

**Изменение экспрессии генов, кодирующих 14-3-3 белки, в ходе роста  
растяжением растительных клеток**

**Научный руководитель – Шишова Мария Федоровна**

**Шapiro Александра Сергеевна**

*Студент (бакалавр)*

Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет,

Санкт-Петербург, Россия

*E-mail: Al.Shapiro@bk.ru*

С 1970-х годов продолжают накапливаться данные о приоритетной роли  $H^+$ -АТФазы плазмалеммы (ПМ) в реализации процесса роста растяжением. Известно, что активность этого фермента регулируется как на транскрипционном, так и пост-трансляционном уровнях. Относительно недавно [2] было показано, что  $H^+$ -АТФаза ПМ взаимодействует с регуляторами межбелкового взаимодействия - представителями группы 14-3-3 белков. Получен ряд предварительных данных об избирательном усилении экспрессии генов, кодирующих 14-3-3 белки, а, следовательно, сложный характер регуляции  $H^+$ -АТФазы ПМ на транскрипционном/пост-трансляционном уровне. Однако ничего неизвестно о том, сколь активны эти факторы на разных этапах роста растяжением, а также какие из них являются приоритетными.

Цель данного исследования заключалась в анализе динамики накопления продуктов экспрессии генов, кодирующих 14-3-3 белки. Способностью специфично связываться с  $H^+$ -АТФазой ПМ обладает группа белков относящихся к семейству non-epsilon [1].

В качестве модельного объекта в работе была использована суспензионная культура клеток *Nicotiana tabacum* (VBI-0, Virginia Bright Italia) [3]. На везикулярной фракции плазмалеммы проведен анализ гидролитической активности  $H^+$ -АТФазы ПМ. Наибольшей активностью фермента характеризовались наиболее активно растущие клетки (14 день развития). В том случае, если выявленное усиление активности протонной помпы обусловлено взаимодействием с 14-3-3 белками, то можно ожидать увеличение числа этих белков в результате усиления экспрессии генов, их кодирующих.

Анализ экспрессии генов NТomega1, NТomega2, NТomega3, NТepsilon, NТkappa1, NТkappa2, NТpsi с использованием ОТ-ПЦР выявил разнонаправленные изменения их экспрессии. Если таковая фактически не менялась или немного снижалась для представителей epsilon группы, то для генов семейства non-epsilon четко прослеживалась нелинейная динамика с достижением максимума на 2 неделю развития культуры.

Таким образом, в ходе исследования впервые показано изменение экспрессии генов, кодирующих 14-3-3 белки в ходе роста растяжением и выявлена корреляция накопления продуктов транскрипции генов семейства non-epsilon с усилением активности  $H^+$ -АТФазы плазмалеммы.

Работа выполнена при частичном финансировании гранта РФФИ № 19-04-00655а.

**Источники и литература**

- 1) Pallucca R., Visconti S., Camoni L. et al. Specificity of  $\epsilon$  and Non- $\epsilon$  Isoforms of Arabidopsis 14-3-3 Proteins Towards the  $H^+$ -ATPase and Other Targets // PLOS ONE. 2014. V.9(3):e90764.
- 2) Takahashi K., Hayashi K., Kinoshita T. Auxin activates the plasma membrane  $H^+$ -ATPase by phosphorylation during hypocotyl elongation in Arabidopsis // Plant physiol. 2012. 159(2):632-41.

- 3) Zazimalova E., Opatrny Z., Brezinova A., Eder J. (1995) The effect of auxin starvation on the growth of auxin-dependent tobacco cell culture: dynamics of auxin-binding activity and endogenous free IAA content // J. Exp. Bot, V. 46, No. 290, pp. 1205-1213