

ГЕНОМИКА.
ТРАНСКРИПТОМИКА

ТЕПЛОВОЙ СТРЕСС И ЗАСУХА МОДУЛИРУЮТ АЛЬТЕРНАТИВНЫЙ
СПЛАЙСИНГ ГЕНОВ, УЧАСТВУЮЩИХ В БИОСИНТЕЗЕ
МЕТАБОЛИТОВ, СВЯЗАННЫХ С КАЧЕСТВОМ ЧАЯ[#]

© 2022 г. Y. Q. Ding^a, K. Fan^a, Y. Wang^a, W. P. Fang^b, X. J. Zhu^b, L. Chen^c,
L. T. Sun^a, C. Qiu^a, Z. T. Ding^{a, *}

^aTea Research Institute, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Rizhao, 276800 China

^bCollege of Horticulture, Nanjing Agricultural University, Nanjing, 210095 China

^cTea Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Zhejiang, 310008 China

*e-mail: dztea@163.com

Поступила в редакцию 10.04.2021 г.

После доработки 31.07.2021 г.

Принята к публикации 31.07.2021 г.

Альтернативный сплайсинг регулирует экспрессию мРНК на посттранскрипционном уровне, влияя таким образом на содержание и функции белка. Однако роль альтернативного сплайсинга в регуляции биосинтеза аминокислот, флавоноидов и летучих соединений в растениях изучена недостаточно. Методами Iso-seq и глубокого секвенирования транскриптома (РНК-seq) нами изучены события альтернативного сплайсинга и проанализирована экспрессия соответствующих мРНК в растениях чая в условиях стресса, вызванного засухой, тепловым стрессом и их сочетанием. Методом обратной транскрипции–полимеразной цепной реакции валидированы события альтернативного сплайсинга в девяти генах, участвующих в биосинтезе аминокислот и флавоноидов. Гены, альтернативные транскрипты которых накапливаются в условиях засухи, теплового стресса и при сочетании этих факторов, включают гены антоцианинредуктазы (ANR), дигидрофлавонол-4-редуктаза-подобного белка (DFRA) и халконизомеразы (CHI). В биосинтез летучих соединений прямо или косвенно вовлечены гены липоксигеназы (LOX), терпеноид/терпенсинтазы (TPS) и 1-дезоксид-*d*-ксилозу-5-фосфат-редуктоизомеразы (DXR), которые также подвергаются альтернативному сплайсингу. Установлено, что альтернативный сплайсинг может специфически регулировать биосинтез аминокислот в растениях чая в условиях стресса. Более того, мы полагаем, что альтернативный сплайсинг транскриптов ANR и DFRA может играть важную роль в регуляции биосинтеза флавоноидов в условиях засухи, теплового стресса и совместного действия этих факторов. Эти данные расширяют наши представления о генетических механизмах, контролируемых содержанием биоактивных ингредиентов в растениях чая, подвергнутых воздействию абиотического стресса.

Ключевые слова: растения чая (*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze), альтернативный сплайсинг, аминокислоты, флавоноиды, летучие соединения

DOI: 10.31857/S0026898422020057

DROUGHT AND HEAT STRESS-MEDIATED MODULATION
OF ALTERNATIVE SPLICING IN THE GENES INVOLVED
IN BIOSYNTHESIS OF METABOLITES RELATED TO TEA QUALITY

Y. Q. Ding¹, K. Fan¹, Y. Wang¹, W. P. Fang², X. J. Zhu², L. Chen³,
L. T. Sun¹, C. Qiu¹, and Z. T. Ding^{1, *}

¹ Tea Research Institute, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Rizhao, 276800 China

² College of Horticulture, Nanjing Agricultural University, Nanjing, 210095 China

³ Tea Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Zhejiang, 310008 China

*e-mail: dztea@163.com

[#] Статья представлена авторами на английском языке.

Alternative splicing (AS) regulates mRNAs at the post-transcriptional level to affect both their amounts and the protein function. However, little is known about the roles of AS in regulation of biosynthesis of amino acids, flavonoids, and volatile compounds in tea plants. In this study, we used Iso-seq and transcriptome deep sequencing (RNA-seq) to identify AS events, and analyzed the expression of respective mRNAs in tea plants under drought (DS), heat stress (HS), and their combination (HD). By RT-PCR, we validated the AS events in nine genes involved in the biosynthesis of amino acids and flavonoids. The genes accumulating AS transcripts under DS, HS, and HD conditions included those encoding for anthocyanidin reductase (*ANR*), dihydroflavonol-4-reductase-like (*DFRA*), and chalcone isomerase (*CHI*). Similarly, genes directly or indirectly involved in the biosynthesis of volatile compounds such as lipoxygenase (*LOX*), terpenoid/terpene synthase (*TPS*), and 1-deoxy-*d*-xylulose 5-phosphate reductoisomerase (*DXR*) also had AS events. Our study revealed that AS might specifically regulate the biosynthesis of amino acids in tea plants under stressful conditions. Moreover, we suggest that the AS events within the *ANR* and *DFRA* transcripts might play an important role in the regulation of flavonoid biosynthesis under DS, HS, and HD conditions. This study improved our understanding of the genetic drivers of the changes in the content of bioactive ingredients of tea plants subjected to abiotic stresses.

Keywords: tea (*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze), alternative splicing, amino acids, flavonoids, volatile compounds