

Структурные и эволюционные особенности активных ретротранспозонов подсолнечника

М.Ю. Казанцев^{1,2*}, П.Ю. Меркулов^{1,2}, К.Н. Тюрин^{1,2}, Я.Н. Демури³, И.В. Киров^{1,2}

¹Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет), Долгопрудный, Россия

²ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии», Москва, Россия

³Всероссийский научно-исследовательский институт масличных культур им. В.С. Пустовойта, Краснодар, Россия

* miykazantsev@gmail.com

Цель: Изучение активных LTR-ретротранспозонов подсолнечника *Helianthus annuus* L. и их роли в изменчивости структуры генома.

Материалы и методы: Мы провели активацию транспозонов в геноме подсолнечника, при помощи комбинации эпигенетического (зебуларин и α -аманитин) и теплового стресса. Выделили кольцевые ДНК, которые были отсекарованы с использованием технологии Oxford Nanopore (ONT Mobilome-Seq). Полученные данные, а также результаты секвенирования 12 сортов подсолнечников, находящиеся в свободном доступе, послужили для проведения филогенетического анализа, предсказания структуры белков (AlphaFold 3) и изучения хромосомного распределения ретротранспозонов в геноме *Helianthus annuus* L. Особое внимание было уделено внехромосомным кольцевым ДНК (eccDNA), а также дополнительным открытым рамкам считывания (aORFs), кодирующим белки с неизвестными функциями.

Результаты: Благодаря данным секвенирования eccDNA мы обнаружили и валидировали, при помощи ПЦР, 28 активных RTEs, принадлежащих к различным филогенетическим группам, включая три подгруппы клады Текау. В результате анализа инсерций, мы обнаружили, что RTEs группы Текау 2 демонстрируют уникальное распределение инсерций по хромосомам, преимущественно в генных регионах. В то же время инсерции групп Текау 1 и Текау 3 локализованы в перицентромерных областях. Нам удалось выявить дополнительные рамки считывания (aORFs) для активных транспозонов Текау, кодирующие белки с транспозазными и трансмембранными доменами, а также с сигналами ядерной локализации.

Предсказанная 3D-структура белка, кодируемого aORF Текау гомологична белкам Текау риса, кукурузы и сорго. Также было показано сходство с доменами, связывающимися с двуцепочечной РНК (DRBM), что предполагает их участие в модуляции РНК-сайленсинга.

Выводы: В результате работы мы получили новые данные об активных мобильных элементах подсолнечника, их разнообразии, распределении инсерций в геноме, а также о структурных особенностях белков, что поможет лучше понять процессы эволюции геномов растений и разработки стратегий управления их изменчивостью. Результаты исследования расширяют понимание разнообразия и функций RTEs у растений и открывают новые направления для изучения их биологической роли.

Активные RTEs подсолнечника демонстрируют высокую структурную и филогенетическую гетерогенность. Белки, кодируемые aORFs, могут играть важную роль в мобильности RTEs и взаимодействии с клеточными механизмами.

Финансирование: Исследование поддержано грантом РНФ № 22-64-00076, <https://rscf.ru/project/22-64-00076/>.