

что в трансфецированных линиях клеток экспрессируются полноразмерные изоформы Oct-1R и Oct-1X и их количество превышает количество эндогенного Oct-1 в 3-5 раз.

Нами было показано, что гиперэкспрессия X и R в клетках приводит к изменению чувствительности транскрипции генов – регуляторов апоптоза. В ходе работы мы определяли влияние изоформ белка Oct-1 на чувствительность клеток к индукторам апоптоза. Для индукции апоптоза были выбраны два широко применяемых в клинической практике противоопухолевых препарата – камптотецин и дексаметазон. Камптотецин – сильный индуктор апоптоза для клеток МТ-4 и Namalva. Гиперэкспрессия изоформ Oct-1R и Oct-1X усиливает камптотецин - индуцированный апоптоз. При этом гиперэкспрессия Oct-1X в клетках Namalva в большей степени усиливает камптотецин - индуцированный апоптоз по сравнению с Oct-1R. В клетках МТ-4 обе изоформы примерно одинаково влияют на индукцию апоптоза. Дексаметазон – слабый индуктор апоптоза для клеток МТ-4 и Namalva. Гиперэкспрессия изоформ Oct-1R и Oct-1X не оказывает существенного влияния на индукцию апоптоза под действием дексаметазона. Следовательно, гиперэкспрессия Oct-1 может являться про – апоптотическим фактором в зависимости от выбранной экспериментальной модели.

Работа поддержана РФФИ проект № 14-04-32341.

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНОВ NCR-ПЕПТИДОВ У ГОРОХА ПОСЕВНОГО (*PISUM SATIVUM* L.)

Прахова М.С., Сулима А.С., Жуков В.А., Тихонович И.А.

ФГБНУ ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

marinich5@rambler.ru

NCR-пептиды (англ. nodule-specific cysteine rich) представляют собой короткие (60-90 аминокислот) и очень вариабельные цистеин-богатые белки. У бобовых растений NCR-пептиды играют роль сигнальных молекул при формировании азотфиксирующих клубеньков, управляя дифференцировкой клубеньковых бактерий в симбиотическую форму – бактериоиды.

У модельного бобового растения люцерны слабоусечённой (*Medicago truncatula* Gaertn.) было обнаружено 566 генов группы NCR, которые экспрессируются в клубеньках. Для сельскохозяйственно-ценного вида горох посевной (*Pisum sativum* L.) более 20 лет назад были описаны несколько клубенёк-специфичных генов, сейчас относимых к генам NCR-пептидов. Последовательности генов NCR-пептидов уникальны настолько, что в пределах различных видов бобовых невозможно найти пары ортологичных генов. В связи с этим, в настоящем исследовании проводится идентификация последовательностей генов NCR-пептидов на основе данных секвенирования транскриптома клубеньков гороха посевного.

С использованием BLASTN проведен поиск генов-кандидатов среди данных анализа транскриптома клубеньков гороха по гомологии с генами ранних нодулинов и известными генами NCR-пептидов *M.truncatula*. Для каждого выявленного транскрипта определена соответствующая белковая последовательность. На настоящий момент нами описано более 50 генов, потенциально кодирующих NCR-пептиды гороха, и ведется дальнейшая работа по поиску новых генов этого семейства.

Для идентифицированных генов NCR-пептидов в настоящее время проводится анализ дифференциальной экспрессии по данным секвенирования транскриптома клубеньков серии мутантных линий гороха посевного, результаты которого будут также представлены в докладе.

Исследование поддержано грантами Президента РФ (НШ-4603.2014.4), РФФИ (13-04-01702-а, 13-04-01703-а и 14-04-01442-а) и РФФИ (14-24-00135).