

Реконструкция генных сетей, ассоциированных с развитием устьиц цветковых растений и поиск узлов, уязвимых к действию стрессовых факторов.

Научный руководитель – Дорошков Алексей Владимирович

Сильванович Елизавета Константиновна

Студент (бакалавр)

Новосибирский государственный университет, Факультет естественных наук,
Новосибирск, Россия

E-mail: www.foxu2002@yandex.ru

Важной задачей современной биологии является изучение процессов морфогенеза растений. Развитие растительных организмов, в отличие животных, не включает в себя стадии миграции клеток. Меньшее количество механизмов морфогенеза, нежели у животных организмов, при сравнимом разнообразии органов и тканей привело к формированию особых генетических взаимодействий, позволяющих управлять геометрией деления и роста в сплошном массиве клеток. Понимание особенностей работы таких сетей координированно функционирующих генов, обеспечивающих образование специализированных клеток и сложных структур из однородных клеток позволит понять принципы формирования биологического разнообразия растений, а также развить методы направленного изменения их морфологических свойств.

Современные методы позволяют получать информацию о том в каких количествах нарабатывается РНК каждого из генов, и в каких количествах с РНК синтезируется белок, какие белки способны связываться друг с другом, а какие - с промоторными областями других генов. На основе таких данных можно реконструировать связанные графы, отражающие основные этапы регуляции биологических процессов - генные сети. С помощью генных сетей можно отображать многостадийные взаимодействия генов внутри одной связанной схемы и оценивать роль каждой ассоциированной друг с другом группы генов с учетом стадии развития или типа клеток.

Целью данной работы стала реконструкция и анализ эволюции генных сетей, ассоциированных с развитием устьичных аппаратов для *Arabipodsis thaliana* и злаковых растений. И предсказание наиболее эволюционно консервативных узлов - такие гены, которые предположительно являются важнейшими при формировании листового паттерна видов цветковых растений. Особый интерес представляет оценка ответа таких узлов на воздействие стрессовых факторов.

Для построения и работы с генными сетями мы использовали среду Cytoscape с плагином GENEMANIA. Сеть была построена на основе GO терминов, ассоциированных с интересующими нас процессами и маркерных генов, оверэкспрессирующихся в целевых клеточных типах по данным секвенирования одиночных клеток. Раскладка сети производилась при помощи данных о дифференциальной экспрессии генов на разных стадиях развития листа и ответ на абиотические стрессовые факторы. Транскриптомные данные были взяты из базы данных GEO.

Далее был проведен филогенетический анализ наиболее связанных узлов сети для видов двудольных и однодольных растений. Поиск гомологов производился в базах данных PLAZA и 1K plants. Выравнивание производилось на основе алгоритма mafft, построение дерева производилось при помощи алгоритма IQtree на основе метода максимального правдоподобия.

Полученные данные свидетельствуют в пользу наличия эволюционно консервативной части геномной сети формирования устьиц и позволили выявить в ней узлы, значительно меняющие свою экспрессию в ответ на стрессовое воздействие. Это может помочь в дальнейшем интерпретировать наблюдаемые нарушения развития устьиц в неблагоприятных условиях среды.

Источники и литература

- 1) Camila B. Lopez-Anido et al. Single-Cell Resolution of Lineage Trajectories in the Arabidopsis Stomatal Lineage and Developing Leaf // BioRxiv.- 2020
- 2) On Sun Lau et al. Direct Control of SPEECHLESS by PIF4 in the High-Temperature Response of Stomatal Development // Science Direct.- 2018
- 3) Bezruczyk M. et al. Phloem loading via the abaxial bundle sheath cells in maize leaves //bioRxiv. – 2020.
- 4) Satterlee J. W., Strable J., Scanlon M. J. Plant stem-cell organization and differentiation at single-cell resolution //Proceedings of the National Academy of Sciences. – 2020. – Т. 117. – №. 52. – С. 33689-33699.
- 5) McKown K. H., Bergmann D. C. Stomatal development in the grasses: lessons from models and crops (and crop models) //New Phytologist. – 2020. – Т. 227. – №. 6. – С. 1636-1648.