

Транскриптомный анализ реакции растений *Solanum tuberosum* на пектобактериальную инфекцию

Николайчик Е.А.^{А*}, Гоголева Н.Е.^Б, Бадалян О.А.^А, Гоголев Ю.В.^Б

^А Белорусский государственный университет, Минск, Беларусь

*Email: nikolaichik@bsu.by

^Б Казанский институт биохимии и биофизики, Казань, Российская федерация

Pectobacterium carotovorum – патогенные бактерии, способные вызывать заболевания как подземных, так и надземных частей растений картофеля: мягкую гниль клубней и "черную ножку" стеблей. Основными факторами вирулентности этих бактерий считаются многочисленные гидролитические экзоферменты, способные разрушать полимеры клеточных стенок клеток растений. Пектобактерии обычно ведут себя как типичные некротрофы, поэтому долгое время считались полагающимися на массивную продукцию экзоферментов для быстрого разрушения клеток растений как основной способ преодоления иммунных реакций хозяев. В последнее время, в том числе и в результате наших исследований, стала появляться информация о достаточно тонком молекулярном взаимодействии в патосистеме *P. carotovorum* – *S. tuberosum*, включая прицельные манипуляции со стороны патогена отдельными компонентами иммунной системы хозяина. Так, транслокация патогеном в клетки растений эффекторного белка DspE является одним из первых шагов к преодолению иммунного барьера хозяина. Непосредственными мишенями DspE в клетках растений оказались несколько рецепторных протеинкиназ, взаимодействие с которыми этого эффектора нарушает работу иммунной системы растения. В настоящей работе для получения полной картины об изменениях, происходящих в растении во время пектобактериальной инфекции и уточнения роли эффекторного белка DspE в преодолении иммунитета использована технология RNA-seq. Транскриптомный анализ выявил значительные изменения уровней экспрессии генов из нескольких важнейших функциональных категорий. В контексте молекулярных механизмов устойчивости растений картофеля к бактериальной инфекции в докладе будут детально рассмотрены изменения экспрессии генов многочисленных рецепторных протеинкиназ и компонентов сигнальных цепочек, генов, связанных с метаболизмом стрессовых гормонов, а также будет обсуждена роль DspE в этих изменениях.

Влияние высокотемпературных воздействий разной интенсивности на теплоустойчивость растений пшеницы и накопление в их листьях транскриптов генов *BiP*, *IRE1*, *Bax.2*, *Mcal1*

Нилова И. А.*^А, Топчиева Л.В.

Институт биологии КарНЦ РАН, ФИЦ «Карельский научный центр РАН», Петрозаводск, Российская Федерация. *Email: im-ira@mail.ru

Высокие неблагоприятные температуры вызывают нарушения в работе системы контроля качества белка в клетках растений, влекущие за собой развитие стресса эндоплазматического ретикулума (ЭР-стресс) и даже программируемую клеточную смерть (ПКС). Реализация этих процессов, вероятнее всего, зависит от напряженности действующего фактора, что может обуславливать особенности формирования теплоустойчивости растений при неблагоприятных воздействиях разной интенсивности. В связи с этим, изучали действие высоких температур (33 и 37°C) на теплоустойчивость и уровень транскриптов генов *IRE1* и *BiP*, кодирующие

белки ответа растений на ЭР-стресс, и *BAX.2* и *MCAII*, кодирующие белки, участвующие в ПКС. Теплоустойчивость проростков пшеницы при 33°C повышалась через 1 сут. При 37°C она увеличивалась через 1 ч и возрастала до конца эксперимента. Причем, эта температура индуцировала больший по абсолютному значению прирост теплоустойчивости по сравнению с температурой 33°C. В клетках листьев растений, находящихся при температуре 33°C, отмечено снижение уровня транскриптов генов *IRE1*, *BiP*. Действие температуры 37°C, напротив, способствовало быстрому (15 мин-1 ч) повышению содержания мРНК указанных генов. При более продолжительном прогреве при 37°C наблюдали снижение их экспрессии в листьях. Интересно, что обе температуры индуцировали накопление транскриптов гена *BAX.2* с той лишь разницей, что максимальный их уровень при 37°C был выше и достигался значительно быстрее (через 1 ч, а не через 24 ч как при 33°C). У растений, находящихся в условиях высоких температур (как 33°C, так и 37°C), наблюдали повышение содержания мРНК гена *MCAII* через 1 сут. Обнаруженные различия в характере изменения уровня транскриптов генов *IRE1* и *BiP* свидетельствуют, на наш взгляд, о разном вкладе кодируемых ими белков в формирование устойчивости пшеницы к высокотемпературному воздействию разной интенсивности.

Редокс-опосредуемые посттрансляционные модификации белков при восприятии и передаче стрессорных сигналов у растений

Новикова Г.В.*, Миронов К.С., Зорина А.А., Фоменков А.А., Носов А.В., Мошков И.Е.

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева Российской академии наук, Москва, Российская Федерация. *Email: gv.novikova@mail.ru

В ответ на действие стрессоров различной природы в клетках растений накапливаются активные формы кислорода (АФК) и азота (АФА), а именно: пероксид водорода (H₂O₂) и оксид азота (NO), - которые вследствие своей высокой реакционной способности могут вызывать либо окислительные повреждения, либо инициировать передачу воспринятого клетками сигнала, в том числе, редокс сигнала. Несмотря на существенные успехи, достигнутые к настоящему времени, молекулярные механизмы, лежащие в основе восприятия и внутри-/межклеточной передачи сигналов АФК/АФА, всё еще далеки от понимания. Между тем, на основании анализа транскриптомов, ставшего популярным в последние годы, можно заключить, что понятие специфического транскрипционного маркерного гена («ROS/RNS marker gene») не представляется точным. Оказалось, что вызываемые изменения уровня(ей) мРНК зависит от типа, места и продолжительности образования АФК/АФА, а также от влияния АФК/АФА, образовавшихся в одном компартменте, на их накопление в других компартментах клетки. То есть, сравнивая разные стимулы, можно получить существенно отличающиеся результаты, даже если имелись незначительные различия при «конструировании» окислительного стресса. Указанные ограничения могут быть преодолены при помощи анализа белков, которые способны узнавать АФК/АФА и передавать эту информацию, которая преобразуется в биологические ответы клеток. Выявление и изучение таких белков – одна из основных задач редокс биологии растений. Принято считать, что интервенция АФК/АФА в работу многих сигнальных путей есть результат