

Генетические детерминанты узорчатой древесины у карельской березы

Е.К. Потоккина^{1,*}, Д.С. Каржаев^{2,3}, М.В. Тис^{2,3}, Е.Д. Сафронычева^{2,3}, В.А. Волков^{2,3}, Л.В. Ветчинникова⁴, А.В. Жигунов²

¹ Сколковский институт науки и технологий, Москва, Россия

² Санкт-Петербургский государственный лесотехнический университет им. С.М. Кирова, Санкт-Петербург, Россия

³ Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт лесного хозяйства, Санкт-Петербург, Россия

⁴ Институт леса Федерального исследовательского центра «Карельский научный центр Российской академии наук», Петрозаводск, Россия

* e.potokina@skoltech.ru

Цель: В 2024 году были впервые получены экспериментальные молекулярно-генетические свидетельства о том, что признак «узорчатость древесины» у карельской березы может быть обусловлен мутациями в одном или нескольких генах, близко расположенных в компактном интервале ~1 млн п.н. хромосомы 10 (*Sci Rep* 14, 5058, 2024. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-55404-y>). Однако эти маркеры были выявлены на материале сибсового потомства, полученного в результате скрещиваний только двух родительских пар карельской березы. Необходимо было выяснить, не влияет ли высокая степень родства изученных берез на точность анализа, и будут ли генетические детерминанты «узорчатого» фенотипа по-прежнему локализованы в том же интервале хромосомы 10, если полногеномный анализ ассоциаций будет проведен на выборке карельской березы разного географического происхождения.

Материалы и методы: Для подтверждения выявленной ассоциации между SNP-маркерами на хромосоме 10 и изменчивостью «узорчатого» фенотипа у карельской березы был осуществлен повторный анализ ассоциаций (GWAS) на выборке независимых (неродственных) генотипов, включающей деревья с обычной прямоволокнистой текстурой древесины и с узорчатой текстурой в древесине. Для проведения такого анализа осуществлен запуск Plumiina с целью генотипирования дополнительной выборки карельской березы методом RADseq. С целью углубленного анализа геномных участков, содержащих SNP, ассоциированных с признаком «узорчатость древесины» проведено также полногеномное секвенирование нескольких генотипов карельской березы разного географического происхождения методом WGS с целью подробно охарактеризовать участки хромосом, содержащие SNP, ассоциированные с «узорчатой древесиной», сопоставить их последовательности с референсным геномом березы повислой, и найти возможные структурные изменения, позволяющие объяснить формирование «узорчатого» фенотипа.

Результаты: На выборке разновозрастных неродственных 96 генотипов березы с использованием алгоритма GEMMA (Genome-wide Efficient Mixed Model Association) удалось подтвердить, что SNPs, с наибольшей вероятностью сцепленные с «карельским» фенотипом, расположены в ранее идентифицированном интервале хромосомы 10. Полногеномные прочтения (WGS) были также получены для берез карельского фенотипа из Финляндии, Белоруссии, Карелии (Великая Губа), Карелии (Медвежьегорск), а также берез с некарельским фенотипом из Карелии. По результатам сравнения полногеномных прочтений, полученных для берез карельского и некарельского фенотипа, в идентифицированном интервале на хромосоме 10, содержащем 104 кодирующие последовательности, было выявлено 1872 SNP, которые демонстрировали разные аллели у карельских берез по сравнению с некарельскими. Методом последовательного исключения: 104 гена, локализованных в анализируемом хромосомном интервале, из них только 20 генов, имеющих SNP с контрастными аллелями у карельских и некарельских берез, из них только 13 генов имеют SNP или InDels в экзонах, из них только у 10 генов выявлены несинонимичные замены – был предложен список генов-кандидатов, полиморфизм которых потенциально может быть причиной возникновения «карельского» фенотипа у березы.

Финансирование: Исследование поддержано грантом РНФ № 22-16-00096 (Продление), <https://rscf.ru/project/22-16-00096>.