

Изучение транскриптомных профилей контрастных линий *Medicago truncatula* в ходе соматического эмбриогенеза

К.В. Смирнов^{1,2*}, В.Е. Творогова², Э.А. Поценковская³, И.А. Тихонович¹, Л.А. Лутова²

¹ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

² Санкт-Петербургский Государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

³ Научно-технологический университет «Сириус», федеральная территория «Сириус», Краснодарский край, Россия

* kirill.vad.smirnov@gmail.com

Цель: На настоящий момент трансформация остается невозможной для многих видов растений и для представителей семейства Fabaceae в том числе. Одной из причин является низкая способность к регенерации у клеток, несущих чужеродную ДНК. Существует несколько подходов к решению данной проблемы, в том числе дополнение генетической конструкции последовательностью гена-индуктора соматического эмбриогенеза, благодаря чему трансформированные клетки с большей вероятностью будут формировать соматические эмбрионы, из которых в дальнейшем можно получить полностью трансгенное растение. Наша работа посвящена поиску таких генов-индукторов с помощью изучения линий *Medicago truncatula*, контрастных по способности к соматическому эмбриогенезу: низкоэмбриогенной линии A17 и полученной от нее эмбриогенной линии 2НА, а также линии 108-1 и полученной от нее высокоэмбриогенной R108. Цель настоящего исследования – осуществить кластерный транскриптомный анализ каллусов двух пар линий люцерны слабоусеченной (*Medicago truncatula*), контрастных по способности к соматическому эмбриогенезу

Материалы и методы: В работе использовались растения *M. truncatula* линий A17, 2НА, 108-1, R108; было проведено секвенирование РНК каллусов, полученных из растений этих линий. Обработка транскриптомных данных и их анализ проводились с помощью программ FastQC, Trimmomatic, HISAT2 и Stringtie, а также пакетов среды R DESeq и WGCNA.

Результаты: В рамках настоящей работы экспланты, полученные от растений линий A17, 2НА, 108-1, R108, культивировали на среде для индукции каллусообразования, а затем, посредством изменения соотношения добавляемых в среду гормонов, индуцировали соматический эмбриогенез в полученных каллусах. Следует отметить, что условия культивации различались для пары 108-1/R108 и пары A17/2НА. Вследствие этого, а также, вероятно, вследствие особенностей генотипов, можно было наблюдать отличия в протекании соматического эмбриогенеза: на каллусах высокоэмбриогенной линии R108 формировалось значительно больше соматических эмбрионов, чем на каллусах линии 2НА. Кроме того, каллусы низкоэмбриогенной линии 108-1 на поздних стадиях культивации погибали, в то время как каллусы линии A17 сохраняли жизнеспособность при продолжительном культивировании. Также был проведен кластерный транскриптомный анализ РНК, выделенной из каллусов, отобранных на разных стадиях культивирования. В результате были выявлены гены транскрипционных факторов с паттернами экспрессии, контрастными у пар 108-1/R108 и A17/2НА, а также коррелирующими с протеканием соматического эмбриогенеза в развивающихся каллусах. Таким образом, были получены данные о генах-кандидатах на роль индукторов соматического эмбриогенеза, а также список потенциальных репрессоров регенерации, редактирование которых может также повысить способность к соматическому эмбриогенезу. Однако полученные на настоящий момент биоинформатическими методами данные нуждаются в дальнейшей верификации. Уже получены конструкции для сверхэкспрессии некоторых генов-кандидатов. Дальнейшие исследования позволят оценить их перспективность в качестве морфогенетических регуляторов как для *M. truncatula*, так и для других представителей семейства Fabaceae, в том числе сельскохозяйственно значимых, например, таких как *Pisum sativum* и *Lens culinaris*, трансформация которых на настоящий момент затруднена.

Выводы: В рамках выполнения настоящей работы был получен и проанализирован транскриптом двух пар контрастных по соматическому эмбриогенезу линий *M. truncatula* в процессе каллусообразования и соматического эмбриогенеза, проведен сравнительный анализ их экспрессионных профилей, получен список потенциальных морфогенетических регуляторов для дальнейших исследований.

Финансирование: Работа поддержана грантом РНФ № 25-26-00218.