

**Компьютерное моделирование распределения
фитогормона ауксина в регенерирующем кончике корня
Arabidopsis thaliana L.**

Васильев Антон Андреевич
гр. 15.412

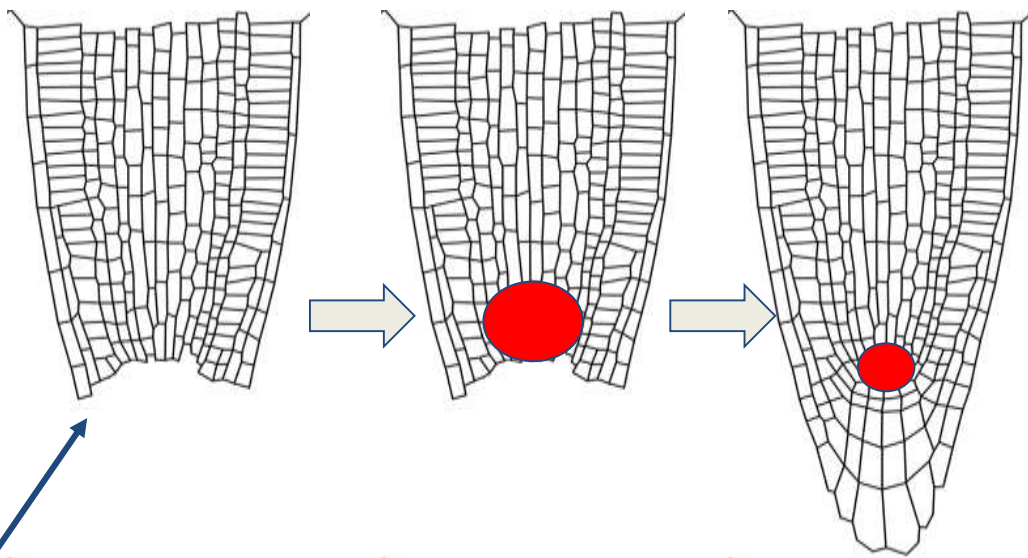
Научный руководитель: к.б.н. Миронова Виктория Владимировна,
в.н.с. сектора системной биологии морфогенеза растений.

Специальность: 06.03.01, специализация информационная биология.

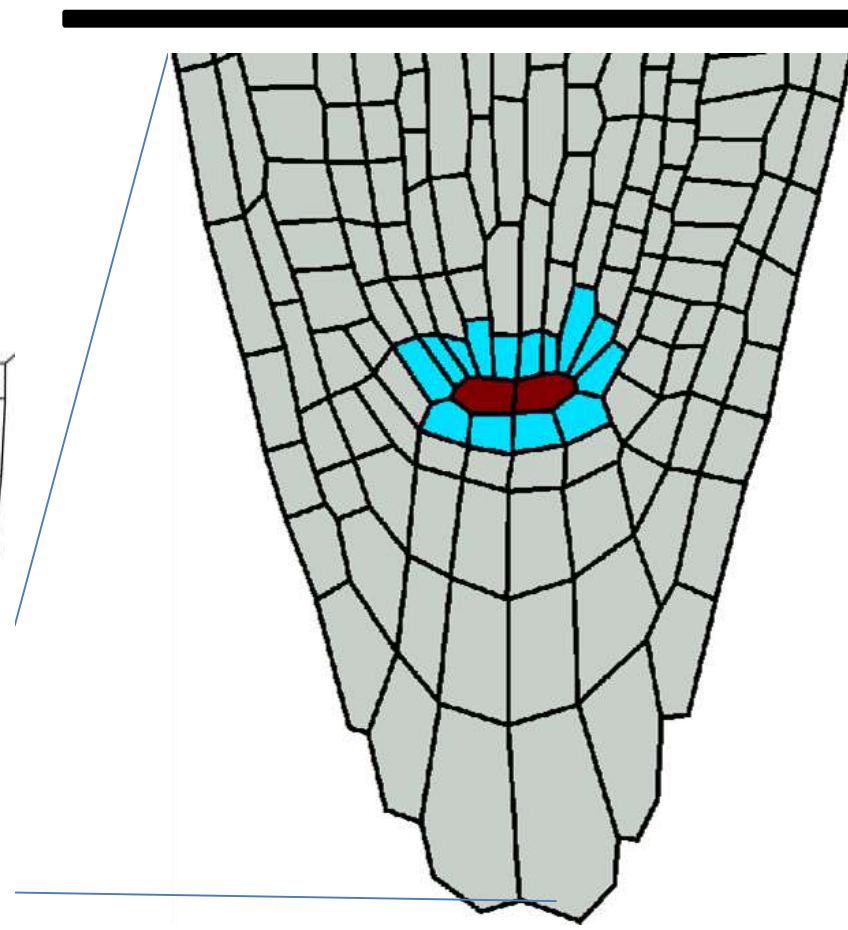
Регенерация меристемы в кончике корня растения



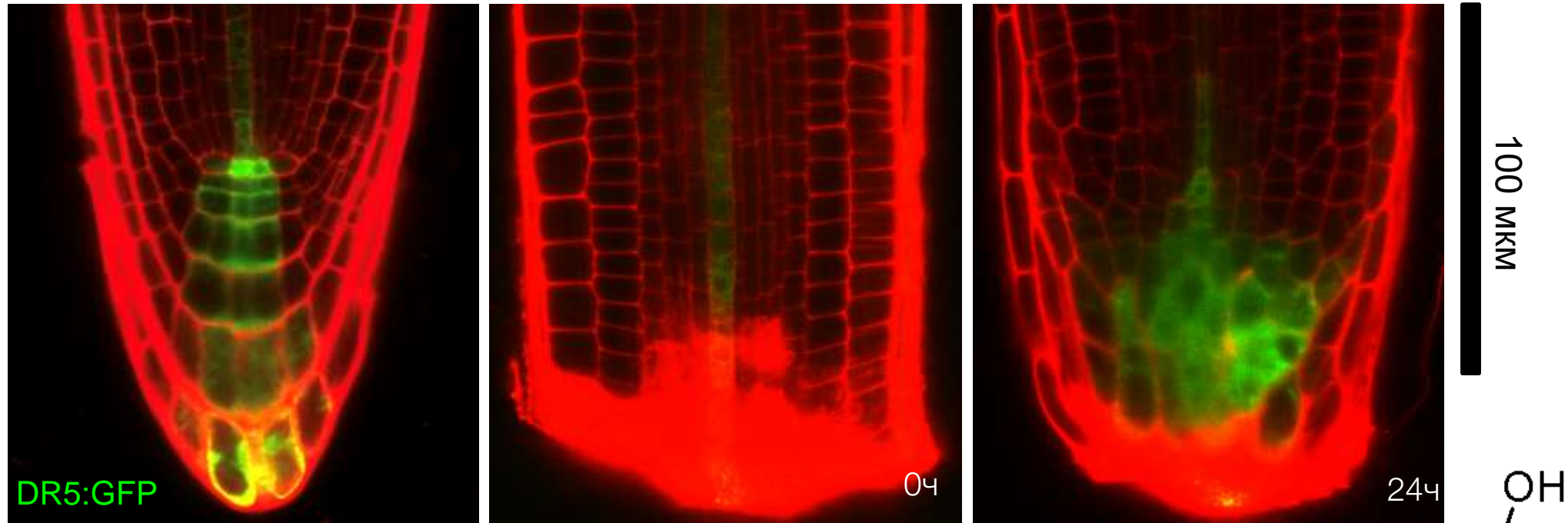
100 мкм



100 мкм

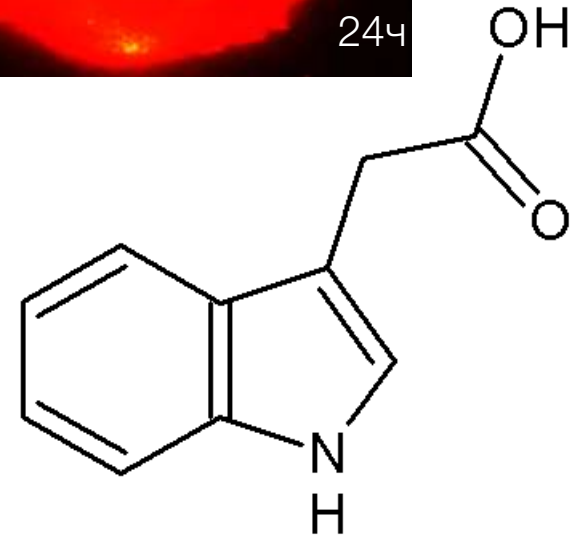


Восстановление распределения ауксина предшествует регенерации меристемы



Данные : проф. Чен Ксу, Национальный университет Сингапура

индолил-3-уксусная кислота

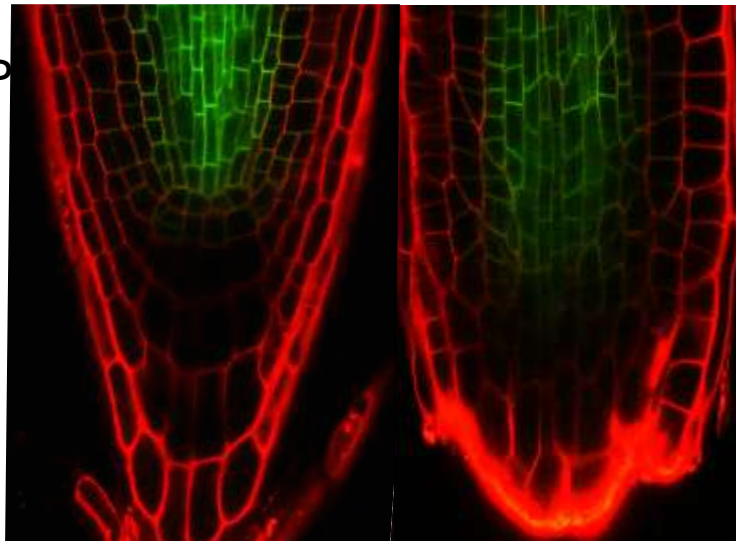


Домены экспрессии PIN транспортеров в норме и после декапитации

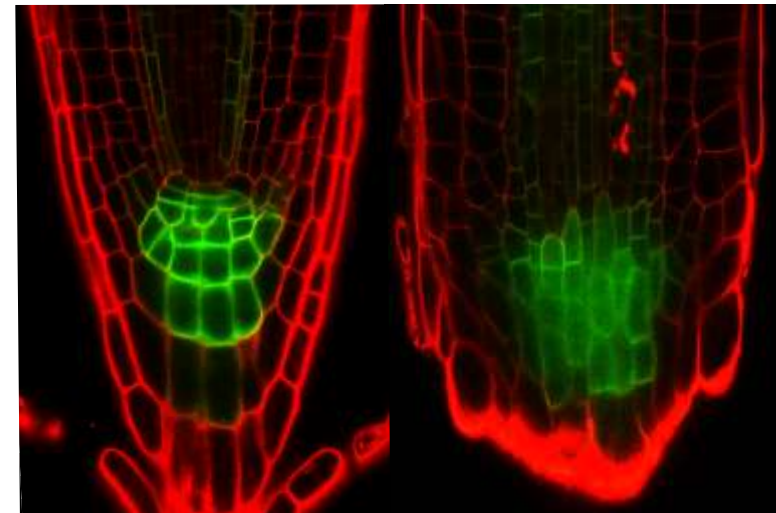
24ч

24ч

PIN1-GFP



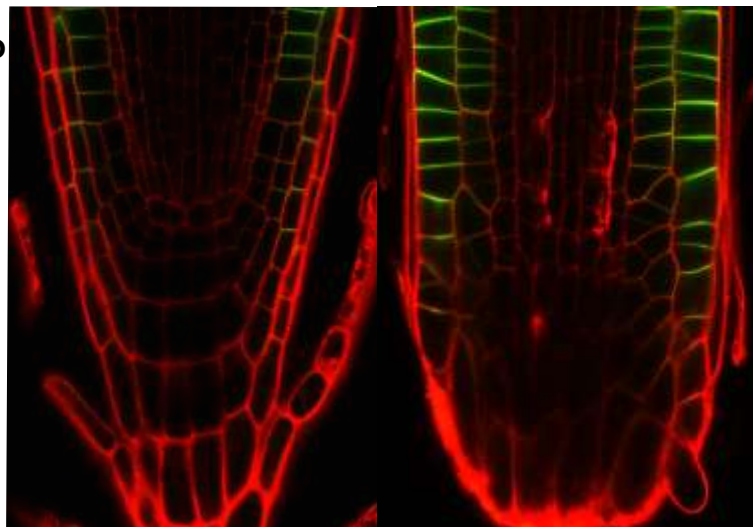
PIN3-GFP



24ч

100 мкм

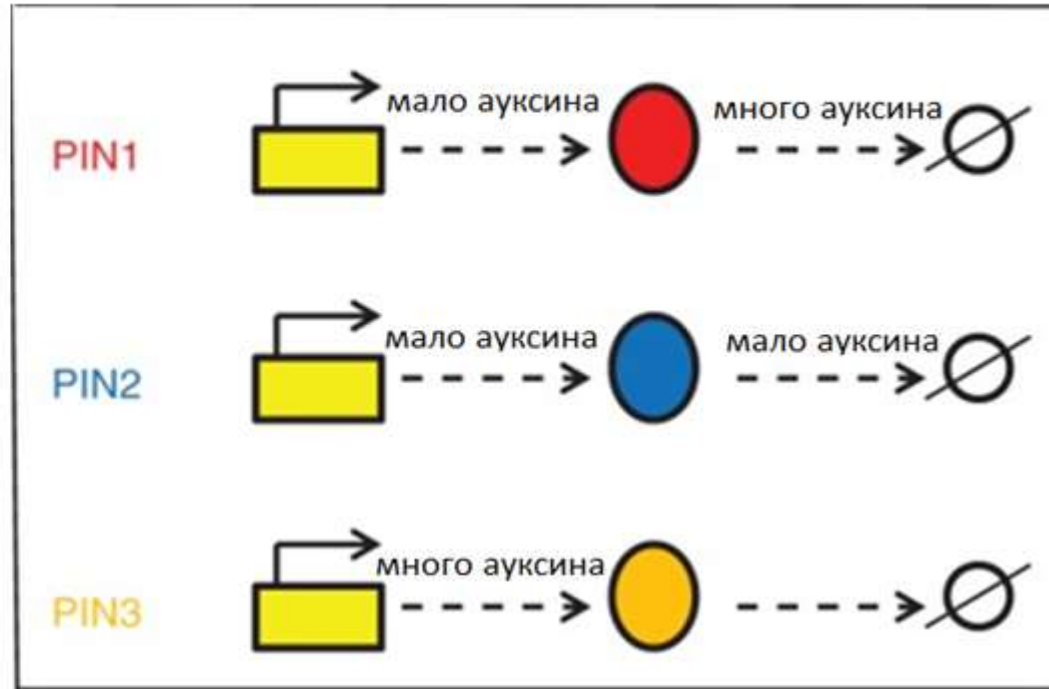
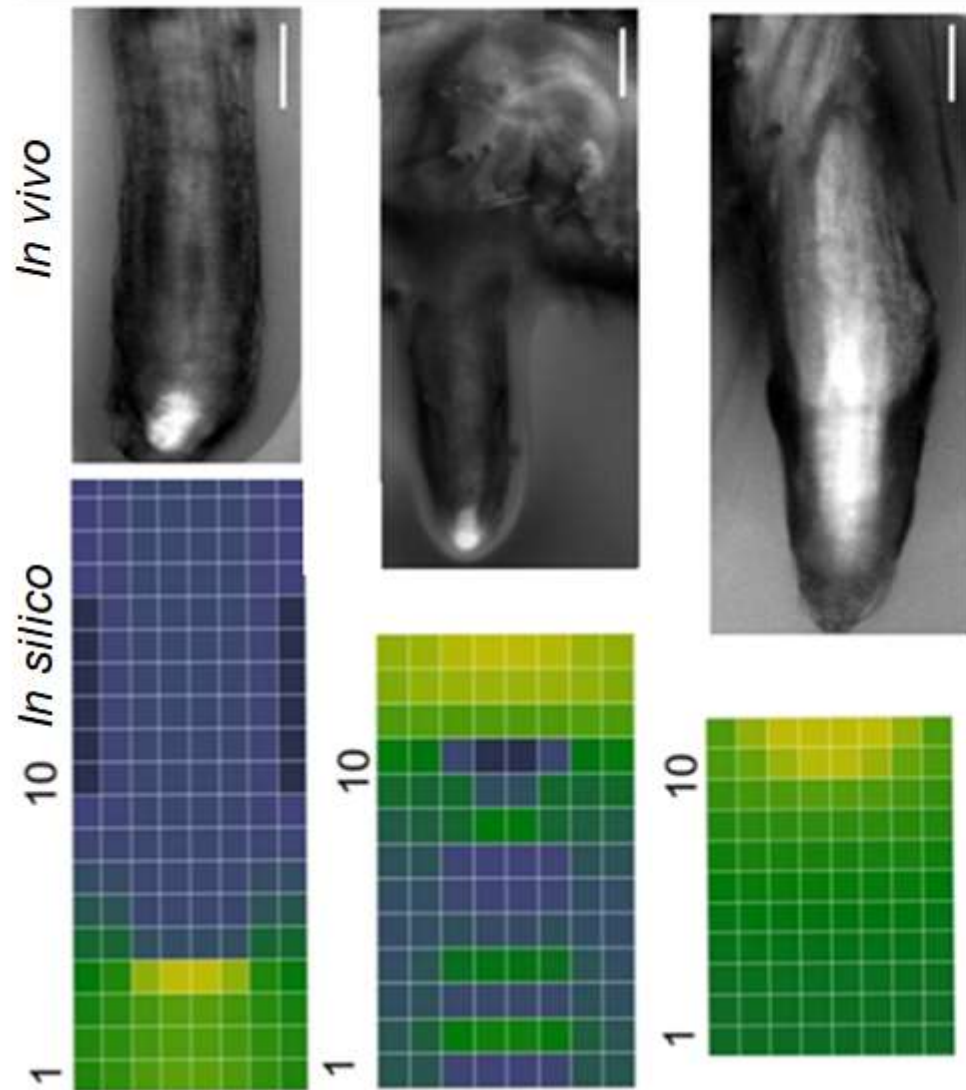
PIN2-GFP



Данные: проф. Чен Ксу, Национальный университет Сингапура.

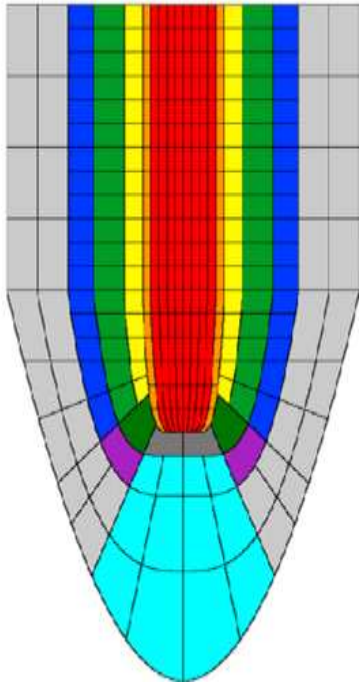
Моделирование распределения ауксина при регенерации кончика корня

PM' > 80% PM 50% PM > PM' > 80% PM PM' < 50% PM



(Mironova et al., 2012)

Примеры двумерных структурных моделей, повторяющих строение продольных срезов корня



(Cruz-Ramírez et al., 2012)



(Band et al., 2014)



(Muraro et al., 2016)

Цели, задачи

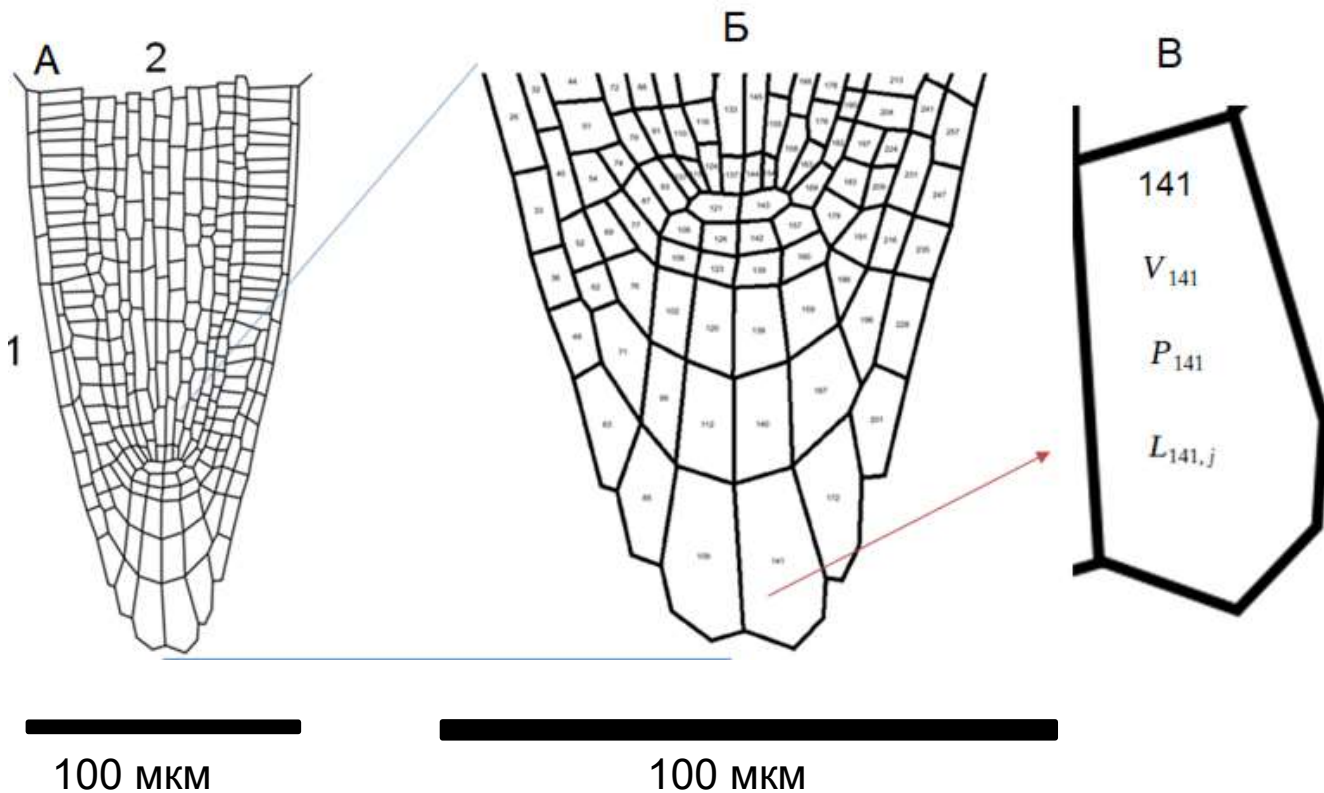
Цель:

- Изучить динамику перераспределения фитогормона ауксина в процессе регенерации апикальной меристемы корня растения после декапитации с помощью методов математического моделирования

Задачи:

- Создать двумерные структурные модели кончиков корней после декапитации
- Интегрировать созданные структурные модели с математической моделью распределения ауксина в кончике корня растения
- Исследовать динамику перераспределения ауксина в зависимости от анатомической структуры кончика корня после декапитации его различных частей с помощью математической модели

Пример двумерной структурной модели кончика корня



В модели учтены:

- взаимное расположение клеток
- площадь каждой клетки (V_i)
- протяженность стенки между соседними клетками ($L_{i,j}$)

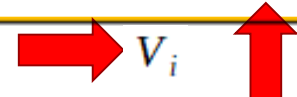
Структурная модель представляет собой вектор-столбцы и матрицы с качественными и количественными характеристиками каждой клетки и клеточных стенок

Общий вид уравнений математической

МОДЕЛИ


Концентрации ауксина

$$\frac{d[a]_i}{dt} = \boxed{k_a(i) + K_{s,a} - K_{d,a}[a]_i} + \boxed{D * \sum_{j \in Ni} \left(([a]_j - [a]_i) * (L_{i,j}) \right)} + \boxed{J_{PIN1}(i) + J_{PIN2}(i) + J_{PIN3}(i)}$$


 V_i

Концентрации PIN

$$\frac{d[PIN]_i}{dt} = \boxed{F_{s,PIN}([a]_i) - F_{d,PIN}([a]_i)}$$


 V_i

Синтез и деградация PIN

$$F_{s,x}([a]_i) = K_{s,x} \frac{\left(\frac{[a]_i}{q_{1,x}} \right)^{S_x}}{1 + \left(\frac{[a]_i}{q_{2,x}} \right)^{S_x}} [x]_i$$

$$F_{d,x}([a]_i) = K_{d,x} \left(1 + \left(\frac{[a]_i}{q_{3,x}} \right)^{h_x} \right) [x]_i, x \in [PIN1, PIN2]$$

$$F_{d,x}([a]_i) = K_{d,x} [x]_i, x = PIN3$$

$k_a(i)$ - скорость поступления ауксина

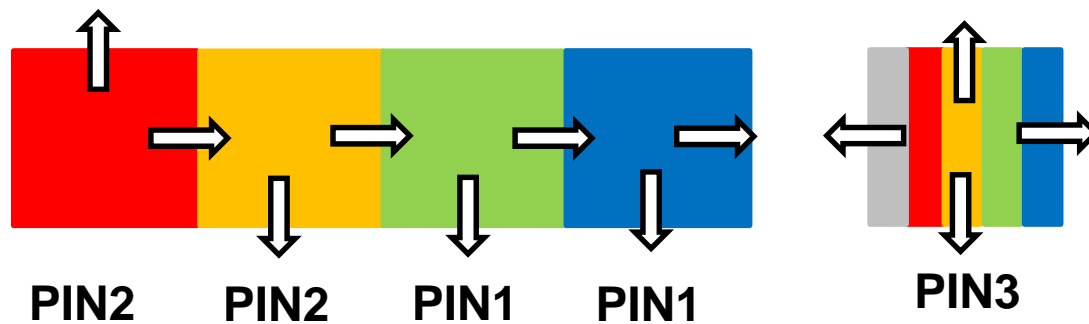
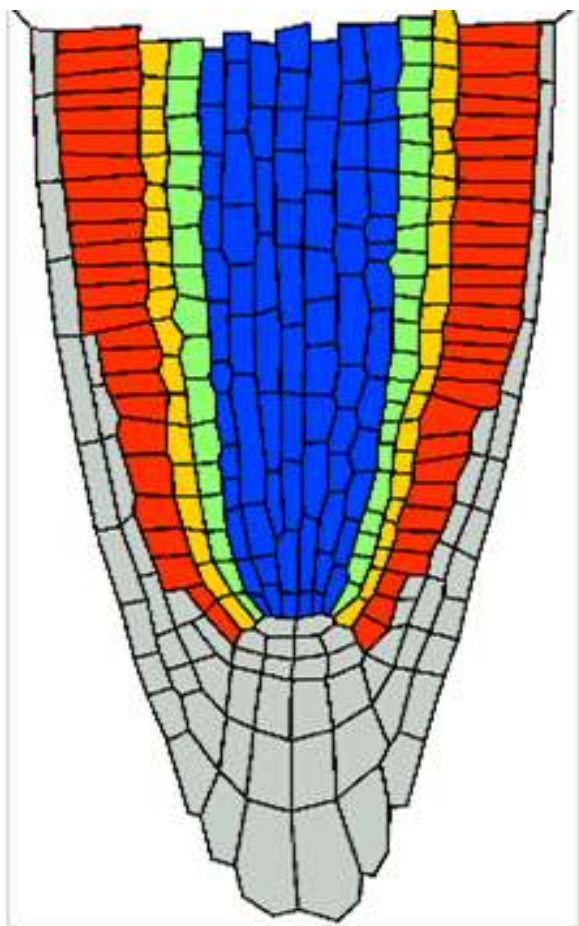
D - коэффициент диффузии

J_{PINx} - поток активного транспорта

S_x - коэффициент Хилла

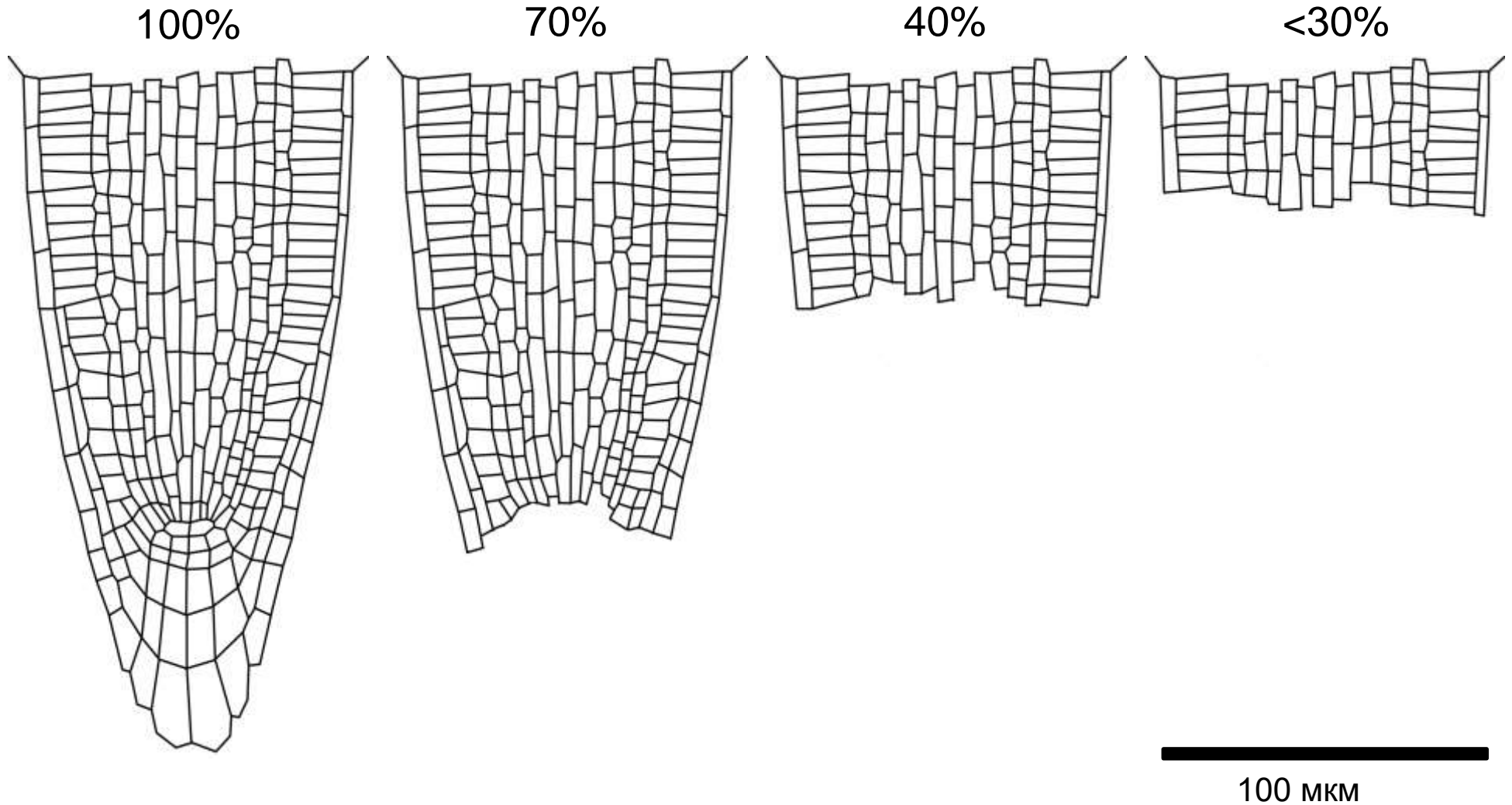
h_x - коэффициент нелинейности

Схема экспрессии и полярности PIN белков в различных тканях

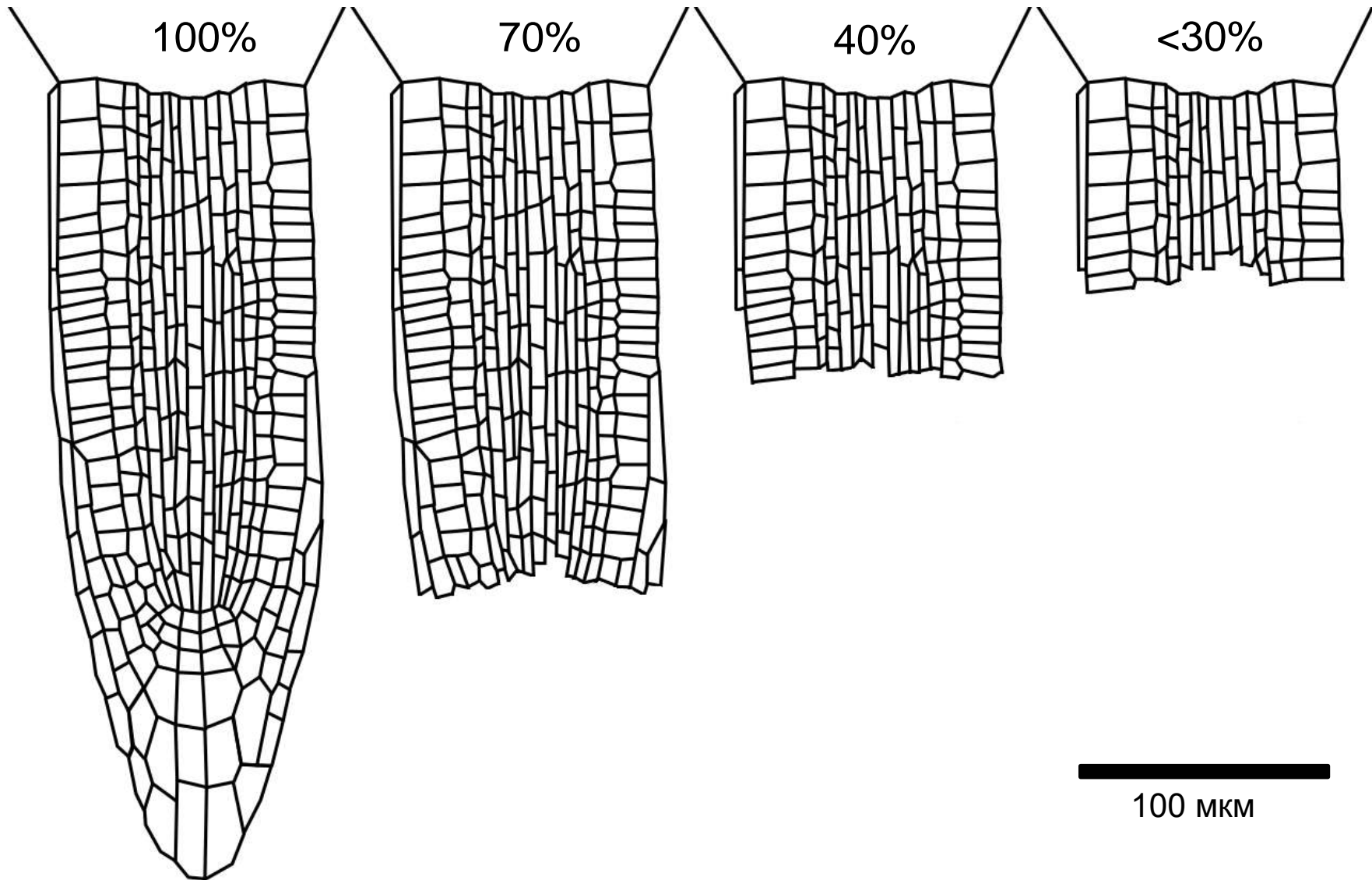


Шкала – 100 мкм

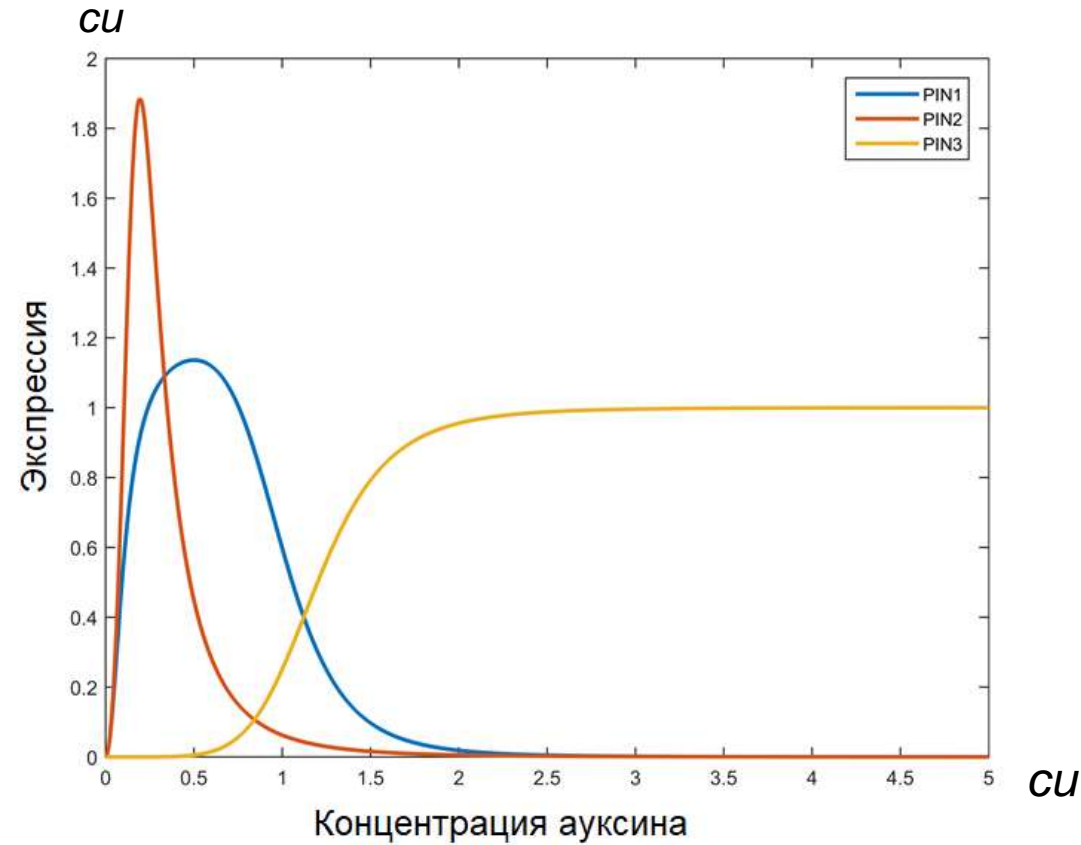
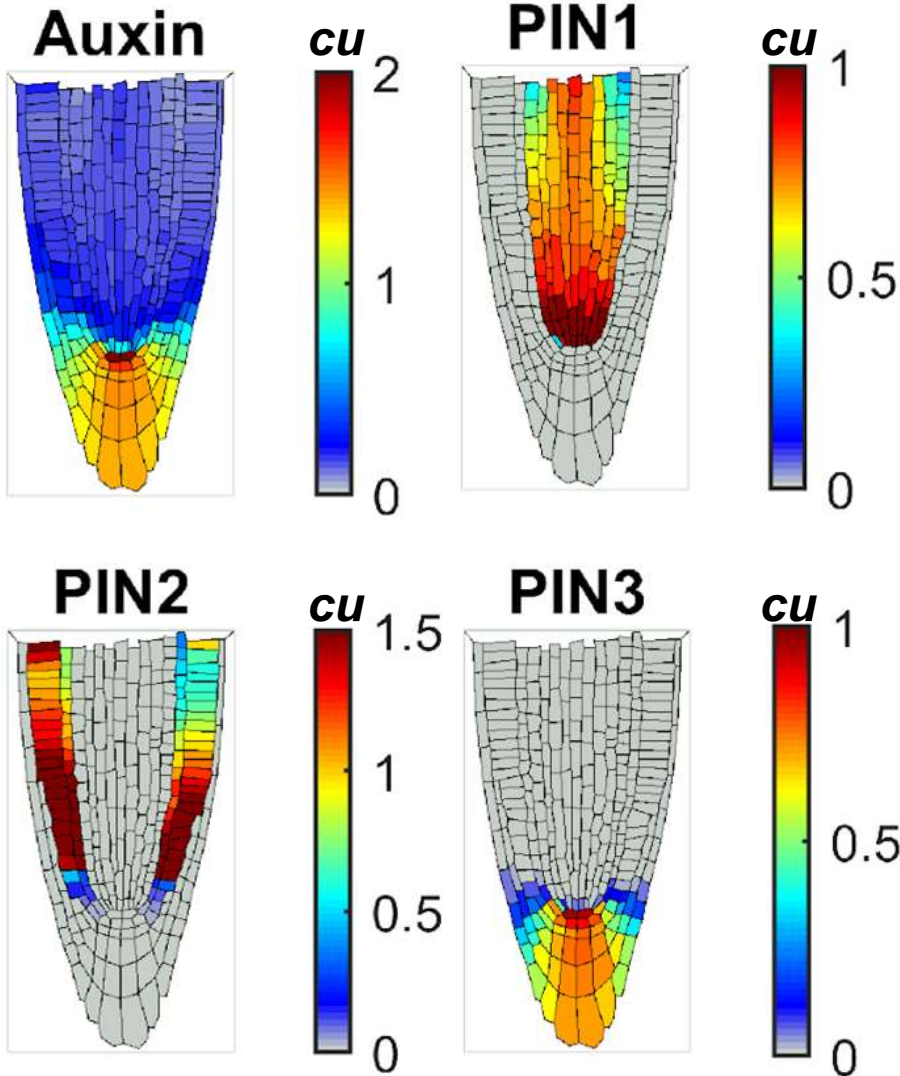
Структурные модели корня, интактного и после декапитации на различном уровне



Структурные модели корня, интактного и после декапитации на различном уровне

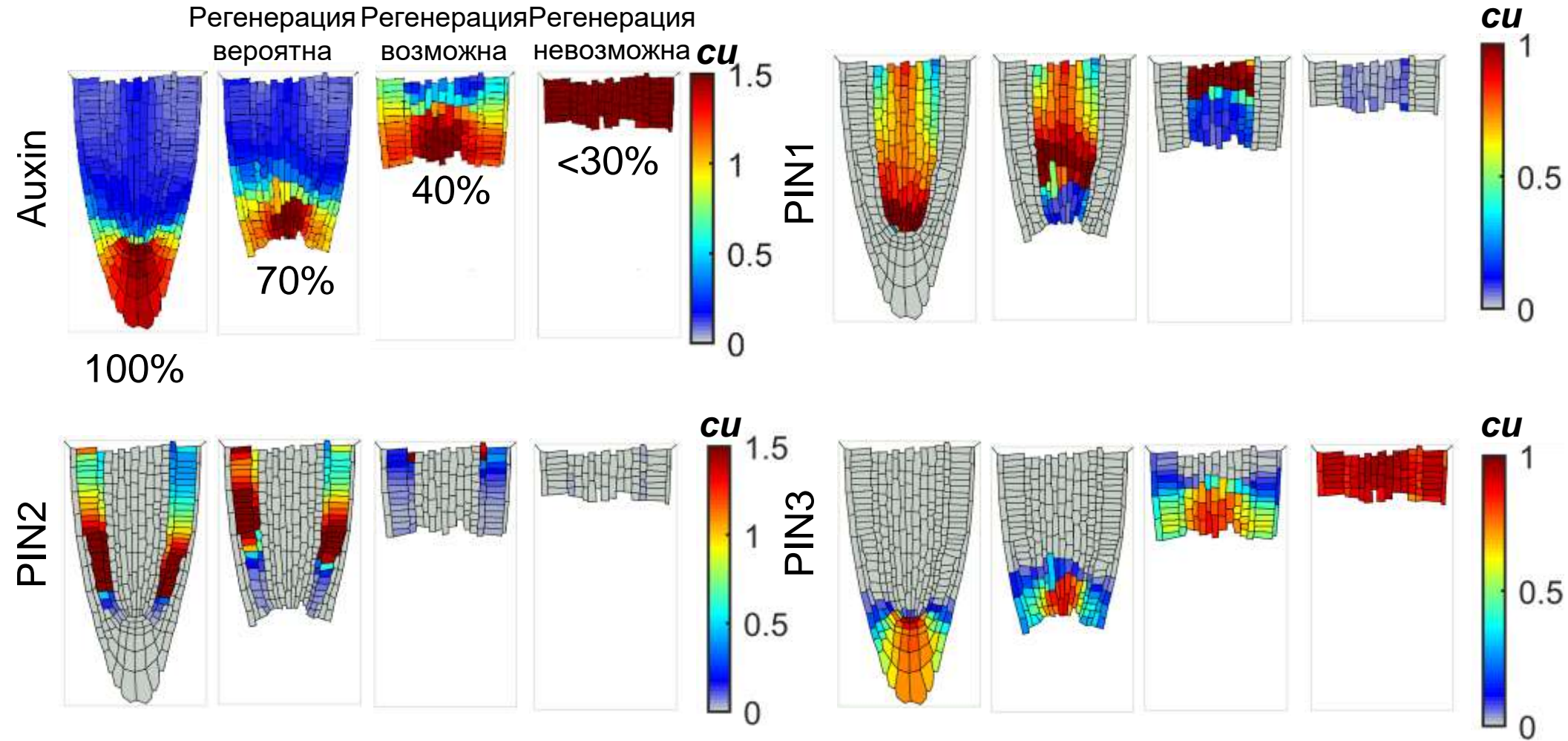


Подбор параметров модели



Профиль экспрессии PIN белков в зависимости от концентрации ауксина при использовании новых параметров

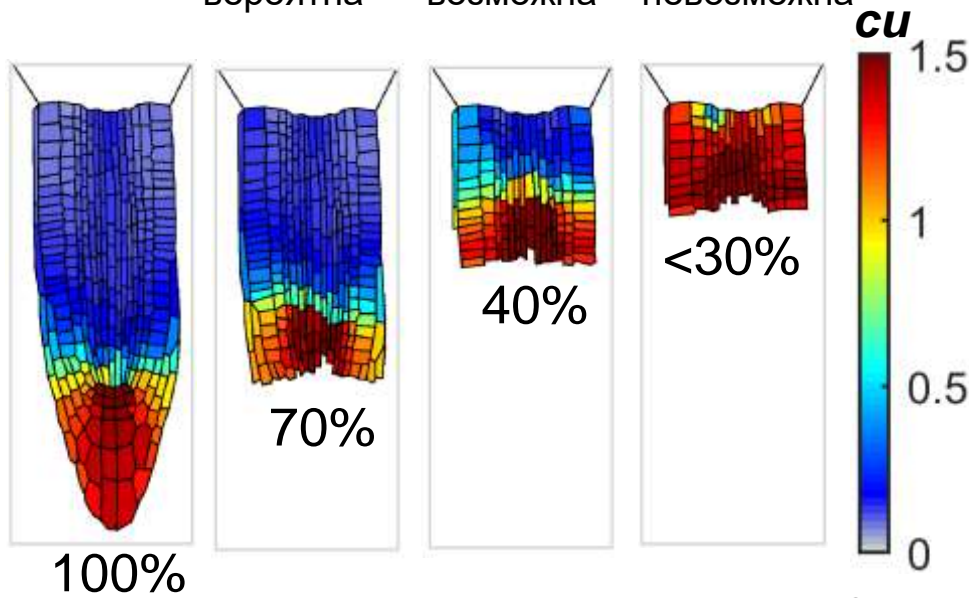
Стационарное решение модели. Корень 1



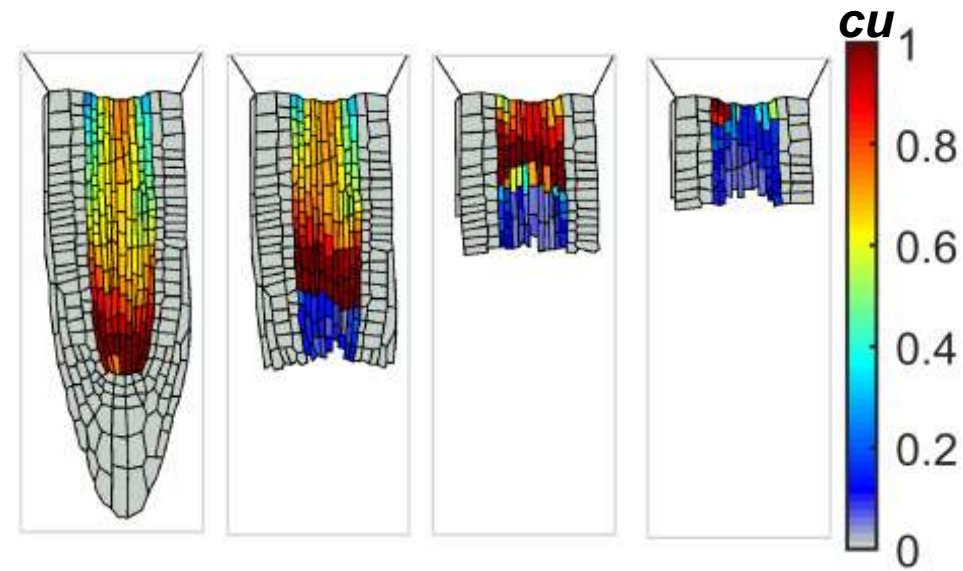
Стационарное решение модели. Корень 2

Регенерация
вероятна Регенерация
возможна Регенерация
невозможна

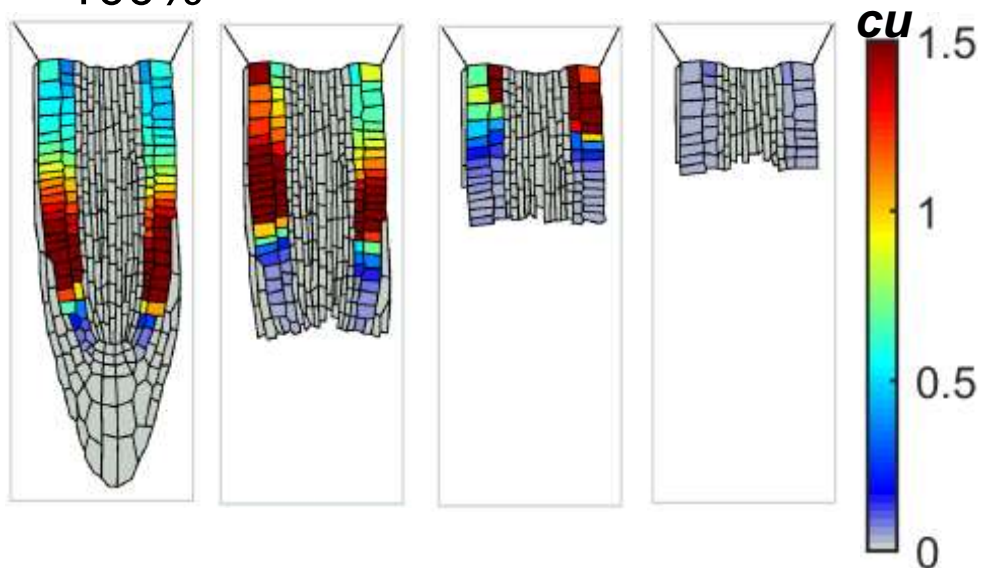
Auxin



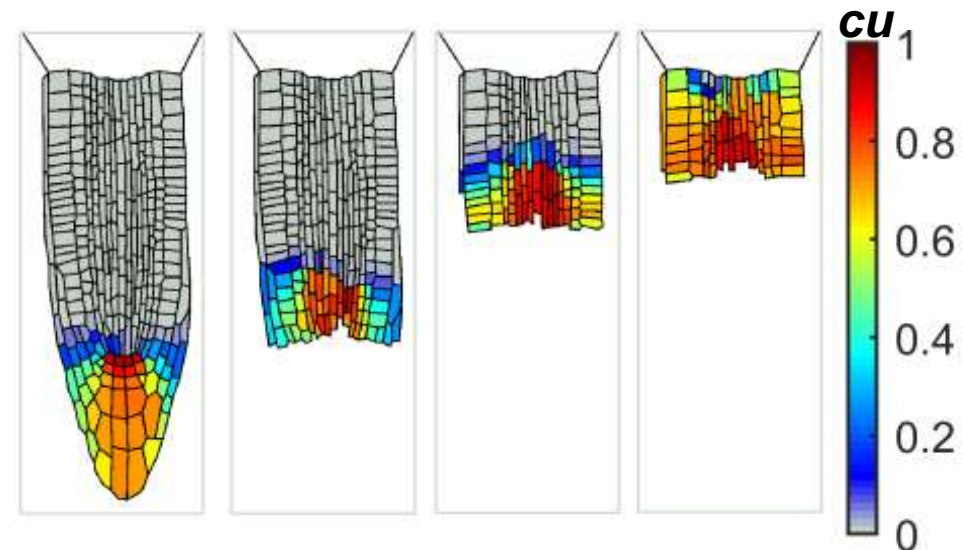
PIN1



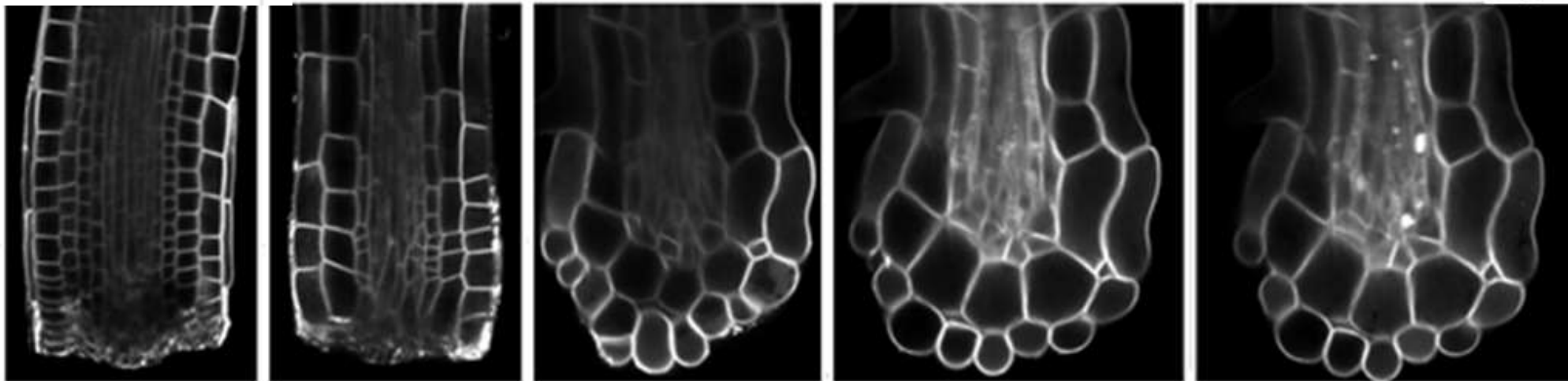
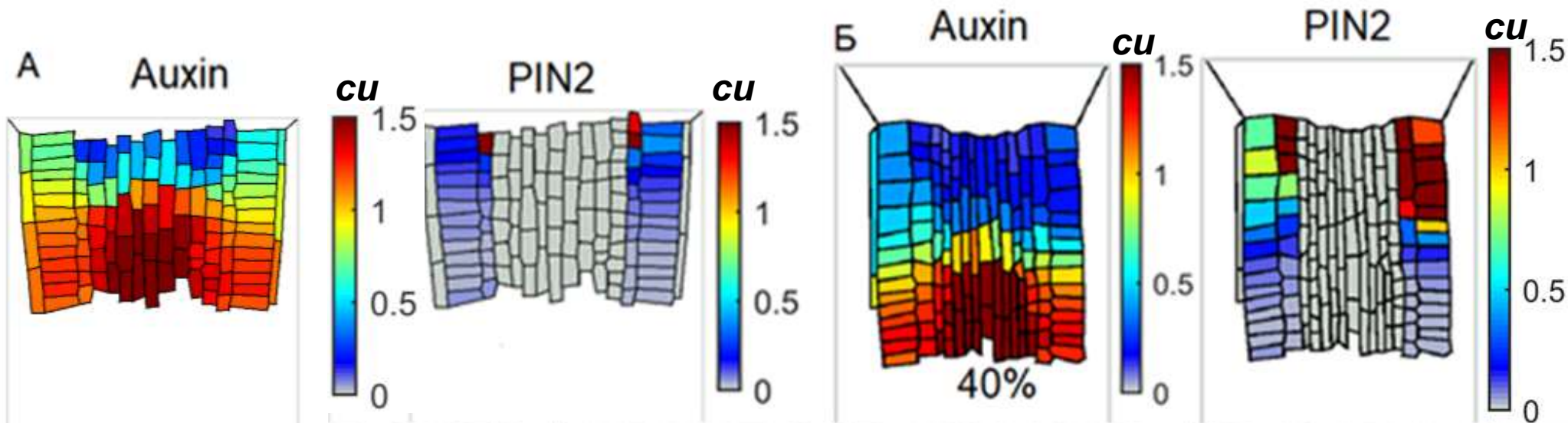
PIN2



PIN3



Влияние доли оставшейся меристемы на характер регенерации



0 час.

12 час.

24 час.

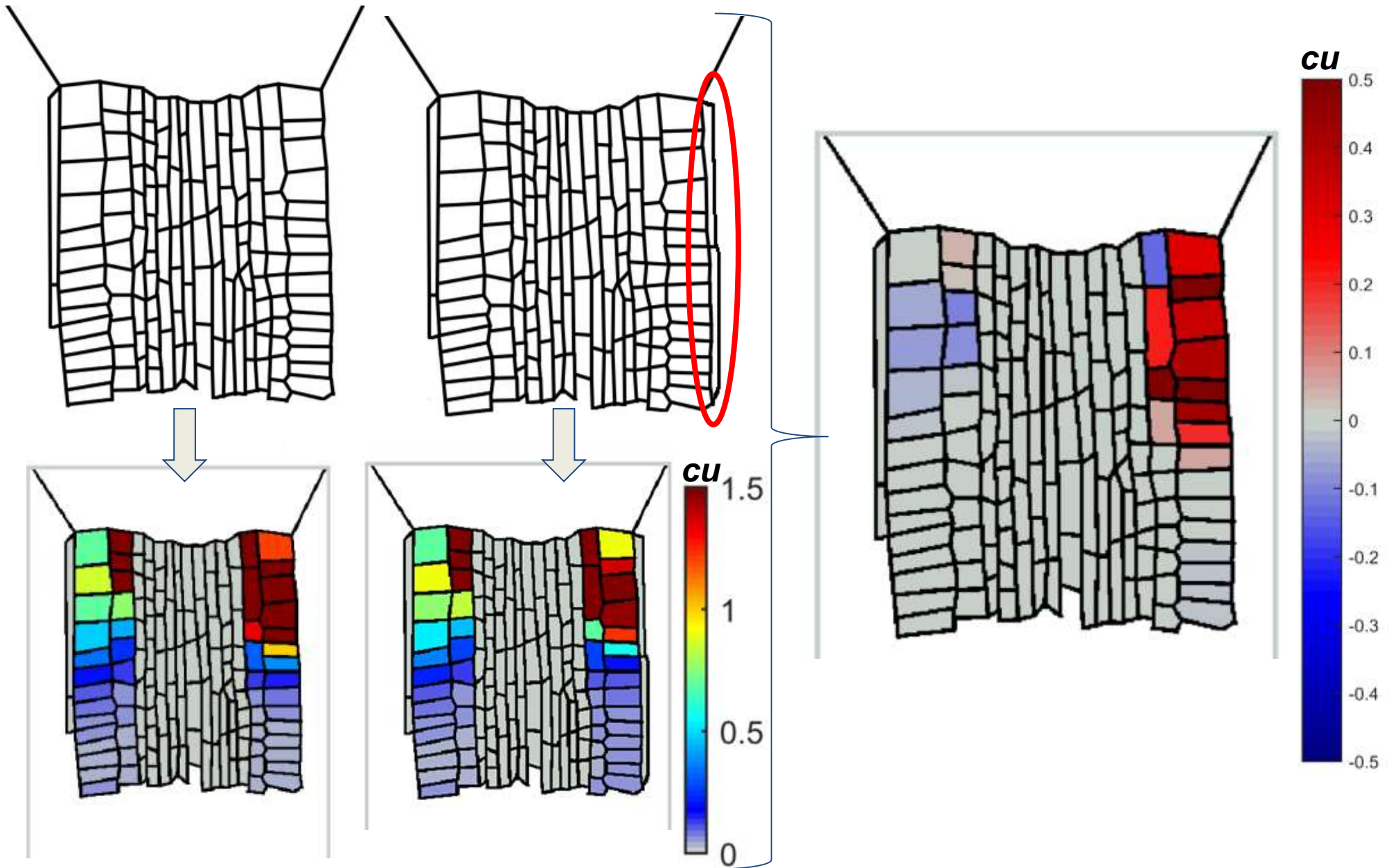
48 час.

72 час.

Регенерация будет затруднена, на фоне разрастания эпидермиса и кортекса

Данные: проф. Чен Ксу, Национальный университет Сингапура

Зависимость асимметрии в экспрессии PIN2 от строения корневого чехлика



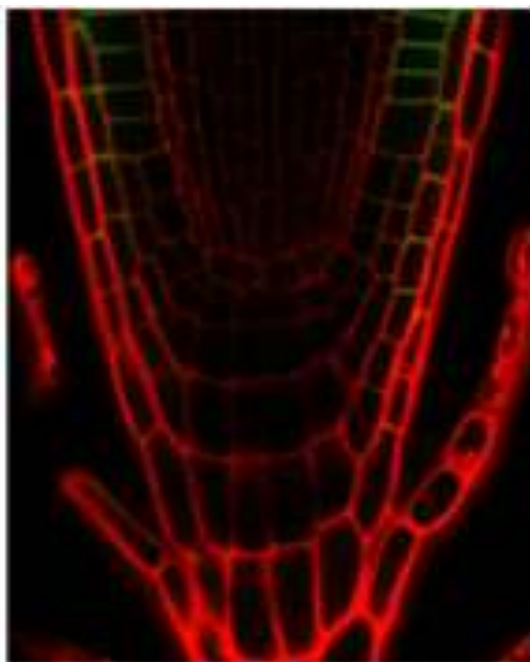
Выводы

- Создана серия компьютерных структурных моделей кончиков корней *Arabidopsis thaliana*, полученных в результате анализа микрофотографий продольных срезов корней
- Компьютерные структурные модели интегрированы с математической моделью распределения ауксина в корне для исследования регенерации меристемы корня после декапитации на разном расстоянии от кончика корня
- Результаты численного анализа распределения ауксина по структурным моделям с разной длиной меристемы, оставшейся после декапитации предсказывают:
 - меристема корня *Arabidopsis thaliana* будет регенерировать, если после декапитации осталось более 50% меристемы
 - если после декапитации осталось 30-50% меристемы, регенерация возможна в случае восстановления домена экспрессии транспортера ауксина PIN2 в эпидермисе. Вследствие естественной асимметрии корневого чехлика, домен PIN2 может быть восстановлен лишь частично, что отразится на эффективности регенерации
 - если после декапитации осталось менее 30% меристемы, ее регенерация маловероятна

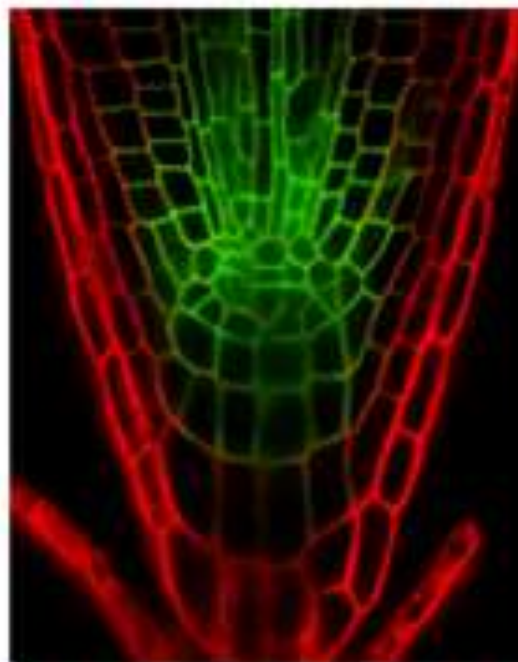
DR5-GFP



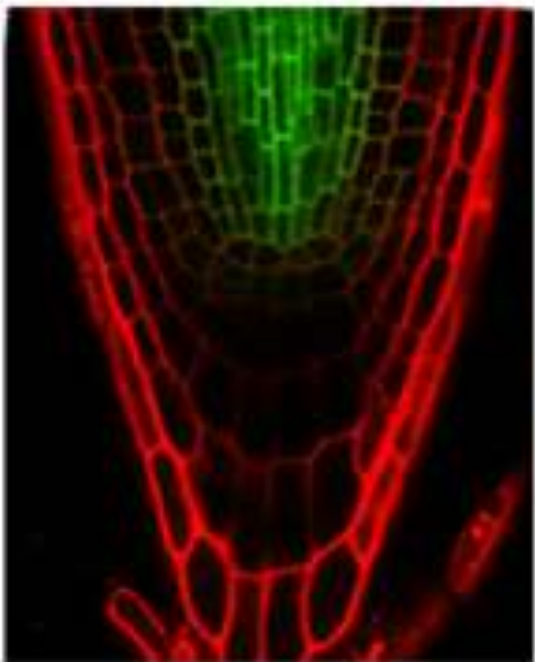
PIN2-GFP



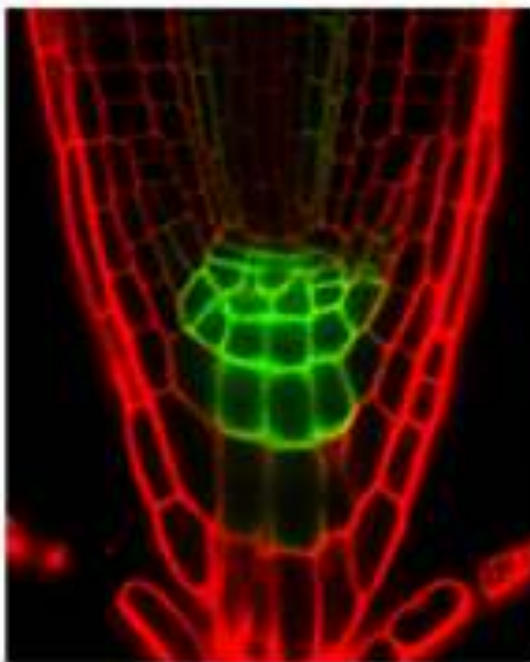
PIN4-GFP



PIN1-GFP



PIN3-GFP



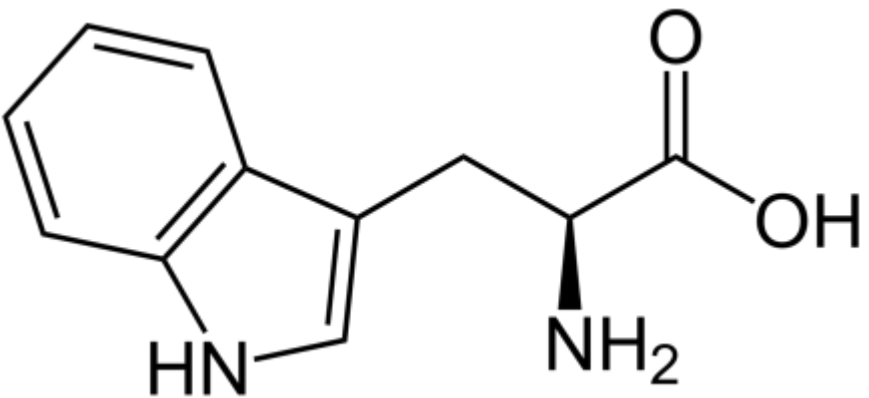
PIN7-GFP



Данные: проф. Чен Ксу, Национальный университет Сингапура

$$J_x(i) = \sum_{j \in N_i} (k_{j,i}^x [a]_j - k_{i,j}^x [a]_i), x_{i,j} \in \{PIN\ 1, PIN\ 2, PIN\ 3\}$$

- $k_{j,i}^x$ — доля от общего содержания белка x в клетке j , которая расположена на мембране, граничащей с клеткой i ;
- $k_{i,j}^x$ — доля от общего содержания белка в клетке i , которая расположена на мембране, граничащей с клеткой j .



L-триптофан