

Программное средство iSensor для визуализации ответа на фитогормоны в растительных тканях по данным scRNA-seq

М.А. Рыбаков^{1*}, Е.В. Землянская^{1,2}, В.А. Долгих^{1,2}, В.В. Миронова³

¹ Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия

² Новосибирский национальный исследовательский государственный университет, Новосибирск, Россия

³ Институт биологических и экологических наук им. Радбауда, Неймеген, Нидерланды

* m.rybakov@bionet.nsc.ru

Цель: Фитогормоны играют основополагающую роль в регуляции развития растений. Знания о распределении фитогормонов в растительных тканях критически важны для понимания механизмов развития, однако способы прямого измерения уровня фитогормонов в клетках весьма ограничены. В связи с этим широко используется непрямой метод оценки активности фитогормонов в тканях с помощью генетических сенсоров – трансгенных растений, экспрессирующих репортерный ген под контролем чувствительного к фитогормону регуляторного элемента. Вместе с тем, этот подход требует создания отдельного генетического сенсора для каждого фитогормона и для каждого вида растений. Более того, не всегда удастся разработать оптимальный регуляторный элемент, эффективно работающий в широком диапазоне концентраций гормона. В данной работе мы предлагаем использовать прогресс в развитии высокопроизводительных методов транскриптомного профилирования отдельных клеток (scRNA-Seq) для решения этой проблемы. Таким образом, целью работы является разработка метода «цифрового сенсора» для детекции распределения фитогормонов в растительных тканях по данным scRNA-seq и его реализация в виде R пакета iSensor.

Материалы и методы: Распознавание сайтов связывания транскрипционных факторов семейства ARF в регуляторных районах генов *Arabidopsis thaliana* для создания панелей генов «цифрового сенсора» фитогормона ауксина осуществляли методом консенсуса и позиционных весовых матриц. Чувствительность генов к ауксину определяли по данным RNA-seq из открытых источников. Для расчета сигнала «цифрового сенсора» использовали среднее значение или медиану уровней экспрессии генов панели (нормированных или не нормированных на общий уровень экспрессии всех генов). Программа iSensor реализована на языке R.

Результаты: Концептуально iSensor представляет собой совокупность панели генов P с определенными свойствами и функции $f(P, E)$, которая возвращает числовое значение «сигнала сенсора», вычисленное на основании значений экспрессии генов панели. Чтобы значение функции $f(P, E)$ коррелировало с концентрацией фитогормона, гены в панели должны быть чувствительны к повышению уровня гормона и при этом достаточно равномерно экспрессироваться в клетках с низкой его концентрацией. Мы продемонстрировали состоятельность предлагаемого подхода на примере «цифрового сенсора» для фитогормона ауксина. В рамках этой работы разработаны несколько альтернативных панелей генов *Arabidopsis thaliana*, а также набор функций, вычисляющих «сигнал сенсора». Определены оптимальные панели генов и функции для корректной оценки уровня ауксина. Тестирование показало, что iSensor демонстрирует хорошую точность.

Выводы: Учитывая рост данных scRNA-seq в открытом доступе, R пакет iSensor является простым и эффективным инструментом для детекции ответа на фитогормоны в растительных тканях.