Расшифровка генома лиственницы генетиками СФУ стала результатом мирового значения

Группа исследователей лаборатории лесной геномики научно-образовательного центра геномных исследований Сибирского федерального университета провела секвенирование, сборку и аннотацию ядерного, митохондриального и хлоропластного геномов сибирской лиственницы — одного из важнейших представителей бореальных хвойных лесов, имеющего важное экономическое и экологическое значение.

Это крупный результат красноярских учёных, достигнутый в рамках мегагранта «Геномные исследования основных бореальных лесообразующих хвойных видов и их наиболее опасных патогенов в Российской Федерации». Ядерные геномы хвойных имеют громадный размер, в 4–9 раз превыщающий геном человека и состоящий на 70–80 % из высокоповторяющихся элементов. Это в значительной степени затрудняет их анализ, и в мире существуют только две команды учёных, сумевших расшифровать геном хвойного дерева.

Секвенирование полных геномов важных биологических видов, для которых ещё не опубликован референсный (эталонный) геном, несмотря на быстрое развитие технологий и их большую доступность, остаётся очень дорогостоящим и трудоёмким. Для проведения таких исследований требуется новейшее специализированное оборудование и реактивы для него, специалисты высокой квалификации как для работы непосредственно с биологическим материалом (лабораторный этап), так и для обработки огромного объёма данных (биоинформатический этап). Проведение подобных исследований для геномов сибирских хвойных стало возможным благодаря полученному в 2014 году мегагранту.

«Сборка геномов хвойных деревьев является сложной задачей, требующей в каждом отдельном случае специально разработанных подходов, как при постановке эксперимента, так и при проведении вычислений. Геном лиственницы состоит из 12 млрд нуклеотидных оснований, что в 4 раза больше генома человека. Большой объём генома и, как следствие, большой объём входных данных, требуемый для получения качественной сборки, становится проблемой для большинства современных программ сборщиков генома (ассемблеров). Нам удалось разработать и реализовать уникальную методику поэтапной сборки генома „по частям“, которая позволяет обойти ограничения современных ассемблеров и получить надёжную сборку генома сибирской лиственницы, соответствующую исходному биологическому материалу. Наша методика позволяет осуществлять относительно быструю сборку очень больших геномов на сравнительно небольших объёмах вычислительных ресурсов» , — сообщил заведующий кафедрой высокопроизводительных вычислений ИКИТ, канд. техн. наук **Дмитрий Кузьмин**, первый автор статьи.

Другой важный результат — расшифровка хлоропластного генома лиственницы сибирской, его сравнение с хлоропластными геномами других хвойных и обнаружение однонуклеотидных полиморфизмов. Ранее результаты этого исследования опубликованы в статье «Siberian larch (Larix sibirica Ledeb.) chloroplast genome and development of polymorphic chloroplast markers».

«Полные эталонные хлоропластные геномы, подобные описанному и изученному нашим коллективом, могут помочь в повторном секвенировании геномов хлоропластов и поиске дополнительных генетических маркеров с использованием выборок популяции. Результаты этого исследования будут полезны для дальнейших филогенетических и генетических исследований хвойных деревьев», — отметила соавтор статьи научный сотрудник лаборатории лесной геномики СФУ **Юлия Путинцева**.

«Короткие прочтения генома лиственницы сибирской были получены с помощью прибора-секвенатора Illumina HiSeq2000. Проведено 7 запусков секвенатора, каждый из которых длился 11 дней. Для поиска белок-кодирующих последовательностей также были секвенированы транскриптомы разных тканей лиственницы сибирской. Для проведения данных исследований потребовалось проведение большой подготовительной работы, начиная с обучения специалистов на мастер-классах и стажировках, закупки реактивов, заканчивая обеспечением секвенатора бесперебойной поставкой электроэнергии» — рассказывает старший научный сотрудник лаборатории лесной геномики СФУ, кандидат биологических наук **Наталья Орешкова**.

«Полученная сборка генома закладывает основу для проведения многих исследований. Её можно использовать для разработки панелей информативных маркеров и создания популяционных баз данных лесных генетических ресурсов для использования в лесном хозяйстве, например, можно контролировать посевной материал для восстановления лесов и использовать те деревья, которые оптимальны для конкретных экологических условий. Геномные данные нужны также для отбора деревьев перспективных для различных лесохозяйственных нужд или селекционной работы, а также для перехода от традиционной селекции к геномной селекции. Такие базы нужны и для идентификации происхождения растительного материала в борьбе с нелегальными рубками и нелегальным оборотом древесины. Помимо прикладных задач в процессе полногеномных исследований также решаются и научные задачи фундаментального характера. Новые знания о геномах хвойных являются фундаментом для последующих исследований эволюционных, биохимических и физиологических процессов в этих организмах. Глубокие знания о структуре генома: экзон-интронной структуре генов, повторяющихся последовательностей и межгенных регуляторных участков позволят понять генетические механизмы регуляции этих процессов, а также эволюцию геномов хвойных, древнейших представителей растительного мира», — сообщил **Константин Крутовский**, руководитель лаборатории лесной геномики и НОЦ геномных исследований Сибирского федерального университета, ведущий научный сотрудник Института общей генетики им. Н. И. Вавилова Российской академии наук, профессор Гёттингенского университета (Германия) и Техасского A&M университета (США).

Под его руководством осуществлялись все этапы данного исследования.

Добавим, столь крупный результат красноярским учёным удалось достигнуть благодаря правительственному мегагранту «Геномные исследования основных бореальных лесообразующих хвойных видов и их наиболее опасных патогенов в Российской Федерации». Результаты исследований опубликованы в авторитетном журнале BMC Bioinformatics в статье «Stepwise large

genome assembly approach: a case of Siberian larch (Larix sibirica Ledeb)». Статья открывает цикл материалов, посвящённых полногеномным исследованиям основных российских хвойных видов.

Пресс-служба СФУ, 18 февраля 2019 г.

© Сибирский федеральный университет. Редакция сайта: +7 (391) 246-98-60, info@sfu-kras.ru.

Адрес страницы: https://news.sfu-kras.ru/node/21369