Transcriptome analysis of *Euonymus europaeus* fruits at different stages of development

Pavlenko O.S.¹, Sadovskaya N.S.¹, Mustafayev O.N.², Akashkina Yu.V.^{1,3}, Goldenkova-Pavlova I.V.¹

¹Institute of Plant Physiology named after K.A. Timiryazev, Moscow, Russia; ²Baku State University, Baku, Azerbaijan;

³Russian State Agrarian University – Moscow Agricultural Academy named after K.A. Timiryazev, Moscow, Russia

Email: Helliga.p@gmail.com

Key message. The transcript *Euonymus europaeus* was collected *de novo*. A comparative analysis of transcriptomes from the stage of the globular embryo and the mature fruit made it possible to identify key DGAT genes at the contrasting stages of the development of *E. europaeus* fruits.

Keywords: triacylglycerol, diacylglycerol acyltransferase, *E. europaeus*, transcriptome analysis

Diacylglycerol acyltransferase (DGAT) plays the key role in the synthesis of triacylglycerols (TAG). DGAT provides the attachment of acyl fatty acids to diacylglycerol. At present, five types of DGAT are described in plants, which, apparently, formed during convergent evolution. Lipid biosynthesis can vary between closely related species and even in different tissues within the same species. In plants, the contribution of one or another type of DGAT varies greatly depending on the tissue, organ and stage of development of the organism, and can also be a response to stress. *Euonymus europaeus* is able to synthesize sn-1,2-diacyl-3-acetylgllycerides (AcDAG) in addition to conventional TAGs. This suggests the presence of at least three types of the DGAT enzyme in *E. europaeus*. Since the role of different DGATs on the accumulation of storage lipids at different stages of fruit development has not been studied previously, we performed a transcriptome analysis at the stages of a globular embryo and a mature fruit. The transcriptome of *E. europaeus* was collected *de novo*; a total of 152777 transcripts with an average length of 876 bp were collected. The transcripts with GO numbers were divided into three categories: biological process, molecular function, and cellular component. Metabolic pathways in *E. europaeus* have been identified by transcript mapping against the Kegg database using BLAST2GO and KAAS. In total, 10755 (7.04%) transcripts were annotated using the KEGG database and assigned to 3732 pathways. Expression levels of lipid metabolism genes were evaluated. A comparative analysis of the two transcriptomes revealed the key DGAT genes at the contrasting stages of the development of *E. europaeus* fruits.

Транскриптомный анализ плодов *Euonymus europaeus* на разных стадиях развития

Павленко О.С.¹, Садовская Н.С.¹, Мустафеев О.Н.², Акашкина Ю.В.^{1,3}, Голденкова-Павлова И.В.¹

¹Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, Москва, Россия; ²Бакинский Государственный Университет, Баку, Азербайджан; ³Российский Государственный Аграрный Университет – МСХА имени К.А. Тимирязева, Москва, Россия

Аннотация. Транскриптом *Euonymus europaeus* был собран *de novo*. Сравнительный анализ транскриптомов со стадии глобулярного зародыша и зрелого плода позволил выявить ключевые гены ДАГАТ на контрастных стадиях развития плодов *E. europaeus*.

Ключевые слова: триацилглицерин, диацилглицерин ацилтрансфераза, *E. europaeus*, транскриптомный анализ

Ключевую роль в синтезе триацилглицеринов (ТАГ) играет фермент диацилглицерин ацилтрансфераза (ДАГАТ), которая обеспечивает присоединение ацила жирной кислоты к диацилглицерину. На данный момент у растений описано пять типов ДАГАТ, которые, по-видимому, образовались параллельно в ходе конвергентной эволюции. Биосинтез липидов может различаться у близкородственных видов и даже в разных тканях в пределах одного вида. У растений вклад того или иного типа ДАГАТ сильно варьирует в зависимости от ткани, органа и этапа развития организма, а также может быть ответом на стресс. Растения рода бересклет и *Euonymus europaeus*, в частности, помимо обычных ТАГ способны синтезировать sn-1,2-диацил-3-ацетилглицериды (AcDAG), у которых sn-3-положение этерифицировано остатком уксусной кислоты. Это позволяет предположить наличие у *E. europaeus* как минимум трех типов фермента ДАГАТ. Поскольку роль разных ДАГАТ на накопление запасных липидов на разных стадиях развития плодов не изучалась ранее, нами был проведен транскриптомный анализ на стадиях глобулярного зародыша и зрелого плода. Транскриптом *E. europaeus* был собран *de novo*, всего собрано 152777 транскриптов со средней длиной 876 п.н. Транскрипты, для которых были идентифицированы GO-номера, разделили на три категории: биологический процесс, молекулярная функция и клеточный компонент. Метаболические пути в *E. europaeus* были идентифицированы картированием транскриптов против базы данных Kegg с использованием BLAST2GO и KAAS. В общем 10755 (7,04%) транскриптов были аннотированы с использованием базы данных KEGG и присвоены 3732 путям. У транскриптов, относящихся к генам липидного метаболизма, оценивали уровни экспрессии. Сравнительный анализ двух транскриптомов позволил выявить ключевые гены ДАГАТ на контрастных стадиях развития плодов *E. europaeus*.