

## ПЕРВИЧНЫЙ ПРОТЕОМНЫЙ АНАЛИЗ СОМАКЛОНОВ *AGASTACHE RUGOSA* (FISCH. & С.А.МЕУ.) KUNTZE. ЧАСТЬ II

Кузовкова А.А., Мазур Т.В., Решетников В.Н., Новикова Т.И., Банаев Е.В.

ГНУ «Центральный ботанический сад НАН Беларуси», Минск, Беларусь; fioaia@nm.ru

ФГБУН «Центральный сибирский ботанический сад СО РАН», Новосибирск, Россия; alnus2005@mail.ru

В настоящее время используют несколько стратегий усиления продукции БАВ в культурах клеток и тканей растений – усовершенствование исходных сортов, отбор высокопродуктивных клеточных линий, оптимизацию сред культивирования и направленную регуляцию биосинтеза в клеточных культурах желаемых соединений [Kagurpusamy, 2009]. Последняя стратегия представляется самой перспективной, однако ее реализации мешает недостаточность фундаментальных знаний о биосинтетических циклах и механизмах, ответственных за продукцию БАВ. Нами в рамках гранта НАНБ (БРФФИ) – СО РАН Б12СО-017 (2012–2014 гг.) разрабатывается новая стратегия в биотехнологии получения БАВ в культурах *in vitro* лекарственных растений на основе комбинации методов протеомики и метаболомики. Предполагается, что сравнительный анализ протеомного статуса клеток де- и дифференцированных тканей модельных лекарственных растений *A. rugosa* и копеечника чайного (*Hedysarum theinum* Красnob.) позволит выявить в протеоме каллусных (и суспензионных) клеток данных растений низко- и высокоэкспрессируемые белки-ферменты, определяющие метаболомику клеток, и на основе этих данных будет возможно спрогнозировать изменение их метаболомного статуса, а также подобрать вещества, позволяющие направленно регулировать накопление БАВ. К настоящему моменту получены 2D-протеомные карты тканей листа (рисунок), стебля и корня исходного растения и соматклонов *Aga11*, *Aga20*, *Aga36* *A. rugosa*, введены в культуру *in vitro* растения *H. theinum* 2-х ценопопуляций горы Красной (Алтай).

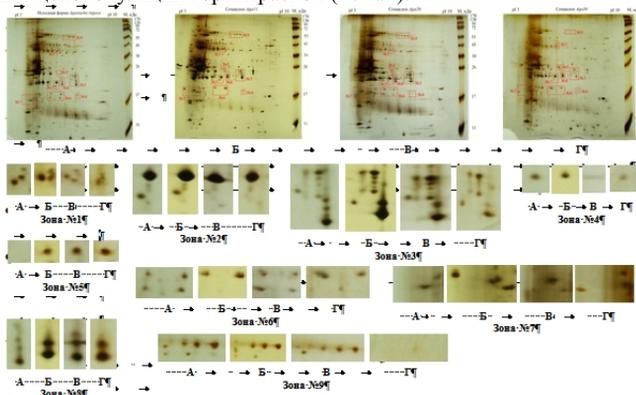


Рисунок – 2D-протеомные карты тканей листа исходного растения (А) и соматклонов *Aga11* (Б), *Aga20* (В), *Aga36* (Г) *A. rugosa*