

Универсальные стрессовые белки и их партнеры в регуляции жизненного цикла *Arabidopsis thaliana*

Научный руководитель – Кузнецов Владимир Васильевич

Горшкова Дарья Сергеевна

Аспирант

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра физиологии растений, Москва, Россия

E-mail: stanisa-2002@yandex.ru

Семейство универсальных стрессовых белков (Universal Stress Proteins, USP) широко представлено у растений, однако функции его представителей слабо изучены. На сегодняшний день большинство исследований предполагает участие USP-подобных белков в формировании устойчивости к стрессовым факторам. Однако нами ранее [1] был описан представитель семейства USP у *Arabidopsis thaliana*, кодируемый геном *At3g58450*, с уникальной для этого семейства функцией фитогормон-зависимой регуляции прорастания и перехода к цветению.

Согласно базе данных IntAct [2], основанной на исследованиях молекулярного взаимодействия белков методом двугибридного дрожжевого анализа, для белка AT3G58450 показано существование потенциальных партнеров, кодируемых генами *At3g11930* и *At2g47710*. Эти белки также принадлежат к семейству USP, имеют все характерные для USP-домена консервативные аминокислотные остатки и являются ближайшими гомологами AT3G58450. При этом белки AT3G58450 и AT3G11930 взаимодействуют только с AT2G47710, в то время как AT2G47710 имеет ряд других потенциальных партнеров, среди которых транскрипционные факторы, ферменты углеродного метаболизма и регуляторные белки. Это косвенно указывает на возможную ключевую роль белка AT2G47710 в USP-зависимой регуляции биологических процессов. Кроме того, профиль экспрессии гена *At3g11930* сходен с профилем экспрессии гена *At3g58450* с максимумом в сухих семенах, в то время как *At2g47710* экспрессируется на всех стадиях развития с максимумом в репродуктивных органах.

Нами были охарактеризованы инсерционные линии, несущие вставки Т-ДНК в генах *At3g11930* и *At2g47710*, в сравнении с диким типом и с линией *115c08* со сниженной экспрессией гена *At3g58450*. Для линии *115c08* характерно отставание в развитии с увеличенной вегетативной стадией и более поздним переходом к цветению, а также аномальная архитектура побега, вызванная нарушениями апикального доминирования. Линии со вставкой Т-ДНК в генах *At3g11930* и *At2g47710* не имеют явного отставания в развитии, однако аналогично линии *115c08* имеют нарушения архитектуры побега. Более того, у линии с инсерцией в гене *At2g47710* выявлен комплекс нарушений формирования цветков и стручков.

Таким образом, функция регуляции роста и развития распространена среди USP-подобных белков шире, чем предполагалось ранее. Уже на уровне первичного фенотипического анализа выявлено частичное сходство фенотипов инсерционных линий, что указывает на возможное взаимодействие нескольких USP-белков в регуляции формирования цветочных и репродуктивных органов *Arabidopsis*.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ «Аспиранты» №19-34-90017.

Источники и литература

- 1) Горшкова Д.С., Гетман И.А., Воронков А.С., Чиждова С.И., Кузнецов Вл.В., Пожидаева Е.С. Ген универсального стрессового белка AtUSP регулируется фитогормонами и вовлекается в прорастание семян *Arabidopsis thaliana*. // Доклады Академии Наук, 2018. Т. 479. №5. С. 578-581.
- 2) База данных IntAct: <https://www.ebi.ac.uk/intact/>