

Березинско-Предполесского геоботанического округа подзоны грабово-дубово-темнохвойных лесов.

Работа выполнена при поддержке Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований (БРФФИ), договор №Б22М-070.

ЛИТЕРАТУРА

1. Юркевич, И. Д. Липняки Белоруссии: Типы, ассоциации, лесохозяйственное значение / И. Д. Юркевич, В. С. Адерихо, В. Л. Дольский. – Минск : Наука и техника, 1988. – 174 с.
2. Pigott, D. Lime-trees and Basswoods: A Biological Monograph of the Genus *Tilia*: 1st ed. / D. Pigott – New York: Cambridge University Press, 2012. – 405 p.
3. Мурахтанов, Е. С. Липа / Е. С. Мурахтанов. – М.: Лесная промышленность, 1981. – 80 с.
4. Рысин, Л. П. Липовые леса Русской равнины / Л. П. Рысин. – М.: Товарищество научных изданий КМК, 2012. – 195 с.
5. COST Action E42: Growing valuable broadleaved tree species / G. Hemery [et al.] // Final Report. – 2008. – 40 p.

УДК 630*165.3:674.031.632.13

П.С. Кирьянов, науч. сотр.;
С.В. Пантелеев, доц., зав. лабораторией, канд. биол. наук;
Л.В. Можаровская, ст. науч. сотр., канд. биол. наук
(ГНУ «Институт леса НАН Беларуси», г. Гомель);
О.Ю. Баранов, член-корр., д-р биол. наук, доц., академик-секретарь
(НАН Беларуси, г. Минск)

АНАЛИЗ ТРАНСКРИПТОМА КАМБИАЛЬНЫХ ТКАНЕЙ КАРЕЛЬСКОЙ БЕРЕЗЫ

Карельская береза – уникальное растение, которое является аборигенным представителем дендрофлоры Республики Беларусь. На данный момент больше всего деревьев карельской березы естественного происхождения находится в нашей стране, что связано с высокой сохранностью и относительно низкой полнотой древостоев, что положительно сказывается на появлении узорчатого фенотипа. Данная особенность проявляется в виде разрастаний на осевом побеге и крупных скелетных ветвях, преимущественно в местах формирования новых боковых побегов.

Установлено, что узорчатый фенотип является следствием разрастания ксилемы, чему предшествует особый тип формирования паренхимных клеток вместо прозенхимных в процессе ксилогенеза при

дифференциации камбия. Сам по себе процесс ксилогенеза и транскриптомные профили камбиальных тканей были изучены для целого ряда растений, в большей степени для модельных объектов, таких как арабидопсис, тополь и др [1, 2].

Не смотря на значительный массив накопленных данных полная схема ксилогенеза не была установлена, о чем свидетельствуют публикации, в которых выявляют новые гены и транскрипционные факторы, изменяющие свою активность в растущих тканях и органах. Для растений карельской березы не были проведены исследования по изучения дифференциальной активности генов методами высокопроизводительного секвенирования, при этом имеющиеся публикации затрагивают лишь отдельные локусы, что не позволяет оценить общий спектр изменчивости и экспрессии участков ДНК.

Таким образом, целью данного исследования являлся анализ транскриптомных профилей карельской березы полученные методом высокопроизводительного секвенирования.

В качестве экспериментального материала были выбраны растения карельской березы, произрастающие на территории ГЛХУ "Корневская экспериментальная лесная база Института леса НАН Беларуси" и березы повислой, произрастающих в однотипных лесорастительных условиях. Суммарную РНК камбиальных тканей получали из живых клеток и расшифровывали на геномном секвенатор Ion Torrent PGM (Thermo Fisher Scientific, США).

Исходя из полученных данных были сформированы базы данных, содержащие одиночные риды в формате FASTQ. Референсный геном и файл разметки генома в формате GFF был взят из открытой базы данных [3]. Для выравнивания транскриптома использовали RNA STAR [4]. Дифференциальную экспрессию генов определяли с помощью DESeq2 [5].

Среди полученных результатов не было обнаружено дифференциально экспрессируемых генов с высоким уровнем достоверности, однако, для ряда генов было выявлено снижение данного значения относительно общего фона. Названия для генов были установлены на основании сходства нуклеотидной последовательности с генами базы данных NCBI Blast [6]. К данной группе относятся: EXL3, PHI-1-like, Calcium-binding protein KRP1-like, pelA, АТНВ-8.

Интересно отметить, что установленная функция гена АТНВ-8 связана с формированием непосредственно ксилемы у растений арабидопсиса. У мутантных растений с нарушением функции гена отмечен ранний переходом прокамбия в клетки ксилемы [7].

В свою очередь ген PHI-1-like может относиться к функциональ-

ным гомологам РНІ-1, которые при наличии дифференциальной экспрессии, коррелируют с аномальными процессами формирования клеток ксилемы и проявления карликовости у растений риса, а также напрямую влияют на качество древесины и динамику роста у растений эвкалипта [8, 9].

Таким образом, для растений карельской березы и березы повислой не были выявлены гены с высоким уровнем различий в активности генов на достоверно высоком уровне, тем не менее, используемый нами подход позволил вычленить 2 новых гена, для оценки их активности в клетках камбия методом РТ-ПЦР и анализа нуклеотидной последовательности.

ЛИТЕРАТУРА

1. Nieminen K. M., Kauppinen L., Helariutta Y. A weed for wood? *Arabidopsis* as a genetic model for xylem development // *Plant Physiology*. 2004. Т. 135. № 2. Р. 653–659.
2. Balmant K. M. [et al.] Xylem systems genetics analysis reveals a key regulator of lignin biosynthesis in *Populus deltoides* // *Genome Res*. 2020. Т. 30. № 8. Р. 1131–1143.
3. CoGe: GenomeInfo [Электронный ресурс]. URL: <https://genomevolution.org/CoGe/GenomeInfo.pl?gid=35080> (дата обращения: 02.02. 2024).
4. Dobin A. [et al.] STAR: ultrafast universal RNA-seq aligner // *Bioinformatics*. 2013. Т. 29. № 1. Р. 15–21.
5. Love M. I., Huber W., Anders S. Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2 // *Genome Biology*. 2014. Т. 15. № 12. Р. 550–571.
6. BLAST: Basic Local Alignment Search Tool [Электронный ресурс]. URL: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> (дата обращения: 02.02.2024).
7. Baima S. [et al.] The *Arabidopsis* ATHB-8 HD-Zip protein acts as a differentiation-promoting transcription factor of the vascular meristems // *Plant Physiology*. 2001. Т. 126. № 2. Р. 643–655.
8. Aya K. [et al.] A novel AP2-type transcription factor, SMALL ORGAN SIZE1, controls organ size downstream of an auxin signaling pathway // *Plant Cell Physiol*. 2014. Т. 55. № 5. С. 897–912.
9. Sousa A. O. [et al.] EgPHI-1, a PHOSPHATE-INDUCED-1 gene from *Eucalyptus globulus*, is involved in shoot growth, xylem fiber length and secondary cell wall properties // *Planta*. 2020. Т. 252. № 3. Р. 45.