

Создание и характеристика инсерционной коллекции *Arabidopsis thaliana* для изучения мобилома и функциональной геномики

М.А. Серганова^{1,2*}, П.Ю. Меркулов^{1,2}, А.В. Ялтанская³, И.В. Киров^{1,2}

¹ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии, Москва, Россия

² Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет), Москва, Россия

³ Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А. Тимирязева, Москва, Россия

* melany02@mail.ru

Цель: Создание коллекции растений *Arabidopsis thaliana* с новыми инсерциями транспозонов для изучения первичного контроля инсерций и вызванных ими транскриптомных изменений, а также для функциональной геномики.

Материалы и методы: Определение оптимальных условий теплового стресса для получения линий с высоким числом (>10) новых копий элементов *ONSEN* проводили на популяции растений *A. thaliana* с мутацией в гене *nprdl*. Для индукции наследуемой транспозиции элементов *ONSEN* у растений *A. thaliana* дикого типа (популяция M0) растения выращивали *in vitro* с применением химических ингибиторов сайленсинга мобильных элементов и теплового стресса. Выявление растений с наибольшим числом инсерций элементов *ONSEN* проводили путем амплификации и нанопорового секвенирования сайтов инсерций *ONSEN* (метод onTEI-seq). Растения M1 с наибольшим количеством независимых инсерций *ONSEN* использовали для оценки структурных, эпигенетических и транскрипционных изменений при помощи нанопорового секвенирования ДНК и кДНК.

Результаты: Экспериментально установленными нами факторами, влияющими на число наследуемых инсерций у растений *nprdl*, являются возраст растений, а также продолжительность стрессовой обработки. При использовании оптимизированных условий теплового стресса получены более 10000 семян более 100 растений M0 *A. thaliana* дикого типа (семена M1), содержащие новые инсерции *ONSEN*. Секвенирование индивидуальных растений M1 методом onTEI-seq позволило установить локализацию новых инсерций *ONSEN* в геноме инсерционных мутантов. Растения M1, с наиболее высоким числом копий *ONSEN*, представляют ценный ресурс для изучения:

- 1) транскриптомных и эпигенетических изменений в сайтах инсерций как в стрессовых, так и нестрессовых условиях;
- 2) отличий в эпигенетическом контроле инсерций в M1 и потомстве от их самоопыления;
- 3) фенотипических особенностей растений, возникших вследствие транспозиции.

Выводы: Создана новая генетическая коллекция инерционных мутантов *A. thaliana* с различным числом инсерций ретротранспозона *ONSEN*. Изучение транскриптомных и эпигеномных изменений в созданной нами коллекции растений M1 позволит исследовать закономерности организации новых инсерций в геноме и последствия инсерций на геномном, транскриптомном и эпигеномном уровнях. Созданная коллекция позволит проводить поиск и изучение новых генов, контролирующих важные признаки, и ускорит прогресс в области функциональной геномики растений.

Финансирование: Работа выполнена при поддержке гранта Российского научного фонда № 22-74-10055.