

**МЕЖДУНАРОДНАЯ
КОНФЕРЕНЦИЯ
«PLANT ABIOTIC
STRESS TOLERANCE»
ВЕНА, АВСТРИЯ,
2009 ГОД**

В период с 8 по 11 февраля 2009 года в городе Вена (Австрия) проходила международная конференция «Plant Abiotic Stress Tolerance», посвященная устойчивости растений к абиотическим стрессам.



Венский музей истории искусства

**Супрунова Т.П.,
Шмыкова Н.А.**
*ГНУ Всероссийский НИИ
селекции и семеноводства
овощных культур,
лаборатория
биотехнологии
143080 Московская область,
Одинцовский район,
п. ВНИИССОК
Тел (495)599-24-42
E-mail: vniissok@mail.ru*

Конференция проводилась на базе Венского университета. Организационный комитет представлял собой интернациональную команду из Австрии, США, Финляндии, Японии и Германии. Спонсорами конференции были 17 биотехнологических и семеноводческих фирм и компаний из Европы и США – RIJK ZWAAN, GENOMEPRAIRIE, MONSANTO IMAGINE, BAYER CROPS SCIENCE, DOW AGROSCIENCE, CLF-PLANT CLIMATICS, AGRISERA, AREGENT, SYSTAT, CONVIRON, LEMNATEC, SZABOSCANDIC, WALZ, QSRESEARCH, HANSATECH, AGOWAGENOMICS. В конференции приняли участие 437 представителей из 49 стран.

Научная программа конференции предлагала широкий спектр пленарных и постерных докладов, охватывающий полный диапазон как базовых, так и прикладных дисциплин, которые призваны решать проблему устойчивости

растений к абиотическим стрессам.

Программа включала семь пленарных заседаний, посвященных следующим темам: «Реакция растения на холодной и высокотемпературный стрессы», «Реакция растения на засуху, солевой и осмотический стрессы», «Реакция растения на тяжелые металлы и окислительный стресс», «Реакция растения на недостаток питательных веществ», «Сигнальная трансдукция устойчивости к стрессу», «Функциональная геномика устойчивости к абиотическим стрессам», «Селекция на устойчивость к абиотическим стрессам и биотехнология». Было заслушано 48 пленарных докладов и обсуждено 178 стендовых сообщений на актуальные темы устойчивости растений к стрессам.

Абиотический стресс является лимитирующим фактором при производстве и возделывании сельскохозяйственных культур и определяющим условием су-



Собор св. Стефана

существования растений как в естественных условиях обитания, так и в местах их возделывания. На протяжении всего онтогенеза растение подвергается воздействию изменяющихся условий произрастания, которые могут иметь характер стрессовых воздействий, такие как засуха, пониженные температуры, засоление почвы, недостаток питательных веществ, тяжелые металлы и другие. Существует целый ряд защитных механизмов адаптации растений к меняющимся условиям окружающей среды.

Несмотря на то, что на сегодняшний день уже известны некоторые общие закономерности в действии разных по природе стрессовых факторов и ключевые звенья метаболизма клеток растений, тем не менее огромное разнообразие метаболических путей специфических и неспецифических реакций растения на стрессы делает эту проблему крайне актуальной, а знание структур-

но-функционального уровня организации защитных механизмов находится, по-прежнему, на стадии экспериментальных разработок.

Большое количество работ, представленных на конференции, было посвящено изучению роли различных факторов транскрипции в процессах адаптации растений к различного рода стрессам. Так, например, учеными из Индии Ragothama K., Devaiah B. и др. показано, что такие факторы транскрипции как WRKY75, zinc finger binding protein (ZAT6), MYB62, ethylene response factor (ERF70) и GARP индуцируются в ответ на стресс фосфатного голодания, а изменения в их экспрессии «включают» определенные метаболические пути сигнальной системы клеток, что в итоге приводит к адаптации растения к данному виду стресса. Механизм адаптации к солевому стрессу с помощью различных межклеточных сигнальных путей и ана-

лиз перекрестного действия между митоген-активируемая протеинкиназным (MAPKs) и кальций-зависимым протеинкиназным (CDPK) метаболическими путями были показаны в работе Mehlmer N., Wurzing B., Teige M., (Австрия). В отличие от животных клеток, эти два метаболических пути носят различный характер и обладают независимыми механизмами действия в растительной клетке в ответ на солевой стресс, что также косвенно подтверждается различной субклеточной локализацией MAPKs и CDPKs. В работе же Von Koskull-Doring P. и др. (Германия), напротив, было установлено, что хит-шоковые факторы транскрипции (*Hsfs*), которые, как известно, активизируют гены, отвечающие на высокотемпературный стресс, в то же время могут быть вовлечены в ряд сигнальных путей, связанных с устойчивостью к осмотическому и холодному стрессам, формируя вместе с другими факторами транскрипции комплексную регуляторную систему, позволяющую растению адаптироваться к абиотическим стрессам. Также в одном из устных докладов (Hannah M., Бельгия) были представлены данные, показывающие перекрывание в экспрессии генов, регулируемых холодом, и генов циркадных ритмов растения, что свидетельствует о высокой динамичности молекулярных изменений, происходящих во время акклиматизации растений к холоду, и о значительном перекрестном взаимодействии с их суточными регуляциями.

Наряду с такими терминами как «геном», «протеом» в последние годы все чаще используется термин «метаболом» – совокупность всех небольших молекул и метаболитов организма. В докладе Weckwerth W. (Австрия) было отмечено, что использование таких техник, как газовая и жидкостная хроматография, масс-спектрометрия и ядерно-магнитный резонанс, помогает быстро и надежно диагностировать самые первые изменения метаболизма при стрессовом воздействии на растительный организм, при этом метаболиты могут выступать в роли специфических физиологических маркеров. В последние годы описан и функционально охарактеризован целый ряд новых протеинов, индуцируемых различными абиотическими стрессами. Один из примеров – это новый класс HIPP протеинов, вовлеченный в ответ растения на изменяющиеся условия внешней среды. Учеными из Германии Barth O., Humbeck K., и др., было

доказано функциональное взаимодействие между HIPK протеинами и фактором транскрипции ATHB29, который, как известно, играет центральную роль в ответе растения на стресс обезвоживания. Другой пример – РНК-связывающий RGGA протеин, который, как было продемонстрировано Grillo S., Ambrosone A. и др. (Италия), оказывает влияние на устойчивость растений арабидопсиса в условиях осмотического и высокотемпературного стрессов. Целый ряд представленных работ был посвящен изучению микро-РНК (microRNA) – класс малых (22 нуклеотида) некодирующих РНК, открытых в 90-е годы XX-столетия, и их вовлеченности в ответную реакцию растения на такие стрессы как недостаток питательных веществ (Scheilbe W., Pant B., и др., Германия), засуха (Trindade I., Fevereiro P., и др., Португалия), осмотический стресс (Zhu J.-K., и др., США).

Во многих докладах подчеркивалось, что только совокупность и интеграция всех данных метабомики, геномики и протеомики позволяют детально исследовать всю цепочку событий в клетках растений, развиваемых в ответ на стрессовый фактор. Системный подход в изучении механизмов адаптации растений был продемонстрирован в ряде работ, в частности в докладе Witzel K. (Германия) был дан анализ контрастных по устойчивости к засолению генотипов ячменя с использованием молекулярных, биохимических и физиологических методов. Использование общебиологических, геномных и биохимических техник позволило ученым из Индии (Pareek A., Kumari S., Karan R., и др.) идентифицировать новые гены, отвечающие за солеустойчивость риса, что было подтверждено последующим созданием трансгенных растений арабидопсиса, демонстрирующих оверэкспрессию трансформированных генов и повышенную солеустойчивость растений в целом. Транскриптомный анализ в комбинации с данными метаболического профиля листовых тканей линий райграса многолетнего (*Lolium perenne*), стрессированных засухой, позволил идентифицировать гены устойчивости у данного вида растений (Foito A., Byrne S., и др., Англия).

Стрессоустойчивость – признак, контролируемый не одним, а целым множеством генов, а генетические ресурсы, которые мы используем, содержат недостаточное количество аллельных ва-

риаций этих важных локусов. Поэтому идентификация генов устойчивости, изучение их экспрессии в ответ на абиотические стрессы, картирование генов и локусов, связанных с устойчивостью, являются актуальными задачами, стоящими перед учеными. Использование такого подхода, как конструирование кДНК-овых библиотек стрессированных растений, позволило идентифицировать несколько факторов транскрипции, которые индуцировались ABA, засухой и осмотическим стрессом у риса (Chander S. и др., Португалия).

ДНК-микрочиповая технология (microarray analysis) помогает идентифицировать и анализировать большое количество генов, вовлеченных в процесс адаптации растения к стрессу. Так, использование данных, полученных с помощью microarray анализа, в совокупности с физиологическими данными позволили исследователям из Германии (Koehl K., Degenkolbe T., и др.) выявить значительный эффект взаимодействия генотип-среда при изучении контрастных по устойчивости к умеренной продолжительной дегидратации сортов риса. Транскриптомный анализ контрастных по устойчивости к засухе генотипов растений тополя с использованием техники микрочипов показал строгую сортоспецифичность при стрессировании организмов и позволил идентифицировать кандидатные гены, предположительно вовлеченные в механизм устойчивости к засухе (Cohen D., Hummel I., и др., Франция).

Другая молекулярная техника SuperSAGE (serial analysis of gene expression), одномоментно количественно и качественно характеризующая экспрессию сотен тысяч транскриптов, позволила ученым из Германии (Winter P., Molina C., Rotter B., и др.) проанализировать около 600000 транскриптов, представляющих более чем 25000 уникальных мРНК в корнях и клубеньках растений нута, подвергнутых солевому стрессу и стрессу обезвоживания. Устойчивые и восприимчивые к стрессу генотипы, хотя и показали сходство в общих паттернах экспрессии, тем не менее значительно различались по регуляции транскрипт-изоформ и сплайс-вариантов некоторых представителей генных семейств.

Биотехнология обладает эффективными методами, призванными улучшать качественные характеристики растений, в том числе расширять воз-

можности растительных организмов в устойчивости к абиотическим и биотическим стрессам. Один из таких подходов – это создание селективных систем *in vitro*, позволяющих сначала на клеточном уровне, а потом на уровне целого растения отбирать образцы, устойчивые к различного рода стрессам, что было продемонстрировано учеными из Украины (Порецкая Е., Сергеева Л.) на примере получения клеточных линий табака, устойчивых к кадмию и барию. Отбор *in vitro* на уровне гаметофита, а именно микроспор, подвергнувшихся воздействию гербицида паракват, и регенерация дигаметоидных растений кукурузы позволил создать линии, которые не только обладали устойчивостью к окислительному стрессу, вызываемому данным гербицидом, но и показали противоокислительную способность во втором поколении полученных линий (Darko E., Ambrus H., и др., Венгрия). В работе, представленной нами в виде постерного доклада, также была использована технология *in vitro* для отбора линий огурца на устойчивость к пониженным температурам. Создание трансгенных растений, несущих определенные гены с заданными признаками – еще один биотехнологический подход, который в последнее время широко используется для создания растений, устойчивых к пестицидам, насекомым-вредителям и ряду других факторов. Так, например, ученым из Индии (Hazariika P., Rajam M., и др.) удалось трансформировать растения томата играющим ключевую роль в биосинтезе полиаминов геном *S-adenosylmethionine decarboxylase (SAMDC)* под контролем стресс-индуцибельного PAL (*Phenylalanine-ammonia lyase*) промотора. Поколение T1 трансгенных линий было устойчивым не только к пониженным температурам, осмотическому стрессу и засухе, но и к биотическому стрессу, вызванному такими патогенами, как *Fusarium oxysporum* и *Alternaria solani*.

Одна из задач современного сельского хозяйства – это комбинирование всех доступных методов и подходов для ускорения и увеличения эффективности селекционного процесса. Это может быть достигнуто только при помощи постоянного междисциплинарного сотрудничества между биологией, химией, агрономией, физикой и инженерией (Metzclaff M., Бельгия).