

## СУПЕРМОЛЕКУЛЯРНАЯ РЕОРГАНИЗАЦИЯ ПРОТЕОМНЫХ АНСАМБЛЕЙ СУПРАМОЛЕКУЛЯРНЫХ СТРУКТУР ХРОМАТИНА РАСТЕНИЙ В СТРЕССОВЫХ УСЛОВИЯХ ОКРУЖАЮЩЕЙ СРЕДЫ

Иванова Э.А.

Уфимский институт биологии РАН  
пр. Октября, 69, г. Уфа, 450054, РФ; e-mail: fiona\_belobor@mail.ru  
Поступила в редакцию: 21.06.2021

**Аннотация.** В ракурсе экологической адаптации растений, с позиции *междисциплинарной науки* – *супрамолекулярной химии*, рассмотрена динамика *супрамолекулярных* топологически ассоциированных структур тотальной хроматиновой матрицы (ТХМ): Нп-нуклеоплазмы, ХрI-хроматина непрочно- и ХрII-прочносвязанного с ядерным матриксом и самого ЯМ. На поверхности раздела которых, представлена протеомная *супер*молекулярная реорганизация негистоновых и гистоновых ансамблей протеома ТХМ, макрокинетика которого имеет важное значение для понимания особенностей биохимических процессов в генетических подсистемах растения (корень→мезокотиль→колеоптиль) переходного периода от гетеротрофного к автотрофному развитию растений. Показан алгоритм динамики протеомных *супер*молекулярных ансамблей на поверхности раздела *супрамолекулярных* структур ТХМ. Выявлена позиционирующая роль «коровых» гистоновых (НЗ+Н4) ансамблей в *супра*-блоках: Нп, Хр-II, ЯМ у озимого фенотипа, в зоне гомеоморфизма (по топологической терминологии Р. Тома) корневой системы, как интегративной стабилизации пространственно-временной, физиолого-генетической стрессоустойчивости организма относительно яровой пшеницы. Приведённые данные могут быть интересны биофизикам и войти в базу данных онтологии стадий роста и развития стрессоустойчивости растений в окружающей среде.

**Ключевые слова:** Протеомика, интерфазная топология хроматина, супрамолекулярная биохимия, пшеница, генетическая стрессоустойчивость.

Расшифровка молекулярно-генетических основ адаптации организма или популяции остаётся фундаментальной темой в поисках подходов к их анализу, и знанию локальных стресс адаптаций в понимании пути от генома, генотипа к фенотипу. Фундаментальной базовой, основой этого направления, бесспорно, является *супрамолекулярная химия-биохимия*, которая развивается как химия ансамблей, удерживаемых нековалентными взаимодействиями. Через понятия распознавания и самопроцессов она пришла к концепции информации (пассивной, активной) и запрограммированных систем, всё более становясь химией молекулярной информации, изучающей хранение информации на молекулярном уровне, а также считывание, передачу и обработку информации на *супрамолекулярном* уровне.

Супрамолекулярная химия – в высшей степени междисциплинарная область науки, включающая химические, физические, биологические аспекты рассмотрения более сложных, чем молекулы, химических систем, связанных в единое целое посредством межмолекулярных (нековалентных) взаимодействий. Она стремительно расширяет границы химической науки до физических и биологических явлений. Три главных: понятий – фиксация (связывание), распознавание и координация – заложили фундамент *супрамолекулярной химии* [1].

Цель данной работы рассмотреть, что происходит с протеомным *супер*молекулярным ансамблем ядерных гистонов в *супра*структурах тотальной хроматиновой матрицы, как ответ структуроустойчивости выживания растительного организма на внешние стресс факторы окружающей среды.

Идеальным модельным объектом в этом случае являются коллекционные семена ВИРа, преобразованные селекционерами, долгосрочным методом многократного отбора, из яровой пшеницы в озимую. Экспериментальный биохимический подход, представленный в таблице 1, заключался: в выделении из клеточных ядер тотальной хроматиновой матрицы (ТХМ) *супрамолекулярных* структур: Нп-лабильного нуклеоплазменного хроматина, Хр-I, Хр-II хроматинов соответственно непрочно- и прочносвязанных с ядерным матриксом (ЯМ) и самого ЯМ, из которых были выделены *супер*молекулярные ансамбли: «линкерных», «коровых» гистонов и негистонов.

Ранее в работах [2-8] подробно были рассмотрены молекулярно-генетические особенности объекта исследования – яровой пшеницы, которая стала удачным донором, адаптационного стресс переходного периода преобразования, в озимую. Подробно обсуждён *супрамолекулярный* подход к анализу темы: онто-форфофизиолого интегративной, пространственно-временной системы целостности биологии развития в аспектах эпигенеза и эпигенетики [7].

В данной работе представлен анализ динамики ТХМ в виде топологически ассоциированных *супра*-блоков: Нп-, Хр-I, Хр-II, ЯМ на поверхности раздела которых, происходит реорганизация ядерного *супер*молекулярного протеома – в пространственно-временном интервале: 24ч, 30ч, 36ч (табл. 2) после проклеивания зародыша пшеницы, а также при дальнейшем ростовом морфогенезе генетических организменных подсистем: (корень→колеоптиль→ мезокотиль) во временном интервале (42ч, 48ч) (табл. 3), как возможных конформационно-

локальных зон, способных к восприятию и преобразованию стресс сигналов окружающей среды биологии развития.

В настоящее время, усовершенствуются методические подходы к конформационному анализу *супер*-молекулярных ансамблей, входящих в *супра*молекулярные-блоки, что позволяет не только предсказывать, но и объяснять экспериментальные данные, находящиеся на стыке физики и биохимии, приближаясь к пониманию морфогенетических процессов на уровне жизненных циклов и фаз онтогенетического развития организма. В этом отношении *супра*молекулярная химия может рассматриваться как химическая или молекулярная информатика [9]. Что касается биологической эволюции, то она многократно усиливает, закрепляет и предъявляет исследователям, последствия тех физических принципов, на которых основываются молекулярные взаимодействия отдельно в белке, а далее в её *супер*-молекулярных ансамблях, входящих в *супра*молекулярные-блоки.

Ретроспективный, активный интерес к идеям Р. Тома [10] возник в связи с общеизвестными успехами в области молекулярной биологии и генетики. В настоящее время от биологии требуют более строгой и глубокой разработки понятий и логических схем, с помощью которых можно плодотворно рассматривать важнейшие характеристики жизненных процессов на всех уровнях развития. Автор работы Р. Том [10] детально и точно показал, каким образом закономерности, с которыми сталкивается биология, могут рассматриваться как структуры в многомерном пространстве, провел прямое сравнение топологических структур в четырёхмерном пространстве-времени и физических структур, обнаруживаемых в развивающемся зародыше. Постэмбриональный период, связанный с инициацией ростовых процессов зародыша, характеризуется возникновением механического натяжения клеточно-тканевых масс, которое приводит к поразительным по геометрической сложности формам. Например, у растений это наблюдается в ходе морфогенеза конусов роста побегов [11, 12]. Л. Белоусов [11, 12] проанализировал роль механического натяжения и экспрессии генов, то есть рассмотрел факторы, которые в одно и тоже время могли бы действовать на процессы, как макроскопического уровня (уровня целого зародыша и инициации роста проростка), так и на молекулярные.

Обсуждая клеточный аспект формообразования, следует подчеркнуть также, что клеточные стенки и связанный с ними цитоскелет [13], а значит и ядерный матрикс – полиэдр [10, 12], вместе взятые, являются источником эпигенетической информации для морфогенеза, который определяется как процесс развития органа.

Вопросы самоорганизации биологических систем находятся в центре внимания специалистов по высокомолекулярным соединениям, а именно – биополимерам. ТХМ представляет собой гетерополимер, в котором взаимодействуют различные полимерные молекулы: ДНК, РНК, белки и полисахариды. В настоящее время определенный прогресс достигнут в исследовании структуры хроматина в масштабе целого ядра [14]. Что касается метаболизма белков (протеома) хроматина, то он активно рассматривается с позиции эпигенеза,

**Таблица 1.** Биохимический анализ клеточных ядер, индуцированных к органоспецифическому, координированно-закономерному росту, проклюнувшихся зародышей пшеницы

1.1. Возраст проклюнувшихся зародышей, ч (коллекционные семена из ВИРа)					
24	30	36	42	органы	48
Цельный высокодифференцированный зародыш			Колеоптиль Мезокотиль Корень		
1.2. Выделение клеточных ядер					
1.3. Выделение <i>супра</i> -структур-блоков при повышении ионной силы солевого градиента, способствующего ослаблению электростатического взаимодействия					
0,14 М NaCl		0,35 М NaCl		2М NaCl	
Нуклеоплазма, «Лабильный хроматин»  (Hn)		«Эу»-хроматин, непрочновязанный с ЯМ (XpI)		«Гетеро»-хроматин, прочновязанный с ЯМ (Xp II)	
				Ядерный матрикс  (ЯМ)	
1.4. Градиентное элюирование GuHCl-гуанидингидрохлоридом, на поверхности раздела негистоновых и гистоновых – <i>супер</i> -комплексов-ансамблей из <i>супра</i> -структур-блоков, методом ионнообменной хроматографии на IRC-50 (Heidelberg), подготовленной к работе по описанию [6, 10-12]					
Ступенчатые концентрации - GuHCl, %					
6,0 - негистоновые "кислые" белки - (Hгб)					
8,9 - лизинбогатый, линкерный гистон - (Hl)					
10,6 - умеренно-лизинбогатые «коровые» гистоны - (H2A+H2B)					
13,0 - обогащенные аргинином «коровые» гистоны - (H3+H4)					
40,0 - аргинин-богатые «коровые» гистоны - (H3+H4)"					

эпигенетики и эпигенома [15-17]. И всё же, до настоящего времени молекулярные механизмы адаптационной эволюции морфогенетических признаков находятся в стадии их расшифровки.

Как известно, протеом генетических структур про- и эукариот обогащен белками, богатыми аргинином. По данным [18] отмечается высокая консервативность аргинин-богатого гистона - H4 по аминокислотной последовательности у всех 3-х представителей эукариотических царств, что свидетельствует о его важной роли в сохранении и реализации генетической информации в процессах структурирующих упаковку ДНК.

К тому самым интересным было сообщение М. С. Гельфанда, что из всех аминокислот только аргинин способен связываться с ДНК [19]. Интересной особенностью эукариотического аргинин-богатого гистона H4 является наличие определённых повторяющихся последовательностей, значение которых находится в стадии расшифровки. Есть мнение, что H4 образуется из коротких пептидов [18]. В интерфазной хроматиновой организации эукариот боковые группы гистона H4 выходят на функциональную поверхность нуклеосом. Особо отмечено, что боковые группы колеблются заметно сильнее, чем главная цепь [20]. Все эти данные в настоящее время стали объектом внимания **супрамолекулярной** химии, которую характеризуют, как междисциплинарную область науки, имеющей дело с **супер**-молекулярными ансамблями и **супрамолекулярными** блоками [1]. Эта наука стремительно расширяет границы химической науки до физических и биологических явлений, охватывая все типы **супрамолекулярных** блоков и их **супер**молекулярных ансамблей. Биохимия и молекулярная биология полностью входят туда и занимают в ней отдельную нишу, по мнению [10], основная проблема биологии топологическая, основное понятие которой гомеоморфизм. Однако, в данном случае у растений, согласно [10] о гомеоморфизме, можно говорить только по отношению к отдельным органам, таким как: лист, мезокотиль, корень.

Что касается аргинина, то можно сказать, что он выступает в роли биохимической связи, воспроизводящей механическое и резонансное соотношение. Относительно ядерного матрикса, как пилиэдра можно сказать, что это основание - поверхность геометрического многоугольника, который проявляет себя тем, что запускает динамику и кинетику специфики особенностей биологии развития.

Ассоциация нуклеосом поддерживается электростатическими взаимодействиями между положительно заряженными N-концевыми доменами гистонов (в первую очередь, гистона H4) одной нуклеосомы и отрицательно заряженной площадкой на поверхности другой нуклеосомы. Следует иметь ввиду, что обычные экспериментальные данные приводятся в виде усредненных результатов анализа пространственной организации генома в сотнях тысяч клеток.

**Таблица 2.** Особенности позиционирования протеомных **супер**молекулярных ансамблей на поверхности раздела топологически – ассоциированных **супрамолекулярных** блоков тотального хроматина в пространственно-временных периодах роста и развития зародышей яровой и выведенной из неё озимой пшениц

Супраблоки тотального хроматина	Протеомные <b>супер</b> молекулярные структуры-ансамбли	
<b>24ч</b>	Яровая	Озимая
Нп	$(H3+H4)' \geq H\gamma 6$	НI
Хр I	$(H3+H4)' \geq HИ$	(H2A+H2B)
Хр II	$H\gamma 6 = (H2A+H2B)$	Hγ6
ЯМ	(H2A+H2B)	(H3+H4)'
<b>30 ч</b>		
Нп	$(H3+H4)'$	$(H3+H4)'$
Хр I	Hγ6	$(H3+H4)'$
Хр II	$H\gamma 6 = (H2A+H2B)$	Hγ6
ЯМ	НI	(H2A+H2B)
<b>36 ч</b>		
Нп	Hγ6	НI
Хр I	НI	(H2A+H2B)
Хр II	Hγ6	$(H3+H4)'$
ЯМ	НI	Hγ6

**Таблица 3.** Особенности реорганизации *супер*молекулярного протеома на поверхности раздела топологически-ассоциированных *супра*-блоков хроматина в процессе инициации ростового морфогенеза генетических подсистем целостного организма яровой и озимой пшениц

Блоки тотального хроматина	Органогенез	Протеомные <i>супер</i> молекулярные ансамбли- структуры	
		Яровая	Озимая
		42 ч.	
Нп	Колеоптиль	Нп	$(H2A+H2B) \geq Hп \geq Hгб$
	<b>Мезокотиль</b>	<b>(H3+H4)''</b>	$Hп \geq Hгб$
	<b>Корень</b>	Нп	<b>(H3+H4)''</b> $\geq$ (H3+H4)'
Хр I	Колеоптиль	$(H2A+H2B)$	$(H3+H4)'$
	<b>Мезокотиль</b>	<b>(H3+H4)''</b>	$(H2A+H2B)$
	Корень	$(H2A+H2B)$	$(H2A+H2B) \geq Hп$
Хр II	Колеоптиль	$(H3+H4)'$	$Hп \geq Hгб$
	Мезокотиль	Нп	$(H3+H4)'$
	<b>Корень</b>	Нп	$(H3+H4)'$ + <b>(H3+H4)''</b>
ЯМ	Колеоптиль	$(H2A+H2B)$	$(H3+H4)'$
	Мезокотиль	Hгб	Hгб
	<b>Корень</b>	$Hгб \geq Hп$	$Hгб \geq Hп \geq (H3+H4)''$
<b>48 ч.</b>			
Нп	Колеоптиль	$(H3+H4)'$	Hгб
	Мезокотиль	$(H2A+H2B)$	Нп
	Корень	Нп	$(H2A+H2B) \geq Hгб$
Хр I	Колеоптиль	Hгб	$Hп \geq (H3+H4)' \geq Hгб$
	Мезокотиль	$Hгб \geq (H3+H4)'$	$(H3+H4)'$
	Корень	$(H2A+H2B) \geq Hп \geq$ $H3+H4)'$	$(H3+H4)'$
Хр II	Колеоптиль	$(H2A+H2B)$	$Hп \geq (H3+H4)'$
	Мезокотиль	$(H3+H4)'$	$(H2A+H2B) \geq (H3+H4)'$
	Корень	$(H3+H4)'$	$Hп \geq Hгб$
ЯМ	Колеоптиль	$Hп \geq Hгб$	Hгб
	Мезокотиль	$(H3+H4)'$	$Hгб \geq Hп \geq (H2A+H2B)$
	Корень	$(H2A+H2B)$	Нп

Таким образом, в топологическом аспекте биологического морфогенеза на уровне пространственной формы и фенотипа есть основное понятие гомеоморфизм. Следуя этому, обращает внимание, что в таблице 2 в органогенезе (36 ч.) зародышей яровой и озимой культур, четко прослеживается различие на поверхности раздела всех *супра*-блоков ТХМ и их протеомных *супер*молекулярных ансамблей, которое выражено в том, что *яровая* ТХМ (*супра*-блоки: Нп→ХрI→ХрII→ЯМ и их соответственно *протеом*: Hгб→Hп→Hгб→Hп) функционируют во взаимосвязи с линкерной ДНК, а *озимая* ТХМ (*супра*-блоки: Нп→ХрI→ХрII→ЯМ и их соответственно *протеом*: Hп→(H2A+H2B)→(H3+H4)'→Hгб)) как с линкерной, так и коровой ДНК. То есть, протеомные *супер*молекулярные ансамбли ТХМ яровых и озимых 36ч зародышей имеют разные точки локализации взаимосвязей с ДНК. По-видимому, это локальные зоны физико-химических взаимосвязей.

Следующая фенологическая фаза прорастания, представленная в таблице 1; (42 ч-48 ч), характеризуется ярко выраженным органоспецифическим, координированно-закономерным ростом проростка на уровне мезокотилия и активным ростом зародышевой оси, морфогенетической основы «сигнального языка» побега и корня, где ростовые процессы осуществляются вследствие деления клеток (анатомо-физиолого- биологические

особенности этого процесса остаются в ракурсе специалистов интегративной биологии). Это период, когда участки генома остаются доступными для динамического взаимодействия не только с ядерным микроокружением внутренних регулирующих факторов, но и возможностью осуществлять регуляторные антероградные и ретроградные взаимодействия с внутриклеточными органеллами и межклеточным пространством. Кроме того, это период активного процессирования **супрамолекулярной** энергетики митохондриального генома и его протеомных **супермолекулярных** ансамблей.

В этом контексте я останавливаюсь только на ярко выраженном результате эксперимента, который получен у **ярового сорта с мезокотилем (42ч)**, так как именно в этот период удалось выделить коровые **(НЗ+Н4)"-[Нп] → (НЗ+Н4)"[ХрI]** гистоны в функциональной взаимосвязке с протеомом Н1 – Нгб соответственно **супра-блоков: ХрII и ЯМ**. Выявленный аргинин-богатый протеом **(НЗ+Н4)"** выделяется при жёстком экстрагировании, в то время как, обогащенные аргинином гистоны **(НЗ+Н4)'**, выделяются при экстракции в три раза слабее (таблица 1.4). У **озимого сорта активный рост зародышевой оси, морфогенетической основы «сигнального языка» побега и корня (42ч)**, сопровождается выявлением в **корневой системе аргинин-богатого протеома (НЗ+Н4)"** в блоках **Нп, ХрII, ЯМ** в соединении с коровым протеомом  $(Н2А+Н2В) \geq Н1$  блока **ХрI**. Ранние данные [21] показали, что фракция **(НЗ+Н4)'** представляет собой полный комплект нуклеосомных белков, обогащенных аргинин-богатой фракцией, в то время как **(НЗ+Н4)"** представляет собой блок аргинин-богатых гистонов, со следами других нуклеосомных гистонов. Возможно, морфогенетические процессы яровости и озимости, связанные с инициацией развития органов и объясняют наличие у ярового сорта в **мезокотиле (42ч) Нп → ХрI** блока коровых гистонов **(НЗ+Н4)"**, которые на уровне целостности организма и клеточного ядра заякорены в **ЯМ Нгб-мезокотиле(42ч) и Нгб=Н1 корня(42ч)**. В то время как у **озимого сорта, протеомный комплекс коровых гистонов (НЗ+Н4)"** на уровне функциональной целостности организма проявляется только в **корневой системе**.

С этой позиции можно предположить, следуя рассуждениям [13, 22], что именно в период 42ч все вместе взятые генетические подсистемы (мезокотиль, корень → колеоптиль) целостного организма могут являться источником эпигенетической информации для ростового морфогенеза, который на **супермолекулярном** уровне проявляется с позиции **(НЗ+Н4)"**, представляя собой локальные стресс зоны адаптации, на пути от генома, генотипа к фенотипу, формируя свой паттерн фиксации самопроцессирования в структурную устойчивость.

Таким образом, исторический путь анализа морфологической адаптации [23], но уже с новым информационным содержанием: молекулярного морфогенеза [21] → **супрамолекулярного** [1] → пространственно-топологической формы гомеоморфизма у растений [10], всё больше приобретает физико-химическое истолкование в области молекулярной биологии развития, что сближает эти познания с физикой, наукой издавна опирающейся на математику, которая способствовала развитию в понимании общих закономерностей, с которыми сталкивается биология. В этом случае биофизические закономерности рассматриваются как структуры в многомерном пространстве. Так как в настоящее время в жизнь науки активно внедряется **супрамолекулярная** химия, с позиции междисциплинарности [1], то в данной работе представлена попытка рассмотрения её эколого-молекулярно-биологического аспекта. С этой позиции представлен вывод – показан алгоритм динамики протеомных **супермолекулярных** ансамблей на поверхности раздела **супрамолекулярных** структур ТХМ. Выявлена позиционирующая роль «коровых» гистоновых **(НЗ+Н4)"** ансамблей в **супра-блоках: Нп, Хр-II, ЯМ** у озимого фенотипа, в зоне гомеоморфизма корневой системы, как интеграционной стабилизации (42 ч) пространственно-временной физиолого-генетической стрессоустойчивости организма по отношению к яровой пшенице.

*Работа выполнена в рамках государственного задания Минобрнауки России № 075-00326-19-00 по теме № НИОКТР АААА-А18-118022190104-7. В работе использована приборная база Центра коллективного пользования «Агидель» УФИЦ РАН.*

#### **Список литературы / References:**

1. Лен Ж.-М. *Супрамолекулярная химия*. Новосибирск, Наука, 1998, 333 с. [Lehn J.-M., *Supramolecular chemistry*. Novosibirsk, Science, 1998, 333 p. (In Russ.)]
2. Иванова Э.А. Особенности «структурированных процессов» в интерфазных ядрах у пшеницы, выведенной в условиях холодного стресса. *Экобиотех*, 2019, т. 2, № 4, с. 1-6. [Ivanova E.A. Features of "structured processes" in interphase nucleus wheat bred under cold stress. *Ecobiotech*, 2019, vol. 2, no. 4, 1-6. (In Russ.)] DOI: 10.3 1163/2618-964X-2019-2-4-000-000
3. Иванова Э.А. Биофизическая экология в ракурсе концепции супрамолекулярной биохимии. *Актуальные вопросы биологической физики и химии*, 2020, т. 5, № 1, с. 194-200. [Ivanova E.A. Biophysical ecology from the perspective of the concept of supramolecular biochemistry. *Russian journal of biological physics and chemistry*, 2020, vol. 5, no. 1, pp. 194-200. (In Russ.)]
4. Иванова Э.А. Биофизическая экология в ракурсе концепции супрамолекулярной биохимии. *Материалы XV международной научной конференции «Актуальные вопросы биологической физики и химии»*. Севастополь, 2020, с. 179-180. [Ivanova E.A. Biophysical ecology from the perspective of the concept of supramolecular biochemistry. *Proceedings of the XV international scientific conference "Modern trends of biological physics and chemistry."* Sevastopol, 2020, pp. 179-180. (In Russ.)]

5. Ivanova E.A. Arg-X proteo-processing as model system for organization of karyogenomics Interphase chromatin of mature germs of wheats, formed in the conditions of cold stress. *Journal of Stress Physiology & Biochemistry*, 2017, vol. 13, no. 4, pp. 65-73.
6. Ivanova E.A. On the question of epigenetic mechanisms of kariogenomic winter wheat in the concept of supramolecular biochemistry. *Journal of Stress Physiology & Biochemistry*, 2019, vol. 15, no. 3, pp. 14-20.
7. Ivanova E.A. Analysis of the proteomics of chromatin suprastructures as areas of replication (origins) and perception of signal and stress systems in the development of spring wheat. *Journal of Stress Physiology & Biochemistry*, 2020, vol. 16, no. 4, pp. 22-34.
8. Ivanova E.A. Stress resistance on the example of supramolecular-genetic level of plant development. *Journal of Stress Physiology & Biochemistry*, 2021. submitted to the press.
9. Шайтан К.В. Фундаментальные закономерности формирования пространственных структур конформационно подвижных молекул. *Сборник научных трудов VI съезда биофизиков России. Сочи: Кубанский государственный университет*, 2019, том 1, с. 36. [Shaitan K.V. The fundamental laws of the formation of spatial structures of conformationally mobile molecules. *Collection of scientific papers of the VI Congress of Biophysicists of Russia. Sochi: Kuban State University*, 2019, vol. 1, p. 36. (In Russ.)]
10. Том Р. Структурная устойчивость и морфогенез. М.: Логос, 2002, 280 с. [Tom R. *Structural Stability and Morphogenesis*. М.: Logos, 2002, 280 p. (In Russ.)]
11. Белоусов Л.В. Биологический морфогенез. М.: МГУ, 1987, 234 с. [Belousov L.V. *Biological morphogenesis*. М: Moscow State University, 1987, 234 p. (In Russ.)]
12. Белоусов Л.В. Морфомеханический аспект эпигенеза. *Генетика*, 2006, т. 42, № 9, с. 1165-1169. [Belousov L.V. Morphomechanical aspect of epigenesis. *Genetics*, 2006, vol. 42, no. 9, pp. 1165-1169. (In Russ.)]
13. Барлоу П.У. Деление клеток в меристемах и значение этого процесса для органогенеза и формообразования растений. *Онтогенез*, 1994, т. 25, № 5, с. 5-38. [Barlou P.U. Cell division in meristems and the importance of this process for plant organogenesis and morphogenesis. *Ontogenesis*, 1994, vol. 25, no. 5, pp. 5-38. (In Russ.)]
14. Mistelli T., Spector D.L. The Nucleus. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2011.
15. Галимзянов А.В., Ступак Е.Э., Чураев Р.Н. Эпигенные сети, теория, модели, эксперимент. *Успехи современной биологии*, 2019, т. 139, № 2, с. 107-113. [Galimzyanov A.V., Stupak E.E., Churaev R.N. Epigenetic networks, theory, models, experiment. *Advances in modern biology*, 2019, vol. 139, no. 2, pp. 107-113. (In Russ.)]
16. Лобов В.П., Даскалюк А.П. Сравнительное исследование ДНК озимых и яровых форм пшеницы. Докл. АН СССР, 1984, том 275, № 1, с. 218-221. [Lobov V.P., Daskalyuk A.P. Comparative study of the DNA of winter and spring forms of wheat. *Dokl. Academy of Sciences of the USSR*, 1984, vol. 275, no. 1, pp. 218-221. (In Russ.)]
17. Чураев Р.Н. Эпигенетика: генные и эпигенные сети в онто- и филогенезе. *Генетика*, 2006, т. 42, № 9, с. 1276-1296. [Churaev R.N. Epigenetics: gene and epigenetic networks in ontogeny and phylogenesis. *Genetics*, 2006, vol. 42, no. 9, pp. 1276-1296. (In Russ.)]
18. Smith E.L., De Lange R.J., Bonner J. Chemistry and biology of the histones. *Physiol. Revs.*, 1970, vol. 50, no. 2, pp. 159-170.
19. Гельфанд М.С. Эволюция регуляторных систем. *Материалы докладов V съезда биофизиков России. Ростов-на-Дону: Издательство Южного федерального университета*, 2015, т. 1, с. 19. [Gelfand M.S. The evolution of regulatory systems. *Materials of reports of the V Congress of Biophysicists of Russia. Rostov-on-Don: Publishing House of the Southern Federal University*, 2015, vol. 1, p. 19. (In Russ.)]
20. Финкельштейн А.В., Птицин О.Б. *Физика белка*. Москва: Книжный дом, 2005, 460 с. [Finkelstein A.V., Ptitsin O.V. *Physics of protein*. Moscow: Book house, 2005, 460 p. (In Russ.)]
21. Иванова Э.А., Ахметов Р.Р. Модификация негистоновых белков в проростках растений. *Физиология растений*, 1987, т. 34, № 3, с. 507-512. [Ivanova E.A., Akhmetov R.R. Modification of non-histon proteins in plant seedlings. *Physiology plants*, 1987, vol. 34, no. 3, pp. 507-512. (In Russ.)]
22. Robin H. Epigenetics. *An overview. Dev. Genet.*, 1994, vol. 15, no. 6, pp. 453-457.
23. Конарев В.Г. *Морфогенез растений и молекулярно-биологический анализ*. Санкт-Петербург: РАСХН, ВИР им. Н.И.Вавилова, 1998, 370 с. [Konarev V.G. *Morphogenesis and molecular-biological analysis of plants*. Saint-Peterburg, VIR, 1998, 370 p. (In Russ.)]

**SUPERMOLECULAR REORGANIZATION OF PROTEOMIC ENSEMBLES OF SUPRAMOLECULAR STRUCTURES OF PLANT CHROMATIN UNDER STRESS ENVIRONMENTAL CONDITIONS****Ivanova E.A.**Ufa Institute of Biology, Russian Academy of Sciences  
Oktyabrya Ave., 69, Ufa, 450054, Russia; e-mail: [fiona\\_belobor@mail.ru](mailto:fiona_belobor@mail.ru)

**Abstract.** From the perspective of ecological adaptation of plants, from the position of interdisciplinary science - **supramolecular** chemistry, the dynamics of **supramolecular** topologically associated structures of the total chromatin matrix (TChrM) is considered: Np-nucleoplasm, ChrI-chromatin is fragile and ChrII-strongly bound to the nuclear matrix and NM itself. At the interface of which, there is a proteomic **super**molecular reorganization of non-histone and histone ensembles of the TChrM proteome, the macrokinetics of which is important for understanding the features of biochemical processes in the genetic subsystems of a plant (root → mesocotyl → coleoptile) of the transition period from heterotrophic to autotrophic plant development. An algorithm for the dynamics of proteomic **super**molecular ensembles at the interface of the **supramolecular** structures of TChrM is shown. The positioning role of the "core" histone (H3 + H4) " ensembles in the supra-blocks: Np, Chr-II, NM in the winter phenotype, in the zone of homeomorphism (according to the topological terminology of R. Tom) of the root system, as an integrative stabilization of the space-temporal , physiological and genetic stress resistance of the organism relative to spring wheat. The data presented may be of interest to biophysicists and enter the database of the ontology of the stages of growth and development of stress resistance of plants in the environment.

**Key words:** *Proteomics, Interphase chromatin topology, supramolecular biochemistry, wheat, genetic stress resistance.*