Роль глутатион-S-трансфераз в растениях семейства Капустных

© Е.В. Михайлова, М.Ю. Шеин, В.Ю. Алексеев

Институт биохимии и генетики УФИЦ РАН

Россия, Республика Башкортостан, 450075 г. Уфа, проспект Октября, 71

Email: mikhele@list.ru

Обсуждается возможность повышения устойчивости растений семейства капустных к мучнистой росе и другим стрессовым факторам путем гетерологичной экспрессии генов глутатион-S-трансфераз.

Ключевые слова: рапс, *Brassicaceae*, *Brassica napus*, GST, GSH, мучнистая роса, *Erysiphe cruciferarum*, *Erysiphe communis*

К растениям семейства Капустных (*Brassicaceae*) относятся ценные сельскохозяйственные культуры, которые используются в качестве овощных, масличных, сидератов и фиторемедиаторов: репа, пекинская капуста, редька, брюква, множество подвидов капусты (кочанная, цветная, брокколи, кольраби и др.), горчица белая, горчица сарептская, руккола, и самая популярная культура – рапс. Рапс *Brassica napus* L. является гибридом репы *B. rapa* и капусты *B. oleracea*. Гибридизация играет огромное значение в эволюции и видообразовании Капустных [1].

Помимо средиземноморской рукколы, остальные культуры являются чрезвычайно устойчивыми к неблагоприятным абиотическим факторам. Особенно отличаются они холодостойкостью, что позволяет успешно культивировать их в умеренных широтах [2]. Основную угрозу урожаям этих культур представляют насекомые-вредители и грибные заболевания. Жуки семейства листоедов (рапсовый цветоед, рапсовый листоед, крестоцветная блошка и др.), тля, капустная моль способны нанести существенный вред урожаю. Наиболее опасные заболевания, которыми рапс поражается на протяжении всего жизненного цикла, вызываются грибами четырех классов (*Deuteromycetes*, *Zygomycetes*, *Oomycetes* и *Ascomycetes*) [3]. Из этих заболеваний следует отдельно выделить мучнистую росу (*Erysiphe cruciferarum*), которая, в отличие от большинства остальных грибов, проявляет себя в конце лета, при чередовании влажной и засушливой погоды, и поражает широкий спектр растительных семейств: *Capparidaceae*, *Brassicaceae*, *Resedaceae*, *Papaveraceae*, *Fumariaceae* [4]. Сорта рапса, устойчивые к мучнистой росе, до сих пор не были получены ни путем традиционной селекции, ни методами генной инженерии [5]. Единственным на данный момент методом борьбы с ними остается обработка семян и посевов фунгицидами.

Еще одним уникальным свойством мучнистой росы является облигатная биотрофность и, как следствие, невозможность её культивирования на питательных средах [6]. Этим объясняется то, что из множества растительных патогенов мучнистая роса – один из наименее хорошо изученных. Грибы *Erysiphe* не представлены ни в одной коллекции. Тем не менее, геномы соответствующих патогенов винограда, кизила, бобовых растений уже были секвенированы. Генетически *Erysiphe cruciferarum* с высокой достоверностью выделяется в отдельную группу, наиболее близкородственную видам грибов *E. buhrii* и *E. betae*, паразитирующих на Гвоздичных, в частности на свекле (рис. 1).

Рис. 1. Филогенетическое дерево грибов рода *Erysiphe*, построенное с использованием BLAST pairwise alignments

Одним из важнейших соединений, задействованных в обеспечении устойчивости растений к стрессам, являются глутатион (GSH) и катализирующая реакции с его участием глутатион-S-трансфераза (GST). GST могут выполнять роль GSH-трансфераз, GSH-зависимых пероксидаз, GSH-зависимых изомераз и GSH-зависимых оксидоредуктаз. Вместе они принимают участие в хелатировании тяжелых металлов [7], нейтрализации токсичных ксенобиотиков [8]. Показана связь повышенной экспрессии генов *GST* в устойчивости к экстремальным температурам [9], засолению [10], гербицидами и заражению мучнистой росой [11,12]. Тогда как в арабидопсисе известны 53 различные глутатион-S-трансферазы, а в капусте *Brassica oleracea* — 65, то в рапсе идентифицировано 179 генов *GST*, в том числе 141 из них - дублицированные [13]. Почти у половины дублицированных генов характер экспрессии различался. Конкретные функции каждого из множества генов *GST* ни в одном из этих видов растений до сих пор не известны. Изучение конститутивной гетерологичной экспрессии конкретных генов в растениях, созданных методами генной инженерии и геномного редактирования, является одним из лучших способов не только узнать больше о роли этих генов, но и получить ценные сельскохозяйственные растения с повышенной стрессоустойчивостью. Особенный интерес представляет создание растений рапса [14], сверхэкспрессирующих гены *GST* и оценка изменения реакции таких растений на различные виды стресса.

Работа выполнена при поддержке гранта МК-1146.2020.11 и частично в рамках госзадания (тема № AAAA-A16-116020350028-4).

Литература

1. Mikhaylova E. V., Kuluev B. R. Potential for gene flow from genetically modified *Brassica napus* on the territory of Russia //Environmental monitoring and assessment. 2018. V. 190. No. 9. P. 557. <https://doi.org/10.1007/s10661-018-6946-2>
2. Михайлова Е.В., Денисов А.М. Перспективы внедрения в сельскохозяйственное производство биотехнологических сортов рапса // Аграрная Россия. 2017. №7. С. 15-24.
3. Пивень В. Т., Сердюк О. А. Фитосанитарный мониторинг болезней рапса //Масличные культуры. 2011. №. 2. С. 148-149.
4. Гасич Е. Л., Хлопунова Л. Б., Бекиш Л. П. Грибные болезни рапса в Северо-Западном регионе //Земледелие. 2009. №. 2.
5. Артамонов А. А., Горшков В. И. Болезнеустойчивые сорта ярового рапса //Земледелие. 2009. №. 2. С. 45-46
6. Vogel J. P., Raab T. K., Somerville C. R., Somerville S. C. Mutations in PMR5 result in powdery mildew resistance and altered cell wall composition //The Plant Journal. 2004. V. 40. №. 6. P. 968-978.
7. Pilon-Smits E. Phytoremediation //Annu. Rev. Plant Biol. 2005. V. 56. P. 15-39.
8. Marrs K. A. The functions and regulation of glutathione S-transferases in plants //Annual review of plant biology. 1996. V. 47. No. 1. P. 127-158.
9. Kouno T., Ezaki B. Multiple regulation of Arabidopsis AtGST11 gene expression by four transcription factors under abiotic stresses //Physiologia plantarum. 2013. V. 148. No. 1. P. 97-104.
10. Csiszár J. et al. Glutathione transferase supergene family in tomato: salt stress-regulated expression of representative genes from distinct GST classes in plants primed with salicylic acid //Plant Physiology and Biochemistry. 2014. V. 78. P. 15-26.
11. Mauch F., Dudler R. Differential induction of distinct glutathione-S-transferases of wheat by xenobiotics and by pathogen attack //Plant Physiology. 1993. V. 102. No. 4. P. 1193-1201.
12. Wang J. M. et al. Analysis of differential transcriptional profiling in wheat infected by *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* using GeneChip //Molecular biology reports. 2012. V. 39. No. 1. P. 381-387.
13. Wei L. et al. Genome wide identification and comparative analysis of glutathione transferases (GST) family genes in *Brassica napus* //Scientific reports. 2019. V. 9. No. 1. P. 1-13.
14. Михайлова Е.В., Кулуев Б.Р. Создание трансгенного рапса (*Brassica napus* L.) с конститутивной экспрессией гена ARGOS-LIKE *Arabidopsis thaliana* методом погружения цветков // Биотехнология. 2015. №5. С. 49-58.

The role of glutathione-S-transferases in *Brassicaceae* plants

E.V. Mikhaylova, M. Yu. Shein, V.Yu. Alexeev

*Institute of biochemistry and genetics UFRC RAS
71 Prospekt Oktyabrya, 450075 Ufa, Republic of Bashkortostan, Russia*

Email: mikhele@list.ru

The possibilities to increase stress-tolerance of oilseed rape to powdery mildew and other stress factors by heterologous expression of glutathione-S-transferase genes are discussed.

Keywords: oilseed rape, *Brassicaceae*, *Brassica napus*, GST, GSH, powdery mildew, *Erysiphe cruciferarum*, *Erysiphe communis*