

Ауылшаруашылығы ғылымдары

МРНТИ 63.32.03

О.Т. Мухаметжанова^{1*}, Е. Н. Иер², С. Аян², Н.С. Кунанбаева³

^{1*} "Шәкәрім университеті" КЕАҚ Глинка көшесі 20 А, 071412, Қазақстан,

² Костомону университеті, Graduate School of Natural and Applied Sciences Department of Forestry Engineering, Туркия,

³ Alikhan Bokeikhan University, үл. Мәңгілік ел 11, 070400, Қазақстан

*e-mail: nu_rai@mail.ru

POPULUS ТАКСОНДАРЫНЫҢ ФУНКЦИОНАЛДЫҚ ГЕНОМДЫҚ ТАЛДАНУЫ ЖӘНЕ АБИОТИКАЛЫҚ СТРЕСС ЖАҒДАЙЫНДА HSP ГЕНДЕРІНІҢ ЭКСПРЕССИЯ ДЕҢГЕЙЛЕРІН АНЫҚТАУ.

Аннотация: Бұл жұмыста *Populus trichocarpa* таксондарының абиотикалық стресс жағдайларына бейімделуінің молекулалық механизмдері қарастырылған. Зерттеу функционалдық геномдық талдауға және HSP (Heat Shock Proteins) гендерінің экспрессия деңгейлерін анықтауға негізделген. Стресс төзімділігіне байланысты геномның арнайы функционалдық аймақтарын анықтау үшін биоинформатикалық әдістер қолданылды. Алынған нәтижелер орман шаруашылығы үшін төзімді ағаш түрлерін сұрыптау стратегияларын әзірлеуге ықпал етуі мүмкін.

Орман ағаштарының абиотикалық стресс жағдайларына жауап механизмдеріне қатысты молекулярлық негіздегі зерттеулер 2006 жылы модельдік ағаш түрі ретінде геном секвенциясы толықтырылған "*Populus trichocarpa*" түрі бойынша басталды. Соңғы жылдары түргө тән функционалдық ген аймақтарын анықтауға арналған биоинформатик талдаулар жүргізілуде.

Hsp/шаперон жүйесі қалыпты өсу жағдайында да, стресс бар болған клеткаларда да маңызды рөл атқарады (Thomashow, 1999; Diamant, Eliahu, Rosenthal және Goloubinoff, 2001; Wang, Vinocur, Shoseyov және Altman, 2004). AtDREB2A, cis-өсер етуші дегидрат-жауап беруші элемент (DRE) тізбегімен әрекеттесетін жақсы белгілі транскрипция факторы. Ол тек құрғақшылық және тұз-стресске жауаптыларында ғана емес, сонымен қатар температура стресімен байланысты көптеген гендердің ген экспрессиясын белсендіреді (Sakuma және басқалар, 2006). *Arabidopsis*-те Hsf=Жылу шок факторы отбасынан 21 мүшесінен HsfA3, DREB2A арқылы жылу шок кезінде транскрипциялық түрде қозғалатын және Hsps кодтайтын гендердің ген экспрессиясын реттейтін жалғыз транскрипция факторы болып табылады (Schramm, 2008).

Түйінді сөздер: Гендер, хромосома, орман шаруашылығы, *Populus trichocarpa*, абиотикалық стресс, HSP гендері, функционалдық геномика, биоинформатикалық талдау.

Кіріспе

Ормандардың тұрақтылығын қамтамасыз ету, жастықтың қайта қалыптасуы, динамикалық жүйенің қорғалуы және жоспарлануы - бұл орман шаруашылығы (орман өсіру) ғылымының зерттеу тақырыбы болып табылады. Өнеркәсіп революциясынан бұрын адамзаттың негізгі қажеттіліктеріне (жылыну, кесу және т.б.) жауап беретін ең маңызды ресурстардың бірі ағаш шикізаты болды. Ормандарға жасалған қысымның нәтижесінде жойылу деңгейі артты, ал ормандар адам қажеттіліктеріне қазіргі әлеуеттерімен жауап бере алмады. Өнеркәсіп революциясынан кейін; көмір, мұнай - табиғи газ сияқты қазба отындарының және болашақта ядролық энергияның адамдар тарапынан пайдалану үлесі артты. Бұл бағыттағы тұтыну экологиялық тепе-теңдіктің бұзылуына себеп болды. Сондықтан, энергияның жаңартылатын ресурстармен табиғатқа қолайлы әдістерді қолдана отырып қамтамасыз етілуі қажеттілігі туындады [1].

Жаңартылатын табиғи ресурстарға бет бұру арқылы, елдердің сыртқы тәуелділігін (мұнай, табиғи газ және т.б.) азайтуға, динамикалық процесті қауіп төндіретін теріс әсерлерді минималды деңгейде ұстап тұруға, жойылған табиғи ормандарымызда генетикалық әртүрлілікті сақтауға, ағаш шикізатының ұсыныс - сұраныс теңгерімін қамтамасыз етуге болады. Сонымен қатар, өсімдік ген ресурстарының вариациясы жоғары Түркия үшін, орман шаруашылығы мақсаттарына сәйкес селекциялық стратегиялардың дамуына мүмкіндік берілетін болады. Осылайша; қазіргі ресурстарға балама болатын, табиғи ресурстарға жасалатын қысымды азайтатын және ағаш шикізатына деген ұсыныс тапшылығын жабатын; "Қарағайдың және жылдам өсетін түрлер плантациялары басқару моделі" орман шаруашылығы қызметтеріне үлес қосады (Кочер, 1999; Караосманоглу, 2003; Сарачоглу, 2008; Асан, 2008; Бирлер, 2010; МакКей, 2011; Аноним, 2014) [2].

Еуропа Одағы (ЕО) жалпы энергия тұтынуында, жаңартылатын энергия көздерінің үлесін арттыру және қауіпсіз энергия ұсынысын қамтамасыз ету үшін, қазба отындарына қатысты импортқа тәуелділікті азайтуды мақсат еткен. Осы себепті, жалпы энергия тұтынуында жаңартылатын энергия көздерінің үлесін 2020 жылға дейін 20%-ға жеткізуді жоспарлаған (Бакстер және Андерсон, 2008). АҚШ, Швеция, Жаңа Зеландия, Бразилия, Оңтүстік Корея, Чили және Канада мұнай бағасындағы өзгерістер мен артып келе жатқан көміртек эмиссиясының климатқа теріс әсерлері себепті, жаңартылатын энергия көздерін пайдалануға мән берді. Нәтижесінде, Финляндия (%22), Швеция (%18) және Австрия (%11) жалпы энергия қажеттіліктерін энергия ормандарынан қамтамасыз етеді (Сарачоглу, 2006). Сонымен қатар, бұл елдер бірлік алаңнан сандық және сапалық жағынан көп ағаш шикізатын өндіруді мақсат етеді. Жаңа Зеландияда *Pinus radiata*-да үшінші буын тұқым бақтарын құрып, генетикалық селекция мен мәдени әдістерді пайдалана отырып, 50 жылда өндірісті 90-100%-ға арттырды (Джаявикрама және Карсон, 2000). Дүниежүзіндегі осы өзгерістерге жауап ретінде Түркияда орман шаруашылығы секторында бұзылған ағаштық алаңдарды тиімді ету тәсілі, қазба отындарына балама бола алатындай деңгейде емес. Басқа елдердегідей, Түркияда индустриалды энергия орман шаруашылығы плантациялары; қарағай және жылдам өсетін ағаш түрлерінің кеңінен таралған, өнімділігі жоғары және механизацияға қолайлы алаңдарда, өсімдік массасын өндіруді мақсат етіп, 4-7 жылдық басқару мерзімімен жүргізілетін ағаш шаруашылығы ретінде қарастырылуы тиіс (Бирлер, 1995; Тунчтанер, 2000; Бойдак, 2003; Асан, 2008; Сарачоглу, 2010; ОГМ, 2013). Халықаралық Кавак Комитетінің (IPC) есептеріне сәйкес; Дүниеде 54 миллион гектардан астам аумақта табиғи түрде кәрі ағаш өсіріледі. Бұл аумақтың 99%-ы Ресей Федерациясы, Канада, Америка Құрама Штаттары және Қытай сияқты дамыған елдерде орналасқан. Бұл елдерде табиғи кәрі ағаш алқаптарының 83%-ы көп мақсатты пайдаланылады, 17%-ы экологиялық қорғау мақсатында басқарылуда (Аноним, 2016). 2016 жылы Кәрі ағаш отырғызу алаңы Дүниеде 31,4 миллион гектарды құрайды. Бұл алаңның 58%-ы (18,3 миллион гектар) көп мақсатты, 30%-ы (9,4 миллион гектар) ағаш өндіру мақсатында, 9%-ы (2,9 миллион гектар) экологиялық қорғау және 3%-ы (0,9 миллион гектар) отын алу мақсатында басқарылуда. Францияда 253,5 миллион м³, Венгрияда 156,7 миллион м³; Италияда 118,8 миллион м³; Румынияда 60,7 миллион м³; Бельгияда 40 миллион м³; Испанияда 102,8 миллион м³; Болгарияда 25,6 миллион м³; Канадада 17,9 миллион м³; Қытайда 9 миллион м³ кәрі ағаш өндірілуде (ДПТ, 2007; Аноним, 2011; Аноним, 2016). Түркияда жоспарлы қарағаш өсірудің алғашқы тәжірибелері 1955 жылы «Ұлттық қарағаш комиссиясының» құрылуымен басталды. Біріккен Ұлттар Ұйымының Азық-түлік және ауыл шаруашылығы ұйымы (FAO) мен комиссия отырыстарында «Қарағаш зерттеу институтын» құру ұсынысы қабылданып, 1962 жылы «Қарағаш және жылдам өсетін орман ағаштары зерттеу институты» құрылды. Институттың құрылуымен бірге; өнеркәсіптік және экономикалық құндылығы жоғары қарағаш, терек және басқа да жылдам өсетін орман ағаштарын анықтау, дамыту, тарату, өнімдерді бағалау және осы мәселелер бойынша туындайтын проблемаларды шешу үшін практикалық зерттеулер жүргізіле бастады [3].

Сонымен қатар, қарағаш және терек түрлерінің, өсімдік негізіндегі жаңартылатын энергиямен байланысты жүргізілген зерттеулерде биоэнергия алу үшін шикізат ретінде пайдаланылуы жөнінде селекциялық және өсіру жұмыстары жүргізілді (Birler, 2010). Институттың құрылу жылы деректерінде; қарағаш ағашының өндірісі 300 мың м³/жыл болса; Түркия Мемлекеттік жоспарлау ұйымының (DPT) 2007 жылғы деректеріне сәйкес; Түркияда 4,3 миллион м³ қарағаш ағашы өндірілген. Түркияда табиғи түрде өсетін төрт қарағаш түрі бар [4]. Олар: *Populus nigra* L. (қарақарағаш), *Populus tremula*

L. (титрек қарағаш), *Populus alba* L. (ақ қарағаш) және *Populus euphratica* O. (Фрат қарағашы). Түркияда қарағаш ағашы өндірісінің шамамен 55%-ы (2,4 миллион м³) будандастырылған қарағаш клондарынан, қалған 45%-ы (1,9 миллион м³) қарақарағаш ағаштан алынады. Түркияда қалыпты жабық 6,445 га, бос жабық 9,843 га, барлығы 16,228 га аумақта ОГМ тарапынан қарағаш шаруашылығы жүргізілуде (Аноним, 2015). 2011 FAO деректерінде; Түркияда қарағаш өсіру алаңдарының 7,963 га табиғи ормандар, 125,000 га плантация алаңдары, барлығы 132,963 га екендігі анықталды [5,6]. Сонымен қатар, FAO жариялаған есептерде; елдің суарылатын ауыл шаруашылығы алаңдарының және жер асты суынан пайдалануға болатын аумақтардың 5%-ының қарағаш өсіруге бөлінуі ауыл шаруашылығы алаңдарына әсер етпейтіні хабарланды. Осы мәселеде Түркияда минимум 344,869 га қолайлы алаң бар екендігі анықталды (Zengin және басқалар, 2003) [7,8].

Зерттеу әдістері

Теректердің геномында (*Populus trichocarpa* Torrey & A. Gray) Hsps потенциалды гендерін анықтау үшін "Heat Shock Protein Database Information Resource" (HSPiR) деректер базасы (<http://pds-lab.biochem.iisc.ernet.in/Hspir/index.php>) пайдаланылды. Деректер базасында әртүрлі ағаштар мен өсімдіктерге (*Arabidopsis thaliana*, *Cucumis sativus*, *Glycine max*, *Hordeum vulgare*, *Jatropha curcas*, *Medicago truncatula*, *Nicotiana tabacum*, *Oryza sativa*, *Physcomitrella patens* subsp. *patens*, *Ricinus communis*, *Solanum lycopersicum*, *Solanum tuberosum*, *Sorghum bicolor*, *Triticum aestivum*, *Vigna radiata*, *Vitis vinifera* және *Zea mays*) анықталған Hsps гендері сканерленіп, сәйкес тізбектер деректер базасынан жүктелді (Kumar және басқалар, 2012).

Populus euphratica-ның әртүрлі тіндеріне қолданылған қысқа және ұзақ мерзімді тұз стресі транскриптом деректері ашық архив дерекқорынан жүктелді (Li және басқалар, 2013). PtsHsp-11, 14, 21, 28, 48, 49, 54 және 59 гендерінің ұзақ мерзімді стресс жағдайларында жоғары ген экспрессиясын көрсететіні анықталды. Зерттеудің эксперименттік qRT-PZR нәтижелерінде де таңдалған қарағай клондарында PtsHsp-11 және 21-нің экспрессия деңгейлері әсіресе 14-күн стресс (қысқа мерзім) үлгілерінде арту көрсеткен. PtsHsp-17 гены зерттелген барлық қарағай клондарында 28-күн стресс үлгілерінде (ұзақ мерзім) арту көрсетеді. Бұл геннің транскриптом деректері нәтижелері зерттелгенде; ұзақ мерзімді стресс қолдану кезінде экспрессия деңгейінің артқаны байқалады. Біздің тәжірибе нәтижелерімізбен ұқсастық анықталды. Zhang және басқалар (2014) *Populus pruinosa* алғашқы бұтақтарына 200 mM NaCl тұз стресін қолданғанда 0-6-12-24-48 және 72 сағаттарда үлгі алған. Бұл зерттеуге қатысты транскриптом деректері зерттелгенде; PtsHsp-03, 13, 38, 39, 40 және 50 гендерінің стресс қолдануынан кейін белсендірілуі анықталды [9]. Зерттеуіміздің нәтижесінде PtsHsp-38 генінің I-214 клонынан басқа басқа кавак клондарында экспрессия деңгейінің артқаны анықталды. Ma және басқалар (2013) *Populus euphratica*-да 200 mM NaCl тұздығы қолданылғаннан кейін жапырақ, тамыр және әртүрлі тіндерден 0-6-12-24 және 48-ші сағаттарда үлгілер жинады. PtsHsp-11 және 20 гендерінің тұз стресіне жауап механизмі дамытатыны анықталды. Зерттеуімізде экспрессия деңгейі зерттелген PtsHsp-11 генінің де тұз стресінде жоғары екені анықталды. Samsun клоны үшін; тұз стресі жағдайында sHsp гендерінің экспрессия деңгейінің артқаны және бұл клонның тұз стресіне бейімделгені анықталды. Сонымен қатар; Geyve, I-214 және Samsun клондарында, қысқа мерзімді стресс қолдануында (14-ші күн), sHsp гендерінің стресс реттеуінде маңызды рөл атқаратыны анықталды. Транскриптом деректері нәтижелері мен әртүрлі клондарда қолданылған тұз qRT-PZR нәтижелері бағаланғанда; PtsHsp-11 генінің стресс жауаптарында маңызды рөл атқаратыны анықталды [10]. Gonzalez-Schain және басқалар (2015) күріш өсімдігіне қолданған жылу стресінен кейін PtsHsp-11 генімен ұқсас тізбектерді қамтитын LOC_Os02g52150 нөмірлі Os/sHsp генінің де стресс жағдайларында осы зерттеуде анықталғандай артатыны анықталды.

Зерттеу нәтижелері

Белгіленген кандидат тізбектер үшін Phytozome дерекқорында (www.phytozome.net) Protein BLAST таңдалып, The Hidden Markov Model (HMM) статистикалық моделі қолданылып, *Populus trichocarpa* Torrey & A. Gray-ға қатысты тізбектер салыстырмалы түрде зерттелді (Goodstein және

басқалар, 2012). Сонымен қатар, теректе анықталған кандидат Hsps ақуыз тізбектерін растау үшін NCBI (National Center Biotechnology Information) дерекқоры пайдаланып, қайтадан Protein BLAST жүргізілді (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). Дерекқорда статистикалық сәйкестіктерде алгоритм құратын E-мәні 0-ге тең немесе -50-ден үлкен тізбектер (секвенциялар) таңдалып, Hsps гендері анықталды. Expasy дерекқоры арқылы қайталанатын тізбектер жойылды (web.expasy.org/decrease_redundancy) (Gasteiger және басқалар, 2003). Hsps гендеріне қатысты анықталған ақуыз тізбектері Smart (<http://smart.emblheidelberg.de>) және Pfam (<http://pfam.sanger.ac.uk>) дерекқорлары арқылы растау жүргізіліп, олардың сақталған аймақтар екендігіне анықтама берілді (Letunic, Doerks және Bork, 2012). Анықталған Hsps гендеріне қатысты ақуыз, геномдық және mRNA (CDS) секвенциялары Pfam нәтижелеріне байланысты тіркелді. Биоинформатикалық талдаулар fasta форматындағы тізбектер бойынша жүргізілді. Анықталған әр Hsps ген тізбегі үшін (sHsp-Hsp40-Hsp60-Hsp70-Hsp90-Hsp100) ProtParam Tool (<http://web.expasy.org/protparam>) дерекқоры арқылы тізбектің ерекше молекулалық салмақтары, ақуыз ұзындықтары, изоэлектрлік әсер мәндері (pI), болжамды өзгергіштік компоненттері есептелді.

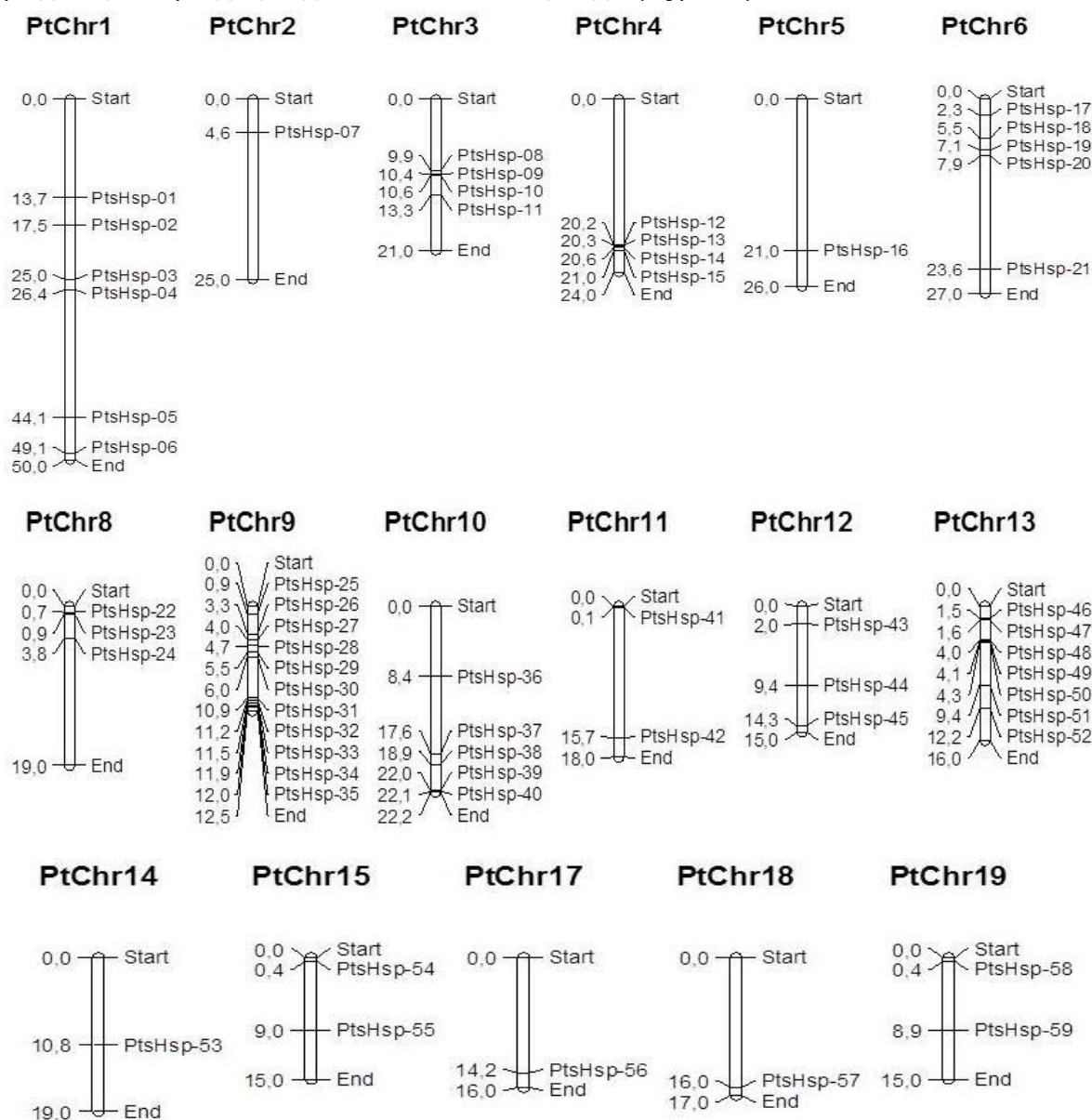
Hsps гендері арасында бөліну коэффициенттерін анықтау үшін *Populus trichocarpa* тізбектері таңдалған модельдік өсімдіктердің тізбектерімен (*Arabidopsis thaliana*, *Vitis vinifera*, *Zea mays*, *Oryza sativa*, *Glycine max* және *Eucalyptus grandis*) Clustal Omega (www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustal) дерекқоры арқылы салыстырылды (Sievers және басқалар, 2011).

1-кесте Функционалдық геномдық талдауларда қолданылатын деректер базалары мен ақпараттық бағдарламалар

Деректер базалары	URL
HSPiR	http://pds-lab.biochem.iisc.ernet.in/Hspir/index.php
Phytozome	www.phytozome.net
NCBI-BLAST	https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi
Expasy	web.expasy.org/decrease_redundancy
Smart	http://smart.emblheidelberg.de
Pfam	http://pfam.sanger.ac.uk
ProtParam Tool	http://web.expasy.org/protparam
PGDD-Plant Геномдық дупликация деректер базасы	http://chibba.aqtec.uqa.edu/duplication
Clustal Omega	www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustal
CODEML	http://www.bork.embl.de/pal2nal
ITOL	https://itol.embl.de/
GSDS	http://gsds.cbi.pku.edu.cn/
MEME	http://meme.nbcr.net/meme3/meme.html
PHYRE2	http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/phyre2/html/page.cgi?id=index
miRBase	http://www.mirbase.org

Hsps гендерінің дупликация және бөліну коэффициенттерін анықтау үшін алынған Clustal Omega нәтижелері Codeml Pal2Nal дерекқорына жіберілді. Алынған Ks (гомолог) және Ka (гомолог емес) гендер ($T = Ks/2\lambda$ ($\lambda = 6.5 \times 10^{-9}$) есептеу әдісімен миллиондаған жыл бұрын (MYÖ) бөліну және түр қалыптастыру мүмкіндіктері анықталды (Lynch және Conery, 2000; Suyama және басқалар, 2006). Биоинформатикалық талдауларды жүргізуге мүмкіндік беретін дерекқорлар мен ақпараттық бағдарламалар 1-кестеде қысқаша кесте түрінде берілген. PtsHsp ген туысына жататын анықталған 60 геннің хромосомалардағы локализациялары анықталды. PtsHsp-60 гены Scaffold деңгейінде анықталды. Бұл гендерден басқа барлық sHsp гендері хромосомаларда таралуын көрсеткен. Анықталған 60 sHsp генінің хромосомалық орналасуларында айырмашылықтар байқалды. sHsp ген

отбасына жататын терек геномында анықталған 60 геннің хромосома 9-да (PtChr9) 11-і, яғни %18 мөлшерінде ең жоғары деңгейде табылғаны анықталды (Сурет 1).



Сурет 1 - PtsHsp генінің хромосомаларының орналасқан жерлері

Ғылыми нәтижелерді талқылау

Теректер тұқымына қатысты зерттеулер тұз стрессіне байланысты үш түрлі транскриптом деректері (RNA-Seq) ашық архив деректер базасынан (SRA=Секвенция оқу архиві) жүктелді. Қатысты оқу деректері биоақпараттық пакет бағдарламасы CLC геномдық (CLC Genomic Workbench) арқылы өңделді. Алынған нәтижелер анықталған барлық Hsps ген туыстары мен тұқымдастардың код нөмірлерімен салыстырылып, сәйкестендірілді. Нормализация және түрлендіру талдаулары жүргізілді. Құрастырылған деректер Permutmatrix бағдарламалық қамтамасыз етуі арқылы модельденді. Ген экспрессия профилдері түс шкаласына негізделі отырып, иерархиялық кластерлеу картасымен синтезделді.

Популус эвфратикалық (*Populus euphratica*) әртүрлі тіндеріне қысқа және ұзақ мерзімді тұз стрессі транскриптом деректері ашық архив дерекқорынан жүктелді (Li және басқалар, 2013).

Гендердің шамамен 20%-ының ұзақ мерзімді стресс жағдайларында жоғары ген экспрессиясын көрсететіні анықталды. Қарағай клондарының эксперименттік талдауында (qRT-PZR) PtHsp4097, 105, 113 және 117 гендерінің транскриптом деректері талданғандай, стресс жағдайларында экспрессиясының артқаны анықталды. Чжан және басқалар (2014) Популус пруйноса (*Populus pruinosa*) алғашқы бұтақтарына 200 mM NaCl тұз стрессін қолданған кезде 0-6-12-24-48 және 72 сағаттарда үлгі алған. Бұл зерттеуге қатысты транскриптом деректері зерттелгенде, гендердің 22%-ының стресс қолдануынан кейін белсенділенгені анықталды. Зерттеу нәтижесінде анықталған PtHsp40-97, 105, 113 және 117 гендерінің қарағай клондарында экспрессия деңгейінің артқаны анықталды. Ма және басқалар (2013) Популус эвфратикалықта 200 mM NaCl тұзын қолданғаннан кейін жапырақ, тамыр және әртүрлі тіндерден 0-6-12-24 және 48-ші сағаттарда үлгі алған. PtHsp40-9, 27, 54, 92, 117 және 120 гендерінің тұз стрессіне қарсы жауап механизмі дамытатыны анықталды.

Қорытынды

Ланьчжоу университеті тарапынан *Populus euphratica*-ның әртүрлі тіндеріне қолданылған қысқа және ұзақ мерзімді тұз стрессі транскриптом деректері ашық архив дерекқорынан жүктелді (Li және басқалар, 2013). PtsHsp-11, 14, 21, 28, 48, 49, 54 және 59 гендерінің ұзақ мерзімді стресс жағдайларында жоғары ген экспрессиясын көрсететіні анықталды. Зерттеудің эксперименттік qRT-PZR нәтижелерінде де таңдалған қарағай клондарында PtsHsp-11 және 21-нің экспрессия деңгейлері әсіресе 14-күн стресс (қысқа мерзім) үлгілерінде арту көрсеткен. PtsHsp-17 гены зерттелген барлық қарағай клондарында 28-күн стресс үлгілерінде (ұзақ мерзім) арту көрсетеді. Бұл геннің транскриптом деректері нәтижелері зерттелгенде; ұзақ мерзімді стресс қолдану кезінде экспрессия деңгейінің артқаны байқалды. Эксперимент нәтижелерімізбен ұқсастық анықталды. Zhang және басқалар (2014) *Populus pruinosa* алғашқы бұтақтарына қолданған 200 mM NaCl тұз стрессінде 0-6-12-24-48 және 72 сағаттарда үлгі алған. Бұл зерттеуге қатысты транскриптом деректері зерттелгенде; PtsHsp-03, 13, 38, 39, 40 және 50 гендерінің стресс қолдануынан кейін белсенділенгені анықталды. Зерттеу нәтижесінде PtsHsp-38 генінің I-214 клонына қарағанда басқа қарағай клондарында экспрессия деңгейінің артқаны анықталды.

Әдебиеттер тізімі

1. Tuskan G. A. et al. The Genome of Black Cottonwood, *Populus trichocarpa* (Torr. & Gray). — *Science*, 2006. — Vol. 313. — P. 1596–1604.
2. Street N. R., Jansson S., Hvidsten T. R. Systems biology of *Populus* responses to environmental stress. — *Plant Cell and Environment*, 2011. — Vol. 34. — P. 1730–1740.
3. Liu J. et al. Heat shock proteins and abiotic stress tolerance in plants. — *International Journal of Molecular Sciences*, 2022. — Vol. 23(5). — P. 2678.
4. Chen J., Zhang Q., Zhang Y. Expression analysis of HSP genes in *Populus trichocarpa* under heat and drought stress. — *Tree Physiology*, 2021. — Vol. 41(8). — P. 1412–1424.
5. Wang Z., Gerstein M., Snyder M. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. — *Nature Reviews Genetics*, 2009. — Vol. 10. — P. 57–63.
6. Zhang C. et al. Identification and characterization of the small heat shock protein (sHSP) gene family in *Populus*. — *BMC Genomics*, 2020. — Vol. 21. — P. 215.
7. Hu R. et al. Genome-wide identification of HSP90 gene family and expression analysis under stress in *Populus*. — *Forest Research*, 2023. — Vol. 36(4). — P. 112–120.
8. Yang Y. et al. Comparative transcriptome analysis of *Populus* under drought and salinity stress. — *Plant Physiology and Biochemistry*, 2022. — Vol. 181. — P. 75–85.
9. Mittler R. Heat shock transcription factors in plants: function and regulation. — *Trends in Plant Science*, 2018. — Vol. 23(9). — P. 742–754.
10. Song J., Chen H., Wang Y. Functional role of HSP70 and HSP100 proteins in abiotic stress resistance in woody plants. — *Forest Biology*, 2024. — Vol. 18(3). — P. 98–110.

References

1. Tuskan G. A. et al. The Genome of Black Cottonwood, *Populus trichocarpa* (Torr. & Gray). — *Science*, 2006. — Vol. 313. — P. 1596–1604.
2. Street N. R., Jansson S., Hvidsten T. R. Systems biology of *Populus* responses to environmental stress. — *Plant Cell and Environment*, 2011. — Vol. 34. — P. 1730–1740.
3. Liu J. et al. Heat shock proteins and abiotic stress tolerance in plants. — *International Journal of Molecular Sciences*, 2022. — Vol. 23(5). — P. 2678.
4. Chen J., Zhang Q., Zhang Y. Expression analysis of HSP genes in *Populus trichocarpa* under heat and drought stress. — *Tree Physiology*, 2021. — Vol. 41(8). — P. 1412–1424.
5. Wang Z., Gerstein M., Snyder M. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. — *Nature Reviews Genetics*, 2009. — Vol. 10. — P. 57–63.
6. Zhang C. et al. Identification and characterization of the small heat shock protein (sHSP) gene family in *Populus*. — *BMC Genomics*, 2020. — Vol. 21. — P. 215.
7. Hu R. et al. Genome-wide identification of HSP90 gene family and expression analysis under stress in *Populus*. — *Forest Research*, 2023. — Vol. 36(4). — P. 112–120.
8. Yang Y. et al. Comparative transcriptome analysis of *Populus* under drought and salinity stress. — *Plant Physiology and Biochemistry*, 2022. — Vol. 181. — P. 75–85.
9. Mittler R. Heat shock transcription factors in plants: function and regulation. — *Trends in Plant Science*, 2018. — Vol. 23(9). — P. 742–754.
10. Song J., Chen H., Wang Y. Functional role of HSP70 and HSP100 proteins in abiotic stress resistance in woody plants. — *Forest Biology*, 2024. — Vol. 18(3). — P. 98–110.

О.Т. Мухаметжанова^{1*}, Е. Нуртен Иер², С. Аян², Н.С. Кунанбаева³

^{1*} НАО" университет имени Шакарима г. Семей " ул. Глинки 20 А, 071412, Казахстан, e-mail: nu_rai@mail.ru

² Государство Турция город Костамону, университет Костомону, Graduate School of Natural and Applied Sciences Department of Forestry Engineering .

³ Alikhan Bokeikhan University, ул. Мангилик ел 11,

ФУНКЦИОНАЛЬНЫЙ ГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ ТАКСОНОВ *POPULUS* И ОПРЕДЕЛЕНИЕ УРОВНЕЙ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ HSP В УСЛОВИЯХ АБИОТИЧЕСКОГО СТРЕССА.

Аннотация: В этой статье рассматриваются молекулярные механизмы адаптации таксонов *Populus trichocarpa* к условиям абиотического стресса. Исследование основано на функциональном геномном анализе и определении уровней экспрессии генов HSP (Heat Shock Proteins). Биоинформатические методы использовались для определения конкретных функциональных областей генома из-за устойчивости к стрессу. Полученные результаты могут способствовать разработке стратегий сортировки устойчивых пород деревьев для лесного хозяйства.

Молекулярные исследования механизмов реакции лесных деревьев на абиотические стрессовые условия были начаты в 2006 году по типу "*Populus trichocarpa*", в который было добавлено секвенирование генома в качестве модельного вида деревьев. В последние годы проводятся биоинформационные анализы для определения видоспецифических функциональных областей генов.

Hsp/шаперонная система играет важную роль как в условиях нормального роста, так и в клетках, испытывающих стресс (Thomashow, 1999; Diamant, Eliahu, Rosenthal и Goloubinoff, 2001; Wang, Vinocur, Shoseyov и Altman, 2004). AtDREB2A — это хорошо известный транскрипционный фактор, взаимодействующий с cis-активирующим элементом, отвечающим на дегидратацию (DRE). Он активизирует генную экспрессию многих генов, связанных не только с ответом на засуху и солевой стресс, но и с температурным стрессом (Sakuma и др., 2006). В *Arabidopsis* из

21 члена семейства Hsf=факторов теплового шока HsfA3 является единственным транскрипционным фактором, который транскрипционно активируется DREB2A во время теплового шока и регулирует генную экспрессию генов, кодирующих Hsps (Schramm, 2008).

Ключевые слова: гены, хромосома, лесное хозяйство, *Populus trichocarpa*, абиотический стресс, гены HSP, функциональная геномика, биоинформатический анализ, лесное хозяйство, стрессоустойчивость, экспрессия генов.

O.T. Mukhametjanova^{1*}, E. Nurtan Yer², S. Ayan², N.S. Kunanbaeva³

^{1*} "Shakarim University of Semey" JSC, 20A Glinka Street, 071412, Kazakhstan, nu_rai@mail.ru

² Kastamonu University, Graduate School of Natural and Applied Sciences, Department of Forestry Engineering, Kastamonu, Turkey

³ Alikhan Bokeikhan University, ul. Mangilik el 11

FUNCTIONAL GENOMIC ANALYSIS OF POPULUS TAXA AND DETERMINATION OF THE EXPRESSION LEVELS OF HSP GENES UNDER ABIOTIC STRESS CONDITIONS.

Abstract: This article discusses the molecular mechanisms of adaptation of *Populus trichocarpa* taxa to abiotic stress conditions. The study is based on functional genomic analysis and determination of HSP (Heat Shock Proteins) gene expression levels. Bioinformatic methods have been used to identify specific functional regions of the genome due to stress tolerance. The results obtained can contribute to the development of strategies for sorting sustainable tree species for forestry.

Molecular studies of the mechanisms of forest trees' response to abiotic stress conditions were initiated in 2006 using the "*Populus trichocarpa*" type, to which genome sequencing was added as a model tree species. In recent years, bioinformatic analyses have been conducted to identify species-specific functional regions of genes.

Hsp/chaperone system plays an important role both under normal growth conditions and in cells experiencing stress (Thomashow, 1999; Diamant, Eliahu, Rosenthal, and Goloubinoff, 2001; Wang, Vinocur, Shoseyov, and Altman, 2004). AtDREB2A is a well-known transcription factor that interacts with the cis-acting dehydration-responsive element (DRE). It activates the gene expression of many genes related not only to drought and salt stress responses but also to temperature stress (Sakuma et al., 2006). In *Arabidopsis*, HsfA3, one of the 21 members of the Hsf=heat shock factor family, is the only transcription factor that is transcriptionally activated by DREB2A during heat shock and regulates the gene expression of genes encoding Hsps (Schramm, 2008).

Keywords: genes, chromosome, forestry, *Populus trichocarpa*, abiotic stress, HSP genes, functional genomics, bioinformatic analysis, forestry, stress tolerance, gene expression.

Авторлар туралы мәліметтер

Мухаметжанова Орынгул Токтабековна* – техникалық ғылымдарының магистрі, "Семей қаласының Шәкәрім атындағы университеті" КЕАҚ, Глинка 20А, 071401, Қазақстан, e-mail: nu_rai@mail.ru <https://orcid.org/0000-0001-7719-6193>

Эсра Нуртен ЙЕР Кастамону университеті Орман факультеті Орман инженерлігі орман кафедрасы, Зерттеу қызметкері / 2011- жалғасуда e-mail: esranurtenyer@gmail.com

Сезгин Аян ассоц проф. Кастамону университеті Орман факультеті Орман инженерлігі кафедрасы

Құнанбаева Нұргүл Серікқызы биология магистрі, аға оқытушы Қазақстан, Alikhan Bokeikhan University, үл. Мәңгілік ел 11. Ақпараттық технологиялар және экономика факультеті, ENCID қолданбалы биология кафедрасы: 0009-0004-0693-9528, e-mail: nskunanbayeva78@mail.ru

Сведения об авторах

Мухаметжанова Орынгул Токтабековна* – магистр технических наук, КЕАҚ "Семейский государственный университет имени Шакарима", Глинка 20А, 071401, Казахстан, e-mail: nu_rai@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7719-6193>

Эсра Нуртен Йер, Кастамонский университет, Лесной факультет, Кафедра лесного инженера, Исследователь/2011-продолжается, e-mail: esranurtenyer@gmail.com

Сезгин Аян, профессор, Кастамонский университет, Лесной факультет, Кафедра лесного инженера.

Kunanbayeva Nurgul Serikovna магистр биология, старший преподаватель Казахстан, Alikhan Bokeikhan University, ұл. Мангилик ел 11. Факультет информационный технология и экономика, Кафедра прикладной биология ORCID: 0009-0004-0693-9528, e-mail: nskunanbayeva78@mail.ru

Information about the authors

Mukhametzhanova Oryngul Toktabekovna "Shakarim University of Semey" JSC, 20A Glinka Street, 071412, Kazakhstan, e-mail: nu_rai@mail.ru

Esra Nurten YER Kastamonu Üniversitesi Orman Fakültesi Orman Mühendisliği Silvikültür Anabilim Dalı, Araştırma Görevlisi / 2011- devam e-mail: esranurtenyer@gmail.com

Prof. Dr. Sezgin Ayan Kastamonu Üniversitesi Orman Fakültesi Orman Mühendisliği Silvikültür

Kunanbayeva Nurgul Serikovna Master's degree in Biology, Senior Lecturer Kazakhstan, Alikhan Bokeikhan University, ul. Mangilik el 11. Faculty of Information Technology and Economics, Department of Applied Biology ORCID: 0009-0004-0693-9528, e-mail: nskunanbayeva78@mail.ru

МРНТИ 68.35.33

Г.Б.Сабырбаев*, А.Н.Темерханова, Қ. Нүсіпбай

*«Қазақ егіншілі және өсімдік шаруашылығы ғылыми – зерттеу институты» ЖШС,
Ерлепесова 1, 040909 Қазақстан, e-mail: gaziz_sabyrbaev@mail.ru*

ҚАНТ ҚЫЗЫЛШАСЫНА ТЫҢАЙТҚЫШТАР БЕРУДІҢ САЛЫСТЫРМАЛЫ НӘТИЖЕЛЕРІ

Аннотация: Мақалада Қазақстанда қант қызылшасын тыңайтудың тарихи аспектілері және ағымдағы тиімді тәсілдері қарастырылады. Өткен ғасырдың 30-жылдарында басталған алғашқы тәжірибелердің нәтижелері топырақ типіне байланысты тыңайтқыштардың әсеріндегі айырмашылықтарды көрсетті. Зерттеулер азотты тыңайтқыштардың боз топырақтардағы, ал фосфорлы тыңайтқыштардың жеңіл каштан топырақтарындағы тиімділігін растады. Сонымен қатар, толық минералды тыңайтқыштарды қолдану қант қызылшасының өнімділігін айтарлықтай арттыратыны анықталды, әсіресе, N100P60K100 мөлшерінде. Тыңайтқыштарды қолдану мерзімінің маңызына да назар аударылады: өсімдіктердің 3-4 жұп жапырақ түзу кезеңінде тыңайтқыштарды енгізу кеш енгізуге қарағанда тиімдірек. Сонымен қатар, органикалық тыңайтқыштардың топырақтың физикалық-химиялық қасиеттерін жақсартудағы және қант қызылшасының өнімділігін арттырудағы рөлі атап өтіледі.

Елімізде қант қызылшасына зерттеулер жүргізу бойынша, тыңайтқыш жүйесін тиімді қолданылатыны анықталды. Қант қызылшасының даму кезеңінде өсіру тәжірибесінде минералды