

ГЕНОМНАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ СЕМЕЙСТВ ГЕНОВ, ВОВЛЕЧЕННЫХ В БИОСИНТЕЗ ЖИРНЫХ КИСЛОТ ОБЛЕПИХИ

Турба А.А.¹, Новаковский Р.О.¹, Предущенко П.А.¹, Зубарев Ю.А.²,
Мельникова Н.В.¹, Дмитриев А.А.¹

¹Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта Российской академии наук,
Москва, Россия

²Федеральный Алтайский научный центр агробιοтехнологий, Барнаул, Россия

anastas.turba@gmail.com

Облепиха (*Hippophae rhamnoides* L.) обладает ценными питательными и лечебными свойствами. Биологически активные масла облепихи содержатся в семенах и мякоти плодов. Высокое содержание пальмитиновой кислоты в мякоти плодов (около 36%) ограничивает развитие производства облепихи, однако эту характеристику можно улучшить. Известно, что тканеспецифичная экспрессия ключевых генов, вовлеченных в биосинтез жиров, обуславливает значительную разницу в содержании масла и его жирнокислотном составе в семенах и мякоти плодов облепихи. Высокий уровень экспрессии генов *GPD1* и *DGAT1*, *DGAT2* в формирующейся мякоти способствует эффективному накоплению триацилглицеринов. Низкий уровень экспрессии данных генов обуславливает низкое содержание масла в семенах. Высокий уровень экспрессии *KASII*, коррелирующий с высоким уровнем экспрессии *SAD*, *FAD2*, *FAD3*, *FAD7*, *FAD8* и низким уровнем экспрессии *FATB*, *Δ9D*, способствует накоплению олеиновой, линолевой и линоленовой кислот в семенах облепихи. Однако низкий уровень экспрессии *KASII*, коррелирующий с высоким уровнем экспрессии *FATB* и *Δ9D*, способствует накоплению пальмитиновой и пальмитолеиновой кислот в мякоти.

В этой работе с использованием последовательности генома облепихи (<https://db.cngb.org/search/project/CNP0001846/>) проведено комплексное исследование генов семейств *SAD*, *FAD*, *FAT*, *KAS*, *GPD* и *DGAT*, включая структуры генов, филогенетические отношения и состав мотивов.

Последовательности белков *Arabidopsis thaliana* и его ортологов были загружены из базы данных Ensembl Plants (<https://plants.ensembl.org/>). Эти последовательности использовались в качестве запросов с помощью BLASTP с фильтром по критерию E-value ≤ 1e-5 для идентификации членов искомым семейств. Файлы скрытой марковской модели для анализируемых семейств генов загружены из базы данных Pfam (<https://www.ebi.ac.uk/interpro/>). HMMER 3.0 (<http://hmmer.janelia.org/>) использовался для отбора генов-кандидатов. Два онлайн-ресурса: Pfam (<https://www.ebi.ac.uk/interpro/entry/pfam>) и NCBI-CDD (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/cdd.shtml>) применялись для определения того, содержат ли все кандидаты соответствующие домены. ExPASy (<https://web.expasy.org/protparam/>) использовался для расчета длины аминокислотной последовательности, молекулярной массы (MW), изоэлектрической точки (pI) и индекса нестабильности всех генов-кандидатов. Приложение MEGA 11.0 с инструментом ClustalW применялось для множественного выравнивания последовательностей и построения филогенетических эволюционных деревьев. Мотивы белков получены из MEME (<http://meme-suite.org/>, v5.1.1).

В ходе работы из 2366 генов-кандидатов отобрано и проанализировано 9 генов *SAD*, 20 генов *FAD*, 8 генов *FAT*, 26 генов *GPD* и 7 генов *DGAT*. Полученные данные лягут в основу последующих полногеномного, транскриптомного и метиломного анализов, которые необходимы для понимания механизмов синтеза жирных кислот, а также развития маркер-ориентированной селекции облепихи с целью создания сортов с улучшенным жирнокислотным составом плодов.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда, грант № 23-46-00026.