

**Идентификация биологически активных пептидов в клетках мха
*Physcomitrella patens*****Научный руководитель – Фесенко Игорь Александрович**Филиппова А.А.¹, Князев А.Н.², Мамаева А.С.³, Хазигалева Р.А.⁴, Ляпина И.С.²

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра биоорганической химии, Москва, Россия; 2 - Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева, Агронии и биотехнологии, Генетики и биотехнологии, Москва, Россия; 3 - Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, Москва, Россия; 4 - Институт биоорганической химии им. акад. М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН, Москва, Россия

Растительные биоактивные пептиды представляют класс низкомолекулярных соединений, которые играют важную роль во множестве биологических процессов от роста и развития до ответа на биотический и абиотический стрессы [1,2]. Большинство из изученных пептидов генерируется путем деградации неактивных белков-предшественников с помощью селективного действия пептидаз [3]. Однако, современные подходы масс-спектрометрии и биоинформатического анализа позволили обнаружить новый источник биоактивных пептидов, которые могут образовываться путем протеолитической деградации функционально-активных белков или же кодируются короткими открытыми рамками считывания [4]. Тем не менее, до сих пор неясно, являются ли данные пептиды побочными продуктами функциональных белков или обладают определенной биологической функцией. Данные пептиды являются “темной материей” пептидома клеток и представляют большой интерес для дальнейших исследований ответа растений на биотический и абиотический стрессы.

С помощью масс-спектрометрического анализа нами были исследованы пулы эндогенных пептидов, образованных из функциональных белков-предшественников в клетке и секрете модельного объекта мха *Physcomitrella patens*. Данный подход позволил идентифицировать 3000 эндогенных пептидов в клетках и 1000 в секрете мха. Также были проанализированы пулы нативных пептидов, выделенных из клеток и секрета, до и после обработок фитогормонами - 400 мкМ метилжасмонатом и 400 мкМ салициловой кислотой. Наши результаты указывают на то, что эти стрессовые гормоны усиливают деградацию белков и приводят к формированию нового пула биоактивных пептидов, которые обладают широким спектром возможных биологических функций. Мы предполагаем, что данные эндогенные пептиды участвуют в сигналинге гормонов и выполняют защитные функции в ответе на стрессовые условия. С помощью *in silico* и *in vivo* анализа идентифицированных фрагментов пептидов из функциональных белков при обработке метилжасмонатом мы обнаружили антимикробную активность у нескольких пептидов. Можно сделать вывод, что деградация функциональных белков играет важную роль в защитных механизмах у растений путем генерации нового источника антимикробных пептидов. Таким образом, пептиды, образованные из функциональных белков-предшественников, не представляют так называемый «клеточный шум», а играют важную роль в растительном ответе на биотический и абиотический стрессы.

Источники и литература

- 1) Czyzewicz, N., Yue, K., Beeckman, T., De Smet, I. Message in a bottle: small signalling peptide outputs during growth and development // J Exp Bot. 2013. V. 64, № 17. P. 5281–5296

- 2) Albert, M. Peptides as triggers of plant defence // J Exp Bot. 2013. V. 64, № 17. P. 5269-5279
- 3) De Coninck, B., De Smet, I. Plant peptides - Taking them to the next level // J Exp Bot. 2016. V. 67, № 16. P. 4791–4795
- 4) Fesenko, I. A., et al. Specific pools of endogenous peptides are present in gametophore, protonema, and protoplast cells of the moss *Physcomitrella patens* // BMC Plant Biol. 2015. V. 15, № 1. P. 87