**ГЕНОМНЫЕ И ЭПИГЕНОМНЫЕ МЕХАНИЗМЫ АДАПТАЦИИ ЛЕСНЫХ ДРЕВЕСНЫХ ВИДОВ**

Крутовский К. В.1,2,3,4

1Гёттингенский университет им. Георга-Августа, Гёттинген, Германия, kkrutovsky@gmail.com;

2Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия;

3Сибирский федеральный университет, Красноярск, Россия;

4Техасский университет A&M, Колледж-Стейшен, Техас, США

Эпигенетические изменения в геномах растений и животных, вызванные влиянием окружающей среды и влияющие на экспрессию генов и, таким образом, на фенотипы, известны давно. Но только в последнее время появились методы, позволяющие изучать эти изменения на полногеномном уровне и сравнивать их между разными особями внутри видов, между разными видами и в поколениях. Оказалось, что некоторые эпигенетические изменения, такие как метилирование ДНК и ацетилирование гистонов могут объяснить больше адаптивных фенотипических различий, чем нуклеотидные замены или другие типы генетических мутаций. При этом эпигенетические измения в отличие от генетических мутаций (если не считать редкие возвратные мутации) обратимы. Более того, недавно обнаружилось, что некоторые из них очень устойчивы и могут наследоваться в течение многих поколений. В докладе будут представлены примеры такой «эпигенетической памяти» в разных видах, в том числе лесных древесных видах. Кроме того, будут рассмотрены и обсуждены наиболее современные методы изучения метилирования ДНК (одного из основных эпигенетических механизмов регуляции экспрессии генов) и обнаружения эпигеномных маркёров с помощью полногеномного бисульфитного секвенирования и использования чувствительных к метилированию изоформ рестрикционных эндонуклеаз.

*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).*

**GENOMIC AND EPIGENOMIC MECHANISMS OF ADAPTATION IN THE FOREST TREE SPECIES**

Krutovsky K. V.1,2,3,4

1Georg-August University of Göttingen, Göttingen, Germany, kkrutovsky@gmail.com;

2N.I. Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia;

3Siberian Federal University, Krasnoyarsk, Russia;

4Texas A&M University, College Station, Texas, USA

Epigenetic changes in plant and animal genomes caused by environment and affecting gene expression and thus phenotypes are known for a long time. However, only recently developed methods allow us now to study epigenetic changes at the genome-wide level and compare them between different individuals and species and across generations. It turned out that some epigenetic changes, such as DNA methylation and histone acetylation may explain more adaptive phenotypic differences than nucleotide substitutions and other types of genetic mutations. Epigenetic changes are reversible in contrast to genetic mutations (except for rare back mutations). Moreover, it was found recently that some of them are very stable and can be inherited for many generations. The presentation will demonstrate examples of such "epigenetic memory" in different species, including forest trees. In addition, the most modern methods for studying DNA methylation (one of the main mechanisms of epigenetic regulation of gene expression) and for detection of epigenetic markers using genome-wide bisulfite sequencing and methylation-sensitive restriction endonuclease isoforms will be presented and discussed.

*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).*