

№ 26

Получение трансгенных растений томата (*Solanum lycopersicum*), экспрессирующих ген $\Delta 9$ десатуразы в различных компартментах Соболев Д.С.^{1*}, Павленко О.С.¹, Тюрин А.А.¹, Голденкова-Павлова И.В.¹, Халилуев М.Р.²

¹Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, лаборатория функциональной геномики, Москва, Россия

²Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии, лаборатория клеточной инженерии растений, Москва, Россия.

*E-mail: denissoboleww@gmail.com

Для получения трансгенных растений томата (*Solanum lycopersicum*), экспрессирующих $\Delta 9$ ацил-липидную десатуразу и оценки её влияния на жирнокислотный (ЖК) состав суммарных липидов при локализации в различных компартментах клетки, был проведен ряд экспериментов по трансформации растений томата, оценке экспрессии целевого гена и анализа ЖК состава суммарных липидов. Нами были сконструированы векторы, несущие ген *desC*, кодирующий $\Delta 9$ десатуразу. Для направления продуктов гена *desC* в различные компартменты растительной клетки, последовательность гена была слита с лидерными последовательностями, обеспечивающими локализацию продуктов гена в хлоропластах, ЭПР и цитоплазме. Полученными векторами трансформировали штамм *Agrobacterium tumefaciens* GV3101 с последующей агробактериальной трансформацией растений томатов *Solanum lycopersicum*. В ходе работы доказано, что лидерные последовательности обеспечивают корректную локализацию белкового продукта рекомбинантного гена в целевых компартментах клетки, продемонстрирована специфичность гетерологичной $\Delta 9$ десатуразы в зависимости от ее локализации в растительной клетке, оценен вклад $\Delta 9$ десатуразы в изменение состава и массовой доли насыщенных и ненасыщенных ЖК суммарных липидов, произведена оценка относительной нормализованной экспрессии гена *desC* в трансгенных растениях.

№ 27

Определение полной нуклеотидной последовательности хлоропластного генома гексаплоидных пшенично-ржаных гибридов (\times *Triticosecale* Wittm.) методом NGS. Соколюк А.В.*, Василевская М.Е., Дубовец Н.И.

Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, лаборатория цитогеномики растений, Минск, Беларусь

*E-mail: a.sokolyuk@igc.by

Целью настоящего исследования являлось осуществление сборки полных нуклеотидных последовательностей хлДНК пшенично-ржаных гибридов, дальнейшее сопоставление которых с хлоропластным геномом донора цитоплазмы позволит выявить модификации пластома, произошедшие в процессе коадаптации ядерного и цитоплазматического геномов амфидиплоидов. Материалом для исследований послужили 10 сортов тритикале, из которых 6 сортов (Благо, Динамо, Ковчег, Устье, Заречье, Гродно) были озимого типа развития, остальные 4 (Узор, Лана, Матейко, Садко) – ярового. В результате проведенного высокопроизводительного секвенирования и сборки хлДНК-обогащенной библиотеки сортов тритикале получено 579 095 парноконцевых чтений. Длина прочтений варьировала от 29 до 301 нуклеотида (среднее 290). Сборка полной последовательности генома выполнена с помощью выравнивания контигов на референсный хлоропластный геном *Triticum aestivum* (код доступа GenBank – KJ592713). Общий размер хлДНК всех сортов тритикале после сборки составил 133 873 п.н., что полностью соответствует размеру хлоропластного генома мягкой пшеницы. Сравнительный анализ полученных нуклеотидных