

Компьютерное моделирование клеточной динамики в  
корневой, побеговой и камбиальной меристемах  
*Arabidopsis thaliana* L. под управлением градиентов  
концентраций ауксина и цитокинина

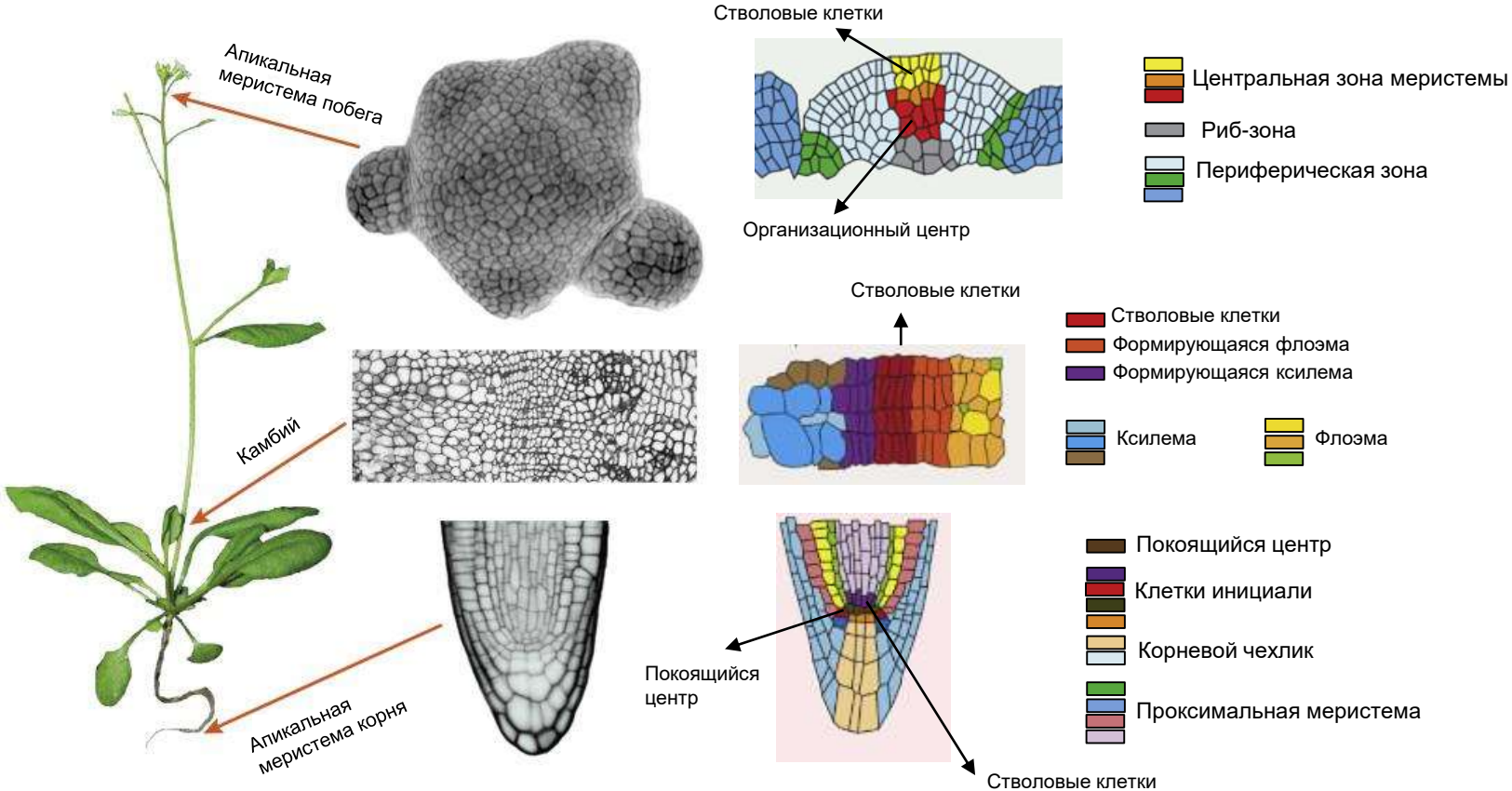
Студент: Азарова Дарья Сергеевна

E-mail: [darporiv@gmail.com](mailto:darporiv@gmail.com)

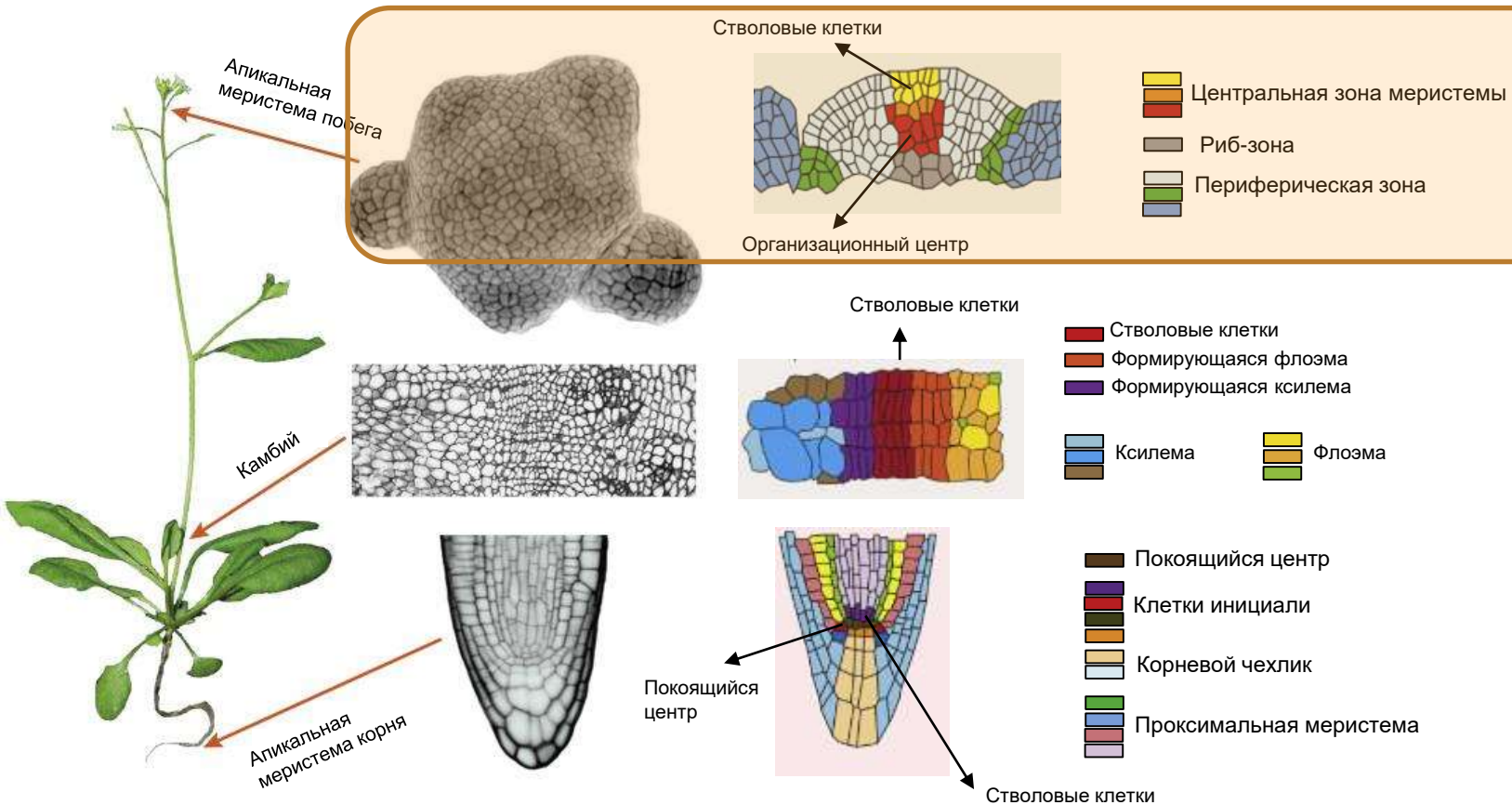
Научный руководитель: к.б.н. Лавреха Виктория Вадимовна,

Специальность: 020400.62, специализация информационная биология

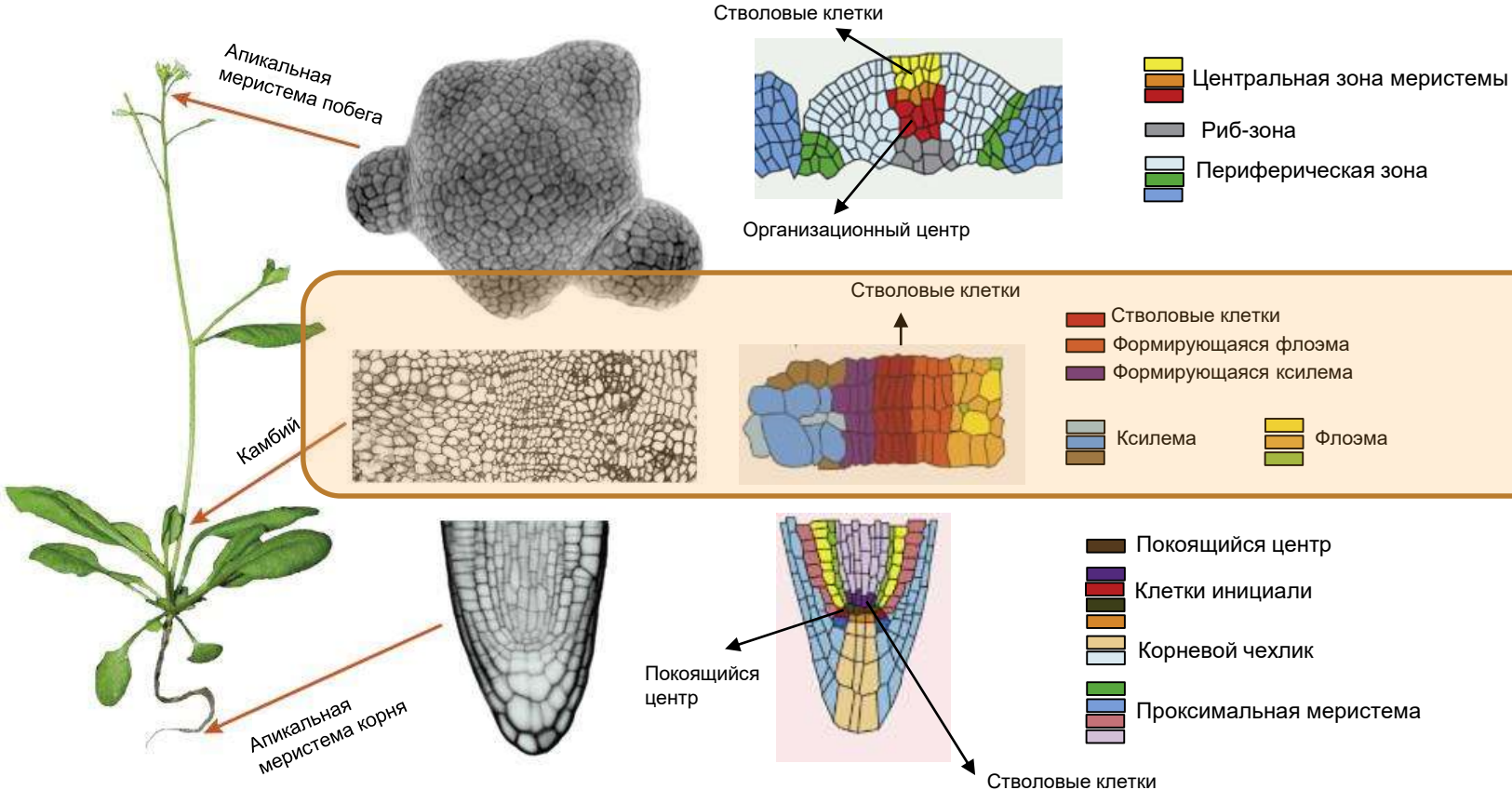
# Строение основных типов меристем



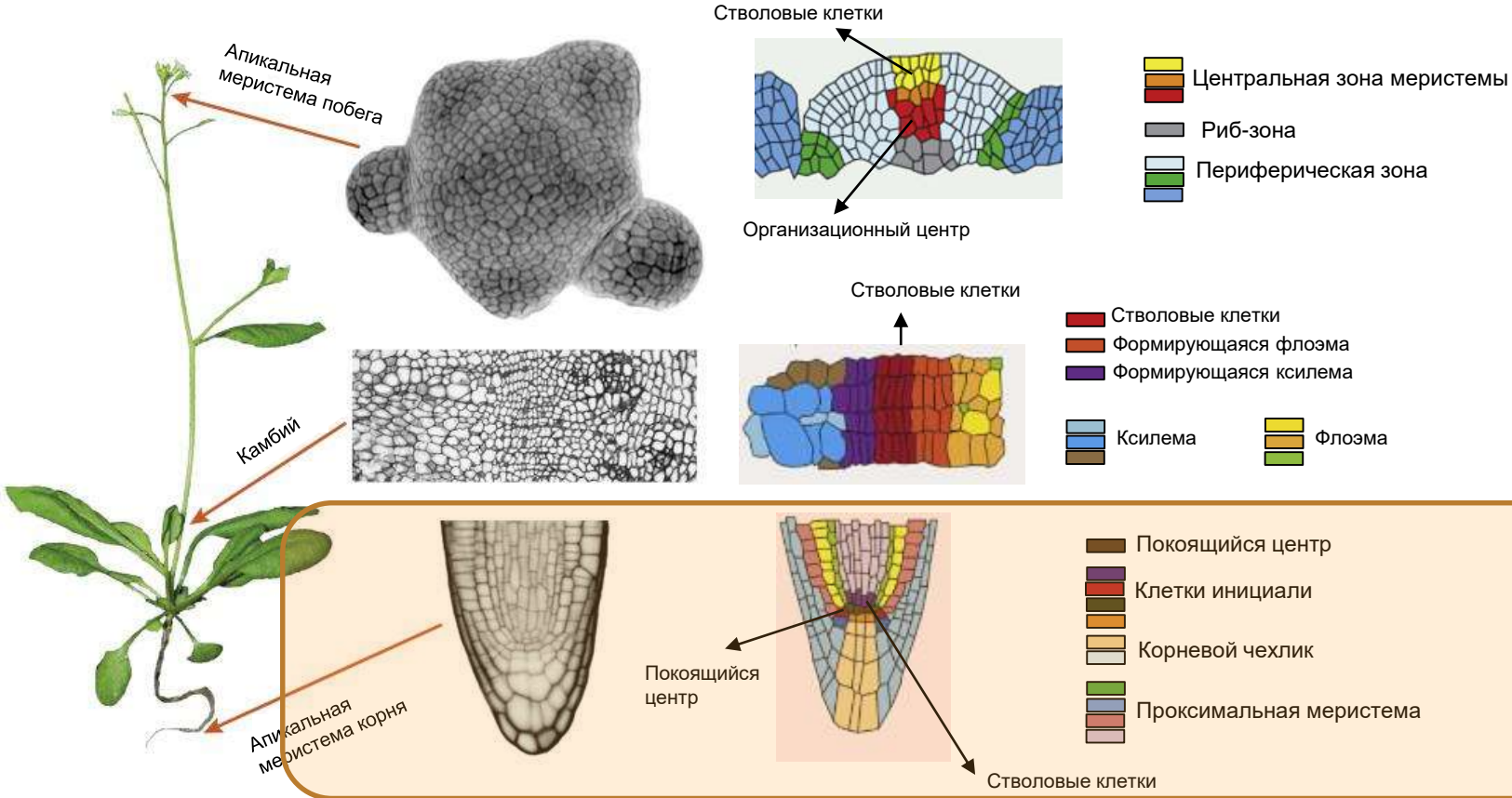
# Строение основных типов меристем



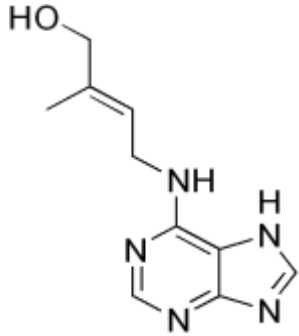
# Строение основных типов меристем



# Строение основных типов меристем

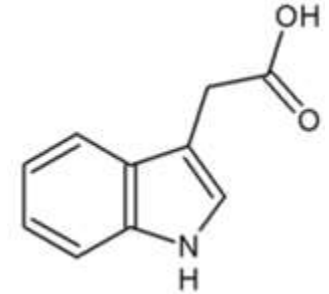
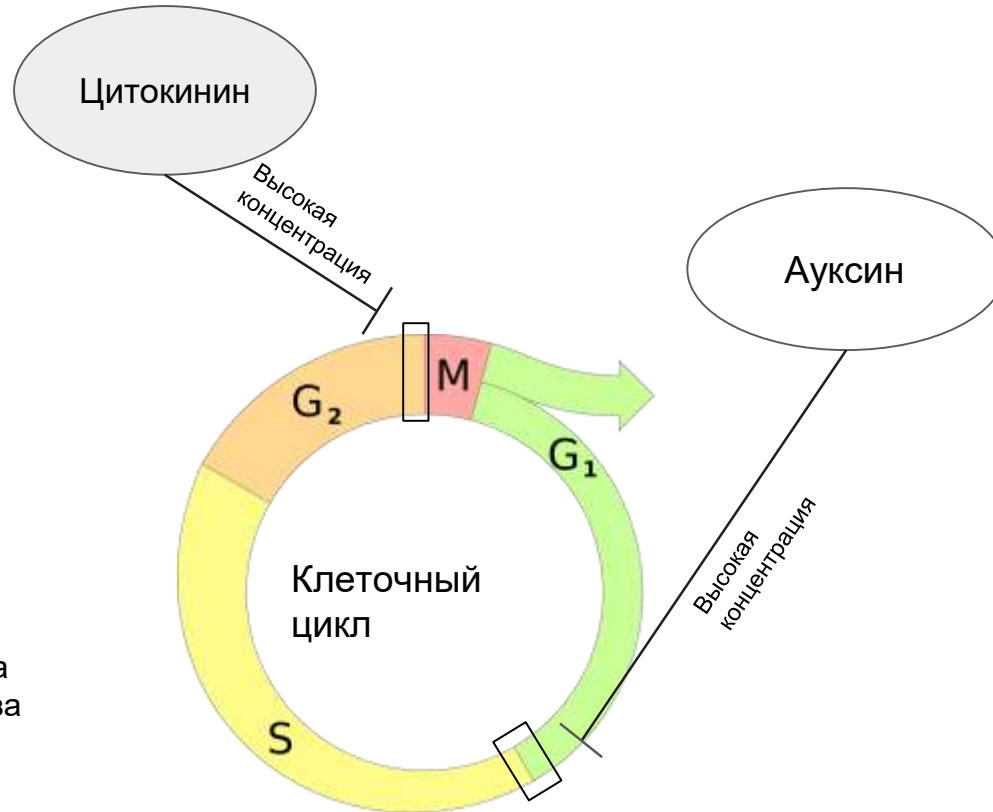


# Ауксин и цитокинин регулируют деления клеток



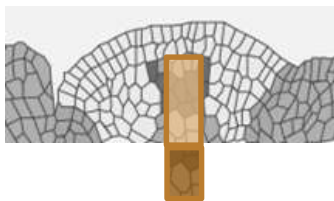
Цитокинин(Транс-зеатин)

М-митоз  
G1-пресинтетическая фаза  
G2-постсинтетическая фаза  
S-синтетическая фаза



Ауксин(ИУК)

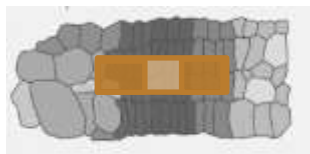
# Зоны митотической активности в моделях основных типов меристем



Апикальная меристема побега

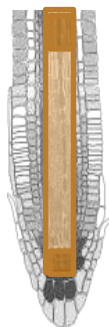


Дифференцирующиеся клетки



Камбий

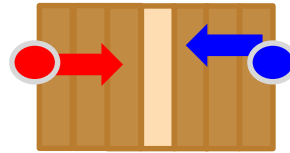
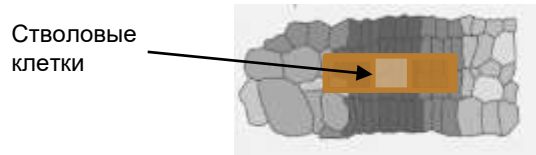
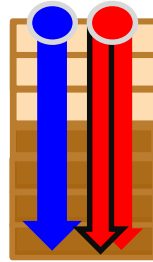
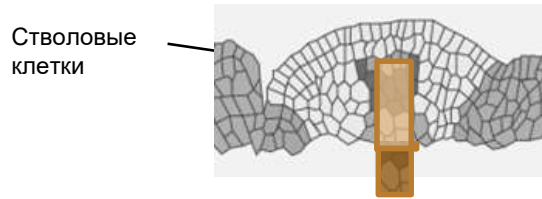
Пролиферирующие клетки



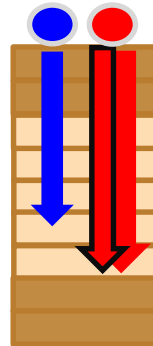
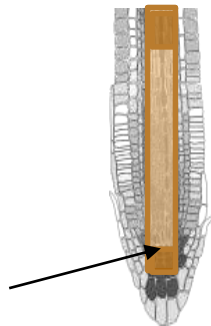
Апикальная меристема корня



# Особенности распределения ауксина и цитокинина в основных типах меристем



Камбий



Источник ауксина



Источник цитокинина

Пассивный транспорт цитокинина



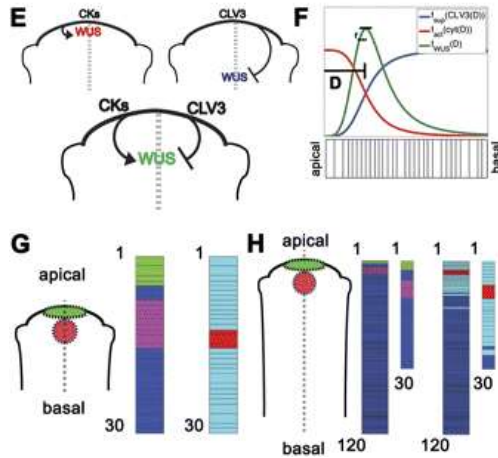
Пассивный транспорт ауксина



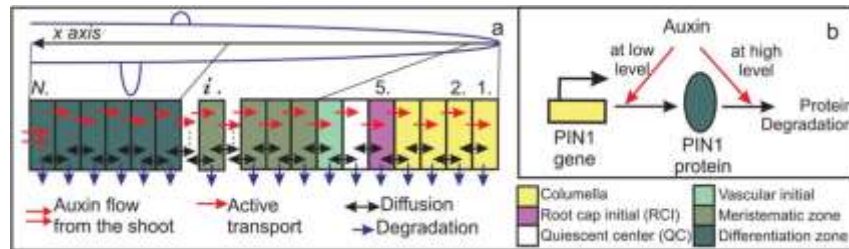
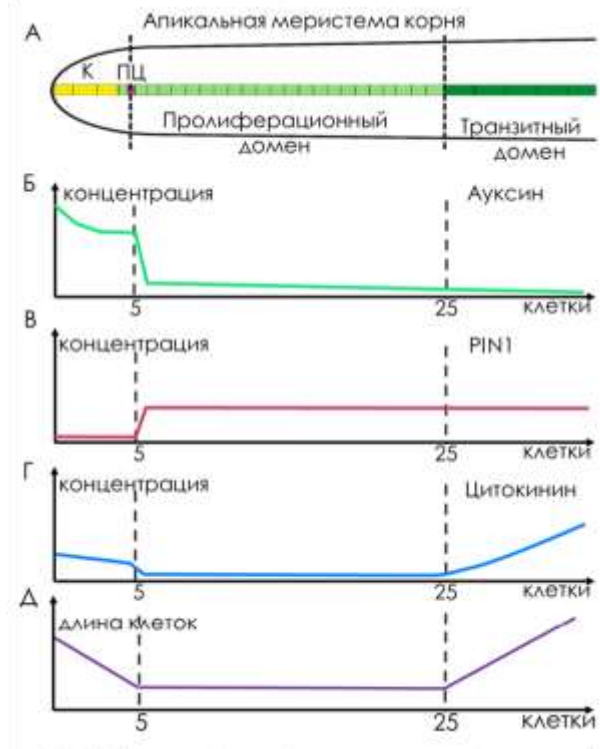
Активный транспорт ауксина



# Моделирование клеточной динамики



Chickarmane et al., 2012



Mironova et al., 2010

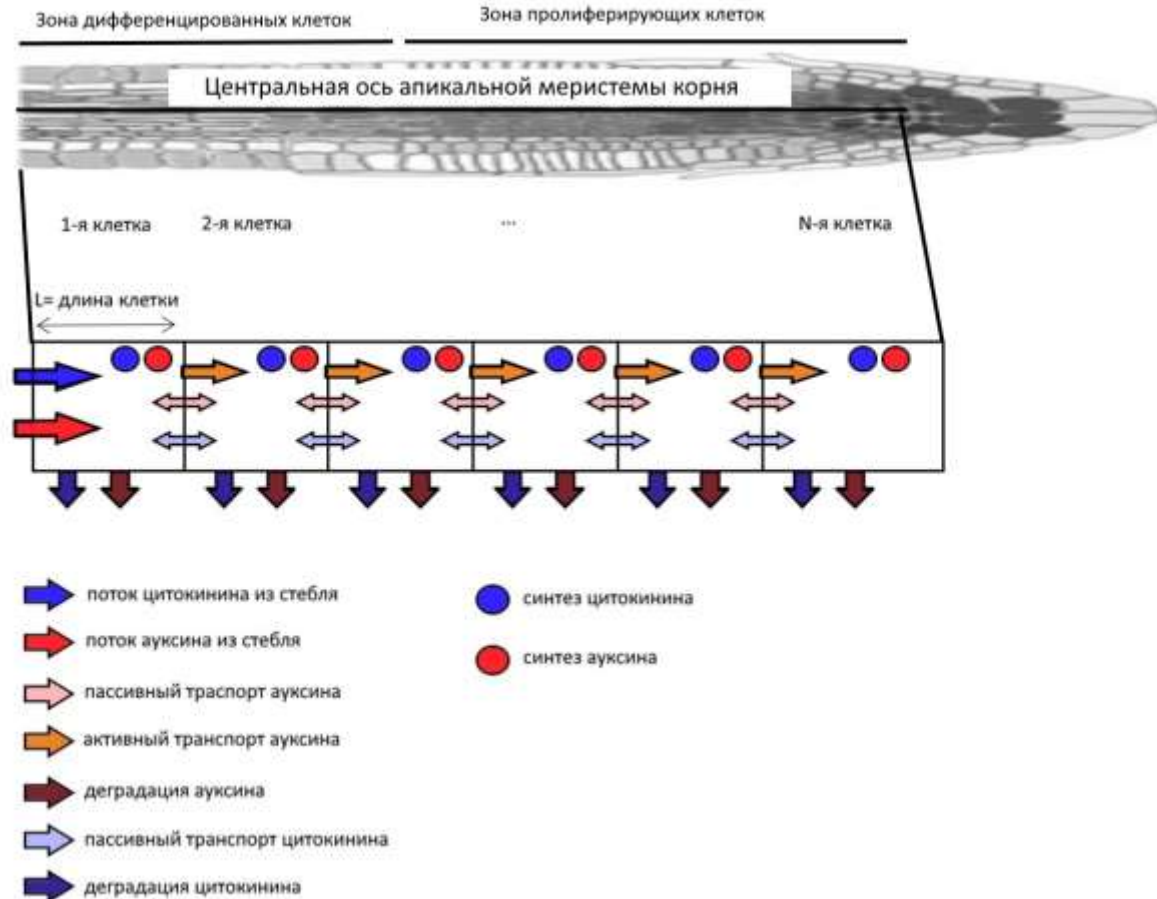
## Цель работы

Создание компьютерных моделей трех меристем *Arabidopsis thaliana* L. в рамках одной системы элементарных процессов для исследования регуляции клеточной динамики

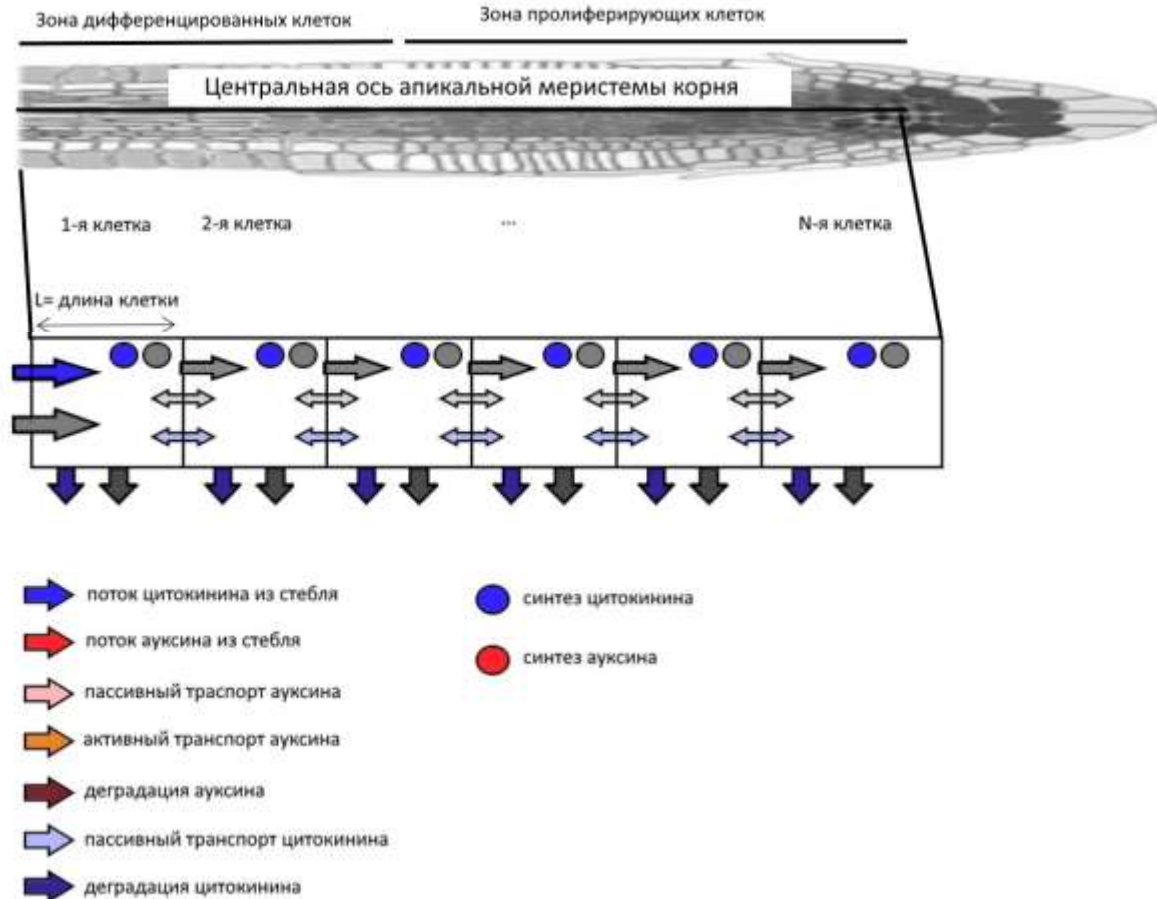
# Задачи

1. Разработка компьютерных моделей трех меристем *Arabidopsis thaliana* L. с учетом распределения концентраций фитогормонов цитокинина и ауксина в рамках одной системы элементарных процессов
2. Моделирование роста, деления и дифференцировки клеток в меристемах под управлением двух фитогормонов
3. Анализ клеточной динамики в компьютерных моделях меристем *Arabidopsis thaliana* L.

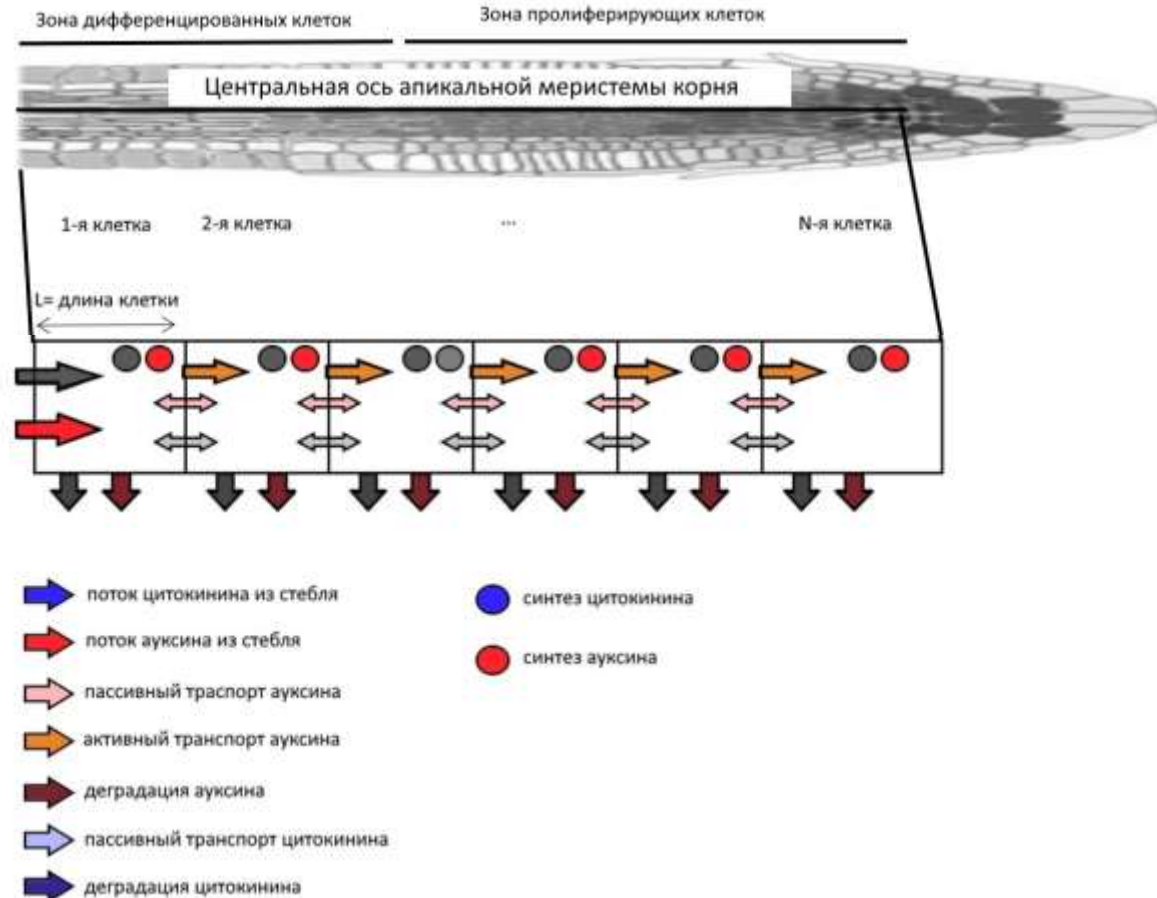
# Структура одномерной компьютерной модели апикальной меристемы корня



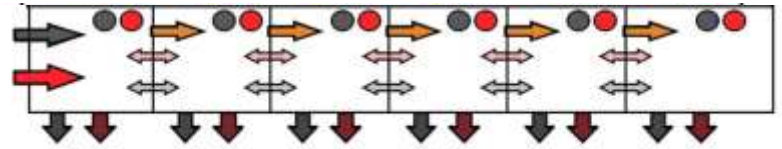
# Структура одномерной компьютерной модели апикальной меристемы корня



# Структура одномерной компьютерной модели апикальной меристемы корня



# Уравнения математической модели апикальной меристемы корня (для ауксина)



Изменение концентрации ауксина

$$\frac{da_1}{dt} = (\alpha + Ks + Kd(a_1) + D(a_2 - a_1) - T * a_1) / CellSize_1$$

Для первой клетки

$$\frac{da_n}{dt} = (Ks + Kd(a_n) + D(a_{n-1} - a_n) + T * a_n) / CellSize_n$$

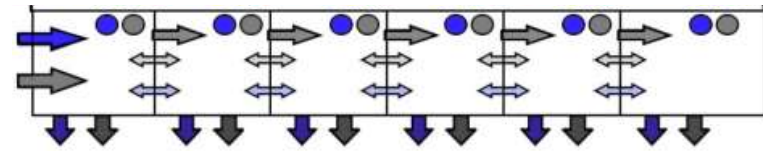
Для i-й клетки

$$\frac{da_i}{dt} = (Ks + Kd(a_i) + D(-2a_i + a_{i-1} + a_{i+1}) + T * (a_{i-1} - a_i)) / CellSize_i$$

Для последней клетки

- Поток ауксина из стебля
- Синтез/деградация ауксина
- Пассивный транспорт ауксина
- Активный транспорт ауксина

Уравнения математической модели  
**апикальной меристемы корня**(для цитокинина)



$$\frac{dc_1}{dt} = \boxed{\text{beta}} + \boxed{Ksc - Kdc(c_1)} + \boxed{Dc(c_2 - c_1)} / \text{CellSize}_1$$

Для первой  
клетки

$$\frac{dc_i}{dt} = (Ksc - Kdc(c_i) + Dc(-2c_i + c_{i-1} + c_{i+1})) / \text{CellSize}_i$$

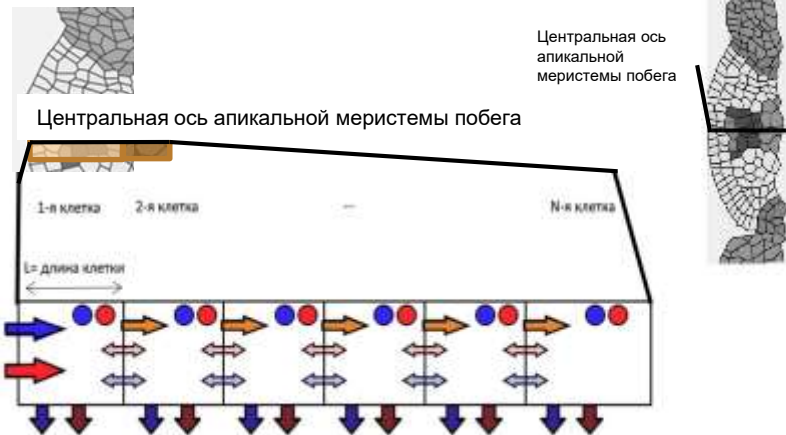
Для i-й клетки

$$\frac{dc_n}{dt} = (Ksc - Kdc(c_n) + Dc(c_{n-1} - c_n)) / \text{CellSize}_n$$

Для последней  
клетки

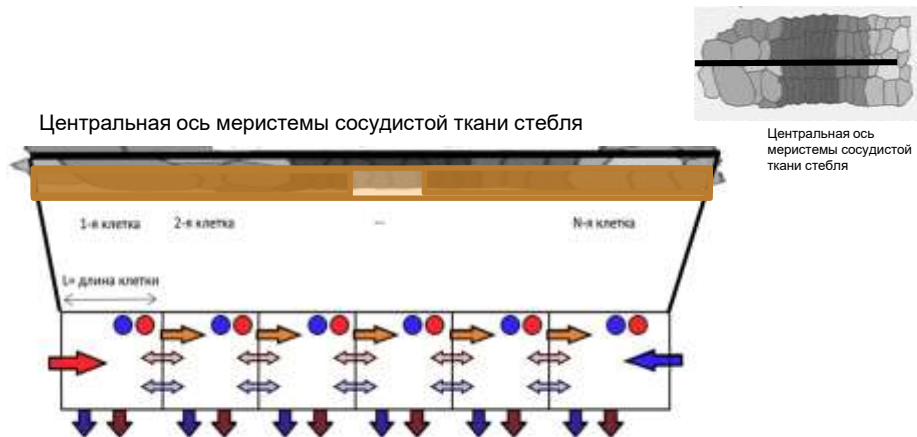
- Поток цитокинина из стебля
- Синтез/деградация цитокинина
- Пассивный транспорт цитокинина

# Структура одномерной математической модели апикальной меристемы побега



- синтез цитокинина
- ➔ источник потока цитокинина
- ➔ пассивный транспорт цитокинина
- ➔ деградация цитокинина

# Структура одномерной математической модели меристемы сосудистой ткани стебля



- синтез ауксина
- ➔ источник потока ауксина
- ➔ пассивный транспорт ауксина
- ➔ деградация ауксина
- ➔ активный транспорт ауксина

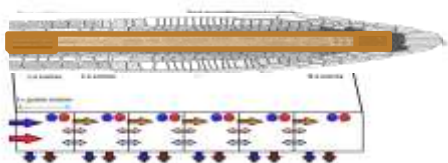
Дифференцирующиеся клетки



Пролиферирующие клетки



# Структура одномерной математической модели апикальной меристемы корня



## Уравнения одномерной математической модели апикальной меристемы побега

$$\begin{cases} \frac{da_1}{dt} = \frac{\text{alpha} + K_{sa} + K_{da} * (a_1) - D_a * (a_2 - a_1) - T * (a_1)}{CellSize_1} & (1 - \text{я клетка}) \\ \frac{da_i}{dt} = \frac{K_{sa} + K_{da} * (a_i) + D_a * (a_{i-1} + a_{i+1} - 2a_i) + T * (a_{i-1} - a_i)}{CellSize_i} & (i - \text{я клетка}) \\ \frac{da_n}{dt} = \frac{K_{sa} + K_{da} * (a_n) + D_a * (a_{n-1} - a_n) + T * (a_{n-1})}{CellSize_n} & (N - \text{я клетка}) \end{cases}$$

Для ауксина

$$\begin{cases} \frac{dc_1}{dt} = \frac{\text{beta} + K_{sc} + K_{dc} * (c_1) + D_c * (c_2 - c_1)}{CellSize_1} & (1 - \text{я клетка}) \\ \frac{dc_i}{dt} = \frac{K_{sc} + K_{dc} * (c_i) + D_c * (c_{i-1} + c_{i+1} - 2c_i)}{CellSize_i} & (i - \text{я клетка}) \\ \frac{dc_n}{dt} = \frac{K_{sc} + K_{dc} * (c_n) + D_c * (c_{n-1} - c_n)}{CellSize_n} & (N - \text{я клетка}) \end{cases}$$

Для цитокинина

- Поток ауксина/ цитокинина к корню
- Синтез/деградация ауксина/цитокинина
- Пассивный транспорт ауксина/цитокинина
- Активный транспорт ауксина

## Структура одномерной математической модели меристемы сосудистой ткани стебля

$$\begin{cases} \frac{da_1}{dt} = \frac{\text{alpha} + K_{sa} + K_{da} * (a_1) - D_a * (a_2 - a_1) - T * (a_1)}{CellSize_1} & (1 - \text{я клетка}) \\ \frac{da_i}{dt} = \frac{K_{sa} + K_{da} * (a_i) + D_a * (a_{i-1} + a_{i+1} - 2a_i) + T * (a_{i-1} - a_i)}{CellSize_i} & (i - \text{я клетка}) \\ \frac{da_n}{dt} = \frac{K_{sa} + K_{da} * (a_n) + D_a * (a_{n-1} - a_n) + T * (a_{n-1})}{CellSize_n} & (N - \text{я клетка}) \end{cases}$$

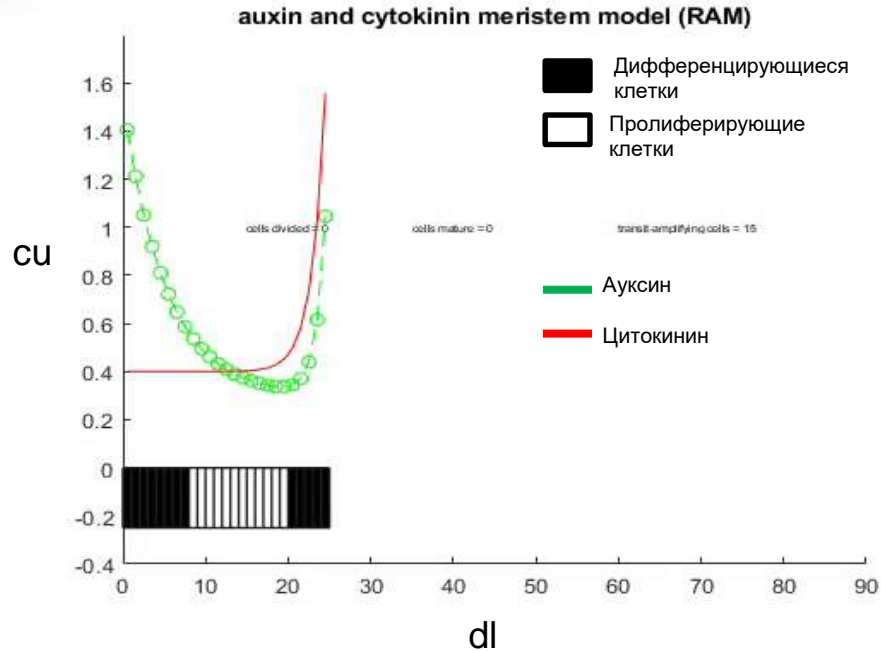
Для ауксина

$$\begin{cases} \frac{dc_1}{dt} = \frac{K_{sc} + K_{dc} * (c_1) + D_c * (c_2 - c_1)}{CellSize_1} & (1 - \text{я клетка}) \\ \frac{dc_i}{dt} = \frac{K_{sc} + K_{dc} * (c_i) + D_c * (c_{i-1} + c_{i+1} - 2c_i)}{CellSize_i} & (i - \text{я клетка}) \\ \frac{dc_n}{dt} = \frac{\text{beta} + K_{sc} + K_{dc} * (c_n) + D_c * (c_{n-1} - c_n)}{CellSize_n} & (N - \text{я клетка}) \end{cases}$$

Для цитокинина

- Поток ауксина из флоэмы / цитокинина из ксилемы
- Синтез/деградация ауксина/цитокинина
- Пассивный транспорт ауксина/цитокинина
- Активный транспорт ауксина

# Одномерная компьютерная модель апикальной меристемы корня



Апикальная меристема корня



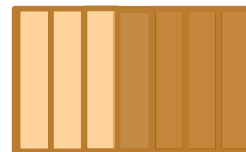
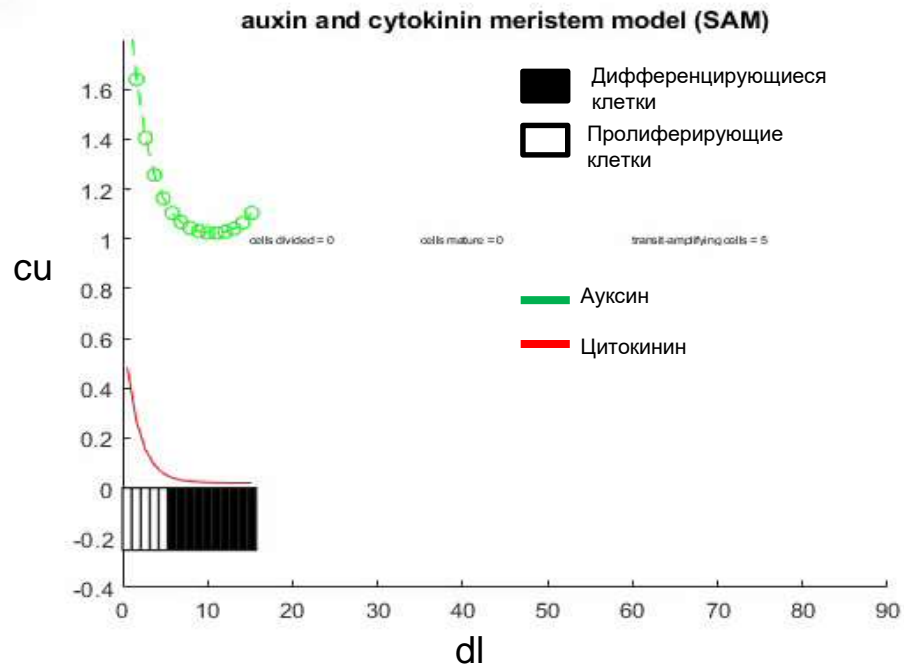
Дифференцирующиеся клетки



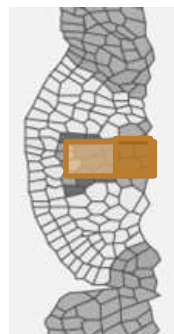
Проллиферирующие клетки



# Одномерная компьютерная модель апикальной меристемы побега



Апикальная меристема побега



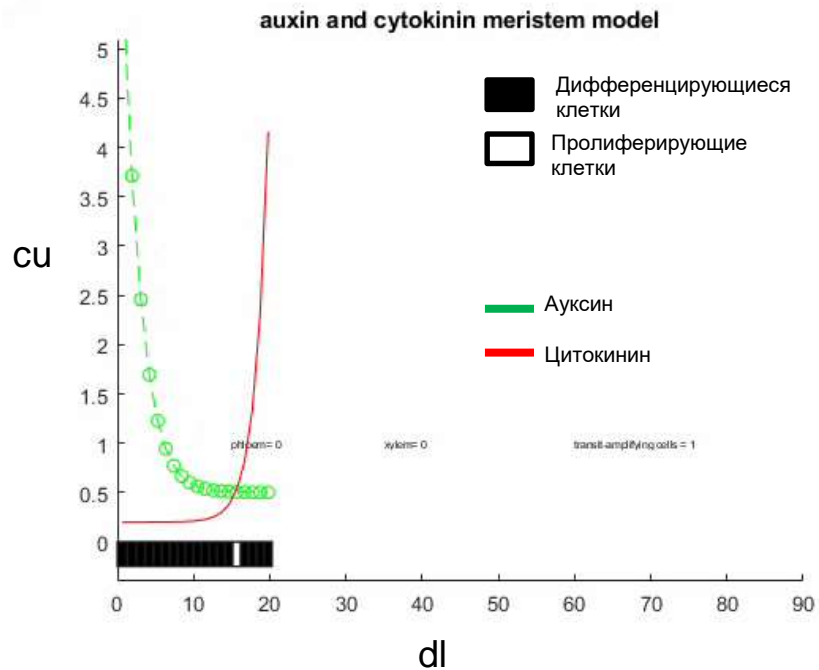
Дифференцирующиеся клетки



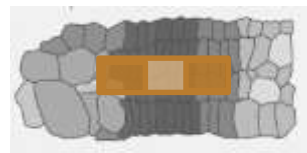
Проллиферирующие клетки



# Одномерная компьютерная модель меристемы сосудистой ткани стебля



Камбий



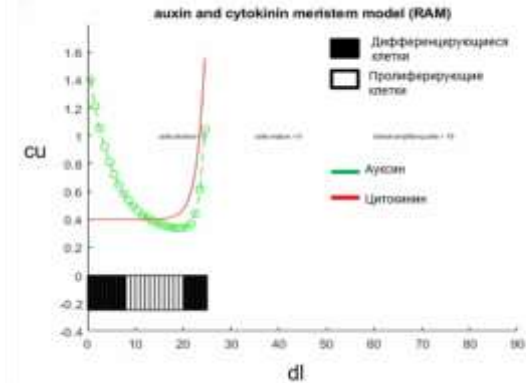
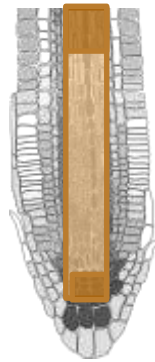
Дифференцирующиеся клетки



Проллиферирующие клетки



# Анализ клеточной динамики при варьировании параметров модели апикальной меристемы корня

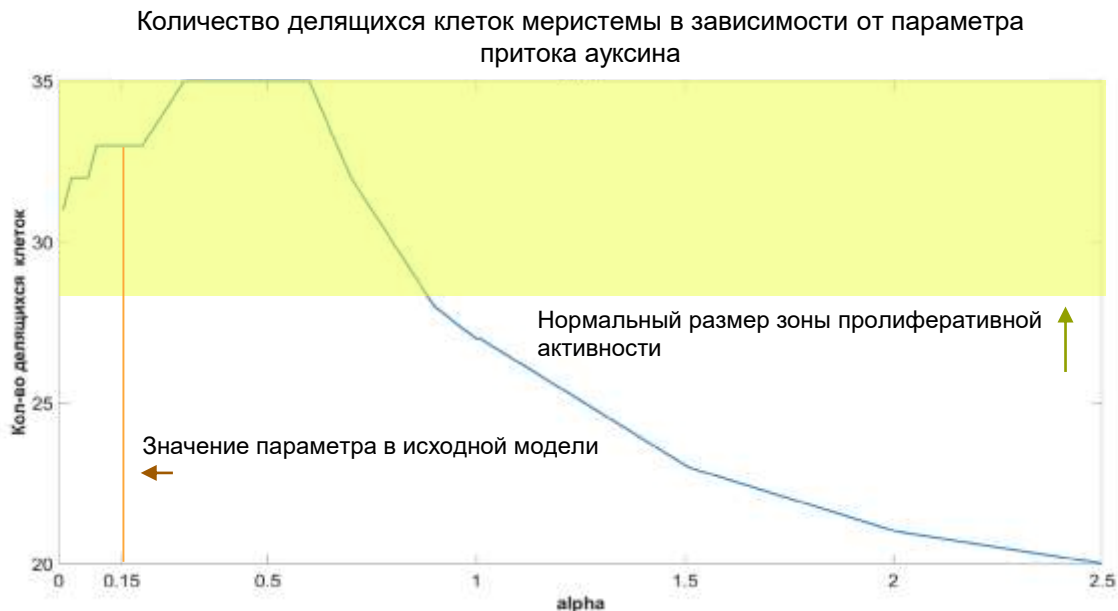


# Анализ клеточной динамики при варьировании параметра притока ауксина в модели апикальной меристемы корня



Количество клеток способных к делениям в апикальной меристеме корня поддерживается на одном уровне (33 клетки).

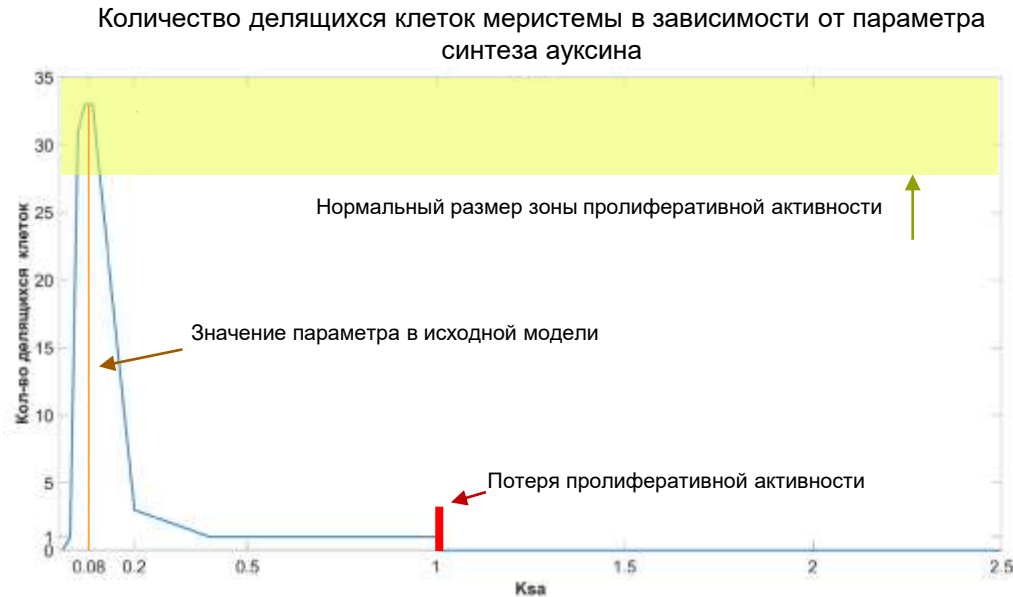
Зона пролиферации чувствительна к изменению потока ауксина. При значительном увеличении притока ауксина происходит уменьшение зоны делящихся клеток.



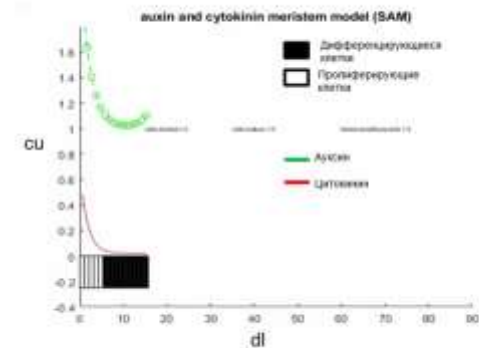
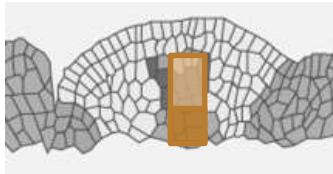
# Анализ клеточной динамики при варьировании параметров синтеза ауксина и цитокинина в модели апикальной меристемы корня



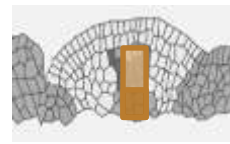
Высокая чувствительность модели к изменению параметра синтеза ауксина. Уменьшение количества синтезированного ауксина приводит почти полной потере пролиферативной активности внутри меристемы. Увеличение количества синтезированного ауксина приводит к резкому сужению зоны делящихся клеток.



# Анализ клеточной динамики при варьировании параметров модели апикальной меристемы побега

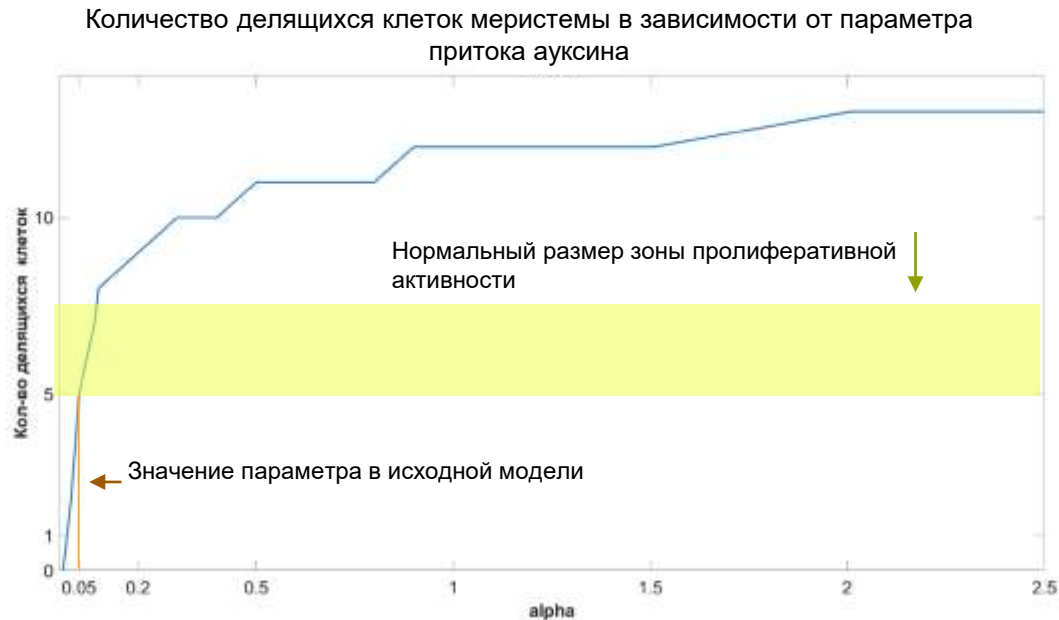


# Анализ клеточной динамики при варьировании параметра притока ауксина в модели апикальной меристемы побега

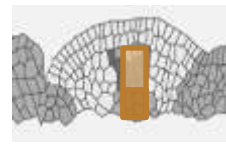


Количество клеток способных к делениям в апикальной меристеме побега поддерживается на одном уровне (5 клеток).

Количество пролиферирующих клеток меристемы контролируется притоком ауксина из периферической части. При изменении параметра в большую сторону происходит увеличении зоны делящихся клеток, в меньшую – сужение зоны делящихся клеток.



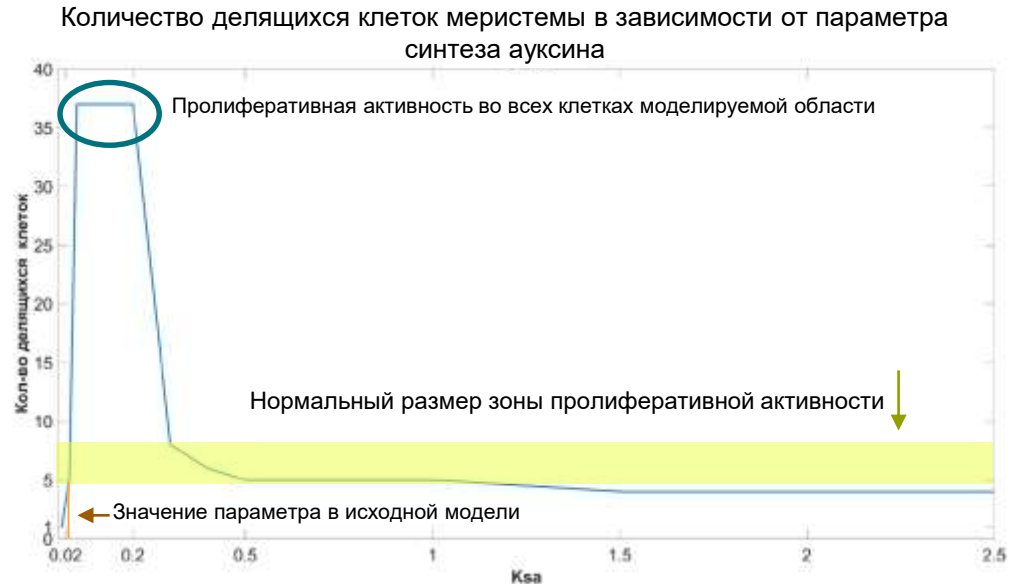
# Анализ клеточной динамики при варьировании параметра синтеза ауксина в модели апикальной меристемы побега



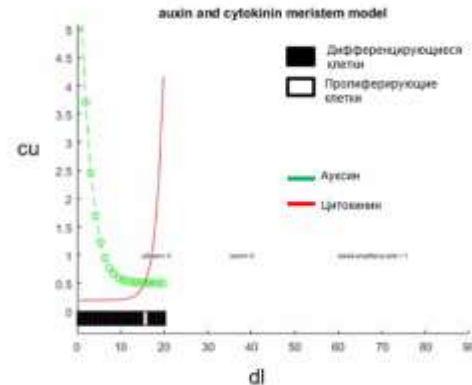
Количество пролиферирующих клеток меристемы контролируется синтезом ауксина.

При небольшом увеличении параметра возникает пролиферативная активность во всех клетках моделируемой области, увеличение параметра более чем в 10 раз приводит к первоначальному размеру меристемы, к 5-ти пролиферирующим клеткам.

Уменьшение параметра приводит к сужению меристемы до 1-2 делящихся клеток.



# Анализ клеточной динамики при варьировании параметров модели меристемы сосудистой ткани стебля



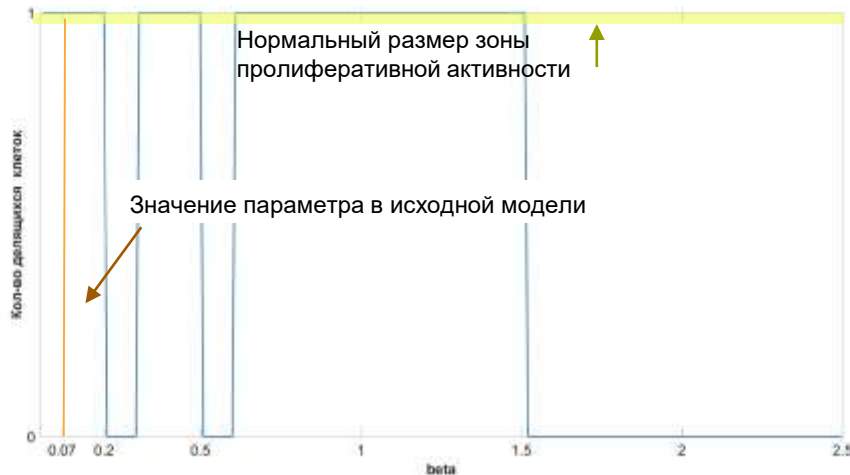
# Анализ клеточной динамики при варьировании параметра притока цитокинина в модели меристемы сосудистой ткани стебля



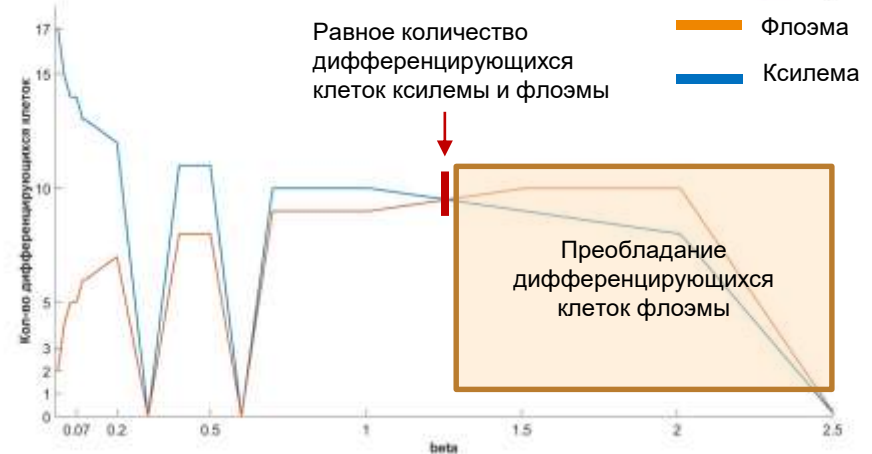
Функционирование меристемы сосудистой ткани стебля поддерживается одной единственной пролиферирующей камбиальной клеткой

Модель показывает более усиленное продуцированное клеток-предшественниц ксилемы нежели флоэмы  
При изменении параметра притока цитокинина в модели меристемы начинают более усиленно продуцироваться клетки-предшественницы флоэмы, нежели ксилемы

Количество делящихся клеток меристемы в зависимости от параметра притока цитокинина



Количество дифференцирующихся клеток ксилемы и флоэмы в зависимости от параметра притока цитокинина



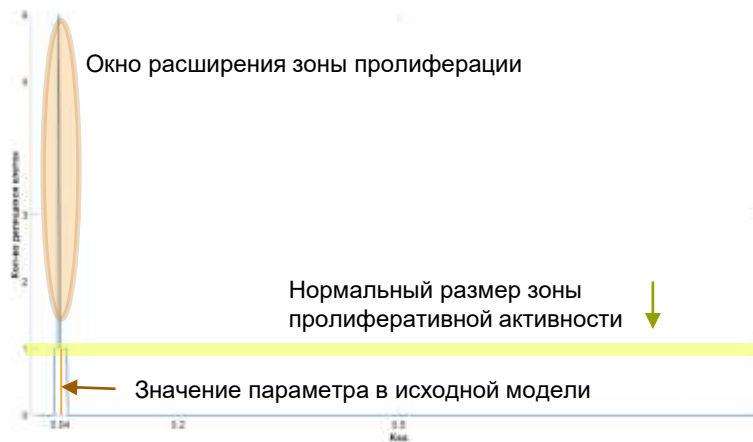
# Анализ клеточной динамики при варьировании параметров синтеза/деградации ауксина и цитокинина в модели меристемы сосудистой ткани стебля



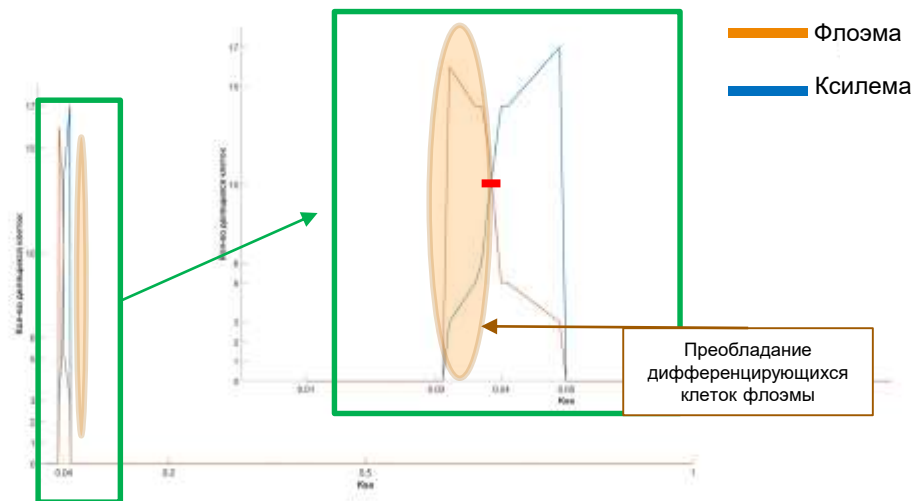
Модель имеет повышенную чувствительность к изменениям параметров синтеза и деградации фитогормонов. Изменение этих параметров в большинстве численных экспериментов приводят к потере пролиферативной активности внутри меристемы.

При варьировании параметров синтеза и деградации ауксина и цитокинина возникает окно в несколько значений, когда зона пролиферативной активности расширяется до нескольких клеток, способных к делениям, тогда обнаруживаются в модели большая продукция клеток-предшественниц флоэмы, нежели ксилемы

Количество делящихся клеток меристемы в зависимости от параметра синтеза ауксина



Количество дифференцирующихся клеток флоэмы и ксилемы в зависимости от параметра синтеза ауксина



## Выводы:

1. В рамках одной системы элементарных процессов созданы компьютерные модели трёх типов меристем (камбиальной, апикальных меристем корня и побега) *Arabidopsis thaliana* L., основанные на специфических распределениях концентраций фитогормонов ауксина и цитокинина в этих тканях, и качественно соответствующие экспериментальным данным.
2. Показано, что во всех типах меристем размер зоны пролиферативной активности является гомеостатическим параметром, который поддерживается даже при изменении концентрации фитогормонов.
3. В результате применения методов математического моделирования выявлено, что регулирование клеточной динамики в трех типах меристем происходит по одному и тому же механизму и определяется одинаковыми параметрами пассивного транспорта и деградации фитогормонов и роста клеток, и сходными значениями параметров, определяющих деление клеток.

## Выводы:

4. Для каждого из типов меристем были выделены элементарные процессы, оказывающие наибольшее воздействие на размер зоны пролиферативной активности.

- Для АМК – это величина притока ауксина из побеговой части растения и эффективность активного транспорта ауксина.
- Для АМП– это величина притока ауксина из периферической зоны и скорость синтеза ауксина.
- Размер зоны пролиферативной активности в камбии контролируется притоком цитокинина из флоэмы.

5. Наиболее устойчивой к изменению параметров, отвечающих за перераспределение ауксина и цитокинина, оказалась модель апикальной меристемы корня, самой неустойчивой – модель меристемы камбия. Эти результаты коррелируют с размерами меристем, в виду того, что большее число делящихся клеток обеспечивает большую устойчивость зоны пролиферативной активности.

6. Каждая из моделей показала высокую чувствительность к изменению параметров синтеза и деградации ауксина и цитокинина, что может свидетельствовать о важности регуляции уровня этих гормонов в клетках исследованных типов меристем высших растений.

# Спасибо за внимание

