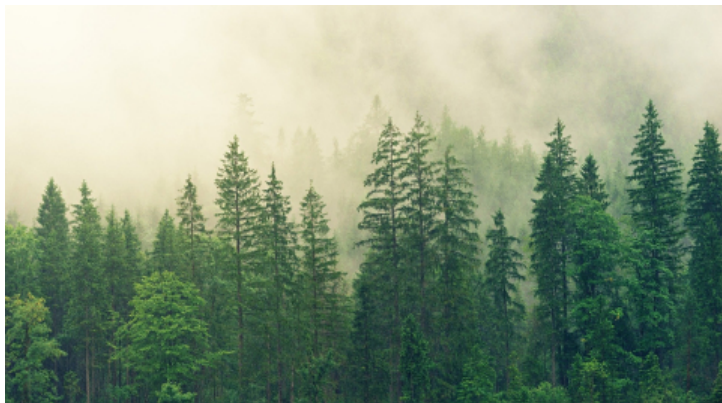


«Тёмная материя» ДНК и другие загадки гигантских геномов хвойных деревьев

Учёные Сибирского федерального университета совместно с израильскими коллегами [разработали](#) оригинальный способ изучения повторов в геноме хвойных растений.



Гигантские геномы ели, пихты, тиса, лиственницы и сосны имеют более 80% повторов в своей структуре, что значительно затрудняет правильную сборку генома после его секвенирования (прочтения) относительно короткими фрагментами. Однако исследование таких повторяющихся участков может быть очень важно — в частности, для понимания их роли в эволюции геномов, таксономической принадлежности видов, их места в «генеалогическом древе» хвойных.

«Наши израильские коллеги проанализировали миллиарды так называемых «ридов» (прочтений) — фрагментов ДНК длиной от 25 до 20 000 нуклеотидов. Риды считываются с генома при помощи специального прибора — секвенатора. Риды для сосны обыкновенной, кедра и лиственницы сибирской были получены в лаборатории лесной геномики СФУ. Риды были проанализированы с использованием сложного математического метод KChains. Полученные разновидности повторяющихся последовательностей, KChains-фрагменты, кластеризовали (собрали в группы), чтобы узнать, как они группируются в соответствии с таксономическими признаками хвойных. Также пробовали сгруппировать образцы, используя традиционные базы данных по геномным повторам. Оказалось, что новый метод KChains-группировки даёт более исчерпывающую информацию по таксономии видов, чем привычный метод, основанный на сопоставлении с базами данных геномных повторов», — отметила соавтор работы, инженер-исследователь лаборатории лесной геномики, аспирант СФУ
Елизавета Тараненко.

Эксперты уточнили, что у каждого биологического вида, точнее, у его генома, в котором зашифрована исчерпывающая информация об организме, есть свой паттерн повторов — например, у некоторых видов весьма распространены повторы, называемые генетиками *Соріа*, а других чаще встречаются *Gypsy*. Таким образом, выделив геном любого (в том числе, неизвестного) организма, можно понять, к какому роду и семейству этот организм относится, просто изучив процентное соотношение и распределение повторов в его ДНК.

Ещё одним преимуществом данного метода можно считать его «сепарирующую» способность — в частности, в ходе эксперимента учёным удалось с его помощью очистить данные от загрязнений. Микромир устроен таким образом, что образцы могут быть исходно загрязнены разной микрофлорой и микрофауной (бактерии, вирусы, грибы и т.д.). «Испачкать» подготовленный для выделения генома препарат (например, измельчённую хвою лиственницы) может также любое неосторожное действие исследователя, работающего в лаборатории. К ДНК образца может, например, случайным образом добавиться ДНК человека, животного, грибов и пр. Поэтому предъявляются повышенные требования к чистоте в зонах пробоподготовки и секвенирования — там

принято работать в особой одежде, перчатках и медицинских масках.

*«Иногда в процессе секвенирования выясняется, что проба была загрязнена остатками чужеродной ДНК, оставшейся в лаборатории после проведения ПЦР-диагностики, также могут вмешиваться технические последовательности, остающиеся при подготовке библиотек перед секвенированием. Идентифицировать и удалить всё ненужное можно с помощью нашего метода, основанного на выявлении частых повторяющихся элементов в геноме», — продолжила **Елизавета Тараненко**.*

Старший научный сотрудник лаборатории лесной геномики, доцент кафедры геномики и биоинформатики СФУ **Наталья Орешкова** объяснила возможную роль многочисленных повторов в ДНК хвойных растений. Долгое время повторяющиеся фрагменты считались «мусорной» (некодирующей) частью ДНК, некой «тёмной материей» с непонятными функциями — генетики полагали, что они не играют принципиальной роли в существовании организмов, однако исследования последних лет указали на ошибочность этой гипотезы.

«Похоже, что в гигантских геномах хвойных многочисленные повторы служат нуждам эволюции — это мощный адаптационный механизм, который запустился, скорее всего, когда покрытосеменные растения (например, берёзы) стали вытеснять хвойные в менее благоприятные зоны, на менее плодородные почвы. У человека не более 50% повторов в геноме, причём рост числа повторений связан со старением организма и патологическими изменениями — опухолевыми процессами и т.п. Хвойные же почему-то отлично выживают и приспосабливаются к меняющимся климатическим условиям. Вероятно, для них эти многочисленные повторы не так опасны, и даже, скорее, полезны», — заметила учёный.

Соруководитель исследования с российской стороны, Почётный профессор СФУ и профессор Гёттингенского университета, генетик **Константин Крутовский** добавил, что большую часть высокоповторяющихся элементов генома представляют транспозоны, встроенные ретровирусы и их фрагменты, и другие мобильные элементы, которые, «путешествуя» по геному, могут захватить с собой соседние фрагменты ДНК и даже целые гены. Это влияет на экспрессию (активность) генов и на их фенотипическое проявление.

*«В эволюционном плане это увеличивает генетическое разнообразие генома, а также может являться одним из механизмов дублирования и мультиплицирования важных генов. Такой дополнительный набор генов, видимо, помогает выжить хвойным в суровой среде обитания и в конкурентной борьбе с цветковыми растениями. Возможно также, что это дублирование важных генов уменьшает куммулятивный эффект вредных соматических мутаций, неизбежно накапливающихся в течении жизни и ведущих к старению и смерти. А значит, риск обладания огромным количеством высокоповторяющейся ДНК в геноме у хвойных вполне оправдан — и, может быть, даже объясняет рекорды в продолжительности жизни хвойных — 500-800 лет у лиственницы и кедра, 1500-2000 лет у секвойи, до 5 тысяч лет у острошишечной сосны. Надеюсь, что наличие такого «запаса прочности» позволит хвойным выжить в условиях идущего глобального потепления климата», — заявил **Константин Крутовский**.*

10 января 2022 г.

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

Адрес страницы: <https://news.sfu-kras.ru/node/25744>