

Экогеномная стресс-устойчивость растений как стратегия и тактика супрамолекулярно-протеомной системы биологии развития

Иванова Э.А.

Уфимский институт биологии, УФИЦ РАН, Уфа, Россия

* fiona_belobor@mail.ru

Ключевые слова: протеомика; интерфазная топология хроматина; супрамолекулярная биохимия; кариогеномика пшеницы; сигнальные системы

Мотивация и цель: В мире растений многие системные проблемы, выполняемые “Plant Gen” из области экологии, энергетики, передачи информации и т. д., рассматриваются в качестве модельных систем, так как они эффективны, экологически безупречны и одновременно просты. Человек учится у растений, постигает их способы и методы в решении уже своих проблем.

Молекулярная био-физико-химия, занимающаяся строением и свойствами биологически функциональных молекул и атомно-молекулярным истолкованием явлений жизнедеятельности, за короткое время стала широко развитой наукой, активно делающей шаги навстречу возрастающей сложности изучения запрограммированных супрамолекулярных систем, вплоть до экосистем.

Методы и алгоритмы: Идеальным модельным объектом в этом случае являются коллекционные семена ВИР, преобразованные селекционерами из яровой пшеницы в озимую и из последней вновь в яровую.

Экспериментальный биохимический подход заключался: в выделении из клеточных ядер тотальной хроматиновой матрицы (ТХМ) *супра*-структур: Нп-лабильного нуклеоплазменного хроматина, Хр-I, Хр-II хроматинов, соответственно непрочно- и прочно связанных с ядерным матриксом (ЯМ), и самого ЯМ, из которых были выделены *супер*молекулярные ансамбли: «линкерных», «коровых» гистонов и негистонов.

Результаты: Показан алгоритм особенностей биологической специфичности морфогенеза и структурной устойчивости геномно-протеомной основы ТХМ модельной системы, коллекционных зародышей семян пшеницы в процессе их органоспецифического, координированно-закономерного роста при переключении подпрограмм развития, где происходит изменение протеомного позиционирования в супермолекулярных ансамблях: линкерных, «коровых» и «негистоновых» белков ТХМ разных генетических подсистем (мезокотиль, корень, высококодифференцированный зародыш) соответственно: донор (яровой)→переведен в озимый (донор озимый-фенотип)→переведен вновь в яровой-фенотип.

Выводы: На основании распределения нуклеосомного аргинин-богатого «корового» гистона (Н3-Н4)’’ на поверхности раздела ТХМ: донора (яровой) Нп=ХрI (мезокотиль)→переведенного в озимый (донор озимый-фенотип) Нп>ХрII≥ЯМ (корень)→переведенного вновь в яровой-фенотип Нп>ХрI>ЯМ>ХрII (высокодифференцированный зародыш); предполагается

возможное переключение генетических подпрограмм развития в генетических подсистемах целостного организма, которое осуществляется за счет комбинаторного принципа протеомных ансамблей, потенциальных эпигенетических сетей «гистонового кода», в условиях экосистемы окружающей среды.

Финансирование: Работа выполнена в рамках государственного задания Минобрнауки России № 075-00326-19-00 по теме № НИОКТР АААА-А18-118022190104-7. В работе использована приборная база Центра коллективного пользования «Агидель» УФИЦ РАН.

Eco-genomic stress-resistance of plants as strategy and tactics of the supramolecular-proteomic system of developmental biology

Ivanova E.A.

Ufa Institute of Biology, Ufa Federal Research Centre, RAS, Ufa, Russia

* *fiona_belobor@mail.ru*

Key words: proteomics; interphase chromatin topology; supramolecular biochemistry; karyogenomics wheat; signaling systems

Motivation and Aim: In the world of plants, many systemic “*Plant Gen*” problems solve in the field of ecology, energy, information transmission, and so on, are considered as model systems, since they are effective, environmentally friendly and at the same time simple. A person learns from plants, comprehends their ways and methods in solving their own problems.

Molecular bio-physicochemistry, which deals with the structure and properties of biologically functional molecules and the atomic-molecular interpretation of life phenomena, has in a short time become a widely developed science, actively taking steps towards the increasing complexity of studying programmed supramolecular systems, up to ecosystems.

Methods and Algorithms: The ideal model object, in this case, is the collection seeds of VIR, transformed by breeders from spring wheat to winter wheat and from the latter again to spring wheat.

The experimental biochemical approach consisted of isolating supra-structures from the cell nuclei of the total chromatin matrix (TChM): Hn-labile nucleoplasmic chromatin, Chr-I, Chr-II chromatins, respectively, loosely and firmly associated with the nuclear matrix (NM) and the NM itself, from of which supermolecular ensembles were isolated: “linker”, “core” histones and non-histones.

Results: An algorithm for the features of the biological specificity of morphogenesis and structural stability of the genetic and proteomic basis of the TChM model system, collection germs of wheat seeds, in the process of their organ-specific, coordinated-regular growth when switching development subprograms is shown where an experimental analysis of proteomic positioning in *supermolecular* assemblies was carried out: “linker”, “core” and “non-histone” proteins in different genetic subsystems (mesocotyl → root → highly differentiated embryo), respectively: donor (spring) → transferred to winter (donor winter-phenotype) → transferred back to spring-phenotype.

Conclusion: Based on the distribution of nucleosomal arginine-rich “core” histone (H3-H4) on the TChM interface: donor (spring) Np=ChrI (mesocotyl) → transferred to

winter (donor winter-phenotype) $Np > ChrII \geq NM$ (root) $\rightarrow$ transferred again into the spring phenotype $Np > ChrI > NM > ChrII$ (highly differentiated embryo); possible switching of genetic subroutines of development in the genetic subsystems of the whole organism is assumed, which is carried out due to the combinatorial principle of proteomic ensembles, potential epigenetic networks of the “histone code”, in the conditions of environmental ecosystems.

Funding: The work was carried out within the framework of the state assignment of the Ministry of Education and Science of Russia No. 075-00326-19-00 on the topic No. NIOKTR AAAA-A18-118022190104-7. The instrument base of the Center for Collective Use “Agidel” of the UFRC RAS was used in the work.