

Действие затопления на метаболизмом листьев растений риса *Oryza sativa* с различными стратегиями адаптации к гипоксии**Научный руководитель – Емельянов Владислав Владимирович*****Богданова Екатерина Михайловна****Аспирант*

Ботанический институт им. В.Л. Комарова РАН, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: bog.yekaterina2016@yandex.ru

Рис (*Oryza sativa*) является одной из самых распространённых хлебных культур. Изучение разных стратегий адаптаций риса к абиотическим и биотическим стрессам позволяет повысить его урожайность. У риса обнаружено две основные стратегии адаптации: стратегия покоя, контролируемая геном Sub1A, и стратегия избегания, управляемая генами SKs. Сравнительный анализ метаболизма листьев растений риса, произрастающих в условиях частичного затопления в рисовых чеках выявил более 300 метаболитов, представляющих все основные группы соединений центрального метаболизма. Наиболее представлены были соединения углеводного обмена. Метод главных компонент (МГК) показал, что в пространстве первых двух главных компонент профили WT (дикого типа) и Sub1A, а также WT и SK2 образуют отдельные группы. Выявленные различия между генотипами были классифицированы методом OPLS-DA. Модель для генотипов WT и Sub1A характеризовалась предиктивной компонентой (ПК), с которой было связано 24% дисперсии. Основное отличие Sub1A заключалось в дифференциально изменяющихся метаболитах (ДИМ), включающих ненасыщенные свободные жирные кислоты (СЖК) и спирты. При этом уровень моноацилглицеридов и фитостероидов был снижен, а аминокислот (АК), в том числе ГАМК, глутамата и серина – увеличен. Генотип Sub1A характеризовался большим накоплением гексоз, а также С6-сахарокислот. OPLS-DA модель для генотипа SK2 включала ПК, с которой было связано 27% дисперсии. Отличие SK2 состояло в большем накоплении СЖК, степень ненасыщенности которых возрастала, и в интенсивном накоплении АК, в том числе ГАМК, оксипролина, серина и глутамата. Отмечен больший уровень интермедиатов цикла Кребса: цитрата и фумарата, а также аскорбата, глюконата, 2-кетоглюконата и ряда С6-сахарокислот. К числу вторичных соединений, накапливающихся в SK2, следует отнести салицилат. Последующий анализ обогащения (MSEA) выявил биохимические пути, определяющие изменение содержания метаболитов. Оба генотипа (Sub1A и SK2) отличались повышенным уровнем обмена жирных кислот. В то же время для SK2 выражена тенденция к большему накоплению интермедиатов цикла Кребса, окислительного фосфорилирования и обмена АК, в том числе ГАМК. Таким образом, частичное затопление приводило к изменению метаболизма листьев у обоих генотипов, характеризовавшихся разными стратегиями адаптации. Растения Sub1A демонстрировали общее снижение интенсивности обменных процессов, которое сопровождалось накоплением насыщенных ЖК и олигосахаридов. Растения SK2 накапливали больше простых сахаров (гексоз), ненасыщенных СЖК и интенсифицировали обмен АК, в том числе ГАМК. Однако для выявления маркерных метаболитов, характерных для разных стратегий адаптации в растениях риса, требуется продолжение метаболического профилирования.

Исследования поддержаны РНФ №25-14-00074.