

Воздействие активных форм кислорода и L-аскорбиновой кислоты на протеом корня высших растений

Лазерко Н.В.^А, Горбач Д.П.^Б, Войтехович М.А.^А, Черныш М.А.^А, Мацкевич В.С.^А, Самохина В.В.^А, Лукашева Н.В.^Б, Ветошкин А.А.^А, Фролова Н.В., Фролов А.А.^{Б,Г}, Демидчик В.В.^{А*}

^АБелорусский государственный университет, кафедра клеточной биологии и биоинженерии растений, Минск, Беларусь

^БСанкт-Петербургский государственный университет, кафедра биохимии, Санкт-Петербург, Россия

^ВСанкт-Петербургский государственный университет, кафедра физиологии и биохимии растений, Санкт-Петербург, Россия

^ГИнститут биохимии растений им. Лейбница, кафедра биоорганической химии, Галле, Германия

*E-mail: vadzim.dzemidchyk@gmail.com

В настоящее время накоплен значительный пласт информации по вопросам генерации активных форм кислорода (АФК) у растений, а также физиологическим и патофизиологическим реакциям, вызываемым данными веществами. Большую актуальность приобрели вопросы детоксикации АФК и редокс-регуляции в растительной клетке в связи со стрессовыми реакциями. Целью настоящей работы являлся анализ модификации экспрессии белков корня под действием обработок АФК, экзогенным аскорбатом и модельными абиотическими стрессорами. В ходе проведенных исследований обнаружено более 600 белков, имеющих достоверно измененный уровень экспрессии в ответ на АФК и другие обработки. Обработка АФК вызывала в основном снижение экспрессии белков, а аскорбатом – повышение. Основными мишенями воздействия АФК являлись аскорбат-глутатионовая антиоксидантная защита, метаболизм аминокислот, метаболизм белков и пути передачи сигнала, а аскорбата – метаболизм сахаров, органических кислот и кофакторов, вторичный метаболизм. Среди белков, которые имели повышенную экспрессию при обработке гидроксильными радикалами и H_2O_2 особенно выделялись белковые функциональные группы «метаболизма глутатиона», «вторичного метаболизма», «ответа на стресс» и «АВС-транспортеров». Засоление вызывало достоверное изменение экспрессии 164 белков, при этом в основном затрагивались функциональные группы «фотосинтеза», «метаболизма белков», «метаболизма сахаров» и «транспорта воды». При обработке осмотическим стрессом модифицировалась экспрессия 123 белков. При этом особенно можно выделить группы «фолдинга» и «везикулярного транспорта». Был также проведен сравнительный анализ дифференциальной экспрессии всеми типами протестированных обработок, который выявил наличие универсальных характеристических паттернов редокс-зависимых перестроек протеома при стрессовых воздействиях, указывающих на центральную роль АФК в стрессовых ответах в корне высших растений.

Транскриптомный анализ клубеньков гороха (*Pisum sativum* L.), выращенных в условиях повышенной температуры

Кусакин П.Г.*¹, Серова Т.А., Цыганов В.Е.

¹Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, лаборатория молекулярной и клеточной биологии, Санкт-Петербург, Пушкин, Россия

*E-mail: kussakin@gmail.com

Формирование симбиотических клубеньков бобовых растений чувствительно к воздействию различных стрессов. В условиях глобального потепления повышенная температура становится ключевым стрессовым фактором, влияющим на развитие и

функционирование бобово-ризобияльного симбиоза. Тем не менее, исследования в данном направлении не проводятся. Нами с использованием лабораторной линии гороха SGE, было показано, что под воздействием повышенной температуры (28 °C) в клубеньках активируется аномальный тип старения, активирующийся не в базальной, а в апикальной части клубенька. В ходе данного исследования был проведен транскриптомный анализ (с использованием подхода RapidMACE, последующим выравниванием полученных прочтений на референсный геном гороха и выявлением дифференциально экспрессированных генов при помощи пакета DESeq2) клубеньков гороха линии SGE, подвергавшихся действию повышенной температуры в течение 1, 5 и 9 суток. В результате были выявлены изменения в дифференциальной экспрессии генов, связанные с действием повышенной температуры.

Работа поддержана РНФ 21-16-00117.

Молекулярно-генетическая идентификация транскрипционного фактора NAC карельской березы

Кириянов П.С.*, Баранов О.Ю.

Институт леса НАН Беларуси, Гомель, Беларусь

*E-mail: PKirjanov@yandex.ru

Формирование вторичных проводящих тканей ствола лесных древесных растений является сложным процессом, в который вовлечено большое количество генов. Особенности процессов ксилогенеза у различных лесообразующих пород, включая и наследственные механизмы их детерминации, являются основой для создания хозяйственно-ценных фенотипов методами селекции и биотехнологии. В связи с этим, необходимым является комплексное генетическое изучение аномалий формирования тканей древесины лесных растений с целью поиска наследственных детерминант, определяющих нарушения процессов ксилогенеза. В ходе транскриптомного анализа камбияльных тканей карельской березы (характеризующейся узорчатостью древесины) и березы повислой (узорчатость древесины отсутствует) был идентифицирован транскрипт гена, детерминирующего транскрипционный фактор, содержащий NAC-домен (обозначен как *nac*). NAC-содержащие полипептиды играют важную роль в онтогенезе растений, включая регуляцию процессов формирования апикальной меристемы побегов, генеративных органов, боковых побегов, а также в гормональном контроле и защите от внешних неблагоприятных факторов. В условиях эксперимента, наибольшая экспрессионная активность гена *nac* была отмечена в узорчатых частях карельской березы, и заметно снижалась в безузорчатых участках ствола карельской березы и березе повислой (в 20 раз). Полученные результаты будут использованы для изучения механизмов формирования узорчатости древесины, диагностики хозяйственно-ценных генотипов карельской березы на ранних этапах онтогенеза, а также проведения селекционных мероприятий по данному признаку.

***Rhamnus cathartica* как перспективный источник каротиноидов**

Новикова А.С.^Б, Спиридович Е.В.^А, Агабалаева Е.Д.^А, Деева А.М.^{А*},

Решетников В.Н.^А

^АЦентральный ботанический сад НАН Беларуси, Минск, Беларусь

^ББелорусский государственный университет, Минск, Беларусь

*E-mail: alladzeeva@gmail.com

Жостер слабительный (*Rhamnus cathartica*) – кустарник семейства крушиновые (Rhamnaceae), насчитывающий в мире от 100 до 125 видов. В условиях ухудшения экологической обстановки применение растительного сырья в качестве источника биологически активных соединений приобретает все большую популярность. В последние годы возрос научный интерес к исследованию каротиноидов в продуктах