

Ауксин и цитокинин регулируют тканеспецифическую экспрессию гена *MAKR6* у *Arabidopsis thaliana* L.

А.Д. Сидоренко^{1,2*}, Д.Д. Новикова³, В.В. Миронова⁴, Е.В. Землянская^{1,2}

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

² Новосибирский национальный исследовательский государственный университет, Новосибирск, Россия

³ Университет Лозанны, Лозанна, Швейцария

⁴ Институт биологических и экологических наук им. Радбауда, Неймеген, Нидерланды

* a.sidorenko1@g.nsu.ru

Цель: Одним из основополагающих вопросов генетики является исследование механизмов, регулирующих активность генов в пространстве, так называемый паттерн экспрессии генов, и обеспечивающих таким образом специфичность их работы в строго определенных тканях. Семейство мембран-ассоциированных регуляторов киназ (МАКР) включает в себя семь белков, регулирующих различные аспекты развития растений; большинство представителей семейства демонстрируют тканеспецифический паттерн экспрессии [1]. Среди белков МАКР малоизученным остается МАКР6. Наши предыдущие исследования показали, что ген *MAKR6* характеризуется тканеспецифической экспрессией и, вероятно, участвует в регуляции процессов развития [2]. Целью данной работы является изучение влияния фитогормонов ауксина и цитокинина (ключевых регуляторов развития корня) на активность гена *MAKR6* в корне *Arabidopsis thaliana* L.

Материалы и методы: Для оценки уровня экспрессии *MAKR6* в ответ на обработку гормонами использовали количественную ПЦР с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР). Потенциальные регуляторы транскрипции *MAKR6* были предсказаны на основе анализа полногеномных профилей связывания транскрипционных факторов, полученных методом DAP-seq, доступных в открытых источниках [3]. Для исследования активности промотора *MAKR6* в тканях растения были получены репортерные линии *pMAKR6::nls3GFP* и описан паттерн их экспрессии у *A. thaliana* дикого типа, а также на фоне мутаций генов некоторых потенциальных регуляторов транскрипции *MAKR6*. Распределение сигнала GFP в тканях изучали с помощью эпифлуоресцентной и конфокальной микроскопии.

Результаты: Выявлено, что экспрессия *MAKR6* в корне чувствительна к ауксину и цитокинину. Транскрипция гена усиливается уже через 30 минут после обработки ауксином. Активация гена в ответ на обработку цитокинином наблюдается через 24 часа и предположительно является результатом вторичного ответа на фитогормон. Показано, что блокирование активного транспорта ауксина путем обработки нафтил-фаламиновой кислотой существенно изменяет паттерн экспрессии *MAKR6* в корне. В промоторной области *MAKR6* обнаружены сайты связывания транскрипционных факторов семейства ARF, регулирующих первичный транскрипционный ответ генов на ауксин, и нескольких цитокинин-чувствительных транскрипционных факторов. Показано, что на фоне мутации *mp/arf5* чувствительность *MAKR6* к ауксину сохраняется, что предполагает участие других транскрипционных факторов семейства ARF в регуляции раннего ответа гена *MAKR6* на ауксин.

Выводы: Полученные данные демонстрируют, что тканеспецифическая экспрессия *MAKR6* в корне *A. thaliana* находится под контролем ауксина и цитокинина – ключевых регуляторов развития корня.

Список литературы

- Novikova D.D., Korosteleva A.L., Mironova V., Jaillais Y. Meet your MAKR: the membrane-associated kinase regulator protein family in the regulation of plant development. *FEBS J.* 2022;289(20):6172-6186
- Sidorenko A.D., Novikova D.D., Mironova V., Zemlyanskaya E. Understanding the role of MAKR6 in *Arabidopsis thaliana* L. root development. In: Bioinformatics of Genome Regulation and Structure/Systems Biology (BGRS/SB-2022). Novosibirsk, 2022;662
- O'Malley R.C., Huang S.S.C., Song L., Lewsey M.G., Bartlett A., Nery J.R., Ecker J.R. Cistrome and Epicistrome Features Shape the Regulatory DNA Landscape. *Cell.* 2016;165(5):1280-1292