Developmental programs for lateral root and symbiotic nodule organogenesis: evolution of similarities and differences

Demchenko K.N., Kiryushkin A.S., Ilina E.L., Guseva E.D.

Komarov Botanical Institute, Saint Petersburg, Russia

E-mail: demchenko@binran.ru

Key message. In order to understand the relationship between genetic programs for the development of different types of lateral roots and symbiotic nodules, a comparative analysis of promoter activity of LOB-DOMAIN PROTEIN family genes was carried out.

Keywords: root system, symbiotic nodule, squash, lateral root, root branching evolution

These previous studies indicate that a number of parallels can be drawn between nodule and lateral root development, but their modes of initiation differ significantly. For instance, development of actinorhizal nodules and some pea mutants (cochleata, etc.) shows certain similarity of genetic programs of initiation of these organs and lateral root. We directly compared lateral root and nodule development with high spatial and temporal resolution to identify the commonalities and differences that underlie their development. We demonstrate that lateral roots and nodules share overlapping developmental programs that converge on the formation and interpretation of an auxin maximum. This is exemplified by our finding that auxinresponsive LOB-DOMAIN PROTEIN 16 (LBD16) is required for formation of both nodule and lateral root primordia. In some pea mutants (cochleata, etc.) shows certain similarity of genetic programs of initiation of these organs and lateral root. Side roots occur in most plants above the elongation zone, but there is a group of families whose species form lateral roots directly in the parental meristem. The key factor in both types of lateral root initiation is the auxin. Nodules initiate as lateral root organs in response to the perception of rhizobial bacteria at the root surface. Rhizobial nodulation (Nod) factors activate symbiosis signaling in root epidermal cells, which in turn activates cytokinin signaling in the root cortex and pericycle. Previously was demonstrated that despite differential induction, lateral roots and nodules share overlapping developmental programs, with mutants in LOB-DOMAIN PROTEIN 16 (LBD16) showing equivalent defects in nodule and lateral root initiation (Schiessl et al., 2019). To better understanding the relatedness between nodule and lateral root development, we undertook a comparative analysis of these two root developmental programs. Phylogenetic analysis, as well as analysis of the expression levels of LBD genes in response to exogenous auxin, revealed orthologs of the LBD16 and LBD18 Arabidopsis genes in cucumber and squash. The last two species form the lateral root primordia in the parental root meristem. The pattern of LBD genes expression in different types of lateral root initiation in plants that differ in the place of its initiation, as well as in the initiation of symbiotic nodules, was analyzed. Differences in the promoter activity of LBD16 and LBD18 genes were identified, and their possible targets are discussed. Our research has allowed us to propose an evolutionary scheme for the participation of LBD family proteins in the regulation of initiation and development of lateral organs -symbiotic nodules and lateral roots. This research was supported by the Russian Foundation for Basic Research (grant no. 19-04-01079_a).

Генетические программы развития бокового корня и симбиотического клубенька: эволюция сходств и различий

Демченко К.Н., Кирюшкин А.С., Ильина Е.Л., Гусева Е.Д.

Ботанический институт им. В.Л. Комарова, Санкт-Петербург, Россия

Аннотация. Для понимания взаимосвязи генетических программ развития различных типов боковых корней и симбиотических клубеньков, был проведен сравнительный анализ тканевого распределения активности генов семейства LOB-DOMAIN PROTEIN.

Ключевые слова: корневые системы, симбиотические клубеньки, огурец, боковой корень, эволюция ветвления

Изучение развития актиноризных клубеньков, а также ризобияльных клубеньков с недетерминированным ростом у некоторых мутантов гороха (cochleata и др.) показывает определенное сходство генетических программ инициации этих органов и бокового корня. Боковые корни возникают у большинства растений выше зоны растяжения, однако существует группа семейств, виды которых формируют примордии бокового корня непосредственно в меристеме родительского. Ключевым фактором при обоих типах инициации бокового корня является ауксин. В свою очередь, симбиотические клубеньки иницируются сходно с боковыми корнями выше зоны растяжения, но в ответ на восприятие ризобияльных бактерий на поверхности корня. Ризобияльные Nod-факторы рецептируются клетками ризодермы, что, в свою очередь, активизирует трансдукцию, опосредованного цитокинином, сигнала в коре корня и перicycle. Ранее было показано, что, несмотря на различия в инициации боковых корней и клубеньков, они имеют перекрывающиеся программы развития. Так у мутантов по гену LOB-DOMAIN PROTEIN 16 (LBD16) обнаруживаются эквивалентные дефекты в инициации конкреций и боковых корней (Schiessl et al., 2019). Для понимания взаимосвязи корневой и клубеньковой программ развития, был проведен сравнительный анализ этих двух генетических программ. Проведенный филогенетический анализ, а также анализ уровней экспрессии генов семейства LBD в ответ на экзогенный ауксин, позволил выявить ортологи генов LBD16 и LBD18 Arabidopsis у огурца и кабачка. Два последних вида формируют примордии бокового корня в меристеме. Нами был проанализирован паттерн экспрессии генов LOB при различных типах инициации бокового корня у растений, различающихся местом его инициации, а также при инициации симбиотических клубеньков. Выявлены различия в распределении активности генов LBD16 и LBD18, обсуждаются их возможные мишени. Исследования позволили предложить эволюционную схему участия белков семейства LBD в регуляции инициации и развития боковых органов корня – симбиотических клубеньков и боковых корней.

Исследования поддержаны грантом РФФИ 19-04-01079_a.