

Анализ экспрессии генов льна для представительной выборки органов/тканей

Д.А. Жернова^{1*}, А.А. Архипов¹, Т.А. Рожмина², Е.В. Борхерт¹, Е.Н. Пушкова¹, Н.В. Мельникова¹, А.А. Дмитриев¹

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

² Федеральный научный центр лубяных культур, Торжок, Россия

* zhernova.d@ya.ru

Цель: Провести анализ экспрессии генов льна для представительной выборки органов/тканей, получить высококачественную аннотацию генома и транскриптомную карту.

Материалы и методы: Для исследования использовали линию льна 3896. Сбор материала различных органов/тканей льна для транскриптного анализа производили в одно и то же время дня, в двукратной биологической повторности, причем каждый образец представлял собой пул из органов разных растений. РНК из полученных сборов выделяли набором Quick-RNA Miniprep Kit (Zymo Research) и с использованием ЦТАБ с дальнейшей чисткой с применением набора CleanRNA Standard kit (Евроген). кДНК-библиотеки готовили набором QIAseq Stranded mRNA Select Kit (Qiagen). Секвенирование осуществляли на приборе NextSeq 2000 (51 + 51 н.). Транскриптомные чтения обрезали по качеству и фильтровали по длине с использованием fastp 0.23.4. Структурную аннотацию генома льна получили с помощью BRAKER3 3.0.8. Для этого использовали полученные транскриптомные данные и последовательности Viridiplantae из базы OrthoDB. Функциональную аннотацию осуществляли с применением локальной версии InterProScan 5.69-101.0. Полноту аннотации оценивали при помощи BUSCO 5.7.1 (eudicots_odb10). Анализ экспрессии генов выполнили с использованием PPliner.

Результаты: На основе полученных транскриптомных данных проанализировали профили экспрессии генов в 28 различных органах/тканях льна на разных стадиях онтогенеза. С помощью этих данных мы аннотировали геном льна линии 3896 (полнота сборки согласно BUSCO – 95.6%, что является высоким показателем) и создали транскриптомную карту, которая позволит идентифицировать гены, демонстрирующие высокий уровень экспрессии в определенном органе/ткани на определенной стадии жизненного цикла растения. Такие гены, вероятно, играют ключевую роль в биологических процессах, протекающих в данном органе/ткани. Данные о профилях экспрессии генов позволят определить наиболее важные временные точки, в которых происходят интересующие нас процессы развития и формирования хозяйственно ценных признаков. К тому же транскриптомная карта дает возможность определить функции генов не только на основе анализа гомологии, но и с учетом паттернов экспрессии генов в различных органах/тканях. Таким образом, представленные транскриптомная карта и аннотация генома позволят выйти на новый уровень в молекулярно-генетических исследованиях льна, поиске ключевых генов, ответственных за ценные признаки, разработке новых подходов в селекции льна и создании улучшенных сортов.

Выводы: Получена высококачественная аннотация генома льна линии 3896, и создана транскриптомная карта для различных органов/тканей на разных стадиях онтогенеза. Полученные данные позволят значительно повысить эффективность поиска ключевых генов, ответственных за ценные признаки льна, разработки новых подходов в селекции и создании улучшенных сортов.

Финансирование: Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-64-00033, <https://rscf.ru/project/24-64-00033/>.