

Анализ экспрессии генов липидного метаболизма у *Euonymus europaeus* с помощью транскриптомного анализа ариллусов на разных стадиях развития плода

Научный руководитель – Голденкова-Павлова Ирина Васильевна

Павленко Ольга Сергеевна

Аспирант

Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева,
Агрономии и биотехнологии, Генетики и биотехнологии, Москва, Россия

E-mail: helliga.p@gmail.com

Секвенирование транскриптома дает возможность изолировать интересующие гены, разрабатывать функциональные маркеры, осуществлять количественное определение экспрессии генов и проводить сравнительные геномные исследования. Полный транскриптомный анализ играет важную роль в расшифровке структуры и функции генома, идентифицируя генетические сети, лежащие в основе клеточных, физиологических, биохимических и биологических систем.

Настоящее исследование посвящено изучению генов липидного метаболизма из бересклета европейского (*Euonymus europaeus*). Интерес к растениям бересклета обусловлен тем, что эти растения, наряду с обычными триацилглицеридами (ТАГ), синтезируют и необычные их формы - *sn*1,2-диацил-3-ацетилглицеринов (*ac*ДАГ). Причем накопление как ТАГ, так и *ac*ДАГ происходит и в семенах и в ариллусах плодов. За счёт наличия *ac*ДАГ жирные масла бересклетов приобретают уникальные свойства, имеющие высокую ценность для производства биотоплива, а растения данного рода становятся потенциальными донорами генов для создания генетически модифицированных линий сельскохозяйственных культур с изменённым составом масла.

Для лучшего понимания механизмов биосинтеза *ac*ДАГ был проведен транскриптомный анализ трех образцов из ариллусов *E. europaeus*, собранных на разных стадиях развития плода. Первый образец (первая стадия развития плода) характеризовался максимальным уровнем содержания *ac*ДАГ и минимальным уровнем ТАГ, второй образец приблизительно равным содержанием *ac*ДАГ и ТАГ, третий образец минимальным уровнем *ac*ДАГ и максимальным уровнем ТАГ. Транскриптомный анализ проводили с помощью Illumina HiSeq 2500. В результате было получено 152777 транскриптов. Анализ экспрессии трех образцов позволил выявить на каждой стадии развития уникальные транскрипты. С помощью Blast2GO была определена вероятная функциональная принадлежность этих транскриптов и выявлены последовательности-кандидаты в гены липидного метаболизма у *E. europaeus*. С помощью специально разработанного программного обеспечения были проанализированы уровни экспрессии генов *dgat* на разных стадиях развития плода. Полученные данные также могут послужить основой для изучения других метаболических путей у растений бересклета.

Работа выполнена при поддержке Гранта РФФ 17-74-10127.