

**Экспрессия и метилирование промоторов генов *SDH3-1* и *SDH3-2*
субъединицы С сукцинатдегидрогеназы в щитках при прорастании семян
кукурузы**

Научный руководитель – Епринцев Александр Трофимович

Флорес Каро Орландо Де Хесус

Аспирант

Воронежский государственный университет, Воронеж, Россия

E-mail: florez.orlando@gmail.com

Метилирование ДНК играет важную роль в контроле роста и развития растений, а также является одним из механизмов регуляции экспрессии генов и репликации ДНК. Метилирование ДНК (mC) происходит в трех различных контекстах последовательностей: CG (известные как CpG-островки), CHG (симметричный) и CHH (асимметричный); где H = C, A или T.

Ранее было установлено зависимость между степенью метилирования промоторов генов субъединиц А и В, формирующих каталитический димер сукцинатдегидрогеназы (СДГ), и уровне их транскриптов при воздействии различных факторов на растения. Важное значение в регуляции функционирования всего СДГ-комплекса играют мембраносвязанные субъединицы С и D, участвующие в работе ЭТЦ митохондрий. В связи с этим целью исследования было выявление роли CG-динуклеотидов промоторов генов, кодирующих мембраносвязанную субъединицу С сукцинатдегидрогеназы и уровнем их транскриптов при прорастании семян кукурузы.

В качестве объектов исследования использовали семена кукурузы *Zea mays* L. Щитки для анализа отбирали через каждые 24 часа в течение десяти суток, начиная с момента набухания семян.

Данные, полученные при бисульфитном секвенировании ампликонов генов *SDH3-1* и *SDH3-2*, кодирующих субъединицу С СДГ, позволили проанализировать степень метилирования их промоторов и оценить ее влияние на уровень транскриптов исследуемых генов. В первый день прорастания семян наблюдается полное метилирование CG-динуклеотидов в промоторах генов *SDH3-1* и *SDH3-2*. Гиперметилирование анализируемых генов соотносится с невысоким уровнем их транскрипции, поскольку на этой стадии семена неактивны и не требуют большого количества энергии [1]. Для гена *SDH3-1* снижение уровней метилирования его промоторной области не влияет на уровни транскрипции в течение первых четырех дней роста. Однако, на восьмой день наблюдается пропорциональная зависимость между степенью метилирования и уровнем его транскриптов в семенах кукурузы. В этот период уровни метилирования промоторов генов *SDH3-1* и *SDH3-2* снизились до 33,3% и 30%, соответственно, что является регуляторным фактором их экспрессии [2, 3]. Для гена *SDH3-2* наблюдалась корреляция между метильным статусом промоторной области и содержанием его уровня его транскриптов. Это позволяет предположить, что для гена *SDH3-2* этот эпигенетический механизм является регуляторным фактором скорости его транскрипции.

Источники и литература

- 1) Bouyer D. et al. DNA methylation dynamics during early plant life // Genome Biol. 2017. Vol. 18, № 179. Pp. 1–12.
- 2) Kawakatsu T. et al. Dynamic DNA methylation reconfiguration during seed development and germination // Genome Biol. 2017. Vol. 18. №. 171. Pp 1-12.

- 3) Narsai R. et al. Extensive transcriptomic and epigenomic remodelling occurs during *Arabidopsis thaliana* germination// Genome Biol. 2017. Vol. 18, № 172. Pp. 1–18.