

Метилирование ДНК – возможность адаптации к абиотическим воздействиям среды

Минасбекян Л.А. *, Авагян И.А.

Научно-исследовательский институт биологии, Ереванский государственный университет,
Ереван, Армения

*minlia@ysu.am

Key words: мягкая пшеница; ДНК метилирование; адаптация; абиотический фактор

Мотивация и цель: Целью статьи было показать воздействие одного из абиотических факторов среды, который все больше распространяется благодаря созданию все более плотной сети беспроводной коммуникационной связи, что в свою очередь воздействует на растения и их урожайность. В данной статье нами показано, что воздействия мм-волн на ранних стадиях развития проростков оставляют свой след на геноме растений, и основным маркером является в первую очередь ДНК метилирование.

Методы и алгоритмы: Для получения образцов, облученных мм-волнами, через сутки замоченные семена подвергались обработке мм-волнами различной экспозиции в интервале частот 45–53 ГГц в течение 20 мин генератором высоких частот Г4-141 (производство России) при плотности излучения 0.64 мВ/см^2 , на расстоянии не более 18 см от излучателя, что обеспечивает покрытие всей площади чашек Петри с замоченными в один слой семенами. Обработанные различными частотами семена высаживались на отдельные лотки и проращивали далее при 270°C в термостате еще 72 часа. Часть замоченных семян после каждой отдельной обработки различными частотами ЭМИ была высажена, и получен урожай пшеницы в последующей генерации. На схеме графически изображена последовательность действий в наших исследованиях.

Результаты: В естественных условиях произрастания на рост растения воздействуют ряд биотических и абиотических факторов. Эпигенетические изменения в геноме растений включают в себя различного рода обратимые химические модификации, происходящие как на самой ДНК, так и со взаимодействующими с нею белками. В результате происходят конформационные изменения хроматина, без изменения последовательности нуклеиновых остатков ДНК.

На проростках пшеницы *Triticum aestivum* сорта Воскеаск показана значимость роли метилирования ДНК в формировании ответа на абиотический стресс, а также наследование этих изменений в следующем поколении. Исследования проводились при воздействии крайне высоких частот электромагнитного излучения в интервале частот 45–53 ГГц. Изменения метилирования под воздействием стрессового абиотического фактора наблюдались в сторону как возрастания, так и понижения, что позволяет говорить об адаптивном значении этих изменений для мобилизации имеющихся ресурсов растения. При воздействии КВЧ ЭМИ в диапазоне частот 45–46 ГГц было получено повышение содержания 5мЦ в ДНК проростков, что объясняется ускорением метаболических процессов, роста и дифференциации тканей, вызванным воздействием стрессорного фактора. Однако более высокие частоты КВЧ ЭМИ в диапазоне 49–50.3 ГГц приводили к понижению

ДНК метилирования, что свидетельствовало о сильном стрессовом воздействии мм-волн этого диапазона, приводящем к нарушению поддерживающего метилирования в генах, репрессированных во время дифференцировки на ранних стадиях прорастания семени. Метилирование ДНК предоставляет селективные преимущества фенотипической пластичности и трансгенерационных эффектов, различающие разные виды растений в зависимости от величины и пloidности генома.

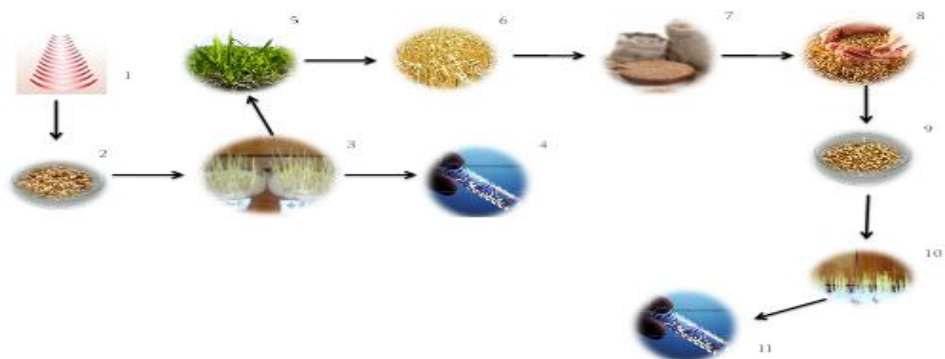


Рис. 1. Схема и последовательность исследований ДНК метилирования в поколениях I и II проростков пшеницы. 1 – источник облучения, 2 – замоченные на ночь семена, 3 – получение 4-суточных проростков (поколение I), облученных частотами в интервале 45–53 ГГц, 4 – выделение ДНК и определение степени метилирования, 5 – высадка облученных проростков в землю, 6–9 – получение урожая из проростков (поколение II), облученных различными экспозициями, 10 – получение проростков из урожая вышеуказанных проростков без какой-либо обработки, 11 – выделение ДНК и определение метилирования

Выводы: Эпигенетическая регуляция включает метилирование ДНК, модификации гистонов и ремоделирование хроматина, которые влияют на многие важные функции клетки, включая регуляцию экспрессии генов и поддержание целостности генома. Таким образом, нами показано, что воздействия мм-волн на ранних стадиях развития проростков оставляют свой «след» на геноме растений, основным маркером которого является ДНК метилирование. Нами также выявлена наследуемость эпигенетических изменений в растениях, выращенных из уже облученных проростков пшеницы, у которых сохранилась степень изменений метилирования проростков семян (второе поколение). Таким образом, показана важная роль ДНК метилирования как достоверного чувствительного биомаркера воздействия факторов среды на биологические организмы и его наследуемость из поколения в поколение, что позволяет сделать вывод об адаптивном значении этих изменений для мобилизации имеющихся ресурсов растения.

Title DNA methylation – the possibility of adaptation to abiotic environmental influences

Minasbekyan L.A.*, Avagyan I.A.

Research Institute of Biology, Yerevan State University, Yerevan, Armenia

* minlia@ysu.am

Key words: bread wheat; DNA methylation; adaptation; abiotic factor

Motivation and Aim: The purpose of this article was to show the impact of one of the abiotic environmental factors that is increasingly spreading due to the creation of increasingly dense wireless communication networks, which in turn affects plants and their productivity. In this article, we show that exposure to mm waves at the early stages of seedling development leaves its mark on the plant genome, and the main marker is, first of all, DNA methylation.

Methods and Algorithms: To obtain samples irradiated with mm waves after 24 hours, soaked seeds were treated with mm waves of various exposures in the frequency range 45–53 GHz for 20 minutes using a G4-141 high-frequency generator (made in Russia) at a radiation density of 0.64 mV/cm², at a distance of no more than 18 cm from the emitter, which ensures coverage of the entire area of the petri dishes with seeds soaked in one layer. Seeds treated with different frequencies were planted on separate trays and further germinated at 270 °C in a thermostat for another 72 hours. Part of the soaked seeds, after each individual treatment with different frequencies of EMR, was planted and a wheat harvest was obtained in the subsequent generation. The diagram graphically depicts the sequence of actions in our research.

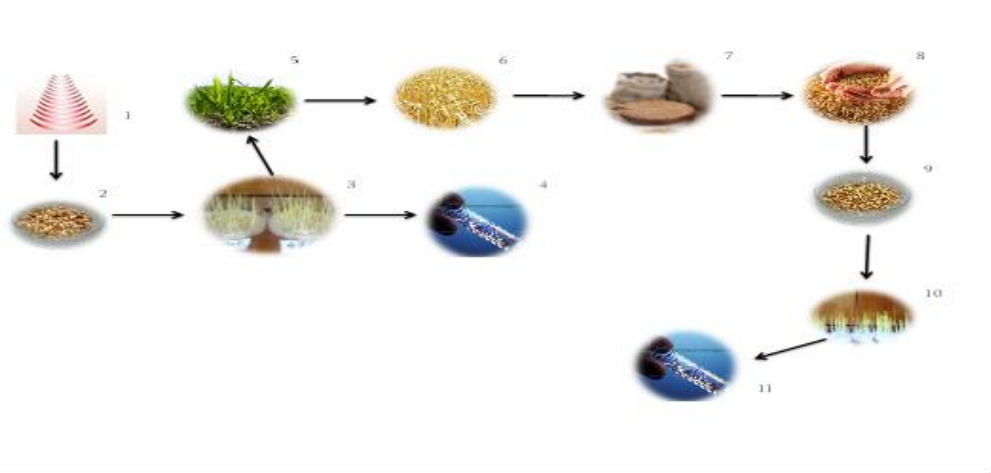


Fig. 1. A diagram and sequence of studies of DNA methylation in the I and II generations of wheat seedlings, where: 1 – irradiation source, 2 – seeds soaked overnight, 3 – obtaining 4-day-old seedlings (I generation), irradiated with frequencies in the range 45–53 GHz, 4 – DNA isolation and determination of the degree of methylation, 5 – planting irradiated seedlings in the ground, 6–9 – obtaining a harvest from seedlings (II generation) irradiated with various irradiances, 10 – obtaining seedlings from the harvest of the above seedlings without any processing and, finally, 11 – DNA extraction and methylation determination

Results: Under natural growing conditions, plant growth is affected by a number of biotic and abiotic factors. Epigenetic changes in the plant genome include various types of reversible chemical modifications that occur both on the DNA itself and on proteins

interacting with it. As a result, conformational changes in chromatin occur without changing the sequence of DNA nucleic acid residues.

Using wheat seedlings *Triticum aestivum*, variety Voskeask, the significance of the role of DNA methylation in the formation of a response to abiotic stress, as well as the subsequent inheritance of these changes in the next generation, was shown. The studies were carried out under exposure to extremely high frequencies of electromagnetic radiation in the frequency range 45–53 GHz. Changes in methylation under the influence of an abiotic stress factor changed both upward and downward, which allows us to conclude the adaptive significance of these changes for the mobilization of available plant resources. When exposed to EHF EMR in the frequency range 45–46 GHz, an increase in the content of 5mC in the DNA of seedlings was obtained, which is explained by the acceleration of metabolic processes, growth and differentiation of tissues caused by exposure to a stress factor. However, higher frequencies of EHF EMR in the range of 49–50.3 GHz led to a decrease in DNA methylation, which indicated a strong stressful effect of mm waves in this range, leading to disruption of maintenance methylation in genes repressed during differentiation at the early stages of seed germination. DNA methylation provides selective advantages for phenotypic plasticity and transgenerational effects, distinguishing different plant species depending on the size and ploidy of the genome.

Conclusion: Epigenetic regulation involves DNA methylation, histone modifications, and chromatin remodeling, which influence many important cellular functions, including gene expression regulation and genome integrity maintenance. Thus, we have shown that the effects of mm waves at the early stages of seedling development leave their “mark” on the plant genome, the main marker of which is DNA methylation. We also identified the heritability of epigenetic changes in plants grown from already irradiated wheat seedlings and the degree of changes in the methylation of seed seedlings (second generation), which was preserved. Thus, the important role of DNA methylation is shown as a reliable, sensitive biomarker of the impact of environmental factors on biological organisms and its heritability from generation to generation, which allows us to conclude the adaptive significance of these changes for the mobilization of available plant resources.

Список литературы/References

1. Bernstein C. DNA methylation and establishing memory. *Epigenet Insights*. 2022;19(15): 25168657211072499. doi 10.1177/25168657211072499
2. Pall M.L. Electromagnetic fields act similarity in plants as in animals: probable activation of calcium channels via their. *Current Chem Biol*. 2016;10(1):74-82. doi 10.2174/2212796810666160419160433
3. Springer N.M., Lisch D., Li Q. Creating order from chaos: epigenome dynamics in plants with complex genomes. *Plant Cell*. 2016;28(2):314-325
4. Vian A., Davies E., Gendraud M., Bonnet P. Plant responses to high frequency electromagnetic fields *Biomed Res Int*. 2016;2016:1830262. doi 10.1155/2016/1830262
5. Yuan G.C. Linking genome to epigenome. *Wiley Interdiscip Rev Syst Biol Med*. 2012;4(3):297-309. doi 10.1002/wsbm.1165