

ЗАЩИТНЫЕ ПЕПТИДЫ ПШЕНИЦЫ

Одинцова Т.И., Слезина М.П., Коростылева Т.В., Истомина Е.А.,
Славохотова А.А.

ФГБУН Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва
odintsova2005@rambler.ru

Для защиты от патогенов растения используют целый арсенал средств, таких как механическое укрепление клеточных стенок и синтез антимикробных соединений, к которым относятся фитоалексины и антимикробные белки и пептиды. Антимикробные пептиды (АМП) - важнейшие компоненты иммунной системы растений, которые обеспечивают «первую линию» обороны от патогенов.

Цель настоящей работы - исследование АМП высокоустойчивого вида пшеницы *Triticum kiharae* Dorof. et Migush. Из семян этого вида комбинацией хроматографических методов было выделено 25 новых АМП, которые относятся к известным семействам АМП растений, а также к новым структурным классам. Было выделено 13 дефензинов, для шести из которых были установлены полные аминокислотные последовательности и выявлены переменные участки молекул, по всей видимости, ответственные за специфичность антимикробного действия. Было обнаружено новое семейство 4-Цис пептидов, получивших название «хеапнины» и новое подсемейство 10-Цис гевиноподобных пептидов. Хеапнины представлены короткими пептидами (около 30 аминокислотных остатков), обладающими характерным цистеиновым мотивом. Исследование пространственной структуры этих пептидов методами ЯМР в растворе показало, что они представляют собой «шпильки», в которых два альфа-спиральных участка соединены между собой двумя дисульфидными связями. Показано, что хеапнины подавляют рост фитопатогенных грибов в микромолярных концентрациях. Клонирование генов хеапнинов пшеницы позволило установить, что они синтезируются в виде модульных предшественников, содержащих 5-7 АМП, различающихся по антимикробной активности. Выявлено усиление экспрессии генов хеапнинов в ответ на атаку патогенов. Помимо хеапнинов, в зерновках пшеницы было обнаружено новое семейство 10-Цис гевиноподобных пептидов, названных WAMPs. Для них характерен уникальный цистеиновый мотив, а также особая структура хитин-связывающего сайта. Была установлена пространственная структура пептида WAMP1 и выявлено сходство пептида с хитин-связывающим доменом хитиназ класса I растений. Определение нуклеотидной последовательности кДНК пептидов WAMP показало, что они кодируются в виде предшественников, состоящих из сигнального пептида, зрелого пептида и С-концевого продомена. Гены-гомологи *wamp* обнаружены у многих видов злаков. Все они имеют сходную общую структуру и консервативны по нуклеотидной последовательности, различаясь единичными заменами и вставками/делециями. Выявлено переменное положение 34 в последовательности зрелого пептида. Исследование биологической активности пептидов WAMP показало, что они являются специфическими ингибиторами секретируемых металлопротеиназ грибов рода *Fusarium*, причем эффективность ингибирования зависит от аминокислотного остатка в положении 34 последовательности пептида. Предложена модель взаимодействия растений пшеницы с патогенными грибами с участием пептидов WAMP и защитных хитиназ. Использование новейших технологий глубокого секвенирования транскриптомов пшеницы, а также биоинформатических подходов к поиску АМП-подобных генов в данных секвенирования позволило выявить около 150 генов АМП, что значительно расширяет представление о биоразнообразии экспрессирующихся АМП у пшеницы и открывает новые возможности отбора перспективных генов для селекции на устойчивость. Работа поддержана грантами РФФИ (№ 15-04-04680 и № 15-29-02480) и Программой фундаментальных исследований Президиума РАН "Биоразнообразие природных систем".