

## Динамика содержания ДНК в ходе дифференцировки семенной кожуры у чины лесной (*Lathyrus sylvestris*: Leguminosae)

Научный руководитель – Синюшин Андрей Андреевич

Белякова А.С.<sup>1</sup>, Доронина Т.В.<sup>2</sup>

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра физиологии человека и животных, Москва, Россия, *E-mail*: *asinjushin@mail.ru*; 2 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра клеточной биологии и гистологии, Москва, Россия, *E-mail*: *matveevatatiana.94@yandex.ru*

Морфогенез высших растений в некоторых случаях предполагает значительное укрупнение клеток. Размер растительной клетки связан ядерно-цитоплазматическим отношением с размером ядра и, следовательно, с содержанием ДНК. Именно поэтому размер генома влияет на размер клеток и структур, масштабы которых сопоставимы с отдельной клеткой, - пыльцевых зерен, спор, устьиц, эпидермы [1]. К числу таких структур относятся и семенная кожура, анатомо-морфологические свойства которой определяют целый ряд физиологических особенностей покоящихся и прорастающих семян.

Представители трибы Виковых семейства Бобовых (Fabeae: Leguminosae) характеризуются самыми большими в семействе геномами. Ранее для Бобовых (люцерны) было продемонстрировано, что в ходе дифференцировки наружного, самого мощного (палисадного) слоя семенной кожуры происходит эндополиплоидизация [2]. У Виковых семена значительно крупнее, с более толстой семенной кожурой. Цель настоящей работы была в том, чтобы установить, происходит ли изменение содержания ДНК в клетках палисадного слоя спермодермы в ходе дифференцировки у Виковых. В качестве объекта был выбран вид с одним из самых крупных геномов в трибе - чина лесная (*Lathyrus sylvestris*: 11,5 пг ДНК на гаплоидный геном) [3].

Семена на различных стадиях развития собирали в природной популяции в Западном Подмосковье и фиксировали в 4% растворе параформальдегида в натрий-фосфатном буфере. Выделяли семенную кожуру и зародыш, обрабатывали 2% раствором целлюлазы и пермеабелизовали 0,5% Triton X-100. Препараты окрашивали DAPI. На фотографиях ядер клеток в программе Fiji определяли интегральную яркость флуоресценции. В качестве репера были взяты метафазы и телофазы митоза в зародыше, по ним вычисляли плоидность ядер клеток спермодермы.

Было выделено три последовательных этапа дифференцировки клеток спермодермы, условно названных стадиями округлых ядер, эллиптических ядер и веретенновидных ядер. На этих стадиях содержание ДНК (приведены медианы) менялось как 2,52с, 2,33с и 2,85с. Различия между стадиями были достоверными (t-test,  $p < 0,01$ ). На первой стадии наблюдали митотические деления, что объясняет более высокое содержание ДНК по сравнению с последующей стадией. Единичные митозы встречались на стадии эллиптических ядер и не встречались на последней стадии.

Был сделан вывод о том, что дифференцировка спермодермы у вида с большим геномом предполагает увеличение содержания ДНК, но лишь в части клеток и в незначительной степени (менее чем в полтора раза). Эти результаты согласуются с данными, полученными для люцерны [2].

Работа поддержана РФФИ (тема № 18-34-00511).

Источники и литература

- 1) Bennett M.D. Nuclear DNA content and minimum generation time in herbaceous plants. // Proc. Roy. Soc. London B. 1972. V. 181. P. 109-135.
- 2) Verdier J., Dessaint F., Schneider C., Abirached-Darmency M. A combined histology and transcriptome analysis unravels novel questions on *Medicago truncatula* seed coat // J. Exp. Bot. 2013. V. 64. P. 459-470.
- 3) Plant DNA C-values Database: <https://cvalues.science.kew.org>