Ключевые гены биосинтеза фитомелатонина SNAT1 и SNAT2: сходства и различия у зеленоплодных и красноплодных видов *Solanum* L. секции *Lycopersicon* (Mill.) Wettst.

Научный руководитель – Кочиева Елена Зауровна

Анисимова Ольга Константиновна

Аспирант

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра биотехнологии, Москва, Россия

E-mail: Lelikanis@yandex.ru

Фитомелатонин – открытый в растениях только в 1993 году – важный вторичный метаболит, и, как антиоксидант и фитогормон, играющий существенную роль в регуляции онтогенеза и устойчивости растений к стрессам. Белки SNAT, катализирующие реакцию образования прекурсора мелатонина, считаются ключевыми ферментами биосинтеза мелатонина, однако, несмотря на показанную значимость и интерес к фитомелатонину, данные о вариабельности их генов и экспрессии у разных видов крайне ограничены. Целью данной работы стала идентификация и структурно-функциональная характеристика генов *SNAT* у 10 видов *Solanum* L. секции *Lycopersicon* (Mill.) Wettst., включающей эволюционно более ранние зеленоплодные и более поздние красноплодные виды томата.

На основе гомологии с известными последовательностями *SNAT A. thaliana* (NCBI GeneID AT1G26220 и AT1G32070) с использованием ресурса BLASTp нами было выявлено по два гена, кодирующих серотонин-N-ацетилтрансферазу (*SNAT1* и *SNAT2*) в геномах видов зеленоплодных (*S. chmielewskii* (C.M. Rick, Kesicki, Fobes & M. Holle) D.M. Spooner, G.J. Anderson & R.K. Jansen, *S. corneliomulleri* J.F. Macbr., *S. peruvianum* L., *S. neorickii* D.M. Spooner, G.J. Anderson & R.K. Jansen, *S. habrochaites* S. Knapp & D.M. Spooner, *S. chilense* (Dunal) Reiche, *S. pennellii* Correl) и красноплодных (*S. lycopersicum* L., *S. pimpinellifolium* L., *S. galapagense* S.C. Darwin & Peralta) томатов. Анализ экзон-интронной структуры показал, что гены *SNAT2* являются безинтронными, а *SNAT1* состоят из 8 экзонов. В результате определения вариабельности белков выявлено значительное количество замен между видами, однако замен, характерных для группы красно- или зеленоплодных томатов не было обнаружено.

Для определения возможных функциональных особенностей генов у видов томата были определены профили экспрессии генов *SNAT1* и *SNAT2* в органах (корнях, листьях, цветках и плодах разных стадий созревания) красноплодного *S. lycopersicum* и зеленоплодного *S. peruvianum* видов. Транскрипция генов выявлена во всех органах обоих видов. У *S. lycopersicum* паттерны экспрессии генов были практически одинаковы, однако уровни транскрипции *SNAT2* были примерно в 2 раза выше, чем *SNAT1*, тогда как у *S. peruvianum* уровни экспрессии обоих генов были соизмеримы. При этом, максимальный уровень экспрессии *SlSNAT1-2* и *SpSNAT1* был детектирован в листьях, в то время как *SpSNAT2* – в цветках.

Филогенетический анализ, проведенный на основе белковых последовательностей (ClustalOm iTOL, Neighbour-Joining метод), выявил четкое разделение последовательностей на два кластера – *SNAT1* и *SNAT2*, что может свидетельствовать об их ранней дивергенции. При этом для *SNAT2* был выявлен субкластер, объединяющий красноплодные (*S. lycopersicum*, *S. pimpinellifolium*) и оранжевоплодный (*S. galapagense*) виды.

Сравнительный анализ белков томата с другими видами растений показал, что *SNAT2* является более близким гомологом гена *SNAT* у водорослей, и эволюционно более древний, а *SNAT1*, скорей всего, является результатом более поздней дупликации.

Работа поддержана грантом РФФ №25-26-00074 и МОН РФ.