

internal and external conditions. Thereby, not only abundances of individual proteins (so-called protein expression), but also the patterns of post-translational modifications (PTMs) can be affected. For example, protein glycation was proposed as one of the non-enzymatic PTMs, accompanying plant ageing and response to environmental stress. To address this question, experimental models of drought, cadmium and high light stress were established with *Arabidopsis thaliana*, oilseed rape (*Brassica napus*) and pea (*Pisum sativum*). Thereby, physiological state of the plants was characterized with a panel of physiological and biochemical stress markers. Using the methods of bottom-up LC-MS-based in-depth proteomics and state-of-the-art bioinformatic approaches, we describe here the patterns of advanced glycation end products (AGEs) in plants, as well as their changes during plant ageing and under stress conditions. We demonstrate that accumulation of AGEs accompanies both processes, and occurs at specific protein sites – glycation hotspots. Based on structural modeling approach, we assume that site-specific glycation might affect specific protein functions. The work was supported by Russian Science Foundation (project №17-16-01042).

Биохимические изменения, индуцируемые в семенах *Brassica napus* L. в процессе длительного хранения и под влиянием ускоренного старения
**Банкин М.П.^{А*}, Билова Т.Е.^{А, В}, Дубовская А.Г.^В, Гаврилова В.А.^В,
 Фролов А.А.^В, Медведев С.С.^А, Смоликова Г.Н.^А**

^А Кафедра физиологии и биохимии растений, Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Российская Федерация

*Email: mikle.p.bankin@gmail.com

^В Leibniz Institute of Plant Biochemistry, Department of Bioorganic Chemistry, Halle (Saale), Germany

^В Лаборатория масличных культур, Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова РАН, Санкт-Петербург, Российская Федерация

Семена высокого качества способны долгое время храниться без снижения функциональной активности и питательной ценности. При оптимальных условиях семена могут поддерживать жизнеспособность без потери качества в течение нескольких лет. Однако при длительном хранении (ДХ) в них происходит постепенное накопление структурных и метаболических повреждений. Этот процесс называют «старением» семян. Понимание механизмов старения семян важно для поиска маркеров при сохранении генетических ресурсов. Эффективным приемом, позволяющим в краткие сроки моделировать ДХ, является «ускоренное старение» (УС). Однако, все еще остается открытым вопрос насколько изменения, происходящие в семенах при УС, близки изменениям, происходящим в процессе ДХ. Объектом исследования являлись семена *B.napus* сорта Ордеж-2 из коллекции ВИР РАН. ДХ осуществлялось 4 и 9 лет при 18°C и 5%-ном влагосодержании. УС проводили путем инкубации семян при 40°C и 10%-ном влагосодержании в течение 1 и 7 суток. Контролем являлись семена со всхожестью 99%. Через 4 года хранения и 1 сутки УС всхожесть семян снижалась до 91%. Через 9 лет хранения и 7 суток УС всхожесть семян снижалась до 46%. Была проведена сравнительная оценка развития окислительного стресса в описанных выше вариантах по нарушению целостности клеточных мембран и содержанию восстановленной (GSH) и окисленной форм глутатиона (GSSG). Установлено, что в условиях УС степень повреждения мембран была в 2 раза выше, чем при ДХ. ДХ также не влияло на содержание GSH и GSSG на

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