

Поиск генов-мишеней TAL-эффекторов *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* у крестоцветных культур

Ю.А. Антакова^{1,2*}, В.В. Таранов¹

¹ ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии, Москва, Россия

² ФГБОУ ВО «МИРЭА – Российский технологический университет», Москва, Россия

* julia.antakova@gmail.com

Цель: Сосудистый бактериоз – одно из наиболее экономически значимых заболеваний крестоцветных, приводящее к значительным потерям урожая. Сосудистый бактериоз поражает все культивируемые виды семейства капустные и обнаружен почти во всех странах, где овощные капустные культуры выращиваются в коммерческих целях. Это заболевание вызвано бактериями *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Хсс). Фитопатоген поражает растения на всех стадиях развития. Одним из факторов патогенности бактерий рода *Xanthomonas* является система секреции III типа (Т3СС), используемая для секреции эффекторных белков в клетки хозяина. Эффекторы, подобные активаторам транскрипции (ТАЛЕ), действуют как специфичные факторы транскрипции растений. Они связываются с промоторной областью генов хозяина и активируют экспрессию генов-мишеней. Гены-мишени ТАЛЕ также называются генами восприимчивости. Активация экспрессии генов восприимчивости ТАЛЕ является необходимым условием заражения для некоторых видов *Xanthomonas*. Но роль ТАЛЕ в развитии сосудистого бактериоза капустных остается недостаточно изученной. Цель данной работы – идентификация и анализ TAL-эффекторов бактерий *X. campestris* pv. *campestris*, а также поиск генов восприимчивости ТАЛЕ в геномах различных видов семейства капустные для лучшего понимания механизмов патогенности и разработки методов защиты сельскохозяйственных культур.

Материалы и методы: ТАЛЕ состоит из 3 доменов. N-концевой участок отвечает за секрецию и транслокацию в клетку хозяина, С-концевой – содержит сигнал ядерной локализации и домен активации транскрипции. Центральный ДНК-связывающий домен ТАЛЕ состоит из ряда высоко консервативных тандемных повторов 33–35 аминокислот. Каждый повтор содержит вариабельные остатки в положениях 12, 13 (RVD), которые опосредуют связывание ДНК и определяют специфичность связывания. Каждый повтор связывает один нуклеотид, и порядок повторов определяет последовательность ДНК, с которой связывается эффектор. Нуклеотиды, с которыми предпочтительно свяжутся различные RVD, были определены экспериментально, что позволяет предсказать мишени ТАЛЕ в геноме растения. Для идентификации и анализа ТАЛЕ в геномах Хсс использовались инструменты TALE Prediction и TALE Analysis набора приложений AnnoTALE, для прогнозирования предполагаемых генов восприимчивости в геномах растений семейства капустные использовался инструмент PrediTALE.

Результаты: Было проанализировано 682 генома Хсс, доступных в базе данных NCBI. 547 из них были секвенированы методами, которые дают короткие прочтения (например, Illumina), непригодные для сборки последовательностей ТАЛЕ, содержащих большое количество повторов. Из 135 штаммов, секвенированных методами с длинными прочтениями, 48 (36%) содержали ТАЛЕ. Из них 44% содержали 1 ТАЛЕ, 25% – 2, 17% – 3, 12% – 4, 2% – 5 TAL-эффекторов. Было проанализировано географическое происхождение растений, из которых были выделены штаммы Хсс, имеющие ТАЛЕ, частота встречаемости ТАЛЕ в штаммах, заражающих различные сорта растений, а также типы и количество повторов, содержащихся в TAL-эффекторах. Наиболее распространенным классом ТАЛЕ оказался TalEN6, содержащийся в 27% штаммов, имеющих ТАЛЕ, из различных регионов мира: Новой Зеландии, Бельгии, США, Украины, Нидерландов, Канады, Австралии и Китая. Также был проведен анализ геномов различных видов капустных, выявлены предполагаемые гены-мишени ТАЛЕ. 64% штаммов Хсс не имели ТАЛЕ, но успешно заражали растения-хозяева. Активация генов-мишеней ТАЛЕ не является необходимой для поражения растения сосудистым бактериозом, но ТАЛЕ встречаются очень широко. Возможно, ТАЛЕ позволяют расширить круг хозяев, то есть заражать сразу несколько видов капустных.

Выводы: Проведены идентификация и исследование ТАЛЕ в геномах *X. campestris* pv. *campestris*. 36% штаммов содержат TAL-эффекторы, причем большая их часть содержит более одного ТАЛЕ. ТАЛЕ, по-видимому, не являются основным фактором патогенности Хсс, однако штаммы, имеющие ТАЛЕ, очень распространены. Требуется дальнейшие исследования генов восприимчивости, активируемых ТАЛЕ, для понимания роли TAL-эффекторов в развитии сосудистого бактериоза.

Финансирование: Исследование поддержано Министерством науки и высшего образования Российской Федерации, проект № 075-15-2023-582.