

## Полиморфизм последовательностей гомологов *RFL-PPR*-генов в геноме картофеля *Solanum tuberosum* L.

И.Н. Анисимова\*, Н.В. Алпатьева, Ю.И. Карабицина, Т.А. Гавриленко  
ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР),  
Санкт-Петербург, Россия

\* e-mail: irina\_anisimova@inbox.ru

Изучение генетических систем ЦМС-*Rf* у картофеля имеет как теоретическое, так и практическое значение, что связано с появлением нового направления в современной селекции этой важной культуры, заключающегося в создании гетерозисных гибридов, полученных от скрещиваний инбредных диплоидных линий (Lindhout et al., 2011; Jansky et al., 2016). Известно, что с признаком мужской стерильности у картофеля ассоциированы типы цитоплазм T/beta, W/gamma и W/alpha (D), однако природа генов восстановления фертильности пока не изучена. С целью поиска гомологов генов *Rf* в полногеномной нуклеотидной последовательности NW\_006239540.1 образца *Solanum tuberosum* DM 1-3 516 R44 (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) были идентифицированы 38 фрагментов длиной 2404–5694 п.н., гомологичных последовательностям гена *Rf-PPR592* петунии (*Petunia × hybrida*). Фрагменты относятся к 5 локусам, кодируют белки длиной 589–597 аа и характеризуются сходством (62–64 % идентичных аминокислотных остатков) с продуктами генов восстановления фертильности пыльцы петунии и перца чили *Capsicum annuum*. Все они, как и продукты генов *Rf* петунии и перца чили, содержат 14 или 15 tandemно повторяющихся структурных мотивов из 35 вырожденных аминокислотных остатков (PPR – pentatricopeptide repeats) и, по-видимому, принадлежат к подсемейству *RFL-PPR*-генов (*Restoration of Fertility Like-PPR*).

Для *in silico* идентификации полиморфных вариантов гомологов *RFL-PPR*-генов были разработаны специфичные праймеры, фланкирующие наиболее вариабельные районы длиной 782–865 п. н. исследуемых локусов. Ампликоны, синтезированные на ДНК-матрицах 9 образцов, различавшихся по типу цитоплазмы (T/beta или W/alpha), а также фертильности/стерильности пыльцы, были клонированы и секвенированы. Все генотипы характеризовались высоким уровнем гетерозиготности изученных локусов. Частота идентифицированных SNP варьировала от 7,0 до 19,8 % в зависимости от локуса, а соотношение числа несинонимических и синонимических замен – от 0,9 до 2,1. Разработаны консенсусные последовательности для 7 PPR-мотивов. Полученные результаты согласуются с современными представлениями об отсутствии интронов в последовательностях *RFL-PPR*-генов у растений, высоком уровне полиморфизма, кластерной организации в геномах (Fujii et al., 2011; Dahan, Migeau, 2013), высоком уровне вариабельности аминокислотных остатков в позициях 1 и 6 мотива, а также данными о наличии 5–6 локусов *RFL-PPR*-генов у других представителей семейства Solanaceae – перца чили *C. annuum* (Jo et al., 2016) и табака *N. tomentosiformis* (Ding et al., 2014). Результаты исследования показывают, что изученные последовательности генома картофеля можно рассматривать как кандидаты генов *Rf*.

*Благодарности:* Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (проект № 16-16-04125).