

ОБЗОРЫ

УДК 581.1

**СОВРЕМЕННЫЕ ПРЕДСТАВЛЕНИЯ О МЕХАНИЗМАХ ОБРАЗОВАНИЯ
ОКСИДА АЗОТА В РАСТЕНИЯХ**

© 2022 г. Ч. Р. Аллагулова^{а,*}, А. М. Авальбаев^а, А. Р. Лубянова^а, О. В.

Ласточкина^а, Ф. М. Шакирова^а

^а*Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение*

*Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук,
Уфа, Россия*

*e-mail: allagulova-chulpan@rambler.ru

Поступила в редакцию 23.11.2021 г.

После доработки 03.12.2021 г.

Принята к публикации 04.12.2021 г.

Оксид азота (NO) является универсальной сигнальной молекулой, функционирующей во всех живых организмах. В растениях он вовлекается в регуляцию роста и развития в нормальных условиях произрастания и в формирование устойчивости к широкому спектру стрессовых воздействий. Несмотря на то, что за последние три десятилетия был совершен колоссальный прогресс в понимании роли и механизмов регуляторного действия NO, пути его биосинтеза в растительных организмах раскрыты далеко не полностью и остаются предметом жарких дискуссий. Анализ современных литературных данных позволяет выделить два принципиально различающихся механизма образования NO в высших растениях: окислительный или аргинин-зависимый путь, и восстановительный или нитрат/нитрит-зависимый путь. В первом случае продукция оксида азота происходит при взаимодействии аргинина с кислородом, протекающем с образованием цитруллина и высвобождением молекулы NO. Однако ферменты, отвечающие за окислительное образование NO в высших растениях, пока не идентифицированы. Наиболее хорошо изученным у растений является нитрит-зависимое образование NO, в котором особая роль принадлежит молибденосодержащим ферментам,

в частности нитратредуктазе NR (Nitrate Reductase) и амидоксимредуктазе mARC (mitochondrial Amidoxime Reducing Component). Свой вклад в продукцию NO могут вносить ксантиноксидоредуктаза XOR (xanthine oxidoreductase), альдегидоксидаза АО (aldehyde oxidase) и сульфидоксидаза SO (sulfite oxidase). Настоящий обзор посвящен детальному анализу основных механизмов образования NO в высших растениях.

Ключевые слова: оксид азота, регуляция метаболизма, аргинин-зависимый путь, нитрит-зависимый путь, нитратредуктаза, нитрит:NO-редуктазная активность.

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No 4

RESEARCH PAPERS

Analysis and Characterization of MADS-box Genes from *Davidia involucrata* Baill. and Regulation of Flowering Time in *Arabidopsis*

M. Sun^a, L. Zhu^a, L. Zeng^a, H. Yang^a, C. Cao^a, R. Wang^a, Y. Zhao^a, W. Wei^a, *

^aKey Laboratory of Bio-Resource and Eco-Environment of Ministry of Education, College of life sciences, Sichuan University, 610065 Chengdu, China.

*e-mail: 1304870884@qq.com

Received October 23, 2021; revised November 26, 2021; accepted November 30, 2021

Abstract – *Davidia involucrata* Baill. is a deciduous perennial tree. MADS-box genes are widely distributed in nature and play a key role in the growth and development of plants, especially in regulating the development of floral organs. In the present study, we have used transcriptomics to select 14 MADS-box genes differentially expressed in bract and leaf, followed by cloning and preliminary bioinformatics analysis. We predict that *DiMADS-1* and *DiMADS-2* belong to *AGL* and *FLC* respectively. Two key genes specifically expressed during *Davidia involucrata* flower development, *DiMADS-1* and *DiMADS-2*, were transformed into *Arabidopsis thaliana*. Flowering appeared earlier in *DiMADS-1* transgenic plants than in the wild type, whereas expression levels of some flowering promoters increased. *DiMADS-2* transgenic plants were shorter and flowering was delayed, consistent with an increase in expression of flowering inhibitory factors and a decrease in flowering promoting factors. Subcellular localization

displayed that both gene products were located in the nucleus. These results suggest that these two genes are involved in *Davidia involucrata* flowering time regulation.

Keywords: *Davidia involucrata*; MADS-box; flowering integrator; subcellular localization; genetic transformation.

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No 4

RESEARCH PAPERS

The Mechanism of MADS-box Gene *SIMBP3* Modulating Tomato Fruit Size

X. H. Guoa, b,* , H. Lia, L. L. Yina, W. Y. Liua, M. Naeemc, M. Guoa

aSchool of Life Sciences, Shanxi Datong University, Datong 037009, China.

bProtected Agricultural Technology Research and Development Center, Shanxi Datong University, Datong 037009, China.

cDepartment of Biotechnology, Mohi-ud-Din Islamic University, Nerian Sharif, 12080, AJ&K, Pakistan

*e-mail: xhguo201010@126.com

Received December 31, 2021; revised January 10, 2022; accepted January 10, 2022

Abstract—MADS-box transcription factors play important role in plant growth and development, especially floral organ identities and fruit development. In our study, a type II MADS-box gene *SIMBP3* of *Solanum lycopersicum* Mill. was isolated. Its tissue-specific expression profile analysis showed that *SIMBP3* was highly expressed in reproductive organs such as flower and fruit. Repressed expression of *SIMBP3* by RNAi (RNA interference) resulted in fruit developmental-related phenotypes, including reduced fruit size and non-liquefied pectin. Additionally, the seeds of the *SIMBP3*-RNAi lines displayed severe developmental deficiencies, such as abnormal seed morphology, reduced seed weight, and failed germination. Furthermore, we investigated the morphological, anatomical, and hormonal features of *SIMBP3*-RNAi transgenic fruits as well as potential molecular mechanisms for the fruit phenotypes. These results suggest that *SIMBP3* gene plays important role in regulating tomato fruit and seed development. Understanding the role of *SIMBP3* gene will not only extend the biological function of MADS-box genes, but also provide new insight into exploring further regulatory mechanisms of tomato fruit development.

Keywords: *Solanum lycopersicum*, fruit size, MADS-box transcription factor, *SIMBP3*

ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, 2022, том 69, № 4

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫЕ СТАТЬИ

УДК 581.1.575.113.1

ВЛИЯНИЕ СОДЕРЖАНИЯ КАРОТИНОИДОВ И АКТИВНОСТИ ГЕНА КАРОТИНОИД-ЦИС-ТРАНС-ИЗОМЕРАЗЫ CRTISO НА ОКРАСКУ ПЛОДА ТОМАТА

© 2022 г. Г. И. Ефремов^{a,*}, Е. А. Джос^{a, b}, А. А. Ашихмин^c, Е. З. Кочиева^a, А. В. Щенникова^a

^aИнститут биоинженерии Федерального исследовательского центра “Фундаментальные основы биотехнологии” Российской академии наук, Москва, Россия

^bФедеральный научный центр овощеводства, поселок ВНИИССОК, Россия

^cИнститут фундаментальных проблем биологии Российской академии наук – обособленное подразделение ФИЦ ПНЦБИ РАН, Пущино, Россия

*e-mail: gleb_efremov@mail.ru

Поступила в редакцию 27.12.2021 г.

После доработки 27.01.2022 г.

Принята к публикации 27.01.2022 г.

Томат *Solanum lycopersicum* L. является удобной моделью для изучения метаболизма каротиноидов, благодаря большому разнообразию каротиноид-опосредованной окраски спелого плода. Каротиноид-цис-транс-изомераза CRTISO катализирует реакцию цис-транс-изомеризации двойных связей, приводящую к образованию полностью-транс-ликопина – сильнейшего антиоксиданта среди каротиноидов и субстрата для последующего синтеза α -, β -каротинов и ксантофиллов. В работе было проанализировано 18 образцов сортов и линий томата, различающихся окраской спелого плода. Полученные биохимические данные продемонстрировали зависимость окраски плода от содержания и состава каротиноидов и наличия/отсутствия хлорофиллов. Проведенный *in silico* анализ экспрессии трех генов-гомологов CRTISO показал, что наибольший уровень экспрессии в плоде характерен только для гена CRTISO, который максимально транскрибируется на стадиях смены окраски (с зеленой на красную) и биологической спелости плода. Методом ПЦР-РВ показано отсутствие четкой корреляции между уровнем экспрессии гена CRTISO и суммой каротиноидов, что может объясняться различным количеством метаболитов, предшествующих проликопину.

Ключевые слова: *Solanum lycopersicum*, биосинтез каротиноидов в растениях, каротиноид-изомераза CRTISO, окраска плода томата

RESEARCH PAPERS

Preliminary Function Analysis of *PsSUT2* Involved in Sucrose Transportation in the Peony

Y. Li^a, R. Wang^a, X. Liu^a, J. X. Lu^a, Q. S. Yang^a *, and Y. H. Li^a **

^a College of Landscape Architecture and Art, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450002
China

*e-mail: 1992442715@qq.com

**e-mail: liyhany@163.com

Received November 14, 2021; revised December 07, 2021; accepted December 09, 2021

Abstract—The sucrose transporters (SUTs) belong to the MFS family, the largest known transporter family. In this study, we cloned cDNA encoding the sucrose transporter 2 (*PsSUT2*) from *Paeonia suffruticosa*, and found that the *PsSUT2* sequence was conserved during the evolution process through basic bioinformatics analysis. Through yeast transformation and subcellular localization experiment, it is shown that PsSUT2 protein had sucrose transport activity and was located in the plasma membrane. Overexpression vector of *PsSUT2* was transformed into *Arabidopsis thaliana* and *Petunia hybrida* heterologously, and the results showed that *PsSUT2* could promote their vegetative growth and accelerated the accumulation of sucrose in *Arabidopsis* sink organs. At the same time, transgenic *Arabidopsis* could effectively utilize exogenous high-concentration sucrose. Overexpression of the *PsSUT2* gene had all promoted early flowering of *Arabidopsis* and petunia, indicating that the *PsSUT2* gene might be involved in the signal transduction process during the flowering process.

Keywords: *Paeonia suffruticosa*, heterologous expression, *PsSUT2* gene, subcellular localization, sucrose transportation, transgenic plants

RESEARCH PAPERS

Flavonoids Composition and Transcriptome Analysis in Herbaceous Peony (*Paeonia lactiflora*) of Double-Colored Flowers

X. Wang^a, Y. H. Tang^a, Y. T. Luan^a, H. C. Zhang^b, D. Q. Zhao^a, and J. Tao^a *

^aCollege of Horticulture and Plant Protection, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China

^bInstitute of Horticulture, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450000, China

*e-mail: taojun@yzu.edu.cn; taojunyzu@163.com

Received November 09, 2021; revised November 24, 2021; accepted November 24, 2021

Abstract—Herbaceous peony (*Paeonia lactiflora* Pall.) is a traditional flower, famous in China, which owns highly ornamental value due to its various colors, especially double-colored species. However, the researches on color formation of double colored are rare reported. In this study, the *P. lactiflora* variety ‘Hebao Jinlian’ with red-yellow inner double colored petals was used as materials. The anatomical structure and flavonoid components were observed and determined. It was found that colored cells were mainly distributed in the upper and lower epidermis, six kinds of flavonoid components were identified. The total amount of anthocyanins and anthoxanthins decreased gradually with the growth of flowers, and the content in the outer petals was higher than that in the inner petals. Furthermore, by transcriptome sequence, the differential expression genes (DEGs) of outer and inner petals were enriched in flavonoid biosynthesis, phenylpropane biosynthesis and so on at four developmental stages. The accuracy of transcriptome sequence was verified by the expression pattern of DEGs detected by quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR). Combined the analyses of flavonoid assay with transcriptome sequence, the synergistic effect of chalcone synthase (*CHS*), flavonoid 3-hydroxylase (*F3H*) and anthocyanidin synthase (*ANS*) may be the main reason for the formation of red outer petals, while the expression of chalcone isomerase (*CHI*) and flavonol synthase (*FLS*) were conducive to the formation of yellow inner petals. The results will lay a foundation for clarifying the color mechanism of double colored petals of *P. lactiflora*, and also provide a reference for the study of flower color in other ornamental plants.

Keywords: *Paeonia lactiflora*, double colored flower, flavonoids, transcriptome, qRT-PCR

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No. 4

RESEARCH PAPERS

Polyamines conjugated to plasma membrane were involved in melatonin-mediated resistance of apple (*Malus pumila* Mill.) fruit to chilling stress

Q. Y. Dong^a, Y. Lai^a, C. M. Hua^a, H. P. Liu^{a, b, *}, and R. Kurtenbach^a

^a *College of Life Science and Agronomy/Henan Key Laboratory of Crop Molecular Breeding and Bioreactor, Zhoukou Normal University, Zhoukou Henan 466001, P.R. China*

^b *College of Forestry, Beijing Forestry University, Beijing 100083, P.R. China*

**e-mail: liuhuaipan2013@126.com*

Received November 12, 2021; revised December 08, 2021; accepted December 09, 2021

Abstract — It has been well documented that polyamine is associated closely with environmental stresses and melatonin pretreatment enhances the resistance of fruit to cold stress. However, mechanism underlining melatonin-mediated chilling resistance remains to be explored. Therefore, in the research, flesh browning degree, relative plasma membrane permeability, malondialdehyde and protein sulfhydryl content in plasma membrane were used to assess the resistance of apple fruit to chilling stress. The polyamine conjugated to plasma membrane of melatonin-pretreated apple (*Malus pumila* Mill.) fruit flesh cell was elucidated under chilling stress. The results showed that melatonin pretreatment led to obvious increases in the contents of conjugated non-covalently spermidine and spermine, and conjugated covalently putrescine and spermine in plasma membrane of apple fruit under chilling stress, compared with the apple fruit without melatonin pretreatment. Methylglyoxyl-bis (guanylhydrazone) pretreatment could inhibit the melatonin-induced increases of conjugated non-covalently spermidine and spermine by inhibiting the activity of *S*-adenosylmethionine decarboxylase and free spermidine and spermine contents in flesh, coupled with the decrease in chilling resistance. Similarly, phenanthroline pretreatment could inhibit the melatonin-induced increases in putrescine and spermidine covalently conjugated to plasma membrane by inhibiting transglutaminase activity in flesh, simultaneously aggravating chilling damage. From the results collectively, it should be suggested the melatonin pretreatment could enhance chilling resistance by increasing non-covalently conjugated spermidine and spermine, and covalently conjugated putrescine and spermine in plasma membrane of apple fruit.

Keywords: Malus pumila, apple, chilling stress, conjugated polyamines, plasma membrane

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫЕ СТАТЬИ

УДК 581.1

**УЧАСТИЕ ОКСИДА АЗОТА В РЕАЛИЗАЦИИ СТРЕСС-ПРОТЕКТОРНОГО
ДЕЙСТВИЯ КАДАВЕРИНА НА ПРОРОСТКИ ПШЕНИЦЫ ПРИ ГИПЕРТЕРМИИ
И ЕГО СВЯЗЬ С ДРУГИМИ СИГНАЛЬНЫМИ ПОСРЕДНИКАМИ**

© 2022 г. А. И. Кокорев^а, М. А. Шкляревский^б, Ю. Е. Колупаев^{а, б, *}

^аИнститут растениеводства им. В. Я. Юрьева Национальной академии аграрных наук
Украины, Харьков, Украина

^бХарьковский национальный аграрный университет им. В. В. Докучаева, Харьков, Украина

*e-mail: plant.biology.knau@gmail.com

Поступила в редакцию 21.12.2021 г.

После доработки 25.12.2021 г.

Принята к публикации 25.12.2021 г.

Изучали влияние экзогенного кадаверина на теплоустойчивость этиолированных проростков пшеницы (*Triticum aestivum* L.) и возможную роль оксида азота, пероксида водорода и ионов кальция в проявлении его стресс-протекторного действия. Обработка корней интактных проростков 1 мМ кадаверином повышала их выживание после повреждающего прогрева (45°C, 10 мин). При этом отмечалось транзиторное увеличение содержания в корнях оксида азота и пероксида водорода. Повышения количества NO в корнях проростков не происходило в присутствии ингибитора окислительного пути синтеза оксида азота амингуанидина. Также влияние кадаверина на содержание NO в корнях проростков уменьшалось при обработке скавенджером пероксида водорода диметилтиомочевинной и ингибитором поступления кальция в цитозоль неомицином. При этом эффект повышения кадаверином содержания пероксида водорода в корнях частично устранялся антагонистами NO и модуляторами кальциевого гомеостаза. Обработка проростков диметилтиомочевинной, антагонистами NO и кальция снижала стресс-протекторное действие экзогенного кадаверина. Сделано заключение о роли NO и его

функциональных связей с АФК и ионами кальция в процессе повышения теплоустойчивости проростков пшеницы кадаверином.

Ключевые слова: *Triticum aestivum*, полиамины, кадаверин, оксид азота, пероксид водорода, кальций, теплоустойчивость

ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, 2022, том 69, № 4

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫЕ СТАТЬИ

УДК 581.1

ВЛИЯНИЕ ПОВЫШЕННОЙ ТЕМПЕРАТУРЫ НА ОКИСЛЕНИЕ НАД-ЗАВИСИМЫХ СУБСТРАТОВ И АКТИВНОСТЬ АЛЬТЕРНАТИВНОЙ ОКСИДАЗЫ В МИТОХОНДРИЯХ СЕМЯДОЛЕЙ ЛЮПИНА

□ 2022 г. А. Г. Шугаев^{a,*}, П. А. Буцанец^a, Н. А. Шугаева^a

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт физиологии растений им. К. А. Тимирязева Российской академии наук, Москва, Россия

*e-mail: ag-shugaev@ifr.moscow

Поступила в редакцию 10.12.2021 г.

После доработки 18.01.2021 г.

Принята к публикации 18.01.2022 г.

Исследовали влияние температуры в диапазоне 20–40°C на окисление малата и других НАД-зависимых дыхательных субстратов, а также на активность альтернативной CN-резистентной оксидазы в митохондриях, изолированных из семядолей проростков люпина (*Lupinus angustifolius* L.). Анализировали реакцию митохондрий на повышение температуры среды инкубации в условиях *in vitro*, а также изменения метаболической активности органелл, выделенных из проростков, подвергнутых действию повышенной температуры в условиях *in vivo*. Обнаружено, что с увеличением температуры среды инкубации (20–30°C) происходило увеличение скорости поглощения кислорода митохондриями при окислении малата в присутствии глутамата в активном фосфорилирующем состоянии (состояние 3) и, в меньшей степени, в состоянии 4 (в отсутствие АДФ). При этом интенсификация дыхания митохондрий с увеличением температуры происходила исключительно за счет активации цитохромного пути переноса электронов в ЭТЦ. Заметное торможение альтернативного пути дыхания обнаружено при температуре 35–40°C. Показано, что в условиях гипертермии (35–40°C) при окислении

малата наблюдался эффект “улучшения” (conditioning) параметров процесса окислительного фосфорилирования в ходе нескольких добавок АДФ. После второй добавки 100–200 мкМ АДФ существенно увеличивалась скорость окисления субстрата в состоянии 3 и повышался коэффициент дыхательного контроля (ДК). Аналогичные изменения дыхания митохондрий в условиях гипертермии были обнаружены при окислении других НАД-зависимых субстратов, но они не проявлялись при окислении сукцината, катализируемого комплексом II ЭТЦ. Окисление малата при 25 или 35°C в митохондриях семядолей проростков люпина, подвергнутых действию высокой температуры (35°C в течение 12 ч) в условиях *in vivo*, также характеризовалось резким снижением скорости состояния 3 и величины ДК после добавки АДФ, которые восстанавливались в ходе нескольких циклов фосфорилирования. Окисление малата и других НАД-зависимых субстратов, катализируемое комплексом I, после прогревания митохондрий при 40°C в присутствии 10 мМ MgCl₂ существенно ингибировалось и осуществлялось с участием ротенон-нечувствительных НАД·Н-дегидрогеназ. Полученные результаты позволяют предположить, что наиболее вероятной причиной торможения окисления НАД-зависимых субстратов в митохондриях семядолей люпина при высокой температуре является обратимый переход комплекса I из активной в неактивную форму (A/D трансформация). Обсуждается возможное физиологическое значение подобного механизма регуляции дыхания растений в ответ на неблагоприятные условия окружающей среды.

Ключевые слова: *Lupinus angustifolius*, семядоли люпина, митохондрии, окисление малата, альтернативная оксидаза, гипертермия, комплекс I

ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, 2022, том 69, № 4

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫЕ СТАТЬИ

УДК 581.1

УСТОЙЧИВОСТЬ И СПОСОБНОСТЬ К НАКОПЛЕНИЮ НИКЕЛЯ У РАСТЕНИЙ РАЗЛИЧНЫХ ПОПУЛЯЦИЙ ГИПЕРАККУМУЛЯТОРА *Noccaea caerulea*

© 2022 г. И. В. Серегин^{a,*}, А. Д. Кожевникова^a, Х. Схат^{b,c}

^aФедеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт физиологии растений им. К. А. Тимирязева Российской академии наук, Москва, Россия

^bСвободный Университет, Амстердам, Нидерланды

^cУниверситет Вагенингена, Вагенинген, Нидерланды

*e-mail: ilya_seregin@mail.ru

Поступила в редакцию 18.01.2022 г.

После доработки 20.01.2022 г.

Принята к публикации 20.01.2022 г.

В работе проведен сравнительный анализ способности к накоплению никеля (Ni) гипераккумулятором *Noccaea japonica* (H. Boissieu) F.K. Mey с ультраосновной (серпентиновой) почвы и растениями 16 популяций гипераккумулятора *Noccaea caerulescens* F.K. Mey, произрастающих в природе на ультраосновных (серпентиновых), каламиновых и неметаллоносных почвах. Растения выращивали в течение 2 недель на 0.5 N растворе Хогланда без добавления Ni с последующей инкубацией в течение 6 недель в присутствии NiSO₄ в нетоксичной концентрации (1 мкМ). Содержание Ni в корнях и побегах определяли методом атомно-абсорбционной спектрофотометрии. У *N. japonica* содержание Ni в побегах было существенно ниже, чем в корнях, и ниже, чем в побегах у растений *N. caerulescens* из популяций с серпентиновых почв. Способность растений разных популяций *N. caerulescens* накапливать Ni в корнях в расчете на единицу массы уменьшалась в ряду: Puente Basadre ≈ Le Coulet > St-Baudille ≈ Cira ≈ Prémanon > Viviez ≈ Monte Prinzera > Les Avignières > Moravskoslezské > Le Bleynard ≈ Krušné Hory ≈ Wilwerwiltz ≈ La Calamine ≈ St-Félix-de-Pallières ≈ Kuopio > Prayon. Значение фактора транслокации у *N. japonica* практически не отличалось от представителей популяции *N. caerulescens* с серпентиновой почвы Puente Basadre, а у растений разных популяций *N. caerulescens* колебалось в широких пределах. Наибольшее среднее значение фактора транслокации было получено для растений популяций Monte Prinzera серпентиновой группы и Krušné Hory и Kuopio из группы с неметаллоносных почв, а наименьшее значение – у растений популяций La Calamine и Prayon каламиновой группы. Корреляции между содержанием Ni в корнях и побегах у *N. caerulescens* не было найдено, тогда как между способностью накапливать Ni в корнях и устойчивостью растений была обнаружена значительная положительная корреляция. Высокая устойчивость к Ni растений популяций с серпентиновых почв, по-видимому, объясняется высокой эффективностью детоксикации Ni в корнях и напрямую не связана с эффективностью его транслокации из корней в побеги.

Ключевые слова: *Noccaea caerulescens*, *Noccaea japonica*, никель, аккумуляция, корень, устойчивость

ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, 2022, том 69, № 4

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫЕ СТАТЬИ

УДК 581.1

ВКЛАД ИСКУСТВЕННО СИНТЕЗИРОВАННОГО ФИТОХЕЛАТИНА,
КОДИРУЕМОГО ГЕНОМ *PPH6HIS*, В ПОВЫШЕНИЕ ФИТОРЕМЕДИАТИВНЫХ
КАЧЕСТВ РАСТЕНИЙ ТАБАКА

© 2022 г. З. Р. Вершинина^{a, b, *}, Д. Р. Масленникова^{a, b}, О. В. Чубукова^{a, b},
Л. Р. Хакимова^{a, b}, В. В. Федяев^{c, d}

^aИнститут биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского
федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфа, Россия

^bФедеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего
образования “Уфимский государственный нефтяной технический университет”, Уфа,
Россия

^cФедеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего
образования “Башкирский государственный университет”, Уфа, Россия

^dИнститут биологии – обособленное структурное подразделение Уфимского
федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфа, Россия

*e-mail: zilyaver@mail.ru

Поступила в редакцию 12.12.2021 г.

После доработки 13.01.2022 г.

Принята к публикации 17.01.2022 г.

Изучали линии трансгенных растений *Nicotiana tabacum* L., экспрессирующие искусственно синтезированный ген *PPH6HIS*, с целью оценить вклад продукта – металл связывающего пептида, кодируемого этим геном, в реализацию устойчивости трансформантов к воздействию кадмиевого стресса. В ходе работы были получены восемь линий с экспрессией *PPH6HIS*, доказанной с помощью вестерн-блот анализа с использованием анти-6His-антител. Анализ накопления кадмия в эксплантах и оценка степени повреждения регенерантов при действии ацетата кадмия показали, что линии трансгенных растений табака 13, 32 и 76 аккумулировали больше кадмия, чем другие трансформированные линии и контрольные растения. У этих трех линий наблюдались признаки устойчивости к кадмиевому стрессу, выражающиеся в сохранении регенерационного потенциала и значительно меньшем уровне хлороза листьев в сравнении с другими линиями и контролем. Эти данные позволяют сделать заключение, что продукт экспрессии гена *PPH6HIS* – металл связывающий пептид, может быть перспективным кандидатом для повышения аккумулятивных свойств потенциальных растений-фиторемедиантов.

Ключевые слова: *Nicotiana tabacum*, кадмий, пептид, тяжелые металлы, фиторемедиация, фитохелатин

ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, 2022, том 69, № 4

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫЕ СТАТЬИ

УДК 581.1

ВЛИЯНИЕ КАДМИЯ НА ГЕММО- И РИЗОГЕНЕЗ КАРЕЛЬСКОЙ БЕРЕЗЫ

© 2022 г. Л. В. Ветчинникова^{а, *}, А. Ф. Титов^{б, с}

^аИнститут леса – обособленное подразделение Федерального государственного бюджетного учреждения науки Федерального исследовательского центра “Карельский научный центр Российской академии наук”, Петрозаводск, Россия

^бИнститут биологии – обособленное подразделение Федерального государственного бюджетного учреждения науки Федерального исследовательского центра “Карельский научный центр Российской академии наук”, Петрозаводск, Россия

^сОтдел комплексных научных исследований Федерального государственного бюджетного учреждения науки Федерального исследовательского центра “Карельский научный центр Российской академии наук”, Петрозаводск, Россия

*e-mail: vetchin@krc.karelia.ru

Поступила в редакцию 15.12.2021 г.

После доработки 16.01.2022 г.

Принята к публикации 17.01.2022 г.

На примере культуры побегов карельской березы *Betula pendula* Roth var. *carelica* (Mercklin) Namet-Ahti *in vitro*, полученной из верхушечной меристемы вегетативных почек, проведено изучение влияния ионов кадмия (10^{-6} – 10^{-3} М) отдельно на геммогенез (формирование почек и последующее развитие из них пазушных побегов) и ризогенез (образование придаточных корней в основании побегов). Показано, что присутствие металла в питательной среде приводит не только к его накоплению в растущих побегах, но и к ингибированию геммогенеза и ризогенеза, степень которого зависела от

концентрации металла. При этом опыты выявили небольшое стимулирующее влияние кадмия в низких концентрациях (10^{-6} М) на геммогенез и его отсутствие в отношении ризогенеза. Увеличение концентрации металла в питательной среде до 10^{-5} М сопровождалось угнетением роста побегов, но без нарушения процессов закладки и формирования новых органов. Одновременно с этим выявлены определенные нарушения в работе фотосинтетического аппарата, которые, в частности, нашли отражение в снижении скорости ассимиляции CO_2 и уменьшении количества фотосинтетических пигментов. Кроме того, внесение кадмия в питательную среду заметно повлияло на жирнокислотный состав липидов в побегах и активность ацил-липидных десатураз. В частности, с увеличением концентрации металла от 10^{-6} до 10^{-4} М возрастала сумма насыщенных ЖК, хотя снижение индексов стеароил- (SDR), олеоил- (ODR) и линолеил- (LDR) десатуразных отношений отмечено только при использовании концентрации кадмия 10^{-4} М. Из полученных данных следует, что эффективность защитных механизмов, обеспечивающих геммогенез, выше таковых, обеспечивающих ризогенез. В целом принципиальное сходство в реакции на действие кадмия культуры тканей и органов *in vitro* и интактных растений позволяет сделать вывод, что она является удобным инструментом для решения многих вопросов, касающихся металлоустойчивости древесных растений.

Ключевые слова: *Betula pendula* var. *carelica*, *in vitro*, геммогенез, жирнокислотный состав липидов, кадмий, пигменты, ризогенез, фотосинтез

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No 4

RESEARCH PAPERS

Comparison between Photosynthesis and Growth Indicators of C₄ and C₃ Grasses as Influenced by Wastewater

Y. Selahvarzi^{a,*}, M. Kamali^a, A. Oraee^a, S. Sarfaraz^a and M. Zabih^a

^a*Department of Horticultural Science and Landscape, Ferdowsi University of Mashhad, Iran*

**e-mail: selahvarzi@um.ac.ir*

Received April 03, 2021; revised November 15, 2021; accepted November 26, 2021

Abstract – The use of treated wastewater is one of the ways to resolve a lack of water concerns. In this study, different responses of two kinds of grasses (C₃: *Lolium perenne* L. and C₄:

Cynodon dactylon L.) and four levels of wastewater (control, 25, 50, 75, and 100%) were evaluated at morphological and physiological levels. The concentration of Cd, Cr, Ni, As, and Cu elements significantly increased in leaf tissue under the toxic levels of wastewater (100%). The results showed that P_n , T_r , g_s , WUE_i, and chlorophyll significantly increased when grasses were under 50% wastewater treatment. Plants growth parameters including root, and shoot dry weights exhibited a significant increase under low concentration of wastewater while photosynthetic index and growth parameters showed a high reduction under high wastewater concentration. The results showed that by the handling of wastewater and the utilize of suitable concentrations, this unusual water source can be used for irrigation of grasses that need high water demands such as *Lolium perenne* and *Cynodon dactylon*.

Keywords: *Lolium perenne*, *Cynodon dactylon*, wastewater, photosynthetic indices

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No 4

RESEARCH PAPERS

Enhancing Effect of Titanium Dioxide Nanoparticles on Growth, Phenolic Metabolites Production and Antioxidant Potential of *Ziziphora clinopodioides* Lam.

A. Asadi^a, M. Cheniany^{a,*}

^a*Department of Biology, Faculty of Science, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran*

^{*}*e-mail: cheniany@um.ac.ir; monireh.cheniany@gmail.com*

Received November 20, 2021; revised December 07, 2021; accepted December 18, 2021

Abstract – Nowadays, the application of nanoparticles as a novel elicitor has been studied from various aspects, including possible enhancement of the production of different secondary metabolites and endogenous antioxidant properties of medicinal plants. The objective of this work was to evaluate the foliar application of titanium dioxide nanoparticles (TiO₂NPs) on the growth, some physiological traits, and in particular, the content of different groups of phenolic compounds (i.e., the total phenol content, *ortho*-diphenols, phenolic acids, flavonoids, and proanthocyanidin), and the antioxidant capacity of *Ziziphora clinopodioides* Lam. at two harvest time. Three-month-old plants were foliar sprayed with 10, 60 and 120 mg/L TiO₂ NPs and harvested at two time points (T1 = 7 d and T2 = 14 d after elicitation). Although 60 mg/L TiO₂ NPs caused the maximum value for the length and weight of aerial parts and roots as well as the contents of chlorophyll *a*, chlorophyll *b*, and carotenoids at 14 d after foliar-applied nanoparticles, the highest chlorophyll *a/b* ratio was recorded under 10 mg/L TiO₂ NPs treatment

at both harvest time. With the higher content of all phenolic derivatives at the second harvest time in comparison to the first one, 60 mg/L TiO₂ NPs was found to be optimum in creating the maximum accumulation of phenolic and flavonoid composition with the respective average values of 1.261 ± 0.15 mg/g fr wt and 1.04 ± 0.13 mg/g fr wt. A strong correlation between antioxidant activity (TAC, DPPH, and FRAP values) and enhanced phenolic compounds of NP-elicited plants was noticeable. Due to the increased phenolic compositions and antioxidant activity of *Z. clinopodioides*, it could be assumed that the use of TiO₂ NPs enhances the medicinal value of *Ziziphora*. However, TiO₂ NPs inhibitory impact at high concentrations should not be neglected.

Keywords: *Ziziphora clinopodioides*, antioxidant capacity, DPPH, flavonoid, foliar application, nanoparticles, polyphenols.

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No 4

RESEARCH PAPERS

Heterogeneous Salt Concentrations in Soil Affects *Pyrus Calleryana* Decne. Growth

Y. Li^{a, b}, H. Wei^{a, b, c, *}, Z. Wang^{a, c}, Q. Yang^{a, c}, J. Zhou^a and L. Wang^a

^a*Shandong Academy of Forestry Sciences, Ji'nan 250014, China*

^b*Forest Ecosystem Research Station of the Yellow River Delta in Shandong Ecological, Dongying 257000, China*

^c*Restoration Engineering Research Center for Coastal Saline-Alkali Land, Dongying 257000, China*

*e-mail: weihaixia99@163.com

Received; revised December 20, 2021; accepted December 21, 2021

Abstract – The uneven salt distribution in soil plays an important role in regulating plant growth. To explore the effect of heterogeneous soil salt stress on the growth of *Pyrus calleryana* Decne., container seedlings were placed in a split-root container for salt stress treatment. Five salt stress root treatments were performed, including a control non-salt stress treatment, two localized salt stress treatments, and two whole-root uniform salt-stress treatments. Our results indicate that salt stress was directly related to the reduced growth and photosynthesis. Seedlings

under localized salt stress treatments (0/100 and 0/200) showed significantly larger increases in biomass than those under uniform salt stress treatments (100/100 and 200/200). Under localized salt stress treatment (0/100), the compensatory growth of fine roots ($d < 2$ mm) occurred in the salt-free side of the plant container, and the fine root biomass, root length, surface area, root volume, root tip number, branch number, and crossing number on the non-salt-stressed side were significantly higher compared to those on the salt-stressed side. Under the localized salt-stress treatment of 0/200, the salt concentration exceeded the lethal concentration for roots, which led to the growth of fine roots on the salt-free side. Our results indicate that the compensatory growth of L-side fine roots increased the photosynthetic rate and dry matter accumulation, and reduced the inhibition on the growth of *Pyrus calleryana* under local salt stress compared with uniform salt stress.

Keywords: *Pyrus calleryana*; localized salt stress; biomass; photosynthesis; root distribution

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No. 4

RESEARCH PAPERS

Insights on the Adaptation of the Tunisian Halophyte *Sulla carnosa* to Fe Deficiency Alone and in Combination with Salicylic Acid Seed Priming

N. Jelali^a *, R. B. Youssef^a, N. Boukari^a, and C. Abdelly^a

^aLaboratory of Extremophile Plants, Centre of Biotechnology of Borj-Cedria, Hammam-Lif, Tunisia

**email: nahidajelali@gmail.com*

Received October 17, 2021; revised December 01, 2021; accepted December 09, 2021

Abstract—Improving forage crops performance under iron (Fe) deficiency conditions is challenging, thus besides genotypic screening new approaches are required. Among these new approaches, priming technique is eco-friendly, efficient and cost effective. The aim of this study was to evaluate the remedial effect of salicylic acid (SA 0.25 mM) seed priming on plant growth, ionic content, in addition to the photosynthetic capacity under different Fe concentration conditions in two *Sulla carnosa* cultivars ‘Sidi Khlif’ and ‘Kalbia’, with different tolerance to such constraint. Under unprimed conditions, Fe deficiency reduced shoot relative growth rate (RGR), Fe and potassium (K) contents along with chlorophyll concentration in both cultivars, compared to the control. Nevertheless, *S. carnosa* was able to maintain root RGR under these unfavorable conditions. Additionally, Fe deficiency affected differently the gas exchange parameters. Interestingly, priming seeds with SA improved growth performance, as well as Fe

and K uptake of deficient *S. carnososa* plants via simulating the medium acidification. The changes above described in all physiological parameters were much less pronounced in ‘Sidi Khlif’ than in ‘Kalbia’. We conclude that SA seed priming had a positive effect on the physiological behavior of *S. carnososa* plants subjected to Fe deficiency. However, the degree of recover varied depending on the cultivar and the plant tissue. Mitigation of Fe deficiency by SA could be in part due to the aptitude to assure an enhanced plant growth and the adjustment of photosynthetic activity promoting more effective nutrient assimilation.

Key words: *Sulla carnososa*, salicylic acid, iron deficiency stress, seed priming, photosynthetic pigments

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No. 4

RESEARCH PAPERS

Impact of Static Magnetic Field on the Callogenesis, Phytochemical Production and Antioxidant enzymes in *Anthemis gilanica*

M. Nasiria, H. Hassanpourb, *, M. Sorahinobar, and V. Niknama

a School of Biology, College of Science, and Center of Excellence in Phylogeny of Living Organisms in Iran, University of Tehran, Tehran, Iran

b Aerospace Research Institute, Ministry of Science Research and Technology, Tehran 14665-834, Iran

c Department of Plant Sciences, Faculty of Biological Sciences, Alzahra University, Tehran, Iran

**e-mail: hassanpour@ari.ac.ir*

Received September 30, 2021; revised December 05, 2021; accepted December 06, 2021

Abstract—In the present study, impact of static magnetic field (SMF) on callus growth, lipid peroxidation and antioxidative defense system of *Anthemis gilanica* were investigated. The in vitro hypocotyl explants were placed in Murashige and Skoog medium supplemented with 0.5 mg L⁻¹ of kinetin and 2 mg L⁻¹ of NAA, and then exposed to different intensities of SMF (0, 2, 4, and 6 mT) for 1 h. SMF increased callus fresh and dry weights, protein, and proline content, especially at 4 and 6 mT, and decreased lipid peroxidation and H₂O₂ levels comparing to control. Antioxidant enzyme activities including peroxidase, catalase (CAT), superoxide dismutase (SOD), ascorbate peroxidase, and polyphenol oxidase were promoted significantly under SMF. The electrophoretic pattern of CAT and SOD isozymes showed that the intensity of isoform bands increased under SMF and the isoforms of Cu/Zn-SOD and CAT3 displayed the main role in SOD and CAT activities to scavenge the free radicals. Also, SMF increased significantly total phenol, flavonoid, flavonol, and anthocyanin contents and following DPPH scavenging activity were promoted. It seems that SMF can be used as an efficient elicitor for the supportable production of biomass and bioactive compounds in medicinal plant cells.

Keywords: *Anthemis gilanica*, antioxidative enzymes, phenolic compounds, lipid peroxidation, proline

**ХАРАКТЕРИСТИКА ВАКУОЛЯРНЫХ ВКЛЮЧЕНИЙ В КЛЕТКАХ ЗЕЛеноЙ
МИКРОВОДОРОСЛИ *Coelastrella rubescens* NAMSU R1 НА СВЕТУ НИЗКОЙ И
ВЫСОКОЙ ИНТЕНСИВНОСТИ**

© 2022 г. А. А. Зайцева^{а,*}, П. А. Зайцев^{а,б}, О. А. Горелова^а, Д. А. Бахарева^а, Е. С.
Лобакова^{а,с}

^аБиологический факультет Московского государственного университета имени М.В.
Ломоносова, Москва, Россия

^бФедеральное государственное бюджетное учреждение науки Федеральный
исследовательский центр химической физики им. Н. Н. Семенова Российской академии
наук, Москва, Россия

^сФедеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт физиологии
растений им. К. А. Тимирязева Российской академии наук, Москва, Россия

*e-mail: anna.kublanovskaya@gmail.com

Поступила в редакцию 09.12.2021 г.

После доработки 15.12.2021 г.

Принята к публикации 16.12.2021 г.

Coelastrella rubescens Kaufnerová & Eliás (Chlorophyceae) – зеленая одноклеточная водоросль, обитающая в наземно-воздушной среде. В условиях стресса ее клетки переходят в состояние, характеризующееся низкой фотосинтетической активностью, высоким содержанием резервных липидов и вторичных каротиноидов. Впервые проведен сравнительный морфологический, ультраструктурный и элементный анализ вакуолярных включений у штамма *C. rubescens* NAMSU R1 при культивировании на минеральной среде в условиях низкой и высокой (вызывающей стресс) интенсивности освещения. Клетки микроводоросли, окрашенные флуоресцентным красителем DAPI, обнаруживали признаки присутствия полифосфатов. Методом поляризационной микроскопии в клетках *C. rubescens* выявлены структуры, способные преломлять поляризованный свет, что характерно для кристаллов. Анализ клеток *C. rubescens* методом просвечивающей электронной микроскопии (ПЭМ) выявил наличие разнообразных вакуолей с гетерогенным содержимым (аутофагические тела, кристаллоиды и округлые глобулы неоднородной электронной плотности). За исключением аутофагических тел, отмеченных

в клетках только на ярком свете, данные включения были характерны для клеток микроводоросли независимо от интенсивности освещения. Методом ПЭМ в сочетании с энергодисперсионной рентгеновской спектроскопией охарактеризован элементный состав вакуолярных включений: установлено преобладающее содержание в них азота, фосфора или обоих элементов одновременно. Обсуждается потенциальная физиологическая роль вакуолярных включений *C. rubescens*.

Ключевые слова: *Coelastrella rubescens*, каротиногенные микроводоросли, полифункциональные вакуоли, полифосфаты, азотные включения, аналитическая электронная микроскопия

ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, 2022, том 69, № 4

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫЕ СТАТЬИ

УДК 581.1

РАЗВИТИЕ ПРОРОСТКОВ БУРОЙ ВОДОРОСЛИ *FUCUS DISTICHUS* SUBSP. *EVANESCENS* (FUCALES, PHAEOPHYCEAE) В УСЛОВИЯХ ИЗБЫТОЧНОГО СОДЕРЖАНИЯ СВИНЦА И КАДМИЯ

© 2022 г. А. В. Климова^а*, Р. Г. Болотова^а, Т. А. Ключкова^а

^аКамчатский государственный технический университет, Петропавловск-Камчатский,
Россия

*e-mail: annaklimovae@mail.ru

Поступила в редакцию 16.07.2021 г.

После доработки 01.12.2021 г.

Принята к публикации 03.12.2021 г.

Исследовано воздействие повышенного содержания свинца и кадмия в искусственной среде на рост и морфогенез проростков бурой водоросли *Fucus distichus* subsp. *evanescens*. В работе было установлено, что при содержании свинца в среде свыше 100 мкг/л и кадмия – 60 мкг/л у проростков фукуса отмечалось существенное подавление ростовых процессов. При этом скорость роста водорослей не восстанавливалась после их длительной экспозиции в среде без добавления металлов. Высокое содержание свинца и кадмия приводило к тератологическим изменениям в эмбриогенезе фукуса: нарушению формирования оси роста, аномальному развитию ризоидальной зоны и образованию вне- и внутриклеточных отложений металлов. Полученные результаты могут быть

использованы в санитарной марикультуре при очистке прибрежных акваторий с использованием *F. distichus*, поскольку даже для ранних стадий развития этого вида характерна устойчивость к длительному воздействию высоких концентраций солей Рb и Cd в водной среде.

Ключевые слова: *Fucus distichus* subsp. *evanescens*, Fucales, кадмий, свинец, абсолютная скорость роста, аномалии развития, номинальные концентрации, ранние стадии развития, тяжелые металлы

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No. 4

RESEARCH PAPERS

Analysis of Different Resistant *Gossypium hirsutum* Inoculated with *Verticillium dahliae* Infection by small RNA and Degradome Sequencing

X. R. Li^{a, *}, F. Y. Chen^{a, b}, J. Wang^a, W. R. Hu^a, B. Li^a, Y. Yang^a, Z. Y. Ni^c, X. J. Chen^{a, **}

^a Xinjiang Key Laboratory of Crop Biotechnology, Institute of Nuclear and Biological Technology, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi 830091, China

^b Xinjiang Tacheng Normal School, Tacheng 834700, China

^c College of Agronomy, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China

*e-mail: lxr73f@163.com

**e-mail: chenxj713@163.com

Received June 21, 2021; revised January 05, 2022; accepted January 12, 2022

Abstract – This study aims to identify miRNAs and their potential targets involved in regulating the defense response of cotton verticillium wilt in different resistant *Gossypium hirsutum* varieties. RNA libraries and degradome libraries from control samples and infected roots of *G. hirsutum* (resistant cotton variety ‘Zhongmian-49’ and susceptible cotton variety ‘Junmian-1’) were constructed. High-throughput small RNA sequencing was used to identify and analyze miRNAs from two different resistant *G. hirsutum* varieties under different stress modes. Degradome sequencing was used to detect cleaved target genes. The real-time reverse

transcription-PCR (qRT-PCR) was used to verify the miRNAs and detect target genes related to growth, development and resistance. A total of 69 known miRNAs and 330 novel miRNAs were identified in all libraries. By comparing the expression levels of miRNAs in control samples and *V. dahliae* stress libraries, we found that there are 23 differentially expressed miRNAs in ‘Zhongmian-49’, and 62 differentially expressed miRNAs in ‘Junmian-1’. In addition, 615 degradation sites were identified in 615 target genes by degradome analysis. Bioinformatics analysis further showed that genes might be involved in the regulation of many cellular and molecular processes in the growth, development and resistance process of cotton. Finally, qRT-PCR further confirmed 8 target genes with potential roles in cotton growth and resistance regulation. This study shows that the resistant and susceptible varieties of *G. hirsutum* have different responses to *V. dahliae* inoculation at the miRNA level, and that miRNA may contribute to the successful defence of the resistant cultivars.

Keywords: *Verticillium dahliae*, *Gossypium hirsutum*, high-throughput sequencing, degradome sequencing, microRNA

ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, 2022, том 69, № 4

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫЕ СТАТЬИ

УДК 581.1:632.937

ВЛИЯНИЕ БАКТЕРИЙ *Bacillus subtilis* В СОЧЕТАНИИ С САЛИЦИЛОВОЙ И ЖАСМОНОВОЙ КИСЛОТАМИ НА ИЗМЕНЕНИЕ ПРОТЕОМА ЛИСТЬЕВ КАРТОФЕЛЯ ПРИ ИНФИЦИРОВАНИИ *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary И НЕДОСТАТКЕ ВЛАГИ

© 2022 г. Л. Г. Яруллина^{a,b,*}, В. О. Цветков^b, В. О. Хабибуллина^b, Е. А. Черепанова^a, Г. Ф. Бурханова^a, Е. А. Заикина^a, Ж. Н. Калацкая^c

^aИнститут биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского федерального исследовательского центра РАН, Уфа, Россия

^bФедеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования “Башкирский государственный университет”, Уфа, Россия

^cИнститут экспериментальной ботаники им. В. Ф. Купревича НАН Беларуси, Минск, Беларусь

*e-mail: yarullina@bk.ru

Поступила в редакцию 20.12.2021 г.

После доработки 17.01.2022 г.

Принята к публикации 17.01.2022 г.

Исследовали влияние бактерий *Bacillus subtilis* в сочетании с салициловой (СК) и жасмоновой (ЖАК) кислотами на изменение протеома листьев картофеля при инфицировании *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary и недостатке влаги. Растения, выращенные из микроклубней сорта Ранняя Роза, опрыскивали суспензией *B. subtilis* (10^8 клеток/мл) и смесью бактерий с СК (10^{-6} М), ЖАК (10^{-7} М), СК + ЖАК. Через 3 дня после обработки растения инфицировали *P. infestans* (10^5 спор/мл) и культивировали в условиях искусственно создаваемой почвенной засухи путем сокращения полива. При достижении влажности почвы $40 \pm 5\%$ от полной влагоемкости (7 сут. после инфицирования) растения фиксировали в жидком азоте для выделения белков и их анализа методами двумерного электрофореза и масс-спектрометрии. Выявлено снижение степени пораженности листьев картофеля *P. infestans* при обработке *B. subtilis* в сочетании с СК и ЖАК. В протеоме листьев показаны различия в содержании 14 белков в диапазоне рI от 4.0 до 9.0 с молекулярными массами от 30 до 125 кДа. Наиболее существенные изменения в спектре растительных белков выявлены в здоровых растениях, обработанных *B. subtilis*, и в инфицированных – в варианте сочетания *B. subtilis* с ЖАК. Качественные и количественные изменения наблюдались для белков, вовлеченных в процессы дыхания и реакции сверхчувствительности (СВЧ), энергетического обмена, синтеза вторичных метаболитов, защитных белков, оказывающих влияние на устойчивость растений к абиотическому и биотическому стрессу. Протеомный анализ выявил важные белки, участвующие в механизме ответных реакций картофеля на обработку *B. subtilis* и инфицирование *P. infestans*, хотя точные функции идентифицированных белков и их потенциальное влияние на устойчивость растений картофеля к *P. infestans* и недостатку влаги еще предстоит выяснить.

Ключевые слова: *Solanum tuberosum*, *Phytophthora infestans*, *Bacillus subtilis*, салициловая кислота, жасмоновая кислота, протеом, масс-спектрометрия, индуцированная устойчивость