

ПОИСК ФИТОГОРМОНАЛЬНОГО ОТВЕТА В ТРАНСКРИПТОМЕ ЯЧМЕНЯ ПОСЛЕ ОБЛУЧЕНИЯ РАЗЛИЧНЫМИ ТИПАМИ ИОНИЗИРУЮЩЕГО ИЗЛУЧЕНИЯ

Празян А. А. , Подлукцкий М. С. , Бондаренко Е. В. , Волкова П. Ю.

Федеральное государственное бюджетное учреждение «ВСЕРОССИЙСКИЙ НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ РАДИОЛОГИИ И АГРОЭКОЛОГИИ НАЦИОНАЛЬНОГО ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКОГО ЦЕНТРА «КУРЧАТОВСКИЙ ИНСТИТУТ»
prazyana@yahoo.com

Повышение урожайности сельскохозяйственных культур является критически важным для современного общества, где обеспечение продовольственной безопасности стоит на первом месте. Увеличение числа экстремальных климатических условий увеличивает нагрузки на сельскохозяйственные растения, что требует разработку адаптационных стратегий. Ионизирующее излучение (ИИ) помогает понять механизмы, с помощью которых растения адаптируются к абиотическим стрессорам, активируя антиоксидантную защиту и репарационные механизмы ДНК. Ячмень (*Hordeum vulgare* L.) — важная сельскохозяйственная культура, способная стать объектом для повышения урожайности и устойчивости. В нашем исследовании мы применили гамма-, электронное и протонное излучение в сочетании с транскриптомным анализом для выявления общих ответных транскриптов и оценки их роли в реакциях на стресс.

Семена озимого ячменя сорта Фокс 1 были посеяны в грунт в горшках и помещены в контролируемые условия для проращивания. На седьмой день после посева сеянцы подвергались облучению, а листья были собраны через 24 часа после воздействия. Растения из одного горшка объединялись в одну пробу. Проростки облучались γ -излучением, электронами и протонами в дозе 15 Гр с использованием источника γ -излучения "Агат" (изотоп ^{60}Co), линейного ускорителя электронов NOVAC11 и комплекса протонной терапии "Прометей". Подготовка библиотек и секвенирование осуществлялись компанией "Евроген" (Москва, Россия) на системе Illumina NovaSeq 6000 с параметрами 2 × 150 пар оснований. Обработка полученных данных включала контроль качества, фильтрацию прочтений низкого качества и их выравнивание с использованием эталонного транскриптома ячменя (BaRTv2.18). Для анализа дифференциальной экспрессии генов использовался инструмент DESeq2 с целью выявления генов, экспрессия которых значительно отличалась между контрольными и облученными образцами. Аннотированные данные анализировались с применением баз данных UniProt и NCBI для получения дополнительной информации о белках и их функциях. Для более глубокого понимания биологических процессов, затронутых ионизирующим излучением, был выполнен функциональный анализ обогащения с использованием базы данных Gene Ontology. Дифференциальный анализ экспрессии генов в растениях после воздействия гамма-, протонного и электронного излучения выявил 553 уникальных гена с увеличенной экспрессией и 124 гена с пониженной экспрессией. В результате сравнения транскрипционных ответов на три вида облучения было обнаружено 47 общих дифференциально экспрессированных генов (ДЭГ).

Ионизирующее излучение воздействует на клетки растений, приводя к превращению нейтральных атомов и молекул в их активные формы. Этот механизм приводит к различным биологическим эффектам, включая модификацию сигнализационных каскадов в растениях и индукцию окислительного стресса, что, в свою очередь, увеличивает продукцию активных форм кислорода (АФК). Существует свидетельство о том, что баланс фитогормонов изменяется под воздействием радиации. В наших данных особое внимание уделено двум генам с повышенной экспрессией, вовлеченным в биосинтез и сигнализацию ауксина: A0A8I6YN81 (реакция на протонное и электронное излучение) и A0A8I6XJC3 (ответ на электронное и гамма-излучение). Данные исследований подчеркивают важность ауксинов в регуляции стрессовых реакций у растений. Колебания и дифференциальное распределение ауксина в тканях контролируют разнообразные процессы развития, адаптируя рост и морфологию растений к изменяющимся условиям окружающей среды. Различные экологические и эндогенные сигналы могут интегрироваться в измененное распределение ауксина, влияя на локальный биосинтез и межклеточный транспорт ауксина. В ответ на ионизирующее излучение динамика ауксина ассоциирована с явлением радиационного гормезиса, которое представляет собой стимуляцию роста после воздействия низкой дозы радиации. Кроме того, ауксиновая сигнализация играет значительную роль в механизмах восстановления ДНК и остановки клеточного цикла. Также мы обнаружили экспрессию бета-галактозидазы (A0A8I6X4I5), показывающую важную взаимосвязь с фитогормонами. Недавние исследования подчеркивают регуляцию синтеза целлюлозы и расположения микротрубочек в первичной клеточной стенке под воздействием фитогормонов в условиях стресса.

INVESTIGATION OF PHYTOHORMONAL RESPONSES IN THE BARLEY TRANSCRIPTOME FOLLOWING IRRADIATION WITH VARIOUS TYPES OF IONIZING RADIATION

Prazyan A. A. , Podlutskkii M. S. , Bondarenko E. , Volkova P.

*Russian Institute of Radiology and Agroecology of National Research Centre «Kurchatov Institute»
prazyana@yahoo.com*

Increasing agricultural crop yields is critically important for modern society, where ensuring food security is a top priority. The increasing frequency of extreme climatic conditions places additional stress on agricultural plants, necessitating the development of adaptive strategies. Ionizing radiation (IR) aids in understanding the mechanisms by which plants adapt to abiotic stressors by activating antioxidant defenses and DNA repair mechanisms. Barley (*Hordeum vulgare* L.) is an important agricultural crop that has the potential to be a target for yield improvement and resilience enhancement. In our study, we applied gamma, electron, and proton radiation in combination with transcriptomic analysis to identify common responsive transcripts and assess their roles in stress reactions.

Seeds of winter barley variety Fox 1 were sown in soil in pots and placed under controlled conditions for germination. On the seventh day after sowing, the seedlings were irradiated, and leaves were collected 24 hours post-exposure. Plants from a single pot were combined into a single sample. The seedlings were irradiated with γ -radiation, electrons, and protons at a dose of 15 Gy using the γ -radiation source "Agat" (isotope ^{60}Co), the linear electron accelerator NOVAC11, and the "Prometheus" proton therapy complex.

Library preparation and sequencing were performed by EvroGen (Moscow, Russia) on the Illumina NovaSeq 6000 system with 2×150 base pair parameters. The data processing included quality control, filtering out low-quality reads, and aligning them with the reference transcriptome of barley (BaRTv2.18). The DESeq2 tool was utilized for differential gene expression analysis to identify genes whose expression significantly differed between control and irradiated samples. Annotated data were analyzed using the UniProt and NCBI databases to obtain additional information about proteins and their functions. To gain a deeper understanding of the biological processes affected by ionizing radiation, functional enrichment analysis was conducted using the Gene Ontology database.

Differential gene expression analysis in plants exposed to gamma, proton, and electron radiation revealed 553 unique genes with increased expression and 124 genes with decreased expression. A comparative analysis of transcriptional responses to the three types of irradiation identified 47 common differentially expressed genes (DEGs). Ionizing radiation affects plant cells, leading to the conversion of neutral atoms and molecules into their active forms. This mechanism results in various biological effects, including the modification of signaling cascades in plants and the induction of oxidative stress, which in turn increases the production of reactive oxygen species (ROS). There is evidence that the balance of phytohormones is altered in response to radiation. Our data focus on two genes with increased expression involved in auxin biosynthesis and signaling: *A0A816YN81* (responsive to proton and electron radiation) and *A0A816XJC3* (responsive to electron and gamma radiation). The findings highlight the significance of auxins in regulating stress responses in plants. Fluctuations and differential distribution of auxins in tissues control a variety of developmental processes, adapting plant growth and morphology to changing environmental conditions. Various ecological and endogenous signals can be integrated into changes in auxin distribution, influencing local biosynthesis and intercellular transport of auxins. In response to ionizing radiation, the dynamics of auxin are associated with the phenomenon of radiation hormesis, which refers to the stimulation of growth following exposure to low doses of radiation. Additionally, auxin signaling plays a significant role in the mechanisms of DNA repair and cell cycle arrest. We also observed the expression of beta-galactosidase (*A0A816X4I5*), indicating an important relationship with phytohormones. Recent studies emphasize the regulation of cellulose synthesis and the arrangement of microtubules in the primary cell wall under the influence of phytohormones during stress conditions.