

фоне резкого изменения соотношения GSH/GSSG после УС. Чтобы объяснить различия в окислительном статусе, был выполнен анализ первичных метаболитов при помощи хромато-масс-спектрометрии (GC-MS). Сравнение метаболитных профилей с использованием метода дискриминантного анализа проекций на латентные структуры (PLS-DA) показало значимые различия между исследованными моделями старения семян. Полученные данные свидетельствуют, что снижение всхожести семян рапса в процессе длительного хранения и ускоренного старения происходит разными метаболическими путями. Работа выполнена с использованием оборудования ресурсного центра «Развитие молекулярных и клеточных технологий» научного парка СПбГУ при поддержке гранта Российского научного фонда № 16-16-00026.

Исследование функциональной роли $\Delta 9$ -десатуразы в зависимости от внутриклеточной локализации в растительной клетке

**Берестовой М.А.*, Павленко О.С., Тюрин А.А., Сидоров Р.А.,
Голденкова-Павлова И.В.**

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, Москва, 127276, Ботаническая ул., 35, тел. +7 (495) 977-94-00. *Email: m.berestovoy1181@gmail.com

Дельта 9-ацил-липидная десатураза является ключевым ферментом первого этапа модуляции ненасыщенности жирных кислот мембранных липидов растений. Дельта 9-ацил-липидная десатураза вводит первую двойную связь между 9 и 10 атомом углерода в цепи жирных кислот превращая насыщенные жирные кислоты в ненасыщенные. Десатурация жирных кислот в липидах является важнейшей реакцией, необходимой для поддержания гомеостаза клеточных мембран растений. На сегодняшний день имеется недостаточно данных том, как локализация $\Delta 9$ -десатуразы в различных компартментах растительной клетки взаимосвязана с ее функциональной эффективностью, а именно, с процессом модуляции ненасыщенности жирных кислот (ЖК) мембранных липидов. Получение экспериментальных данных о взаимосвязи локализации белка и его функциональной эффективности, может оказать неоценимую помощь в понимании регуляции ключевых биологических процессов на молекулярном уровне. Для прояснения этого вопроса, мы попытались оценить как состав и массовая доля ЖК изменяется при экспрессии десатуразы в различных компартментах растительной клетки. Используя унифицированные экспрессионные вектора для транзientной экспрессии в растениях *Nicotiana benthamiana*, несущие последовательности нативного и рекомбинантного гена $\Delta 9$ -десатуразы и лидерные последовательности для локализацией его белкового продукта в цитоплазме, хлоропластах и эндоплазматическом ретикулуме (ЭПР). Мы показали, что лидерные последовательности обеспечивают корректную локализацию белкового продукта рекомбинантного гена в соответствующих компартментах растительной клетки: (хлоропласты, ЭПР, цитоплазма). Далее оценили вклад гетерологичной $\Delta 9$ -десатуразы на состав и массовую долю насыщенных и ненасыщенных ЖК суммарных липидов, и установили, что эти показатели при разной локализации $\Delta 9$ -десатуразы в растительной клетке достоверно различаются. Таким образом, получены приоритетные результаты о составе и массовой доли ЖК, в зависимости от локализации гетерологичной $\Delta 9$ -десатуразы в растительной клетке. Наши

результаты позволяют заключить, что метод транзientной экспрессии может быть применен для изучения вклада десатураз в модуляцию жирнокислотного состава мембранных липидов растений. Исследования выполнены при финансовой поддержке Программы фундаментальных научных исследований государственных академий наук на 2013-2020 годы, шифр 0106-2014-0025.

Изменения протеома клубеньков корней в ходе онтогенеза растений гороха
Гришина Т.В.^{1*}, Билова Т.Е.², Мамонтова Т.В.¹, Лукашева Е.М.¹, Чекина А.А.¹, Романовская Е.В.¹, Шумилина Ю.С.¹, Чанцева В.В.², Жуков В.А.³, Илинг К.⁴, Зинц А.⁴, Тихонович И.А.³, Фролов А.А.^{1,5}

¹Санкт-Петербургский Государственный Университет, Кафедра Биохимии, Санкт-Петербург, Российская Федерация.*Email: t.grishina@spbu.ru

²Санкт-Петербургский Государственный Университет, Санкт-Петербург, Кафедра Физиологии и Биохимии Растений, Российская Федерация

³Всероссийский Научно-Исследовательский Институт Сельскохозяйственной Микробиологии, Санкт-Петербург, Российская Федерация

⁴Мартин-Лютер Университет Халле-Виттенберг, Факультет Фармации, Германия

⁵Лейбниц-Институт Биохимии Растений, Департамент Биоорганической Химии, Галле, Германия

Продуктивность бобовых растений зависит от их способности к образованию симбиоза с ризобияльными азотофиксирующими бактериями. Функциональное состояние образующихся структур - корневых клубеньков имеет принципиальное значение для поддержания высокого уровня продукции биомассы и устойчивости к неблагоприятным факторам среды в течение всего периода онтогенеза растений. В связи с этим, представляет интерес исследование молекулярных механизмов старения клубеньков в свете связанного с возрастом снижения эффективности фиксации азота ризобияльным симбионтом, а также изменений в протеоме клубеньков, сопровождающих эти явления. Понимание этих изменений сделает возможной разработку биологических и агротехнических подходов, направленных на увеличение продуктивности бобовых растений. Для ответа на вопрос о характере онтогенетических изменений протеома гороха, растения выращивались в двух независимых экспериментах (каждый в трех биологических повторностях) на песке в присутствии ризобияльного симбионта *Rhizobium leguminosarum*. Сбор материала клубеньков проводился на четвертой, пятой и седьмой неделе после инокуляции, что соответствовало стадиям ювенильных, цветущих и зрелых растений. Белки были выделены из клубеньков методом фенольной экстракции, подвергнуты протеолизу трипсином, и полученные триптические пептиды были проанализированы методом нанопоточной хромато-масс-спектрометрии (nanoLC-ESI-Q-Orbitrap-MS/MS). Относительный количественный анализ без использования метки и статистический анализ результатов были выполнены с помощью программного обеспечения Progenesis и Perseus по трем протеотипическим пептидам. Аннотация дифференциально экспрессированных белков была осуществлена с помощью поисковой машины SEQUEST по вырожденной базе данных последовательностей белков трех родственных гороху растений. В результате было обнаружено около 400 белков, специфичных для протеома стареющих клубеньков, причем 49 белков были найдены в обоих экспериментах. Из них содержание 8 возрастало и 41 – снижалось. Большинство из этих белков были вовлечены в биосинтез белка и ответ растения на