

ОРГАНИЗАЦИЯ МОБИЛЬНЫХ СИГНАЛОВ ЦВЕТЕНИЯ В СОРТЕ НУТА ICCV 96029

© 2019 г. В.В. Гурский* **, К.Н. Козлов**, С.В. Нуждин** ***, М.Г. Самсонова**

*Физико-технический институт им. А.Ф. Иоффе, 194021, Санкт-Петербург, Политехническая ул., 26

**Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого,
195251, Санкт-Петербург, Политехническая ул., 29

***Университет южной Калифорнии, Лос-Анджелес, США

E-mail: m.samsonova@spbstu.ru

Поступила в редакцию 03.12.18 г.

После доработки 03.12.18 г.

Принято к публикации 10.12.18 г.

ICCV 96029 является самым раннецветущим сортом нута. Анализ модели генной сети, контролирующей переход к цветению, позволяет выдвинуть гипотезу о существенном отличии между этим сортом нута и другими бобовыми в организации мобильных сигналов цветения, связанных с экспрессией паралога гена *FT* (*FLOWERING LOCUS T*). В отличие от гороха и других бобовых, для которых полученные ранее данные свидетельствуют о возможности взаимной регуляции между *FT*-генами и о разном характере связанных с ними сигналов цветения, результаты моделирования для нута говорят об аддитивности активирующих вкладов паралогов *FT*.

Ключевые слова: генная сеть цветения, ICCV 96029, *FLOWERING LOCUS T*, нут.

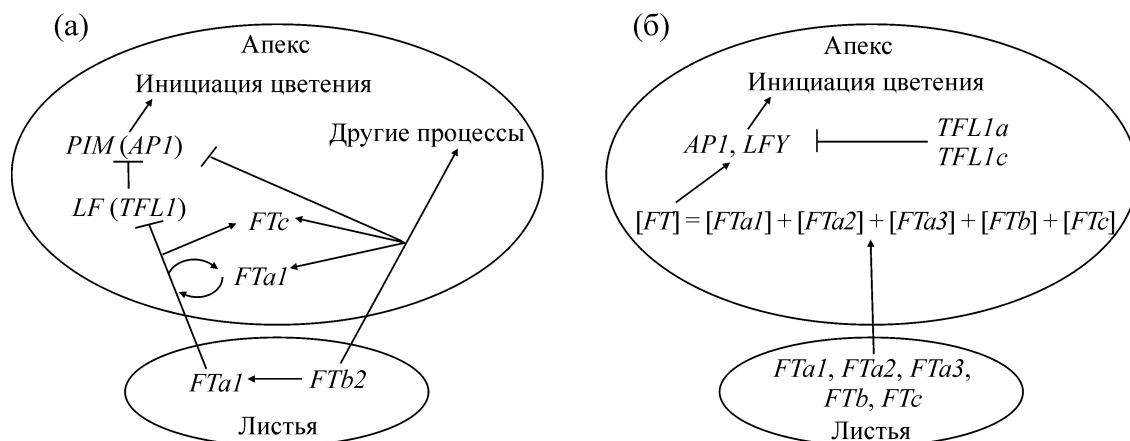
DOI: 10.1134/S0006302919010204

Понимание процессов, контролирующих время перехода сельскохозяйственных культур к цветению, является важным для разработки сценариев селекции с учетом условий меняющегося климата. Генные сети, контролирующие переход к цветению у бобовых, активно изучаются [1,2]. Так же, как и в модельном растении *Arabidopsis thaliana*, ключевым процессом, инициирующим переход к цветению, является экспрессия гомологов гена *FT* (*FT*-генов) в листьях. Экспрессия *FT*-генов напрямую или опосредованно определяет мобильные сигналы, которые доставляются из листьев в апикальные меристемы растения и активируют в этих меристемах экспрессию генов идентичности цветочных меристем, прежде всего гомологов генов *LEAFY* (*LFY*) и *APETALA1* (*API*). Высокая экспрессия этих генов является маркером перехода к цветению.

Достаточно рано в ходе эволюции бобовых произошла множественная дупликация гена *FT*, так что можно почти с уверенностью сказать, что у всех бобовых существуют паралоги *FT* из трех филогенетических ветвей: *FTa*, *FTb* и *FTc*. В результате анализа экспериментальных данных показано, что разные *FT*-гены имеют разные паттерны регуляции в бобовых культурах [3–6]. Пять паралогов *FT* присутствуют в люцерне усеченной (*Medicago truncatula*) [7]. В горохе (*Pisum sativum*) также присутствуют пять

FT-генов (*FTa1*, *FTa2*, *FTb1*, *FTb2*, *FTc*), которые имеют существенно различные паттерны экспрессии и регуляции при разных внешних условиях и для разных мутантных генотипов, а также отличаются в листьях и в апикальных меристемах [6]. Качественный анализ этих данных привел к выводу о том, что функция *FT*-генов в организации мобильных сигналов цветения в горохе более сложная, чем в *Arabidopsis*. Эта организация включает в себя взаимную транскрипционную регуляцию, наличие нескольких мобильных сигналов цветения, связанных с разными *FT*-генами, а также возможную функциональную разницу между *FT*-генами (рисунок а) [6].

Самым раннецветущим сортом нута (*Cicer arietinum*) является ICCV 96029. Так же, как в люцерне и горохе, в нуте присутствуют пять паралогов *FT*: *FTa1*, *FTa2*, *FTa3*, *FTb*, *FTc* [8]. Их паттерны экспрессии в листьях значительно отличаются по уровню в ICCV 96029, но в целом схожи качественно, демонстрируя рост экспрессии при переходе к цветению [8]. Применение моделирования позволяет выдвинуть гипотезу об упрощенной организации в ICCV 96029 мобильных сигналов цветения, связанных с *FT*-генами [9]. В рамках динамической модели генной сети, контролирующей переход к цветению в нуте, отдельные *FT*-гены неотличимы (имеют идентичные регуляторные параметры),



Гипотезы об организации мобильных сигналов цветения в горохе и в нуте. (а) – Активация перехода к цветению *FT*-генами в горохе, согласно работе [6]. *FTa1* и *FTb2* связаны с разными мобильными сигналами. Стрелки соответствуют активации, линии с вертикальной чертой на конце соответствуют репрессии. Ген *LF* в горохе является гомологом *TFL1*, ген *PIM* – гомологом гена *API*. (б) – Активация перехода к цветению *FT*-генами в нуте, согласно работе [9]. Концентрации белков, кодируемых отдельными *FT*-генами, суммируются в общий активирующий сигнал в апикальных меристемах.

и вклады отдельных *FT*-генов аддитивно участвуют в активации цветения (рисунок б). При этом модель не позволяет найти хорошее решение для другого сорта нута, CDC Frontier, который зацветает относительно поздно [8,9]. Полученные результаты могут свидетельствовать о том, что селекция по ускорению зацветания может быть связана с упрощением организации мобильных сигналов цветения.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда, грант № 16-16-00007.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. R. Benlloch, A. Berbel, L. Ali, et al., *Front. Plant Sci.* **6**, 543 (2015).
2. J. L. Weller and R. Ortega, *Front. Plant Sci.* **6**, 207 (2015).
3. S. Faure, J. Higgins, A. Turner, and D. A. Laurie, *Genetics* **176**, 599 (2007).
4. R. Kikuchi, H. Kawahigashi, T. Ando, et al., *Plant Physiol.* **149**, 1341 (2009).
5. B. K. Blackman, J. L. Strasburg, A. R. Raduski, et al., *Curr. Biol.* **20**, 629 (2010).
6. V. Hecht, R. E. Laurie, J. K. Vander Schoor, et al., *Plant Cell* **23**, 147 (2011).
7. V. Hecht, F. Foucher, C. Ferrandiz, et al., *Plant Physiol.* **137**, 1420 (2005).
8. S. Ridge, A. Deokar, K. Daba, et al., *Plant Physiol.* **175**, 802 (2017).
9. V. V. Gursky, K. N. Kozlov, S. V. Nuzhdin, and M. G. Samsonova, *Front. Genet.* **9**, 547 (2018).

Organization of Mobile Flowering Signals in ICCV 96029 Chickpea Cultivar

V.V. Gursky* **, K.N. Kozlov**, S.V. Nuzhdin** ***, and M.G. Samsonova**

*Ioffe Physical Technical Institute, ul. Polytekhnicheskaya 26, St. Petersburg, 194021 Russia

**Peter the Great St. Petersburg Polytechnic University, ul. Polytekhnicheskaya 29, St. Petersburg, 195251 Russia

***University of Southern California, Los Angeles, CA 90089-4012, USA

ICCV 96029 is the earliest flowering chickpea cultivar. We analyzed the model of the gene network controlling floral transition and hypothesized that this chickpea cultivar is significantly different from other legumes in organization of mobile flowering signals related to the expression of the *FT* (*FLOWERING LOCUS T*) gene paralogs. Unlike pea and other legumes, that according to previously obtained data could demonstrate cross-regulation between *FT*-like genes and different nature of the associated flowering signals, the simulation results for chickpea suggest that the *FT* paralogs play additive roles in the promotion of flowering.

Keywords: flowering gene network, ICCV 96029, *FLOWERING LOCUS T*, chickpea