ДОКЛАДЫ национальной академии наук беларуси

Выходит шесть номеров в год

Журнал основан в июле 1957 года

МИНСК, БЕЛОРУССКАЯ НАУКА, 2012, ТОМ 56, № 1

Учредитель – Национальная академия наук Беларуси

Редакционная коллегия:

М. В. Мясникович (главный редактор), А. М. Русецкий (заместитель главного редактора), С. А. Чижик (заместитель главного редактора),

И. М. Богдевич, Н. А. Борисевич, Г. А. Василевич, П. А. Витязь, И. Д. Волотовский, И. В. Гайшун, В. Г. Гусаков, И. В. Залуцкий, О. А. Ивашкевич, Н. А. Изобов, А. Ф. Ильющенко, Н. С. Казак, С. Я. Килин, А. А. Коваленя, Ф. Ф. Комаров, И. В. Котляров, В. А. Лабунов, Ф. А. Лахвич, О. Н. Левко, А. И. Лесникович, В. Ф. Логинов, А. А. Махнач, А. А. Михалевич, П. Г. Никитенко, О. Г. Пенязьков, Ю. М. Плескачевский, А. Ф. Смеянович, Л. М. Томильчик, В. М. Федосюк, Л. В. Хотылева, И. П. Шейко

Адрес редакции:

220072, Минск, ул. Академическая, 1, к. 119, тел. 284-19-19 http://nasb.gov.by/rus/publications/dan/ E-mail: doklady@open.by

DOKLADY

OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF BELARUS

Published bimonthly

The journal has been published since July, 1957

MINSK, BELORUSSKAYA NAUKA, 2012, Vol. 56, No 1

Founder - National Academy of Sciences of Belarus

Editorial Board:

M. V. Miasnikovich (Editor-in-Chief),

A. M. Rusetsky (Associate Editor-in-Chief),

S. A. Chizhik (Associate Editor-in-Chief),

I. M. Bogdevich, N. A. Borisevich, G. A. Vasilevich, P. A. Vitiaz, I. D. Volotovski,

I. V. Gaishun, V. G. Gusakov, O. A. Ivashkevich, N. A. Izobov, A. F. Ilyushchanka,

N. S. Kazak, S. Ya. Kilin, A. A. Kovalenya, F. F. Komarov, I. V. Kotlyarov,

V. A. Labunov, F. A. Lakhvich, O. N. Levko, A. I. Lesnikovich, V. F. Loginov,

A. A. Makhnach, A. A. Mikhalevich, P. G. Nikitenko,

O. G. Penyazkov, Yu. M. Pleskachevsky, A. F. Smeyanovich,

L. M. Tomilchik, V. M. Fedosyuk, L. V. Khotyleva, I. P. Sheiko, I. V. Zalutsky

Address of the Editorial Office:

220072, Minsk, 1 Akademicheskaya Str., room 119

telephone: 284-19-19 http://nasb.gov.by/eng/publications/dan/ E-mail: doklady@open.by

Доклады Национальной академии наук Беларуси

2012 январь-февраль Том 56 № 1

БИОЛОГИЯ

УДК 631.547:581.19:633.521

Д. В. ГАЛИНОВСКИЙ I , Н. В. АНИСИМОВА I , В. Н. ЛЕОНТЬЕВ 2 , В. В. ТИТОК 3 , академик Л. В. ХОТЫЛЕВА I

ОРТОЛОГИ CesA-ГЕНОВ ARABIDOPSIS THALIANA L. У ЛЬНА-ДОЛГУНЦА (LINUM USITATISSIMUM L.)

Поступило 04.11.2011

Введение. Синтез целлюлозы — один из важнейших биохимических процессов в растительных клетках, тем не менее его молекулярные механизмы до настоящего времени изучены слабо. В последнее время сделан ряд важных открытий в понимании молекулярно-генетических процессов, обеспечивающих биосинтез целлюлозы в растительных организмах. Частично данные исследования выполнялись на популярном модельном растении — арабидопсисе (*Arabidopsis thaliana* L.) и различных его мутантах, которые широко используются для изучения генетики и биологии развития растений [1]. Малый размер генома (около 157 миллионов пар нуклеотидов) и небольшое число хромосом (5 пар) делают его удобным объектом для картирования и секвенирования генов [2]. Геном арабидопсиса в 2000 г. стал первым секвенированным геномом растения [3].

Основной компонент биосинтеза целлюлозы — совокупность 36 полипептидов, образующих трансмембранную целлюлозосинтазную розетку [4]. Данные пептиды, собственно, и кодируются генами целлюлозосинтаз (*CesA*-генами). У высших растений они принадлежат к мультигенному семейству, и при экспрессии разных генов целлюлозосинтаз могут формироваться различные розетки, продуцирующие клеточные стенки, различающиеся по физико-химическим свойствам [5]. Идентифицировать гены целлюлозосинтаз можно не только по полноразмерной последовательности гена, но и по последовательности класс-специфической области (*CSRII-области*), т. е. по последовательности фрагмента гена. Данные области консервативны у *CesA* ортологов и могут быть использованы для идентификации членов мультигенного семейства целлюлозосинтаз [6].

Исследования экспрессии генов биосинтеза целлюлозы на двух модельных объектах (арабидопсис и тополь) привели к идентификации предполагаемых гомологичных генов целлюлозосинтаз, которые, однако, имели разные обозначения. После получения полной последовательности генома тополя (*Populus trichocarpa* Torr., A. Gray) и идентификации всех генов целлюлозосинтаз была унифицирована номенклатура генов данного семейства и переименована по соответствующим гомологам арабидопсиса [7].

Особую научную и практическую значимость имеют исследования целлюлозосинтаз льнадолгунца, поскольку целлюлоза является основным полимером льноволокна, который может достигать 70 % от массы зрелого волокна [8]. В данном сообщении с целью идентификации CesA-генов льна-долгунца проводится сравнительный анализ CSRII-фрагментов генов целлюлозосинтаз льна с CesA-генами $Ar.\ thaliana$.

Материалы и методы исследования. В работе использовали нуклеотидные последовательности фрагментов генов целлюлозосинтаз из листьев, стеблей, а также апикальной части (расположенной выше точки слома [9]) растений льна-долгунца (сорт Блакіт), собранных на стадии быстрого роста (41-е сутки после посева семян). Выделение данных фрагментов и установление их нуклеотидных последовательностей описаны нами в [10–12].

¹Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск

²Белорусский государственный технологический университет, Минск

³Центральный ботанический сад НАН Беларуси, Минск

Использовали следующие последовательности генов целлюлозосинтаз $Ar.\ thaliana$, депонированные в GenBank: $AtCesA1-NM_119393$, $AtCesA2-NM_120095$, $AtCesA3-NM_120599$, $AtCesA4-NM_123770$, $AtCesA5-NM_121024$, $AtCesA6-NM_125870$, $AtCesA7-NM_121748$, $AtCesA8-NM_117994$, $AtCesA9-NM_127746$, $AtCesA10-NM_128111$. Идентификация CSRII-областей в приведенных последовательностях генов осуществлялась с помощью вырожденных праймеров, предложенных в [5]. Выравнивание нуклеотидных последовательностей, расчет их идентичности (на основе попарного выравнивания) и построение филогенетического дерева (алгоритм Saitou and Nei) осуществляли с применением программы AlignX (пакет VectorNTISuite 7).

Результаты и их обсуждение. Анализ данных, полученных нами в [10–12], позволил идентифицировать четыре уникальных фрагмента генов целлюлозосинтаз, которые обозначены pBS58, pBS13, pBS19 и pBA12. Данные фрагменты существенно различались между собой, что дает основание рассматривать их как фрагменты паралогичных генов (рис. 1). Следует отметить, что из листьев выделили фрагменты CSRII-области в высокой степени (более 90 %) идентичные фрагменту pBS58 и не обнаружили фрагменты, подобные pBS13, pBS19 и pBA12. В стебле идентифицировали фрагменты pBS58, pBS13 и pBS19, но не выявили фрагменты, похожие на pBA12. В апикальной части растений выявили экспрессию целлюлозосинтаз, содержавших CSRII-области, аналогичные фрагментам pBS58 и pBA12, но CSRII-области pBS13 и pBS19 обнаружить не удалось. Сходство при сопоставлении полученных CSRII-фрагментов генов целлюлозосинтаз льна-долгунца приведено в табл. 1. Из данных видно, что идентичность полученных CSRII-фрагментов колеблется в пределах 54–63 %. Сходство при сопоставлении полученных CSRII-фрагментов из льна-долгунца и CSRII-областей генов целлюлозосинтаз из *Ar. thaliana* варьирует в пределах 48–75 % (табл. 2).

Фрагмент pBA12 наибольшую идентичность имеет с CSRII-областью гена AtCesAI, поэтому можно утверждать, что он содержит класс-специфическую область гена целлюлозосинтазы первого класса — CesAI. В соответствии с использованной нами методологией фрагмент pBA12 идентифицирован как CSRII-область гена LusCesAI. Следует отметить высокое совпадение pBA12 с AtCesAI0 — 74 %, что объяснимо: совпадение класс-специфических областей генов

- Section 1					202		022	322	844	*** *	
10	.90	80	,70	60	,50			20	,10	(1) 1	-0440
			GCATATTGTCC-								pBA12
			GAATGTAGTCTT GAACACAGTGTT								pBS13 pBS19
			GAGTGTGTTT						CTATGTGC		pBS 19
			GAATGTAGTGTT			TGGCATTGATC					onsensus
- Section 2	TARCATGARA	CITIGATAT	GARIGIAGIGII	100000	10	304 0 0	GAGGIICGAIG	GTTTCCGCA		.,	
20	,190	,180	,170	,160	,150			,120		(102) 103	
			G-GTTACGACCC								
			GAGCTATGATGC								
			G-GCTATGATCC								
CCTAG A			G-GTTATGATCC G GTTATGATCC								
Section 3 30	290	280	270	260	,250	240	,230	220	210	(203) 203	
	AAAAGTAC	GTGGGAGCA	AAGAGCAAGA	AACGAGAAAG	G	GTTGC	AAGAGT TGT	ATCGTTGTC	-AACCAAAC	(187)	pBA12
			CAAAGGCTAAGA								
	AT	CTGGTGCTA	TTCTGTCCAAAC	AAGAAGAAGG	C-G	GACGC	CATGTTTCGGA	ACTGCTGCC	TAAGCTGTG	(194) GG	pBS19
ACTTGGA	AGAGAAGCCT	AGAAGGGCC	CAAAATCTAAGA	AA A GA AAT	TTTGGTCGTT	GCTGC-TGTTGC	CTTCTTGGTGC	ATTGCTGGC	-GACTTGTO	(196)	pBS58
	ATAAAA C	TGGTGGCA	CAAAGTCTAAGA	AAGAAGAAGT	GGTC G	GTTGC TGTT	CATATTGGTGT	ATTGTTGGC	AACCTGTG	(203)	Consensus
— Section 4					V035016 916				250000000000000000000000000000000000000	7(0,0,0)	
40	390	380	370	360	350	340	330	,320	310	(304) 304	
ATCGARAC	TGAGGATGGT	AGAAGACAT	CAATCC	ATGTT	CATCAGTCCC	AGAGAACTGAAT	AGAACATGAAG	ACAAAAGAA	T-CTC		pBA12
			CAATCC						<u>T</u> -CEC	(255)	pBA12 pBS13
AGAGAAGA		-GARAGTAT	CTTT						I-CIC	(255) (289)	
AGAGAAGA GTGGATGA	TGAARAAGGG CTTAGAAGGA	-GAAAATAT -GGAGCCAG	CTTT	ATGCT TGGAA	-AGCAGAATA	AAGCATCCTCCA	GAACC-GCGAA	AGTCGAA		(255) (289)	pBS13 pBS19
AGAGAAGA GTGGATGA CTTGAAGA	TGAARAAGGG CTTAGAAGGA	-GAAAATAT -GGAGCCAG CGAAGAGAT	CTTT	ATGCT TGGAA GTGCTATCCC	-AGCAGAATA CAGCAAGAAA	AAGCATCCTCCA	GAACC-GCGAA GAAAATGGGAG	ACAGAAGAA	CTTGTTTT	(255) = - (289) = - (264) = - (291) G3	pBS13 pBS19 pBS58
AGAGAAGA GTGGATGA CTTGAAGA AT GAAGA	TGAARAA GGG CTTA GAA GGA CGAAGAA GGA	-GAAAATAT -GGAGCCAG CGAAGAGAT	AGCTTTCGAACT	ATGCT TGGAA GTGCTATCCC	-AGCAGAATA CAGCAAGAAA	AAGCATCCTCCA AGGGAAGCGCTA	GAACC-GCGAA GAAAATGGGAG	ACAGAAGAA	CTTGTTTTC T T	(255) = - (289) = - (264) = - (291) G3	pBS13 pBS19 pBS58 Consensus
AGAGAAGA GTGGATGA CTTGAAGC AT GAAGC — Section 5 50 ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA	TGAARAGGG CTTAGAAGGA CGAAGAAGGA TGAAGAAGGA 490 TGCTACTTTC AGCTGCACTT ATCAACCTTA	-GARAATAT -GGAGCCAG CGAAGAGAT GAAGACAT 480 TTT-TATCGC TTT-CATAGC TTT-TGTAAC	AGCTTTCGAACT CTTTC A C	ATGCT TGGAA GTGCTATCCC ATGCT 460 GCGATTCGGT GAGGTTTGGA ACGGTTTGGA	-AGCAGAAA CAGCAG A A 450 AGTCTCGAGA AA-TTGAGA ACTTTGAGA ACTTTGAGA	AAGGAA GCGCTA AGGGAA CCGC A AGGGAA CCGC A TGTCTC AGA - GA CGA GCC AAGCCA TGTCCC ATA TGA TGTCTC AGA AGA	GAACC-GCGAA GAAATGGGAG GAAAC GGGAG A30 CACTCTTAATG CGTCAGAGC CATCACTAATG	AGTCGAA(ACAGAAGAA(ACAGAAGAA(420 AGAGGTT TGAAGC(TGGAGAAAT(A10 ATGATGATG	(255) = - (289) = - (264) = - (291) G3 (304) (405) 403 (338) A1 (361) A2 (296) A3 (392) G1	pBS13 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS13 pBS19 pBS58
AGAGAAGA GTGGATGA CTTGAAGG AT GAAGG — Section 5 ATGGAGA TTGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA	TGAARAGGG CTTAGAAGGA CGAAGAAGGA TGAAGAAGGA 490 TGCTACTTTC AGCTGCACTT ATCAACCTTA	-GARAATAT -GGAGCCAG CGAAGAGAT GAAGACAT 480 TTT-TATCGC TTT-CATAGC TTT-TGTAAC	AGCTTTCGÄACT CTTTC A C 470 CAGTCACCAGTC CAGTCACCAGTC CAATCACCAGTT CAATCACCAGTT CAGTCACCAGTT CAGTCACCAGTT	ATGCT TGGAA GTGCTATCCC ATGCT 460 GCGATTCGGT GAGGTTTGGA ACGGTTTGGA	-AGCAGAAA CAGCAG A A 450 AGTCTCGAGA AA-TTGAGA ACTTTGAGA ACTTTGAGA	AGGAAGGCTA AGGGAAGGGCTA AGGGAACCGC A TGTCTCAGA-GA CGAGCCAAGCA TGTCCCATATGA TGTCTCAGAAGA TGTCTCAGA GA	GAACC-GCGAA GAAATGGGAG GAAAC GGGAG A30 CACTCTTAATG CGTCAGAGC CATCACTAATG	ACAGAAGAA ACAGAAGAA ACAGAAGAA 420 AGAGGT TGAAGC TGGAGAAAT TG AAGT	A10 ATGATGATG CAAAACCT ACAAACAA ACGAAGAGT ACGAAGAGT	(255) = - (289) = - (264) = - (291) GJ (304) (405) 40 (338) A1 (361) A2 (296) A3 (392) G1 (405) A3	pBS 13 pBS 19 pBS 58 Consensus pBA 12 pBS 13 pBS 19 pBS 58 Consensus
AGAGAAGA GTGGATGA CTTGAAGG AT GAAGG — Section 5 ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA 60	TGAARAGGG, CTTAGAAGGA, CGAAGAAGGA; TGAAGAAGGA; TGAAGAAGACTACATTC; AGCTACTTTC; ATCAACCTTA TTCCACCTTG; TTCTACCTT	-GARATAT -GAGCCAG CGAGGAT GAGGAT A80 TT-TATCGC TT-TGTAAC TTTCATTGC TT TATAGC	AGCITTCGAACT CTTTC A C 470 CAGTCACCAGTC CAGTCACCAGTC CAATCAGCGATT CAATCAGCGATT CAGTCACCAGTT	ATGCT TGGAA GTGCTATCCC ATGCT 460 GCGATTCGGT GAGGTTTGGA ACGGTTTGGA GCGGTTTGGT 560	-AGCAGAATA CAGCAAGAAA CAGCAG A A 450 AGTCTCGAGA AA-TTGGAGA AA-CTTTGAAA AC-TTTGAAA AC-TTTGAAA	AAGCATCCTCA AGGGAAGCGCTA AGGGAACCGC A 440 TGTCTCAGA-GA CGAGCCAGCCATTAGA TGTCCCATTAGA TGTCTCAGAAGA TGTCTCAGAAGA	GAACC-GCGAA GAAAATGGGAG GAAAC GGGAG 430 CACTCTTAATG CGTCAGAGACG CATCACTGATG CATCACTGATG	AGTCGAAI ACAGAAGAAI ACAGAAGAAI ACAGAAGAAI TGAAGCI TGGAGAAAT TG AAGTI	CTTGTTTTC T T 410 ATGATGATCCT ACGAAACCT ACGAAGACACACACACACACACACACACACACACACACA	(255) = - (289) = - (264) = - (291) GJ (304) (405) 40 (338) A1 (361) A1 (361) A2 (396) A2 (405) A2 (506) 50	pBS 13 pBS 19 pBS 58 Consensus pBA 12 pBS 13 pBS 19 pBS 58 Consensus
AGAGAAGA GTGGATGA CTTGAAGG AT GAAGGA Section 5 ATGGAGAA ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA GAAGGAAG	TGAARAGGG CTTAGAAGGA CTAGAAGGA CGAAGAAGGA TGAAGAAGGA TGAAGAAGGA TGAAGAAGAA TGAACATTTC ATCAACCTTA TTCCACCTTG TTCTACCTT 590 -GACTGA-TG	-GARAGTAT -GGAGCAG CGAAGAGAT GAAGACAT 480 TT-TATCGC TT-GAAC TT-TGTAAC TTTTCATGC TT TATAGC	AGCTTTCGAACT CTTTC A C 470 CAGTCACCAGTC CAGTCACCAGTG CAATCAGCGATT CAGTCACCAGTT 570 TCAGCTGCGGGTT	ATGOT	-AGCAGAATA CAGCAG A A 450 AGTCTCGAGA AA-TTGGAGA AA-TTGGAAA AC-TTTGAAA AA-TTTGAAA TTTGAGA	AGGAAGGCTA AGGGAAGGCTA AGGGAACCGC A TGTCTCAGA-GA CGAGCCAAGCA TGTCCCATATGA TGTCTCAGAAGA TGTCTCAGAAGA TGTCTCAGAAGA CGCGACTCTTTT	GAACC-GCGAA GAAAATGGGAG GAAAC GGGAG A30 CACTCTTAATG CGTCAGAGACCACTGATG CATCACTAATG CATCACTAATG	-AGTCGAA ACAGAAGAA ACAGAAGAA ACAGAAGAA TGG-AAGCT TGGAAGAATT TG AAGT 520	A10 ATGATGATC ACAAACC ACGAAGAC ACGAAGAG ACGAAGAT ACGAAGAT	(255) = - (289) = - (264) = - (264) = - (291) GJ (304) (405) AG (338) AG (361) AG (362) AG (405) AG (506) AG (404) GG (4	pBS 13 pBS 19 pBS 58 Consensus pBA 12 pBS 13 pBS 19 pBS 58 Consensus
AGAGAAGA GTGGATGA CTTGAAGA AT GAAGA Section 5 50 ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA GGGGAAGA GGGGAAGA	TGAARAAGGC CTTAGAGGA CGAAGAAGGA TGAAGAAGGA TGAAGAAGGA TGAAGAACGTA TGCTACTTC AGCTGCCTT TTCCACCTTG TTCTACCTT 590 AGACGATTG AGACGATTG	-GARAGATAT -GAGGCAG CGAAGAGAT GAAGACAT 480 TT-TATCGC TT-CATAGC TTTTCATTGC TTTTATAGC 580 ATGAAGACAA ACGAGGATA	AGCTTTCGAACT CTTTC A C 470 CAGTCACCAGTC CAGTCACCAGTG CAATCAGCGATT CAATCTTAGTT CAGTCACCAGTT 570 TCAGCTGCGGGTT TAACTTGTGTT	ATGOT	-AGCAGAATA CAGCAG A A 450 AGTCTCGAGA AA -TTGGAGA AA TTTGAAA AC TTTGAAA AC TTTGAAA AC TATTGAAA CATTTGAAA	AAGCATCCTCA AGGGAAGCGCTA AGGGAACCGC A TGTCTCAGA-GA CGAGCCAAGCCA TGTCCCATATGA TGTCTCAGAGA TGTCTCAGAGA TGTCTCAGAGA TGTCTCAGAGA TGTCTCAGAGA TGTCTCAGAGA TGTCTCAGA	GARCC-GCGAA GAAAATGGGAG GAAAC GGGAG A30 CACTCTTAATG CGTCGAGACC CATCACTAATC CATCACTAATC CATCACTAATC CATCACTAATC CATCACTAATC TGATCCCG	ACAGAAGAA ACAGAAGAA ACAGAAGAA ACAGAAGAA TGAAGC TG-AAGC TGAGAAAT TG AAGT 520 CAACGTCA CT-AGGAA	CTTGTTTEC T T A10 ATGATGATCCT ACAAACAG ACGAAGAG ACGAAGAT GAAGAT GAGGCATTCGTGGCGTTGGTGGCGTTTG	(255) (289) (264) (264) (291) GJ (304) (405) AG (338) AT (296) AG (392) GG (405) AG (405)	pBS 13 pBS 19 pBS 58 Consensus PBA 12 pBS 19 pBS 58 Consensus PBA 12 pBS 13
AGAGAAGA GTGGATGA CTTGAAGC AT GAAGC — Section 5 ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA ATGGAAGA GGGGAAGG GGGGAAGG	TGARRAGGG CTTAGAGGA CGARGAAGGA TGARGAAGGA TGARGAAGGA TGARGAAGGA TGARAGTAGAAGGA TGARAGTAGAAGGTATTC ACCACTGG TTCCACCTG TTCCACCTG TCCACCTG TCCACCTG AGACGATGAAGAAGAAGAAGAAGAAGAAGAAGAAGAAGAAGATAATA	-GARAGTAT -GGAGGAGA GGAGGAGA GAAGACAT 480 TT-TATAGC TT-TGTAGA TTTATAGC TT TATAGC 580 ATGARGACA ATGARGACA ATGARGACA	AGCITICA C ATO CAGICACCAGIC CAGICACCAGIC CAGICACCAGIC CAGICACCAGIC CAACCAGCATT CAACCAGIT CAGCCAGCT TAACTTTAGT TCAGTCACCAGTT TCAGTCACCAGTT TCAGTCACCAGTT TCAGTCACCAGTT TCAGTCAGCAGTT TCAGTCAGCAGTT TCAGTCAGGCT TCAGTCAGGCT TCAGTCAGGCT TCAGTCAGGCT TCAGTCAGGCT TCAGTCAGGCT TCAGTCAGGCT TCAGTCAGGCT	ATGOT	-AGCAGAATA -CAGCAGAAAAAAATTGAGA AATTGAGAAAAATTGAGA AATTGAGAAAATTGAGA AATTGAGAAAATTTGAGA AATTTGAGAAAATTTGAGAAAAATTTGAGAAAAATTTGAGAAAAAA	AGGAAGCCTA AGGGAAGCGCTA AGGGAACCGC TOTOTOAGGAGA TOTOTOCOAGTTTT TGCTTCCTGCTACTT	GARCC-GCGAR GARARTGGGAG GARARTGGGAG A30 CACTOTRARTG CATCACTAATG CATCACTAATG CATCACTAATG CATCACTAATG CATCACTAATG CATCACTAATG CATCACTAATG CATCACTAATG CATCACTAATG	-AGTCGAA ACAGAAGAA ACAGAAGAA ACAGAAGAA ACAGAAGAA TGAAGC TGGAGAAAT TG AAGT 520 CACCGTCGA CTAGGAA CTAGGAA	A10 ATGATGATC ATGATGATC ACAAACAG ACGAAGAG ACGAAGAT ACGAAGAT ACGAAGAT ACGAAGAT ACGAAGAT	(255) = - (289) = - (284) = - (291) GJ (304) = - (304) = - (304) = - (304) = - (304) = - (304) = - (304) = - (304) = - (405) AT (pBS13 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS13 pBS19 pBS58 Consensus
AGA GAA G GTG GAT GA CTT GAA G AT GAA G AT GAA GA AT GAA GAA GAA GA AT GAA GAA GAA GA AT GAA GAA GAA GA AT GAA GAA GAA GAA GA AT GAA GAA GAA GAA GAA GAA GAA GAA GAA G	TGAR RAAGGG ICTTAGA GGA ICTTAGA GGA ICGAR GAA GGA TGAA GGA GGA 490 TGAA GGA GGA ITGAA GGA ITGA ATCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ATCA ATGA AACA TGA AACA ATGA AACA ATGA AACA ATGA AACA ATGA	-GAAAATAT -GGAGGCAG CGAAGAGAT GAAGACAT #80 TT-TATAGG TT-GATAGG TT-TATAGG TT TATAGG ATGAAGACAA ACGAGGATA ATGAAGACAA	AGCTITICA ACTITICA ACTITICA CONTICA CO	ATGOT	-AGCAGAATA CAGCAG A A 450 AGTCTCGAGA AA -TTGGAGA AA CTTGAGA AA TTTGAGA AA TTTGAGA CTTTGAGA CTTTGAGA AA TTTGAGA CAGGAGAGAGAGAAA GAAGC	AAGCATCCTCCA AGGGAACCGC A AGGGAACCGC A TOTCCCAAGA-GA COAGCCAAGCCAA TOTCCCAAGAGA TGTCTCAGA GA TGTCTCAGA TGT	GARCC-GCGAA GAAAAT GGGAG GAAAC GGGAG A30 CACTCTAATG CGTCAAGAGC CATCACTAATG CATCACTGAT S30CGAATCCCG TGCTAGCCCGCCTAGCCCTG	-AGTCGAN ACAGAAGAA ACAGAAGAA ACAGAAGAA ACAGAAGAAT TGAAGC TGAAGAAT TG AAGT CCCACCTCAACCTCAACCTCAAGGAA CTCGAAGGAA	A10 ATGATGAT CAAAACCTA ACAAACAG ACGAAGAG ACGAAGAT GAGGCATTG GAGGCGTTG	(255) = - (289) = - (284) = - (291) GJ (304) (304) (405) A1 (296) A1 (296) A1 (405)	pBS13 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS13 pBS19 pBS58 Consensus
AGA GAA G GTG GAT GA CTT GAA G AT GAA G AT GAA GA AT GAA GAA GAA GA AT GAA GAA GAA GA AT GAA GAA GAA GA AT GAA GAA GAA GAA GA AT GAA GAA GAA GAA GAA GAA GAA GAA GAA G	TGAR RAAGGG ICTTAGA GGA ICTTAGA GGA ICGAR GAA GGA TGAA GGA GGA 490 TGAA GGA GGA ITGAA GGA ITGA ATCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ATCA ATGA AACA TGA AACA ATGA AACA ATGA AACA ATGA AACA ATGA	-GAAAATAT -GGAGGCAG CGAAGAGAT GAAGACAT #80 TT-TATAGG TT-GATAGG TT-TATAGG TT TATAGG ATGAAGACAA ACGAGGATA ATGAAGACAA	AGCITICA C ATO CAGICACCAGIC CAGICACCAGIC CAGICACCAGIC CAGICACCAGIC CAACCAGCATT CAACCAGIT CAGCCAGCT TAACTTTAGT TCAGTCACCAGTT TCAGTCACCAGTT TCAGTCACCAGTT TCAGTCACCAGTT TCAGTCAGCAGTT TCAGTCAGCAGTT TCAGTCAGGCT TCAGTCAGGCT TCAGTCAGGCT TCAGTCAGGCT TCAGTCAGGCT TCAGTCAGGCT TCAGTCAGGCT TCAGTCAGGCT	ATGOT	-AGCAGAATA CAGCAG A A 450 AGTCTCGAGA AA -TTGGAGA AA CTTGAGA AA TTTGAGA AA TTTGAGA CTTTGAGA CTTTGAGA AA TTTGAGA CAGGAGAGAGAGAAA GAAGC	AAGCATCCTCCA AGGGAACCGC A AGGGAACCGC A TOTCCCAAGA-GA COAGCCAAGCCAA TOTCCCAAGAGA TGTCTCAGA GA TGTCTCAGA TGT	GARCC-GCGAR GAARATGGGAG GARAC GGGAG ASO CACTOTTARTG CGTCGAGAGAC CATCATARTG CATCATARTG CATCATARTG CATCATARTGCGARTCCCG TGCTAGTCCCTGCTAGTCCTGCTAGTCCTG CTAGTCCTGCTAGTCCTG	AGTCGAAI ACAGAAGAAI ACAGAAGAAI AGGT-AGGTI TG-AAGCI TGGAGAAAT TG AAGTI S20 CACCGTCA-CT-AGGAAC CT-AGGAAC CTCCATGCA	410 ATGATGAT ACGAAACAG ACGAAGAG ACGAAGAG ACGAAGAG ACGAAGAG ACGAAGAGAGAG	(255) = - (289) = - (264) = - (264) = - (291) G # (304) (405) A 1 (338) A 1 (296) A 2 (392) G 1 (405) A 1 (457) T 2 (384) A 2 (457) T 3 (384) A 2 (457) A 2 (506) A 2 (506) A 2	pBS13 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS13 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS13 pBS19 pBS58 Consensus
AGAGAAG GTGGATGI CTTGAAG AT GAAG Section 5 50 ATGGAGAG ATGGAAG ATGGAAG ATGGAAG ATGGAAG GAGGGAAG GGGGAAG GGGGAAG GGGGAAG GGGCAAAG GGGCAAAG	TGAR RAAGGG ICTTAGA GGA ICTTAGA GGA ICGAR GAA GGA TGAA GGA GGA 490 TGAA GGA GGA ITGAA GGA ITGA ATCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ATCA ATGA AACA TGA AACA ATGA AACA ATGA AACA ATGA AACA ATGA	-GAAAATAT -GGAGGCAG CGAAGAGAT GAAGACAT #80 TT-TATAGG TT-GATAGG TT-TATAGG TT TATAGG ATGAAGACAA ACGAGGATA ATGAAGACAA	AGCTITICA ACTITICA ACTITICA CONTICA CO	ATGOT	-AGCAGAATA CAGCAG A A 450 AGTCTCGAGA AA -TTGGAGA AA CTTGAGA AA TTTGAGA AA TTTGAGA CTTTGAGA CTTTGAGA AA TTTGAGA CAGGAGAGAGAGAAA GAAGC	AAGCATCCTCCA AGGGAACCGC A AGGGAACCGC A TOTCCCAAGA-GA COAGCCAAGCCAA TOTCCCAAGAGA TGTCTCAGA GA TGTCTCAGA TGT	GARCC-GCGAA GAAAAT GGGAG GAAAC GGGAG A30 CACTTTAATG CGTCAGAGAG CATCACTAATG CATCACTAGTCCTG TGCTAGTCCTG CTAGTCCTG	ACAGAAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	ATGATGAT ATGATGAT ATGATGAT CAAAACAGA ACGAAGAGA ACGAAGAGA GAGGCATT GAGGTGTAC GTGGCGTTC GTGGCGTTC	(255) = -(259) = -(25	pBS13 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS13 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS13 pBS19 pBS58 Consensus
AGAGAAG GTGGATGI CTTGAAG AT GAAG Section 5 50 ATGGAGAG ATGGAAG ATGGAAG ATGGAAG ATGGAAG GAGGGAAG GGGGAAG GGGGAAG GGGGAAG GGGCAAAG GGGCAAAG	TGAR RAAGGG ICTTAGA GGA ICTTAGA GGA ICGAR GAA GGA TGAA GGA GGA 490 TGAA GGA GGA ITGAA GGA ITGA ATCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ATCA ATGA AACA TGA AACA ATGA AACA ATGA AACA ATGA AACA ATGA	-GAAAATAT -GGAGGCAG CGAAGAGAT GAAGACAT #80 TT-TATAGG TT-GATAGG TT-TATAGG TT TATAGG ATGAAGACAA ACGAGGATA ATGAAGACAA	AGCTITICA ACTITICA ACTITICA CONTICA CO	ATGOT	-AGCAGAATA CAGCAG A A 450 AGTCTCGAGA AA -TTGGAGA AA CTTGAGA AA TTTGAGA AA TTTGAGA CTTTGAGA CTTTGAGA AA TTTGAGA CAGGAGAGAGAGAAA GAAGC	AAGCATCCTCCA AGGGAACCGC A AGGGAACCGC A TOTCCCAAGA-GA COAGCCAAGCCAA TOTCCCAAGAGA TGTCTCAGA GA TGTCTCAGA TGT	GARCC-GCGAA GAAAT GGGAG GAAAC GGGAG A30 CACTCTTAATG CATCACAATG CATCACTAATG CATCACTAATG CATCACTAATG CATCACTAATGGGATCCCG TGCTAGTCCCGCTAGCCCTGCTAGCCCTG CTAGCCCTG CTAGCCCTGCTAGCCCTG CTAGCCCTG CTAGCCCTG CTAGCCCTG	ACAGARGAN ACAGARGAN ACAGARGAN ACAGARGAN AGAGAGAN AGAGAGAN AGAGAGAN AGAGAGAN AGAGAGAN AGAGAGAN AGAGAGAN ACAGAGAGAN	TTGETTE TT T 410 A10 A1 GATGATCA AAAACAY ACAAAACAY ACAAACAY ACAAACAA	(255) = -(255) = -(259) = -(254) = -(254) = -(254) = -(254) = -(254) = -(254) = -(254) = -(254) = -(254) = -(254) = -(256) = -(25	pBS13 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS13 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS13 pBS19 pBS58 Consensus
AGAGAAG GTGGATGI CTTGAAG AT GAAG Section 5 50 ATGGAGAG ATGGAAG ATGGAAG ATGGAAG ATGGAAG GAGGGAAG GGGGAAG GGGGAAG GGGGAAG GGGCAAAG GGGCAAAG	TGAR RAAGGG ICTTAGA GGA ICTTAGA GGA ICGAR GAA GGA TGAA GGA GGA 490 TGAA GGA GGA ITGAA GGA ITGA ATCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ATCA ATGA AACA TGA AACA ATGA AACA ATGA AACA ATGA AACA ATGA	-GAAAATAT -GGAGGCAG CGAAGAGAT GAAGACAT #80 TT-TATAGG TT-GATAGG TT-TATAGG TT TATAGG ATGAAGACAA ACGAGGATA ATGAAGACAA	AGCTITICA ACTITICA ACTITICA CONTICA CO	ATGOT	-AGCAGAATA CAGCAG A A 450 AGTCTCGAGA AA -TTGGAGA AA CTTGAGA AA TTTGAGA AA TTTGAGA CTTTGAGA CTTTGAGA AA TTTGAGA CAGGAGAGAGAGAAA GAAGC	AAGCATCCTCCA AGGGAACCGC A AGGGAACCGC A TOTCCCAAGA-GA COAGCCAAGCCAA TOTCCCAAGAGA TGTCTCAGA GA TGTCTCAGA TGT	GARCC-GCGAA GAAAAT GGGAG GAAAC GGGAG A30 CACTCTEAAEG CGTCAGAECCAT CATCACTGAT CATCACTGAT CATCACTGAT CTAGCCCTG CTAGCCCTG CTAGCCTG CTAGCCTG	ACAGARAGAN ACAGARAGAN ACAGARAGAN TG AGGTT TGGA GARAT TG AAGTC S20 CTCCATCGT-CACGAR CTCCATCGT-CACGAR CTCCATGGT AGTTATGGT ATCTACGGG	ATCGATGA	(255) = -(255) = -(256) = -(256) = -(256) = -(251) GJ (304) (405) AG (338) AG (351) AG (405) AG (405) AG (405) AG (405) AG (405) AG (405) AG (506)	pBS13 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS13 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS13 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS13 pBS19 pBS58 Consensus
AGAGAAG GTGGATGI CTTGAAG AT GAAG Section 5 50 ATGGAGAG ATGGAAG ATGGAAG ATGGAAG ATGGAAG GAGGGAAG GGGGAAG GGGGAAG GGGGAAG GGGCAAAG GGGCAAAG	TGAR RAAGGG ICTTAGA GGA ICTTAGA GGA ICGAR GAA GGA TGAA GGA GGA 490 TGAA GGA GGA ITGAA GGA ITGA ATCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ATCA ATGA AACA TGA AACA ATGA AACA ATGA AACA ATGA AACA ATGA	-GAAAATAT -GGAGGCAG CGAAGAGAT GAAGACAT #80 TT-TATAGG TT-GATAGG TT-TATAGG TT TATAGG ATGAAGACAA ACGAGGATA ATGAAGACAA	AGCTITICA ACTITICA ACTITICA CONTICA CO	ATGOT	-AGCAGAATA CAGCAG A A 450 AGTCTCGAGA AA -TTGGAGA AA CTTGAGA AA TTTGAGA AA TTTGAGA CTTTGAGA CTTTGAGA AA TTTGAGA CAGGAGAGAGAGAAA GAAGC	AAGCATCCTCCA AGGGAACCGC A AGGGAACCGC A TOTCCCAAGA-GA COAGCCAAGCCAA TOTCCCAAGAGA TGTCTCAGA GA TGTCTCAGA TGT	GARCC-GCGAA GAAAATGGGAG GAAAC GGGAG A30 CACTCTTAATG CATCACAATG CATCACTAATG CATCACTAATG CATCACTGATGGAATGACCGAATGCCGCTAGCCCTGCTAGCCTG	AGTCGAAI ACAGAAGAAI ACAGAAGAAI ACAGAAGAAI TG AAGTI TG AAGTI CTCATCGAGAACTCTCATGCA	ATOGETTE ATO ATOATOATCA TAGATOATCA TAGATOATC	(255) = -(255) = -(256) = -(264) = -(291) GJ (304) = -(291) GJ (304) = -(304) AJ (305) AJ (306) AJ (306) AJ (306) AJ (306) AJ (307) AJ (30	pBS13 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS13 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS13 pBS19 pBS58 Consensus
AGAGAAG GTGGATGI CTTGAAG AT GAAG Section 5 50 ATGGAGAG ATGGAAG ATGGAAG ATGGAAG ATGGAAG GAGGGAAG GGGGAAG GGGGAAG GGGGAAG GGGCAAAG GGGCAAAG	TGAR RAAGGG ICTTAGA GGA ICTTAGA GGA ICGAR GAA GGA TGAA GGA GGA 490 TGAA GGA GGA ITGAA GGA ITGA ATCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ITCA ACCTTA ATCA ATGA AACA TGA AACA ATGA AACA ATGA AACA ATGA AACA ATGA	-GAAAATAT -GGAGGCAG CGAAGAGAT GAAGACAT #80 TT-TATAGG TT-GATAGG TT-TATAGG TT TATAGG ATGAAGACAA ACGAGGATA ATGAAGACAA	AGCTITICA ACTITICA ACTITICA CONTICA CO	ATGOT	-AGCAGAATA CAGCAG A A 450 AGTCTCGAGA AA -TTGGAGA AA CTTGAGA AA TTTGAGA AA TTTGAGA CTTTGAGA CTTTGAGA AA TTTGAGA CAGGAGAGAGAGAAA GAAGC	AAGCATCCTCCA AGGGAACCGC A AGGGAACCGC A TOTCCCAAGA-GA COAGCCAAGCCAA TOTCCCAAGAGA TGTCTCAGA GA TGTCTCAGA TGT	GARCC-GCGAA GAAAAT GGGAG GAAAC GGGAG A30 CACTCTTAATC CGTCAGAGAC CATCACTAATC CATCACTAATC TCTAGACCTG CTTAGACCTG	ACAGARAGAN ACAGARAGAN ACAGARAGAN TG AGGTT TGGA GARAT TG AAGTC S20 CTCCATCGT-CACGAR CTCCATCGT-CACGAR CTCCATGGT AGTTATGGT ATCTACGGG	ATCGATGATA A10 ATGATGATCA AAACCT ACAAAACAC ACGAAGAT GAGGATT GAGGTGTA GAGGTGTA ATCGATGAT ATCGATGCT ATCGATGCT CTCGATGCT CTCGATGCT CTCGATGCT ATCGATGCT ATCGATGCT ATCGATGCT ATCGATGCT ATCGATGCT ATCGATGCT ATCGATGCT ATCGATGCT ATCGATGCT ATTGGATGCT AT	(255) = -(255) = -(256) = -(256) = -(256) = -(251) G = (304) G = (305) G = (405) A = (pBS13 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS18 pBS58 Consensus pBA12 pBS19 pBS58 Consensus pBA12 pBS13 pBS19 pBS58 Consensus

Рис. 1. Выравнивание CSRII-фрагментов генов целлюлозосинтаз льна-долгунца

Таблица1. Идентичность нуклеотидных последовательностей CSRII-фрагментов генов целлюлозосинтаз из растений льна-долгунца, %

CSRII льна-долгунца	pBA12	pBS13	pBS19	pBS58
pBA12		56	54	56
pBS13	56		58	63
pBS19	54	58		55
pBS58	56	63	55	

Таблица 2. Идентичность нуклеотидных последовательностей CSRII-фрагментов генов целлюлозосинтаз из растений льна-долгунца с таковыми фрагментами из Ar. thaliana, %

CesA-гены Ar. thaliana	CesA-гены льна-долгунца				
CesA-гены Ar. tnatiana	pBA12	pBS13	pBS19	pBS58	
AtCesA1	75	62	59	60	
AtCesA2	60	72	59	59	
AtCesA3	67	61	62	60	
AtCesA4	54	55	48	63	
AtCesA5	60	72	58	59	
AtCesA6	61	70	59	58	
AtCesA7	61	60	72	56	
AtCesA8	60	58	60	58	
AtCesA9	59	74	58	59	
AtCesA10	74	62	59	59	

П р и м е ч а н и е. Цветом выделены наибольшие значения идентичности при попарном выравнивании CSRII-областей льна долгунца с фрагментами *CesA*-генов *Ar. thaliana*.

AtCesA1 и AtCesA10 составляет 85 %. Сходство консервативных участков данных генов еще выше. Это обстоятельство находит свое отражение и в филогенетических отношениях указанных генов (рис. 2). Существенным отличием AtCesA10 от AtCesA1 являются две делеции в начале (295 п. н.) и в конце (109 п. н.) последовательности гена. Значительное сходство в нуклеотидной последовательности данных генов позволяет говорить об общности их происхождения в результате относительно недавней дупликации общего предшественника [7]. Поскольку для идентификации целлюлозосинтаз льна-долгунца в нашей работе использованы CSRII-области генов, мы не можем судить о наличии или отсутствии делеций в концевых участках генов целлюлозосинтаз льна.

Фрагмент pBS13 наибольшую идентичность по нуклеотидному составу проявляет с CSRII-областью гена AtCesA9, поэтому его идентифицировали как LusCesA9. Как и в случае с предыдущим фрагментом pBA12, фрагмент pBS13 имеет высокое сходство и с паралогами данного гена, а именно AtCesA2, AtCesA5 и AtCesA6. Это обстоятельство согласуется с мнением об общем происхождении перечисленных генов в результате двух последовательных дупликаций. Отмечается, что расхождение генов AtCesA2, AtCesA5, AtCesA6 и AtCesA9 было более древним эволюционным событием по сравнению с происхождением AtCesA1 и AtCesA10 [7].

Фрагмент pBS19 имеет максимальную идентичность с аналогичной областью гена AtCesA7, поэтому его идентифицировали как CSRII-область гена LusCesA7. Следует также отметить, что данный фрагмент не имел высокого совпадения с CSRII-фрагментами других CesA-генов $Ar.\ thaliana$, как это наблюдалось в случае двух предыдущих фрагментов. Это можно объяснить тем, что при построении филогенетического дерева CesA-генов $Ar.\ thaliana$ на основе CSRII-областей ген AtCesA7 не образовывал кластер с другими генами целлюлозосинтаз, т. е. ген AtCesA7 не имеет паралогов.

В случае фрагмента pBS58 наибольшая идентичность (63 %) обнаружена при сравнении его с последовательностью CSRII-области гена AtCesA4 (табл. 2). Мы обозначили данный фрагмент как участок гена LusCesA4, но вынуждены признать, что сделано это на основании недостаточно высокой идентичности. Однако совпадение pBS58 с CSRII-областями других CesA-генов арабидопсиса были еще ниже.

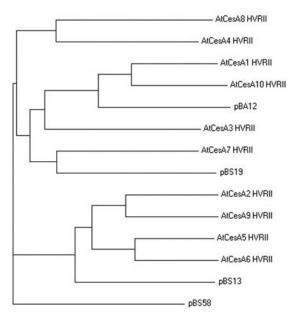


Рис. 2. Филогенетические отношения CesA-генов A. thaliana и L. usitatissimum, рассчитанные с использованием алгоритма присоединения ближайшего

Следует особо отметить, что совпадение фрагментов pBS13 и pBS58 также составляет 63 %, но, по нашему мнению, это не является основанием причисления их к одному классу целлюлозосинтаз. На рис. 2, отражающем филогенетические отношения генов целлюлозосинтаз льна-долгунца и арабидопсиса, видно, что фрагмент pBS58 образует отдельный кластер, куда не входят другие гены. Возможно, данный ген целлюлозосинтазы является специфичным для льна-долгунца и не имеет ортологов в геноме арабидопсиса.

В табл. 3 приведены данные сравнения CSRII-области гена Lus Ces A4 с генами целлюлозосинтаз растений других видов. Как видно из таблицы, наибольшую идентичность Ces A4-ген льна-долгунца имеет с генами целлюлозосинтаз различных видов рода Populus (80 %), Betula (79 %), т. е. с генами из геномов древесных растений. Поскольку рост и развитие клеточной стенки вторичной ксилемы древесных растений не удается с точностью смоделировать на травянистых растениях, Ar. thaliana не всегда удовлетворяет исследователей как уни-

версальное модельное растение. Это обстоятельство вызвало необходимость использовать в качестве модельного объекта тополь, его североамериканский вид $Populus\ trichocarpa\ [13]$. Геном $P.\ trichocarpa\$ секвенирован полностью, хотя и не имеет подробной генетической аннотации, как для $Ar.\ thaliana$. Возможно, для изучения генетических аспектов биогенеза льноволокна, в частности функционирования генов целлюлозосинтаз льна-долгунца, древесные растения также могли бы оказаться удобной моделью.

В экспериментах на растительных тканях четко показаны две группы генов, кодирующие целлюлозосинтазы, специфически экспрессирующиеся при биогенезе первичной и вторичной клеточной стенки [14]. Для Ar. thaliana функционирование продуктов генов AtCesA1, AtCesA2, AtCesA3, AtCesA5, AtCesA6 и AtCesA9 связывают с образованием первичной клеточной стенки, экспрессия генов AtCesA4, AtCesA7 и AtCesA8 необходима для биогенеза более толстой и механически прочной вторичной клеточной стенки. Роль AtCesA10 пока остается неизвестной [7].

ТаблицаЗ. Идентичность нуклеотидных последовательностей CSRII-области целлюлозосинтазы льна LusCesA4 при попарном сравнении с целлюлозосинтазами других растений

Растение	Ген	Код доступа	Размеры CSRII-области,	Идентичность
*** * *		к последовательности гена	П. Н.	с CSRII-областью LusCesA4, %
Acaci amagnum	CesA1	AY643519	557	64
Bambus aoldhamii	CesA6	DQ020214	590	65
Solanum tuberosum	CesA4	AY221088	572	66
Gossypium hirsutum	CelA2	U58284	617	76
Eucaliptus grandis	CesA2	DQ014506	617	77
Eucaliptus camaldulensis	CesA2	HQ864584	617	77
Betula platyphylla	CesA4	EU591532	614	79
Betula luminifera	CesA4	FJ410446	614	79
Ricinus communis	CesA6	XM_002526514	614	79
Salix sachalinensis	CesA4	HM043716	611	79
Populus tomentosa	CesA4	FJ534554	611	79
Populus tremuloides	CesA3	AF527387	611	80
Populus tremula x Populus tremuloides	CesA1	AY573571	611	80
Populus tomentosa	CesA4	HQ585869	611	80
Populu strichocarpa	_	XM_002301820	611	80

На основании сравнительного анализа можно предположить, что у льна-долгунца гены LusCesA1 и LusCesA9 ассоциированы с синтезом первичной клеточной стенки, а LusCesA4 и LusCesA4 — вторичной.

Экспрессия гена LusCesA4 отмечена во всех исследованных частях растений льна-долгунца. Ген LusCesA1 выявлен только в апикальной части растений, что свидетельствует о функционировании данного гена в молодых тканях, где идет биосинтез первичной клеточной стенки. CSRII-области генов LusCesA7 и LusCesA9 обнаружены исключительно в стеблях льна-долгунца, что может указывать на участие данных генов в биогенезе льноволокна. Учитывая, что льноволокно является вторичной клеточной стенкой клеток флоэмы, из двух генов, предположительно специфичных для стебля льна-долгунца, с биосинтезом вторичной клеточной стенки ассоциирован один — LusCesA7, тогда как второй (LusCesA9) участвует в формировании первичной клеточной стенки.

Заключение. При сравнении фрагментов CSRII-области льна-долгунца с последовательностями гомологичных генов Ar. thaliana были индентифицированы четыре гена целлюлозосинтаз — LusCesA1 (pBA12), LusCesA4 (pBS58), LusCesA7 (pBS19) и LusCesA9 (pBS13). Первый из них, LusCesA1, имел 75 %-ную идентичность с геном AtCesA1, второй, LusCesA4, — 63 %-ную идентичность с AtCesA4, третий, LusCesA7, — 72 %-ную с AtCesA7, и четвертый, LusCesA9, проявлял 74 %-ную идентичность с AtCesA9. Гены CesA1 и CesA9 ассоциированы с синтезом первичной клеточной стенки, а CesA4 и CesA7 необходимы для биосинтеза более толстой вторичной клеточной стенки.

Полученные данные позволяют констатировать наличие экспрессии генов целлюлозосинтаз класса *CesA4*, *CesA7* и *CesA9* в стебле, *CesA1* и *CesA4* в апикальной части растений и *CesA4* в листьях растений льна-долгунца на стадии быстрого роста. Предположительно, экспрессия генов *LusCesA9* и *LusCesA9* является специфичной для стеблей льна-долгунца и может влиять на качество формируемого льноволокна.

Литература

- 1. $Coelho\ S.\ M.$, $Peters\ A.\ F.$, $Charrier\ B.$ et al. // Gene. 2007. Vol. 406, N 1–2. P. 152–170.
- 2. Bennett M. D., Leitch I. J., Price H., Johnston J.S // Annals of Botany. 2003. Vol. 91, N 5. P. 547-557.
- 3. The Arabidopsis Genome Initiative // Nature. 2000. Vol. 408. P. 796–815.
- 4. Saxena I. M., Brown R. M. // Annals of Botany. 2005. Vol. 96. P. 9-21.
- 5. Liang X., Joshi C. P. // Tree Physiology. 2004. Vol. 24. P. 543-550.
- 6. Ranik M., Myburg A. A. // Tree Physiology. 2006. Vol. 26, N 5. P. 545–556.
- 7. Kumar M., Thammannagowda S., Bulone V. et al. // Trends in Plant Science. 2009. Vol. 14. P. 248-254.
- 8. Titok V., Leontiev V., Shostak L., Khotyleva L. // J. of Natural Fibers. 2006. Vol. 3, N 1. P. 35-41.
- 9. Горшкова Т. А. Растительная клеточная стенка как динамическая система. М., 2007.
- 10. Γ алиновский Д. В., Леонтьев В. Н., Никитинская Т. В. и др. // Труды БГТУ. Сер. IV. 2009. Вып. XVII. С. 178–182.
- 11. Галиновский Д. В., Дубарь Д. А., Райский А. П., Титок В. В. // Труды БГТУ. Сер. IV. 2010. Вып. XVIII. С. 266–268.
- 12. Галиновский Д. В., Леонтьев В. Н., Никитинская Т. В. и др. // Докл. НАН Беларуси. 2010. Т. 54, № 3. С. 92–97.
- 13. Janson S., Douglas C. J. // Annu Rev Plant Biol. 2007. Vol. 58. P. 435–458.
- 14. Burton R. A., Farrokhi N., Bacic A., Fincher G. B. // Planta. 2005. Vol. 221, N 3. P. 309-312.

D. V. GALINOUSKY, N. V. ANISIMOVA, V. N. LEONTIEV, V. V. TITOK, L. V. KHOTYLEVA

dimgal200@rambler.ru

Cesa-GENES ORTHOLOGS OF ARABIDOPSIS THALIANA L. IN FIBER FLAX (LINUM USITATISSIMUM L.)

Summary

In this article, a comparative analysis of the cellulose synthase CSRIIs of fiber flax with *CesA*-genes of *Arabidopsis thaliana* L. was made. The high identity grade (more than 70 %) of the cellulose synthase genes of fiber flax with the homological gene sequences of *Ar. thaliana* was determined for three of the four examined fragments. One tested fragment exhibited the low identity (63 %) with *CesA*-genes of *Ar. thaliana*. The cellulose synthase genes of fiber flax, which were named *LusCesA1*, *LusCesA4*, *LusCesA7* and *LusCesA9*, were identified using the sequences of CSRIIs.