

Эпигенетические механизмы кариогеномной системы зрелых зародышей пшеницы, выведенной в условиях холодого стресса

Иванова Э.А.* , Вафина Г.Х.

Уфимский институт биологии УФИЦ РАН, Уфа, Россия

* e-mail: fiona_belobor@mail.ru

Пониманием базовой основы закономерностей морфогенетического развития, особенно в условиях гибридизации растений, занимается биоинформационная наука, которая с этой целью разрабатывает эффективные информационно-компьютерные технологии, исходя из того, что в основе любого признака лежит генная сеть – функциональная группа координированно экспрессирующихся генов. В ряде таких работ виртуально выделен их блочно-модульный характер, где блоки генных сетей образуют иерархическую структуру, в которой включение порядка и времени соответствуют формированию морфофизиологических компартментов. Связь между блоками генных сетей осуществляют сигнальные молекулы. По сравнению с биохимическими признаками молекулярные механизмы адаптивной эволюции морфогенетических признаков изучены слабо. В настоящее время методический прогресс сильно продвинул понимание молекулярно-генетической организации интерфазного ядра. Становится очевидным, что функциональная динамика доменной топологии интерфазного хроматина вовлечена в контроль регуляции различных взаимосвязанных базовых процессов в определенных областях ядра. Мы предположили, что один из механизмов в супрадоменной реорганизации хроматиновой матрицы может выполнять *Arg-X* протеазо-процессинг. Это предположение основывается на том, что хроматин ядра богат аргинином, и из всех аминокислот только он способен связываться с определенными пуриновыми и пиримидиновыми основаниями ДНК. Целью данной работы было рассмотрение кариогеномного анализа локализации *Arg-X* процессинга в топологически ассоциированных супраблоках гексаплоидной системы интерфазного хроматина в зрелых зародышах пшениц, адаптированных к холодому стрессу. Объектом исследования служили семена суперэлиты пшениц (*Triticum aestivum* L.) сорта Артемовка (яровая) и выведенного из нее сорта Мироновская 808 (озимая), полученных из коллекции Всероссийского института растениеводства им. Н.И. Вавилова. Экспериментальная работа была проведена на основе собственных патентов: (1) по оценке морфофизиологического состояния проклюнувшихся зародышей; (2) выделенных из них клеточных ядер и (3) их супраструктурных ансамблей, а также (4) негистоновых и гистоновых белков, в которых (5) выявлена локализация *Arg-X* протеазо-процессинга. Впервые экспериментальные данные по эпигенетическим механизмам кариогеномного интерфазного хроматина гексаплоидной пшеницы представлены методами эпибиохимии с применением терминологии кариогеномики. Выявлены зоны локализации *Arg-X* протеазо-процессинга в негистоновых и коровых гистонах, топологически ассоциированных кариогеномных доменах, в клеточных ядрах мезокотилей вегетативного периода ростового морфогенеза зрелых зародышей пшеницы, адаптированной к холодому стрессу. Приведенные данные необходимы для разработки логико-математических схем теории и практики биологической специфичности и могут войти в базу данных онтологии стадий роста и развития кариогеномных растений.