

«Карма» масличной пальмы: учёные рассказали, как избежать появления больных деревьев

Группа учёных из России, США и Малайзии изучила фундаментальные принципы метилирования — так называют одну из модификаций молекулы ДНК без изменения последовательности нуклеотидов — на примере масличной пальмы, которую выращивают в промышленных целях в Малайзии.



Культивирование масличной пальмы (*Elaeis guineensis*) считается важным аспектом экономики Малайзии. В 2020 году в этой стране было произведено 19.14 млн тонн пальмового масла и 2.20 тонн технического пальмового масла. Малазийское правительство заинтересовано в повышении производства масла не за счет увеличения площади плантаций, а за счёт увеличения производительности пальм.

Ещё в 1941 году был обнаружен ген shell (Sh) — это стало настоящим прорывом, обеспечившим повышение объёма производимого масла. Так, гетерозиготный вариант пальмы *tenera*, полученный при скрещивании сортов *dura* с очень толстой жесткой прослойкой во фрукте и *pisifera* с очень тонкой прослойкой, позволил увеличить пропорцию той части плода (так называемый мезокарп), из которой добывается масло. Этот гибрид производит на 30 % и 100 % больше масла, чем *dura* и *pisifera* соответственно.

Следующим шагом стало клонирование пальм, что позволило увеличить производительность ещё на 30 %. Однако, массовое клонирование создало новые проблемы: одна из них — появление соматклонов, организмов с видимыми нарушениями. У таких деревьев степень патологии могла варьироваться от частично видоизменённого фрукта пальмы до полностью стерильного плода.

Поскольку этот признак оказался обратимым и проявлялся частично, учёные выдвинули гипотезу об эпигенетической природе такой патологии. Эпигенетика — наука, изучающая функционирование генома: какие участки в нём активны и какие нет. Эпигенетическая регуляция выступает основным механизмом дифференциации клеток, когда в разные периоды развития организма необходимо «включать» одни гены и «выключать» другие.

Эпигенетику сложно — или даже невозможно — «починить», но можно выявить некоторые эпигенетические факторы на ранних этапах развития плода, таким образом отфильтровывая патологически формирующиеся пальмы. Эта задача решается совместными усилиями российских, американских и малазийских учёных.

«Мы провели полногеномное бисульфитное секвенирование (WGBS) трёх образцов пальм: материнского образца и двух клонов, нормального и патологического. Анализ метилирования выявил общее снижение уровня метилирования по всему геному пальмы, а также участки значимого снижения уровня метилирования», — сообщила инженер-исследователь лаборатории лесной геномики, аспирант СФУ
Елизавета Тараненко.



Исследователь сообщила, что в ходе работы был изучен ранее описанный в связи с развитием патологического плода пальмы ген EgDEF1, внутри которого расположен «ретроэлемент» под названием Капта. Уровень метилирования в этом гене был значительно ниже в случае патологического образца по сравнению с материнским образцом и другим нормальным клоном.

*«Мы полагаем, что найденные хромосомные участки, включая ген EgDEF1 — это главные кандидаты на эпигенетический анализ для отбора молодых пальм. Однако точного механизма снижения метилирования в патологических плодах пока не было установлено. Работа над проектом продолжается: мы стараемся улучшить сборку генома, а также изучаем другие эпигенетические механизмы, способные повлиять на качество деревьев масленичной пальмы, через малые РНК. Помимо этого, наша группа исследует влияние генетического и эпигенетического профиля на наличие жирных кислот и других молекул в составе масла», — резюмировала **Елизавета Тараненко**.*

[Пресс-служба СФУ](#), 7 октября 2021 г.

© Сибирский федеральный университет. Редакция сайта: +7 (391) 246-98-60, info@sfu-kras.ru.

Адрес страницы: <https://news.sfu-kras.ru/node/25354>