

DOI: 10.25205/978-5-4437-1691-6-284

ПОИСК ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ И ПЕРЕКРЕСТНЫХ РЕГУЛЯТОРНЫХ МЕХАНИЗМОВ ЧАЯ
(*CAMELLIA SINENSIS* (L.) KUNTZE) В ОТВЕТ НА ХОЛОД И ЗАСУХУ
НА ОСНОВЕ ТРАНСКРИПТОМНОГО АНАЛИЗА*

IDENTIFICATION OF COLD AND DROUGHT RESISTANCE GENES AND CROSS-REGULATION
MECHANISMS IN TEA (*CAMELLIA SINENSIS* (L.) KUNTZE) BASED ON TRANSCRIPTOMIC ANALYSIS

Р. М. Шхалахова, В. И. Маляровская

Федеральный исследовательский центр «Субтропический научный центр РАН», Сочи

R. M. Shkhalakhova, V. I. Malyarovskaya

Federal Research Centre the Subtropical Scientific Centre RAS, Sochi

✉ shhalahova1995@mail.ru

Аннотация

В данной работе мы провели транскриптомный анализ растений чая в условиях абиотических стрессов (холод-засуха). Определены основные общие механизмы ответа на холод и засуху, а также потенциальные гены-кандидаты для селекции, направленной на устойчивость чая к комплексу данных факторов.

Abstract

In this work, we investigated transcriptomic analysis of tea plants under abiotic stress conditions (cold and drought). The main general mechanisms of response to cold and drought were identified, as well as potential candidate genes for selection aimed at improving tea resistance to this complex of factors.

Среди древесных культур чайное растение (*Camellia sinensis* L.) является одной из важнейших товарных культур в мире. В большинстве стран — производителей чая плантации страдают от засухи и холодного стресса, которые значительно снижают урожайность и уменьшают распространение урожая в более холодных районах. Холод и засуха индуцируют общие и специфические наборы сигнальных путей и регуляторных механизмов вслед за биохимическими реакциями, влияющими на фенотип растений [1]. Поэтому необходимо лучше понять перекрестные генетические механизмы для создания сортов, толерантных к нескольким факторам окружающей среды, которые могут способствовать повышению продуктивности сельскохозяйственных культур в условиях меняющегося климата во всем мире [2]. Коллекция зародышевой плазмы чая Северного Кавказа находится на границе возможного мирового производства чая, некоторые генотипы коллекции способны выживать при температуре ниже -20°C .

Целью работы являлось выявление перекрестных и специфичных ответов чая на холод и засуху, проявляющихся при моделировании стресса на основе транскриптомных данных.

В качестве материала были использованы растения элитного местного сорта чая Колхида (температура выживания взрослых растений около -10 – -12°C) (ФИЦ ШЦ РАН, Сочи, Россия). Для индукции холода растения помещали в холодовые камеры с температурой $+2$ – -4° . Отборы образцов при индукции холодного стресса проводили по схеме: 0 ч — контроль, 1, 3, 12 ч — кратковременный стресс, 7 дней (д), 14 д — долговременный стресс, восстановление 7 д. При индукции засухи: контроль, засуха 1, 3, 6, 9 д, восстановление 4 д.

RNAseq и анализ транскриптомов в отобранных образцах проводили по протоколу Illumina, обработка и анализ данных RNAseq и валидация методом qRT-PCR — на базе ФИЦ ШЦ РАН. Сборка транскриптомов *de novo* с программой Trinity, функциональная аннотация — с использованием баз данных NR, Swiss-Prot, GO, KEGG и COG. Далее проводили анализ дифференциальной экспрессии генов, GO-анализ главных компонент, анализ коэкспрессии и реконструкцию генных сетей

Анализ показал, что общие термины GO, связанные с тилакоидными мембранами, фотосинтетическими мембранами, реакцией на каррикин, транспортом электронов, цитохромным комплексом, играют жизненно важную роль в ответах чая на длительную засуху и холод. Кроме этого, 20 транскрипционных факторов, большинство из которых связаны с АБК-опосредованным путем ответа, повышено экспрессировались в обоих вариантах стрессах.

* Исследование выполнено при поддержке РНФ (проект № 18-76-10001).

© Р. М. Шхалахова, В. И. Маляровская, 2024

Для реконструкции генных сетей были выбраны гены, связанные с тремя основными путями GO и KEGG: фотоперцепцией, передачей стрессовых сигналов и ремоделированием клеточной стенки, так как по данным RNAseq эти гены повышено экспрессировались при долгом воздействии холода и засухи. В генной сети выявлен центральный функциональный кластер из 19 генов с наивысшей коэкспрессией: 7 генов ремоделирования и биосинтеза клеточной стенки, 4 гена Ca²⁺-сигналинга, 3 гена фоторецепции, 2 гена гормональной передачи сигналов, 2 гена передачи сигналов АФК и ген фенилпропаноидного пути. Кластер также содержал 41 из 79 наиболее значимых ребер, что указывает на существование совместной регуляции этой основной подсети. Также выделено четыре концентратора, содержащих 6 наиболее значимых соседей: GIL1, Strap, CRT, CXE11. Также 5 генов из этого кластера характеризуются наивысшей степенью экспрессии во всей сети: PXL1, PRP-F1, GATL7, CIPK6, UEL-1. Эти гены являются новыми генами-кандидатами для селекции, направленной на устойчивость чая к холоду и засухе.

В результате установлены основные перекрестные механизмы ответа на холод и засуху: а) ремоделирование клеточной стенки посредством биосинтеза лигнина, о-ацетилирования полисахаридов, биосинтеза и ветвления пектина, биосинтеза ксиланоглюкана и арабиногалактана; б) стабилизация липидов при длительном стрессовом ответе чайного растения; в) активация нескольких важных генов фотоперцепции (CRY1, ELIP1, FTIP1, EID1, ERDJ3B, dnaJ11). Исследование представляет новые данные о перекрывающихся и специфических регуляторных путях, ключевых функциональных генах и компонентах сигнальной трансдукции, участвующих в краткосрочных и долгосрочных холодах, засухе чая.

Литература

1. Zhou R., Yu X., Zhao T. et al. Physiological analysis and transcriptome sequencing reveal the effects of combined cold and drought on tomato leaf // *BMC Plant Biol.* 2019. Vol. 19. P. 377.
2. Minhas P. S., Rane J., Pasala R. K. *Abiotic stress management for resilient agriculture.* Springer, 2017.