**ИЗУЧЕНИЕ ХЛОРОПЛАСТНОГО ГЕНОМА ЛИСТВЕННИЦЫ СИБИРСКОЙ (*Larix sibirica* Ledeb.) И РАЗРАБОТКА ПОЛИМОРФНЫХ ХЛОРОПЛАСТНЫХ МАРКЕРОВ**

Бондар Е. И.1, Путинцева Ю. А.1, Орешкова Н. В.1,2, Крутовский К. В.1,3,4,5

1Сибирский федеральный университет, Красноярск, Россия, [bone-post@ya.ru](mailto:bone-post@ya.ru);

2Институт леса им. В.Н. Сукачева СО РАН, Красноярск, Россия;

3Гёттингенский университет им. Георга-Августа, Гёттинген, Германия;

4Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия;

5Техасский университет A&M, Колледж-Стейшен, Техас, США

Основными целями данного исследования являлись сборка и аннотирование хлоропластного генома лиственницы сибирской (*Larix sibirica* Ledeb., 1833), а также поиск полиморфных генетических маркеров – простых микросателлитных повторов (SSRs) и однонуклеотидных полиморфизмов (SNP). Для сборки генома использовались данные полногеномного секвенирования *L. sibirica*, полученные на приборе Illumina HiSeq2000 в Лаборатории лесной геномики СФУ под руководством проф. К. В. Крутовского и созданной в 2014 г. на грант от Правительства РФ. Образцы ДНК были взяты для трех деревьев: красноярского, хакасского и уральского. Ассемблирование производилось с использованием программ картирования Bowtie2 и геномного ассемблера SPAdes. Аннотирование генома проводилось при помощи сервиса Rapid Annotation using Subsystem Technology (RAST) .Для поиска SNPs в хакасской и красноярской популяциях использовались программы Bowtie2 и Ugene.

Длина хлоропластного генома *L. sibirica* составила 122561 bp и близка к 122474 bp у близкородственной *Larix decidua* Mill. В результате аннотирования и сравнения полученных данных с уже имеющимися близкородственными видами *L. decidua* и *L. occidentalis*, был выявлен 121 кодирующий участок, из которых 34 соответствуют генам тРНК и 87 CDS. Среди трех деревьев найдено 13 SNPs, два из них находятся в кодирующих участках генома: *tRNA-Arg* и *Cell division protein FtsH.* В красноярской популяции найдено 16 SNPs, один из них находится в кодирующей зоне *FtsH*. Для обеих популяций было выявлено 9 общих SNPs.

*Работа выполнена в рамках проекта «Геномные исследования основных бореальных лесообразующих хвойных видов и их наиболее опасных патогенов в Российской Федерации», финансируемого Правительством РФ (договор № 14.Y26.31.0004).*

**STUDY OF SIBERIAN LARCH (*Larix sibirica* Ledeb.) CHLOROPLAST GENOME AND DEVELOPMENT OF POLYMORPHIC CHLOROPLAST MARKERS**

**Bondar E.I.1,** **Putintseva Yu.A.1, Oreshkova N.V.1,2, Krutovsky K.V.1,3,4,5**

1Siberian Federal University, Krasnoyarsk, Russia, [bone-post@ya.ru](mailto:bone-post@ya.ru);

2V.N. Sukachev Institute of Forest, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences, Krasnoyarsk, Russia;

3Georg-August University of Göttingen, Göttingen, Germany;

4N.I. Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia;

5Texas A&M University, College Station, Texas, USA

The main objectives of this study were assembling and annotation of chloroplast genome of Siberian larch (*Larix sibirica* Ledeb.) and detection of polymorphic genetic markers – simple microsatellite repeats (SSRs) and single nucleotide polymorphisms (SNPs). We used data of the whole genome sequencing of three Siberian larch trees from different regions - Urals, Krasnoyarsk, and Khakassia, respectively. Sequence reads were obtained using the Illumina HiSeq2000 in Laboratory of Forest Genomics at the Genome Research and Education Center in SFU. The assembling was done using the Bowtie2 mapping program and the SPAdes genomic assembler. The genome annotation was performed using the RAST service. For SSRs search we used the SciRoKo program, for SNPs detection – the Bowtie2 and UGENE programs. Length of the assembled chloroplast genome was 122,561 bp, which is close to 122,474 bp in the closely related European larch (*Larix decidua* Mill.). As a result of annotation and comparison of the data with existing data available only for two larch species - *L. decidua* and *L. occidentalis* (partial genome of 119,680 bp), we identified 121 coding regions, 34 of which represented RNA and 87 - CDS genes. Total 13 SNPs were detected, two of them were in the coding regions of the genome: *tRNA-Arg* and *Cell division protein FtsH.*. The presented study was a part of the project "Genomic studies major boreal coniferous forest tree species and their most dangerous pathogens in the Russian Federation" funded by the Government of the Russian Federation (contract № 14.Y26.31.0004).