

DOI: 10.25205/978-5-4437-1843-9-264

ПРОФИЛЬ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ КАРОТИНОГЕНЕЗА ВЫЯВЛЯЕТ ОСОБЕННОСТИ БИОСИНТЕЗА КАРОТИНОИДОВ В ОРГАНАХ ЧЕСНОКА^{*}

CAROTENOGENESIS GENE EXPRESSION PROFILE REVEALS THE SPECIFICITIES OF CAROTENOID BIOSYNTHESIS IN GARLIC ORGANS

М. М. Ларионов¹, М. А. Филюшин²

¹Московский государственный университет им. М. В. Ломоносова

²Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН, Москва

М. М. Larionov¹, М. А. Filyushin²

¹Lomonosov Moscow State University

²Federal Research Center “Fundamentals of Biotechnology” RAS, Moscow

✉ michel7753@mail.ru

Аннотация

В геноме чеснока впервые идентифицированы все основные структурные гены пути биосинтеза каротиноидов. Определены профили экспрессии идентифицированных генов, максимальные уровни экспрессии детектированы, ожидаемо, в листьях чеснока. Наличие экспрессии генов каротиногенеза в нефотосинтезирующих органах (корни, донце, луковица) вкупе с отсутствием детектируемого содержания каротиноидов может быть связано с активностью путей биосинтеза фитогормонов.

Abstract

In the garlic genome all major structural genes of the carotenoid biosynthesis pathway have been identified. The expression profiles of the identified genes have been determined, and the maximum expression levels have been detected, as expected, in garlic leaves. The presence of carotenogenesis gene expression in non-photosynthetic organs (roots, basal plate, bulb) coupled with the absence of detectable carotenoid content may be associated with the activity of phytohormone biosynthesis pathways.

Каротиноиды являются одним из основных классов пигментов в растениях, функции которых в растительных клетках разнообразны. Ключевой функцией каротиноидов является фотозащита, так как благодаря своей химической структуре они обладают антиоксидантными свойствами и нейтрализуют активные формы кислорода [1]. Каротиноиды также являются субстратом для синтеза фитогормонов — абсцизовой кислоты (АБК) и стигролактонов.

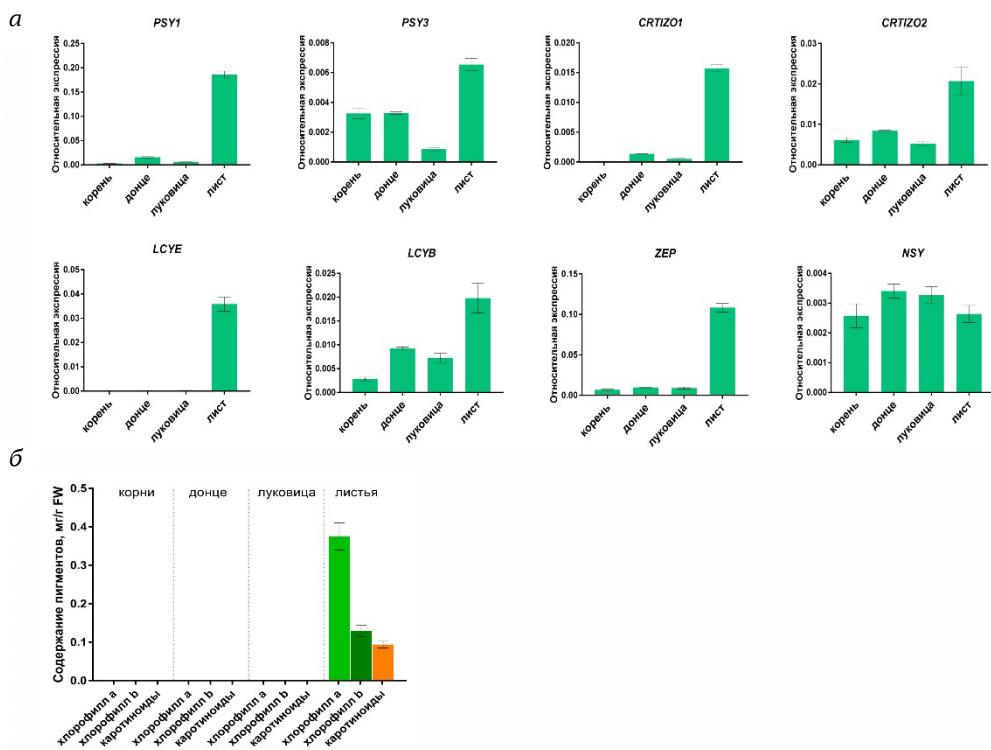
Путь биосинтеза каротиноидов у высших растений высоко консервативен, определены все ферменты пути и кодирующие их гены [2]. Исходным субстратом для синтеза каротиноидов является фитоин, из которого в результате нескольких реакций десатурации образуется ликопин, являющийся предшественником α - и β -каротинов. В результате дальнейших ферментативных реакций происходит насыщение β -каротина атомами кислорода и образование ксантофиллов — β -криптоксантина, зеаксантина, антраксантина и виолоксантина. Несмотря на значимость каротиноидов для жизни растения, у чеснока (*Allium sativum* L.) гены каротиногенеза не изучены. Целью работы была идентификация в геноме чеснока и характеристика ключевых структурных генов каротиногенеза.

В геноме чеснока *A. sativum* [3] нами впервые идентифицированы гомологи всех известных структурных генов пути биосинтеза каротиноидов. Всего был идентифицирован и охарактеризован 21 ген пути биосинтеза каротиноидов, определена их локализация в геноме и основные физико-химические свойства. Выявлено, что практически каждый фермент пути каротиногенеза у чеснока кодируется несколькими генами. Для проведения РВ-ПЦР были разработаны специфичные праймеры к 8 генам пути биосинтеза каротиноидов.

На основе данных транскриптомного анализа чеснока сорта Ershuizao [3] были определены профили экспрессии генов биосинтеза каротиноидов в различных органах (корни, листья, ложный стебель, бутоны, цветки, проростки) и на восьми стадиях развития луковиц. Показано, что большинство идентифицированных генов каротиногенеза, ожидаемо, экспрессируются преимущественно в надземных фотосинтезирующих органах (листья, ложный стебель, проростки). Поздние гены каротиногенеза (*AsVDE*, *AsNSY*, *AsNCED*), синтезирующие субстрат для АБК, наиболее активны в бутонах и цветках, что, по-видимому, может быть связано участием АБК в развитии генеративных органов. Экспрессия большинства генов каротиногенеза выявлена и в корнях чеснока, при этом для ряда генов (*AsPSY3*, *AsNCED1*, *AsNCED2*, *AsNCED5*) в корнях наблюдался максимум их экспрессии.

^{*} Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 24-76-10005).

© М. М. Ларионов, М. А. Филюшин, 2025



Профили экспрессии генов пути биосинтеза каротиноидов (а) и содержание пигментов (б) в различных органах чеснока сорта Скорпион

В органах чеснока сорта Скорпион методом РВ-ПЦР определены профили экспрессии 8 генов пути биосинтеза каротиноидов и содержание хлорофилла и каротиноидов (см. рисунок). Максимальные уровни экспрессии анализируемых генов выявлены в листьях, за исключением гена неоксантинсинтазы *AsNSY*, который экспрессировался на сходном уровне во всех органах (см. рисунок, А). Интересно отметить, что экспрессия всех анализируемых генов выявлена в нефотосинтезирующих органах — корнях, донце и луковице, за исключением гена ликопинцилазы *AsLCYE*, транскрипция которого детектирована только в листьях (см. рисунок, а).

Биохимический анализ выявил содержание хлорофилла и каротиноидов только в листьях, при этом соотношение хлорофилла *a/b* составило 2,9, что соответствует нормальному соотношению (~ 3,0) для фотосинтезирующих растений и свидетельствует об оптимальных условиях при выращивании и отсутствии воздействия стрессовых факторов (см. рисунок, б).

Таким образом, в геноме чеснока впервые идентифицированы все основные структурные гены пути биосинтеза каротиноидов. В органах чеснока определены профили экспрессии идентифицированных генов, максимальные уровни экспрессии детектированы в листьях чеснока. Наличие экспрессии генов каротиногенеза в нефотосинтезирующих органах (корни, донце, луковица) при отсутствии детектируемого содержания каротиноидов может быть связано с тем, что в этих органах они активно используются в качестве субстрата для синтеза фитогормонов.

Литература

1. Sun T., Rao S., Zhou X., Li L. Plant carotenoids: recent advances and future perspectives // Mol. Hortic. 2022. Vol. 2 (1). Art. 3.
2. Rosas-Saavedra C., Stange C. Biosynthesis of carotenoids in plants: enzymes and color // Carotenoids Nat. Subcellular Biochem. Springer, Cham. 2016. Vol. 79. P. 35–69.
3. Sun X., Zhu S., Li N. et al. A chromosome-level genome assembly of garlic (*Allium sativum*) provides insights into genome evolution and allicin biosynthesis // Mol. Plant. 2020. Vol. 13 (9). P. 1328–1339.