

**Клонирование кодирующих последовательностей генов высокоаффинных нитратных транспортеров SaNRT2.1 и SaNRT2.5 из галофита *Suaeda altissima* (L.) Pall и анализ экспрессии этих генов при различных условиях засоления питательной среды**

**Научный руководитель – Балнокин Юрий Владимирович**

*Коношенкова А.О.<sup>1</sup>, Ростовцева Е.И.<sup>2</sup>, Храмов Д.Е.<sup>3</sup>*

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра физиологии растений, Москва, Россия, *E-mail: alenakonoshenkova@gmail.com*; 2 - Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева, Агрономии и биотехнологии, Физиологии растений, Москва, Россия, *E-mail: ni-fir-titi@mail.ru*; 3 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра физиологии растений, Москва, Россия, *E-mail: plasm2010@yandex.ru*

Нитрат является доминирующей формой среди азотных соединений в аэробных почвах и служит главным источником азота для растений. Растения поглощают нитрат из почвы с помощью специализированных транспортных систем, расположенных в плазматических мембранах клеток корня. В условиях почвенного засоления  $\text{NO}_3^-$  конкурирует с  $\text{Cl}^-$  за переносчики нитрата, что приводит к снижению поступления нитрата в растение. Предполагается, что нитрат-транспортирующие белки галофитов в условиях дефицита нитрата и одновременно засоления хлористым натрием питательной среды способны успешно связывать нитрат и переносить его через мембрану. Для модельного растения-гликофита *Arabidopsis thaliana* показано, что при низких концентрациях нитрата в наружной среде важную роль в азотном питании играют высокоаффинные нитратные транспортеры семейства NRT2. Мы предполагаем, что у галофитов в этих условиях ключевую роль в поглощении корнем нитрат-ионов также играют высокоаффинные нитратные транспортеры этого семейства. Основная цель нашей работы состоит в идентификации кодирующих последовательностей (CDS) генов семейства *NRT2* из эугалофита *Suaeda altissima* (сведа высокая) и выявлении физиологической роли белков NRT2 у этого растения.

Были клонированы полноразмерные кодирующие последовательности двух генов семейства *NRT2* из *S. altissima*, *SaNRT2.1* и *SaNRT2.5*, для чего сначала были определены последовательности их 3'- и 5'-концевых фрагментов методом Step-Out RACE, с использованием праймеров, подобранных к ранее идентифицированным срединным фрагментам этих генов (GenBank ID: MK580128.1 и MK580129.1, соответственно), а затем были амплифицированы полноразмерные CDS. Амплификацию искомым CDS осуществляли на матрице кДНК из корней сведы. *In silico* анализ показал, что клонированные последовательности кодируют белки, относящиеся к семейству высокоаффинных нитратных транспортеров NRT2: SaNRT2.1 (524 а.а., Mw 56,96 kDa) и SaNRT2.5 (500 а.а., Mw 54,38 kDa).

В органах растений *S. altissima*, растущих при высоких (15 мМ) и низких (0,5 мМ) концентрациях нитрата, а также при различных концентрациях NaCl в питательном растворе, исследовали экспрессию генов *SaNRT2.1* и *SaNRT2.5* методом ПЦР в реальном времени. Найдено, что оба гена экспрессируются, преимущественно, в корнях сведы при низком содержании нитрата в питательном растворе. При засолении среды уровень экспрессии этих генов значительно увеличивается, достигая максимальных значений при 500 мМ NaCl в среде. Полученные данные свидетельствуют о возможном участии транспортеров SaNRT2.1 и SaNRT2.5 в поглощении нитрата растением *S. altissima* в условиях засоления.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда, грант № 23-24-00378.