Transcriptome analysis of pea (*Pisum sativum* L.) symbiotic nodules using laser capture microdissectionKusakin P.G.¹, Serova T.A.¹, Gogoleva N.E.², Gogolev Yu.V.², Tsyganov V.E.^{1,3}¹All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology, Saint Petersburg, Russia; ²Kazan Scientific Center of RAS, Kazan Institute of Biochemistry and Biophysics, Kazan, Russia; ³Saint Petersburg Scientific Center RAS, Saint Petersburg, Russia

E-mail: kussakin@gmail.com

Key message. Using laser capture microdissection, a comparative analysis of transcriptomes of three histological zones of pea nodules was performed.**Keywords:** symbiotic nodule, cell differentiation, differential gene expression

The development of the symbiotic nodule of legumes is accompanied by both differentiation of rhizobia into bacteroids and differentiation of the cells infected with rhizobia. The aim of this work was to study changes in transcriptomic profiles associated with the differentiation of the infected cells. Using laser capture microdissection, cells from the early infection zone, the late infection zone and the nitrogen fixation zone were isolated from 11 days old pea wild-type SGE nodule samples. RNA from these samples were sequenced using Illumina HiSeq 2500 platform. Obtained reads were filtered and mapped to the pea reference genome. Differential gene expression analysis (p -value $< 0,01$; LFC $> |1|$) and functional analysis were carried out for three comparisons: (1) cells of the late infection zone / cells of the early infection zone; (2) cells of the nitrogen fixation zone / cells of the early infection zone; (3) cells of the nitrogen fixation zone / cells of the late infection zone. For these comparisons, significant differences were found in the expression of genes associated with key biological processes in the plant cell, such as control of cell cycle, response to phytohormones, and polysaccharide metabolism. The authors are very grateful to Alexey Afonin for providing access to the pea reference genome and assistance in conducting the study.

This work was financially supported by the RSF 16-16-10035 grant.

Транскриптомный анализ симбиотических клубеньков гороха (*Pisum sativum* L.) с использованием лазерной микродиссекцииКусакин П.Г.¹, Серова Т.А.¹, Гоголева Н.Е.², Гоголев В.Ю.², Цыганов В.Е.^{1,3}¹Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия; ²Федеральный исследовательский центр "Казанский научный центр РАН", Казанский институт биохимии и биофизики, Казань, Россия; ³Санкт-Петербургский научный центр РАН, Санкт-Петербург, Россия**Аннотация.** С помощью лазерной микродиссекции проведен сравнительный анализ транскриптомов трех гистологических зон клубеньков гороха.**Ключевые слова:** симбиотический клубенек, дифференцировка клеток, дифференциальная экспрессия генов

Развитие симбиотического клубенька Бобовых сопровождается как дифференцировкой ризобий в бактериоиды, так и дифференцировкой самих инфицированных ризобиями клеток. Целью данной работы являлось изучение изменений транскрипционных профилей, связанных с дифференцировкой инфицированных клеток. С использованием лазерной микродиссекции из препаратов 11-дневных клубеньков гороха дикого типа SGE были вырезаны клетки из ранней инфекционной зоны, поздней инфекционной зоны, а также зоны азотфиксации. РНК из этих образцов была секвенирована с использованием платформы Illumina HiSeq 2500. Полученные прочтения были очищены и картированы на референсный геном гороха. Анализ дифференциально экспрессирующихся генов (p -value $< 0,01$; LFC $> |1|$) и анализ функциональных групп проводился для трёх сравнений: (1) клетки поздней зоны инфекции клубенька / клетки ранней зоны инфекции; (2) клетки зоны азотфиксации / клетки ранней зоны инфекции; (3) клетки зоны азотфиксации / клетки поздней зоны инфекции. Для данных сравнений были обнаружены значительные различия в экспрессии генов, связанных с ключевыми биологическими процессами в растительной клетке, такими как контроль клеточного цикла, клеточный ответ на гормональную регуляцию, а также метаболизм полисахаридов. Авторы выражают благодарность А. М. Афонину за предоставленный доступ к референсному геному гороха и помощь в проведении исследования.

Работа поддержана грантом РФФИ 16-16-10035.