

Анализ протеома и пептидома мягкой пшеницы *Triticum aestivum* в условиях засухи

Р.А. Азаркина*, А.С. Мамаева, А.С. Макеева, С.И. Ковальчук, И.А. Фесенко

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Государственный научный центр Российской Федерации
Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук
(ГНЦ ИБХ РАН), Москва, Россия

* khazigaleeva.regina@gmail.com

Цель: Засуха является одной из самых распространенных причин потерь урожая пшеницы. Адаптационные механизмы растений к засухе включают биосинтез абсцизовой кислоты, синтез дегидринов, ферментов окислительного стресса и осмотиков для повышения водного потенциала, активация и перераспределение аквапоринов и т. д. Важным аспектом этих адаптационных процессов являются белки и пептиды, которые играют ключевую роль в регуляции стрессовых ответов растений. Идентификация этих белков и пептидов, регулирующих стрессовый ответ растений позволит лучше понять механизмы адаптации сельскохозяйственных культур к абиотическим стрессам и, разработать новые агротехнологии для повышения урожайности.

Материалы и методы: Для идентификации регуляторных белков и пептидов, регулирующих ответ на стрессовые воздействия, мы провели анализ протеома и пептидома растений мягкой пшеницы сорта Ленинградская 6 (*Triticum aestivum* L.), в условиях недостатка влаги. Растения пшеницы выращивали на гидропонной установке в среде Хогланда, для имитации недостатка влаги в раствор добавляли 20% ПЭГ (полиэтиленгликоль) и инкубировали в течение 8 дней. С использованием изобарных меток для относительной и абсолютной количественной оценки (iTRAQ) были идентифицированы дифференциально экспрессируемые белки (DEP) в листьях и корнях соответственно. Пептиды были выделены с помощью твердофазной экстракции на DSC-18 с последующим восстановлением дисульфидных связей. Используя масс-спектрометрический анализ, мы проанализировали пулы пептидов, выделенных из культуральной жидкости пшеницы в трех биологических повторях.

Результаты: С использованием метода iTRAQ мы идентифицировали 497 и 157 дифференциально экспрессируемых белков (DEP) в листьях и корнях соответственно. В листьях наблюдалось повышение экспрессии белков, связанных с ответом на стресс, таких как окислительный стресс и ответ на экстремальную температуру, в то время как в корнях выявлены белки, ассоциированные с реакцией на дефицит воды, морфогенезом анатомической структуры и метаболическими процессами серосодержащих соединений. Анализ пептидома корней показал наличие 2294 эндогенных пептидов, являющихся фрагментами около 500 белков, большинство из которых были вовлечены в катаболизм клеточной стенки, межклеточную сигнализацию и ответ на стресс. Кроме того, мы также идентифицировали 9 членов семейств малых секретрируемых пептидов (SSPs).

Выводы: Таким образом в нашей работе были проанализированы DEP и экстраклеточные пептиды пшеницы в условиях засухи. Результаты исследования предоставляют важные кандидаты для дальнейшего их функционального анализа, что может способствовать разработке новых стратегий повышения устойчивости растений к засухе.

Финансирование: Исследование выполнено при поддержке Российского научного фонда, грант № 23-66-10013.