

## ПАРАЛОГИЗАЦИЯ ГЕНОВ В КОНТЕКСТЕ АДАПТАЦИОННОЙ ЭВОЛЮЦИИ

Водясова Екатерина Александровна<sup>1</sup>, Цюпка Валентина Анатольевна<sup>1,2</sup>, Смыков Анатолий Владимирович<sup>1,2</sup>, Гребенникова Оксана Анатольевна<sup>1,2</sup>, Челебиева Элина Сергеевна<sup>1</sup>, Ибадуллаева Эльнара Ленуровна<sup>1</sup>, Булавин Илья Владимирович<sup>1,2</sup>, Уппе Виктория Александровна<sup>1</sup>, Мегер Яков Васильевич<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Курчатовский геномный центр «НБС-ННЦ», Россия, Ялта, пгт. Никита,  
<sup>2</sup>Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Никитский ботанический сад – Национальный научный центр РАН»,  
Россия, Республика Крым, г. Ялта, пгт. Никита  
eavodiasova@gmail.com

Пероксидаза (ПОД) является ключевым антиоксидантным ферментом, участвующим в реакции клеток на различные негативные факторы (холод, засуха, инфекции, тяжелые металлы, атмосферные и почвенные загрязнители и т.д.). Кроме того, данный фермент представляет собой мультибелковое семейство и кодируется множеством генов. *Prunus persica* (L.) Batsch (персик) был выбран объектом исследования, так как является важной плодовой культурой, которая имеет тенденцию повреждаться ранними весенними заморозками.

На основе полного генома персика (GCA\_000346465.2) было найдено 60 генов, кодирующих POD и проанализировано их генетическое разнообразие. Экспрессию генов, кодирующих пероксидазу, в различных тканях, а также при холодовом стрессе анализировали с использованием транскриптомных данных, доступных в NCBI. Кроме того, для подтверждения транскриптомных данных, для нескольких групп пероксидаз были проведены эксперименты по тканеспецифичности и влиянию возвратных заморозков. Здесь были отобраны сорта персика с различной устойчивостью к холоду.

Экзонно-интронная структура сильно различается: одни гены лишены интронов, другие имеют несколько длинных интронов. Проведенный филогенетический анализ не выявил четкой кластеризации пероксидаз. Отдельные группы образуют пероксидазы PODP7 и POD4; PODN и PODA2; POD55, POD16 и POD73. Такое высокое разнообразие пероксидаз вероятно связано с особенностями функционирования различных классов фермента.

Четкой тканеспецифичности среди групп пероксидаз выявлено не было, при этом наибольшая экспрессия наблюдалась в листьях.

Следует отметить, что повышение экспрессии пероксидаз одного типа при наступлении стресса не наблюдалось, а следовательно, увеличение активности фермента (что часто фиксируется при биохимических исследованиях) не связано с увеличением его экспрессии. При этом была выявлена следующая закономерность: при наступлении неблагоприятных условий происходит резкое снижение экспрессии одних классов пероксидаз (таких как PODN, PODA2) и повышение экспрессии других (например, POD4). Это свидетельствует о переключении механизмов антиоксидантной системы и связано вероятно с различиями в функциональных центрах белков различных классов пероксидаз. Смещение спектра экспрессируемых пероксидаз позволяет предполагать о паралогизации генов POD у *Prunus persica*.

Таким образом, дупликация генов, приводящая к паралогизации, может являться одним из механизмов адаптационной эволюции и приводить к появлению групп пероксидаз со специфичностью к различным стрессовым факторам.

Работа выполнена при поддержке Курчатовского геномного центра Никитского ботанического сада – Национального научного центра РАН (075-15-2019-1670).

*Ключевые слова:* пероксидаза, экспрессия генов, адаптационная эволюция, дупликация генов, *Prunus persica*.

---

## GENE PARALOGIZATION IN THE CONTEXT OF ADAPTIVE EVOLUTION

Vodiasova Ekaterina Aleksandrovna<sup>1</sup>, Tsyupka Valentina Anatolievna<sup>1,2</sup>, Smykov Anatoliy Vladimirovich<sup>1,2</sup>, Grebennikova Oksana Anatolyevna<sup>1,2</sup>, Chelebieva Elina Sergeevna<sup>1</sup>, Ibadullaeva Elnara Leurovna<sup>1</sup>, Bulavin Iliya Vladimirovich<sup>1,2</sup>, Uppe Victoriya Aleksandrovna<sup>1</sup>, Meger Yakov Vasilyevich<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Kurchatov Genomic Centre of the Nikita Botanical Garden – National Scientific Center of RAS, Yalta, Russia*

<sup>2</sup>*Nikita Botanical Garden – National Scientific Center of RAS, Yalta, Russia  
eavodiasova@gmail.com*

Peroxidase (POD) is a key antioxidant enzyme involved in the response of cells to various negative factors (cold, drought, infections, heavy metals, atmospheric and soil pollutants, etc.). In addition, this enzyme is a multiprotein family and is encoded by many genes. *Prunus persica* (L.) Batsch (peach) was chosen as an important fruit crop that tends to be damaged by early spring frosts.

Sixty coding genes coding POD were found, based on the complete peach genome (GCA\_000346465.2), and their genetic diversity was analyzed. The gene expression encoding peroxidase in various tissues, as well as under cold stress, was analyzed using transcriptomic data available from NCBI. In addition, to confirm the transcriptomic data, experiments were performed for several groups of peroxidases on tissue specificity and the effect of return frosts. Here, peach cultivars with different cold tolerance were selected.

The exon-intron structure varies greatly: some genes were intronless, others have several long introns. The performed phylogenetic analysis did not reveal clustering of peroxidases. Separate groups form peroxidases PODP7 and POD4; PODN and PODA2; POD55, POD16 and POD73. Such a high diversity of peroxidases is probably due to the different POD class function.

There was no clear tissue specificity among the groups of peroxidases, while the highest expression was observed in leaves.

It should be noted that an increase in the expression of peroxidases of the same type during stress was not observed, and therefore, an increase in the activity of the enzyme (which is often recorded in biochemical studies) is not associated with an increase in its expression. At the same time, the following pattern was revealed: when unfavorable conditions occur, there is a sharp decrease in the expression of some classes of peroxidases (such as PODN, PODA2) and an increase in the expression of others (for example, POD4). This indicates a switch in the mechanisms of the antioxidant system and is probably associated with differences in the functional centers of proteins of different classes of peroxidases. The shift in the spectrum of expressed peroxidases suggests POD genes paralogization in *Prunus persica*.

Thus, gene duplication resulting in paralogization may be one of the mechanisms of adaptive evolution and lead to the appearance of groups of peroxidases with specificity to various stress factors.

The work was supported by the Kurchatov Genomic Center of the Nikitsky Botanical Garden - National Scientific Center of the Russian Academy of Sciences (075-15-2019-1670).

*Keywords:* peroxidase, gene expression, adaptive evolution, gene duplication, *Prunus persica*.