

## ГЕНЫ И БЕЛКИ ГОРМОНАЛЬНЫХ СИСТЕМ, ВТОРИЧНОГО МЕТАБОЛИЗМА И ИММУНИТЕТА РАСТЕНИЙ КАК ВАЖНЕЙШИЕ ОБЪЕКТЫ ГЕНОМНЫХ, ТРАНСКРИПТОМНЫХ И ПРОТЕОМНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ

Шпаковский Георгий Вячеславович<sup>1</sup>, Бабак Ольга Геннадьевна<sup>2</sup>, Халилуев Марат Рушанович<sup>3</sup>, Шематорова Елена Константиновна<sup>1</sup>

<sup>1</sup>НИЦ «Курчатовский институт», Москва, Россия; E-mail: yushpak57@mail.ru

<sup>2</sup>Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси, Минск, Беларусь;

<sup>3</sup>ВНИИ сельскохозяйственной биотехнологии, Москва, Россия

Неподвижный образ жизни накладывает определённый отпечаток на взаимоотношение растений с внешним миром, что отражается на многих этапах их жизнедеятельности, прежде всего на формировании гормональных и защитных систем, которые существенным образом различаются у Plantae и Animalia. В процессе эволюции у растений сформировались уникальные семейства генов и белков, вовлечённых в эти процессы, которые достойны пристального изучения современными методами геномики и протеомики, поскольку результаты такого анализа могут привести к существенным биотехнологическим прорывам.

На важность всестороннего изучения некоторых из таких семейств указывают, например, наши недавние работы по изучению механизма интеграции митохондриального цитохрома P450<sub>scs</sub> (CYP11A1) животных в стероидогенную систему растений (табак, томат, наперстянка) и его влияния на физиологию, размножение и иммунитет. Мы показали, что синтезирующиеся в высших растениях в «гормональных» количествах прогестерон и его первичные производные важны как для регуляции роста и развития растений, так и для их неспецифической, комплексной защиты от биотических (инфекции такими патогенами, как *Botrytis cinerea*, *Oidium neolycopersici* и *Cladosporium fulvum*) и абиотических (засуха, засоление) стрессов (ВМС Plant Biology 2017; 17(Suppl 1):189). На примере изучения всего лишь одного, причём чужеродного цитохрома P450 наши исследования показывают насколько важно изучать всё суперсемейство этих важнейших монооксигеназ, которые широко представлены (составляют ~ 5–10% кодирующих последовательностей) у всех высших растений и во многом определяют особенности их вторичного метаболизма. Подавляющее большинство этих монооксигеназ уникальны для Царства растений и участвуют в синтезе целого ряда метаболитов биотехнологического значения, таких, например, как сердечные гликозиды у наперстянки. Хотя мы показали определённый антагонизм двух стероидных гормональных систем растений (брасиностероидной и прогестероновой), уже сейчас ясно, что механизмы их развёртывания вряд ли могут кардинально различаться. Изучение недавно открытых рецепторов прогестерона должно быть дополнено выявлением его важнейших ко-рецепторов, одним из которых может быть VIK1.

Анализ Plantae Big Data показывает, что важными белками для формирования защитных систем растений являются транскрипционные факторы семейства MYB, участвующие в том числе в регуляции синтеза таких важных вторичных метаболитов с антиоксидантными свойствами, как антоцианы и каротиноиды. Хотя MYB-белки присутствуют во всех эукариотах, только у растений они представляют собой наиболее распространённую группу транскрипционных факторов, настоящее суперсемейство MYB (140–500 генов у разных видов растений).

Работу по комплексному изучению современными методами геномики и протеомики приведённых выше семейств генов растений важно совмещать с формированием национальных баз данных по этим суперсемействам в лучших отечественных сортах сельскохозяйственно важных видов растений.

*Ключевые слова:* гормональные и защитные системы, суперсемейства цитохромов P450 и транскрипционных факторов MYB, рецепторы и ко-рецепторы стероидных гормонов растений, прогестероновая система гормональной регуляции, национальные базы данных.

---

## GENES AND PROTEINS OF HORMONAL SYSTEMS, SECONDARY METABOLISM AND IMMUNITY OF PLANTS AS THE MOST IMPORTANT OBJECTS OF GENOMIC, TRANSCRIPTOMIC AND PROTEOMIC STUDIES

Shpakovski George V.<sup>1</sup>, Babak Olga G.<sup>2</sup>, Khaliluev Marat R.<sup>3</sup>, Shematorova Elena K.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>National Research Center "Kurchatov Institute", Moscow, Russia; E-mail: [yushpak57@mail.ru](mailto:yushpak57@mail.ru)

<sup>2</sup>Institute of Genetics and Cytology, National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Belarus;

<sup>3</sup>All-Russian Research Institute of Agricultural Biotechnology, Moscow, Russia

The immobile lifestyle leaves a certain imprint on the relationship of plants with the outside world, which is reflected in many stages of their vital activities, primarily on the formation of hormonal and protective systems, which differ significantly in Plantae and Animalia. In the process of evolution, plants have developed unique families of genes and proteins involved in these processes, which are worthy of thorough study by modern methods of genomics and proteomics, since the results of such analysis can lead to significant biotechnological breakthroughs.

The importance of a comprehensive study of some of these families is indicated, for example, by our recent work on the mechanism of integration of mitochondrial cytochrome P450<sub>scc</sub> (CYP11A1) of animals into the steroidogenic system of plants (tobacco, tomato, digitalis) and its effect on physiology, reproduction and immunity. We have shown that progesterone and its primary derivatives synthesized in higher plants in 'hormonal' amounts are important both for the regulation of plant growth and development, and for their nonspecific, complex protection against biotic (infections by pathogens such as *Botrytis cinerea*, *Oidium neolycopersici* and *Cladosporium fulvum*) and abiotic (drought, salinity) stresses. Using the example of studying just one, and foreign cytochrome P450, our research shows how important it is to study the entire superfamily of these diverse monooxygenases, which are widely represented (make up ~ 5–10 % of coding sequences) in all higher plants and largely determine the features of their secondary metabolism. The vast majority of these monooxygenases are unique to the Plant Kingdom and are involved in the synthesis of a number of metabolites of biotechnological significance, such as cardiac glycosides in *Digitalis* species.

Although we have shown a certain antagonism of two steroid hormonal systems of plants (brassinosteroid and progesterone), it is already clear that the mechanisms of their deployment can hardly be radically different. The study of recently discovered progesterone receptors should be supplemented by the identification of its most important co-receptors, one of which may be BIK1 (Botrytis-Induced Kinase I).

The analysis of Plantae Big Data shows that transcription factors of the MYB family are important proteins for the formation of plant defense systems, including those involved in the regulation of the synthesis of such important secondary metabolites with antioxidant properties as anthocyanins and carotenoids. Although MYB proteins are present in all eukaryotes, only in plants they represent the most common group of transcription factors, the true MYB superfamily (140-500 genes in different plant species).

These are just some examples of important families of plant genes, the comprehensive study of which by modern methods of genomics and proteomics can lead to new biotechnological breakthroughs. It is important to combine this work with the formation of national databases on these superfamilies in the best domestic varieties of agriculturally important plant species.

**Keywords:** hormonal and protective systems, superfamilies of cytochromes P450 and MYB transcription factors, receptors and co-receptors of plant steroid hormones, progesterone system of hormonal regulation, national databases.