – структура BAC_2050O8 длиной 119737 п.н. Указаны расположение и содержание мобильных элементов, повторяющихся последовательностей Spelt52 и генов