

**МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ УСТОЙЧИВОСТИ РАСТЕНИЙ
К БИОТИЧЕСКИМ И АБИОТИЧЕСКИМ ФАКТОРАМ ВНЕШНЕЙ СРЕДЫ.
СОЗДАНИЕ СТРЕССОУСТОЙЧИВЫХ РАСТЕНИЙ.
ПРОЕКТ № 59**

Координаторы: канд. биол. наук Кочетов А. В., д-р биол. наук Першина Л. А.,
д-р биол. наук Малиновский В. И.

Исполнители: ИЦиГ СО РАН, БПИ ДВО РАН

Создание и изучение иммунных линий мягкой пшеницы. Разработана схема создания иммунных линий сорта мягкой пшеницы Саратовская 29 на основе отдаленных скрещиваний мягкой пшеницы и синтетического амфидиплоида *Triticum timopheevii* × *Ae. tauschii* (AAGGDD, $2n = 42$), который является источником генов, контролирующих устойчивость растений к грибным болезням. Показано, что созданные иммунные линии имеют генетически обусловленные признаки комплексной устойчивости к мучнистой росе и бурой ржавчине, а также обладают высоким качеством зерна. По данным SSR-анализа, иммунные линии содержат фрагменты ядерного генома дикорастущих видов, интрогрессированные в ядерный геном сорта мягкой пшеницы Саратовская 29. Установлено, что эти линии содержат новые, ранее не описанные в мировой литературе эффективные *Lr*-гены, контролирующие устой-

чивость к бурой ржавчине. Созданные линии в качестве доноров генов, контролирующих адаптивные и хозяйственно-ценные признаки, переданы в селекционные центры Сибири.

Генетически модифицированные растения, устойчивые к абиотическим стрессам. Показано, что модификация метаболизма пролина с помощью антисмысловых супрессоров гена пролиндегидрогеназы позволяет получать ГМ-линии растений табака и картофеля, проявляющие высокую устойчивость к засолению, осмотическому и температурному стрессам. На основе этих данных был разработан новый подход, позволяющий получать солестойкие формы растений. Особенностью его является использование трансгеназа для экспрессии в растениях антисмысловых супрессоров пролиндегидрогеназы и прямой селекции трансформантов на стрессорных фонах, причем в генетических конструкциях не содержатся какие-либо белок-кодирующие гены и не используется чужеродная ДНК. Преимуществом таких «генетически модифицированных нетрансгенных растений» является значительно большая биологическая безопасность для окружающей среды.

Генетически модифицированные растения с повышенной устойчивостью к вирусной инфекции. Получены и охарактеризованы растения табака и картофеля, экспрессирующие секреторные нуклеазы *Bos taurus* и *Serratia marcescens*.

Обнаружено, что экспрессия гена панкреатической рибонуклеазы быка значительно увеличивает вирусостойчивость (см. таблицу).

Содержание антигена вируса табачной мозаики в листьях контрольных (SR1) и трансгенных (7-2, 7-3, 7-8) растений табака через три недели после заражения

TMV antigen content in the leaves of the control (SR1) and the transgenic tobacco (7-2, 7-3, 7-8) plants (three weeks after inoculation)

| Линия | Концентрация ВТМ в инокулируе, мкг/мл | | |
|-------|---------------------------------------|------------|-------------|
| | 0,001 | 0,01 | 0,1 |
| SR1 | 0 | 29,3 ± 3,6 | 146,5 ± 6,4 |
| 7-2 | 0 | 0 | 0 |
| 7-3 | 0 | 0 | 0 |
| 7-8 | 0 | 0 | 0 |

Эта работа впервые продемонстрировала, что экстраклеточные рибонуклеазы могут принимать участие в системе противовирусной защиты растений.

Оптимизация экспрессии трансгенов в растениях. Проведены исследования структурно-функциональной организации сигналов экспрессии генов растений и разработаны методы для оптимизации структуры чужеродных генов. Созданы информационные ресурсы для планирования генно-инженерных эксперимен-

тов на растениях, позволяющие оптимизировать частоты синонимических кодонов в белок-кодирующей области мРНК (<http://www.mgs2.bionet.nsc.ru/mgs/systems/transgene/>) и вторичную структуру в районе сигнала инициации трансляции (http://www.mgs.bionet.nsc.ru/mgs/programs/aug_hairpin/). Обнаружено, что значительная часть генов эукариот содержит вариант сигнала инициации трансляции, в структуре которого используется несколько стартовых кодонов.

Основные публикации

1. Лайкова Л. И., Арбузова В. С., Ефремова Т. Т., Попова О. М. Изучение антоциановой окраски стебля и пыльников у растений мягкой пшеницы// Генетика. 2005. Т. 41. С. 1428—1434.
2. Kochetov A. V., Sarai A., Rogozin I. B., Shumny V. K., Kolchanov N. A. The role of alternative translation start sites in generation of human protein diversity// Mol. Genet. Genomics. 2005. V. 273. P. 491—496.
3. Kochetov A. V., Sarai A. Translational polymorphism as a potential source of plant proteins variety in *Arabidopsis thaliana*// Bioinformatics. 2004. V. 20. P. 445—447.
4. Нумерова О. М., Перишина Л. А., Салина Е. А., Шумный В. К. Выявление хромосом ячменя с использованием метода геномной *in situ* гибридизации в геноме беккроссных потомков ячменно-пшеничных амфиплоидов [*Hordeum geniculatum* All. ($2n = 28$) \times *Triticum aestivum* L. ($2n = 42$)] ($2n = 70$)// Генетика. 2004. Т. 40. С. 1229—1233.