

Протеомный анализ *Triticum aestivum* в условиях засухи

Научный руководитель – Мамаева Анна Станиславовна

Макеева Арина Андреевна

Студент (магистр)

Московский физико-технический институт, Москва, Россия

E-mail: aryamakeeva@gmail.com

Недостаток влаги - это одна из наиболее распространенных причин потерь урожая во всём мире, которые могут достигать 50% [1]. Ответ растений на недостаток влаги является сложным процессом, включающим в себя разнообразные физиологические и молекулярные реакции, а именно: биосинтез абсцизовой кислоты, синтез дегидринов, ферментов окислительного стресса и осмотиков для повышения водного потенциала, активация и перераспределение аквапоринов. Идентификация белков и пептидов, регулирующих стрессовый ответ растений, позволит лучше понять механизмы адаптации сельскохозяйственных культур к абиотическим стрессам и разработать новые агротехнологии для повышения урожайности.

Данное исследование представляет собой количественный протеомный анализ растений мягкой пшеницы сорта Н2455/2 в условиях недостатка влаги. Растения пшеницы выращивали на среде Хогланда в течение 6 дней, после чего к ним добавляли полиэтиленгликоль (20%) для имитации условий засухи. Пробы для анализа отбирали через 4 и 8 дней инкубации. Белок экстрагировали фенольным методом, далее проводили трипсинолиз в растворе и масс-спектрометрический анализ. Методика масс-спектрометрического анализа описана в опубликованной ранее статье [2]. Анализ полученных данных проводили при помощи программного обеспечения PEAKS Studio.

Мы выявили, что засуха ингибирует рост как корней, так и листьев пшеницы. С использованием набора изобарных меток для качественного и количественного анализа (iTRAQ), было выявлено изменение представленности 3498 белковых групп в корнях и 3264 в листьях. Среди ключевых изменений, происходящих в условиях засухи, было обнаружено увеличение активности антиоксидантных ферментов, таких как пероксидаза, алкоголь дегидрогеназа и другие, а также изменения в белках, связанных с биосинтезом полисахаридов клеточной стенки (SGNH гидролаза, бета-фруктофуранозидаза, UDP-глюкуронат декарбоксилаза). Такие изменения соответствуют ранее наблюдаемым реакциям растений на засуху [3]. Кроме того, было обнаружено изменение содержания рибосомных белков как в корнях, так и в побеговой части растений. В последней также наблюдались изменения в белках, связанных с ответом на абиотический стресс и апоптозом, а также в белках, ответственных за деградацию аминокислот. Эти изменения фенотипически проявляются в образовании хлорозов на концах листьев.

Таким образом, данное исследование показывает, что реакция растений мягкой пшеницы на засуху сопровождается изменениями в представленности различных групп белков, включая антиоксидантные белки, рибосомные белки и белки, связанные с формированием клеточной стенки. Это имеет важное значение для понимания механизмов адаптации растений к стрессовым условиям и может способствовать разработке новых агротехнологий для повышения урожайности в условиях недостатка влаги.

Исследование было выполнено при поддержке Российского научного фонда (Грант № 23-66-10013).

Источники и литература

- 1) Ahmed, H. G. M., Zeng, Y., Shah, A. N., Yar, M. M., Ullah, A., & Ali, M. (2022). Conferring of drought tolerance in wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes using seedling indices. *Frontiers in plant science*, 13, 961049.
- 2) Fesenko, I., Shabalina, S. A., Mamaeva, A., Knyazev, A., Glushkevich, A., Lyapina, I., et al. (2021). A vast pool of lineage-specific microproteins encoded by long non-coding RNAs in plants. *Nucleic Acids Res.* 49, 10328–10346.
- 3) Tenhaken R. (2015). Cell wall remodeling under abiotic stress. *Frontiers in plant science*, 5, 771.