

УДК 576.315.4:577.112*315.42:581.142:633.11

АНАЛИЗ ЛОКАЛИЗАЦИИ ПРОТЕАЗОЧУВСТВИТЕЛЬНЫХ САЙТОВ Арг-Х В ДИНАМИКЕ СУПРАСТРУКТУР ИНТЕРФАЗНОГО ХРОМАТИНА ПРИ ИНДУКЦИИ РОСТОВОГО МОРФОГЕНЕЗА ЗРЕЛЫХ ЗАРОДЫШЕЙ ЯРОВОЙ И ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ

Э.А. ИВАНОВА, Г.Х. ВАФИНА, Р.С. ИВАНОВ

*Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт биологии Уфимского научного центра Российской академии наук
450054 Уфа, просп. Октября, 69
e-mail: evilina@anrb.ru*

В работе показано, что в процессе инициации ростового морфогенеза зрелых зародышей пшениц яровой Артемовки и выведенной из нее озимой Мироновской 808 функционируют механизмы пространственно-временной реорганизации хроматиновых структур при участии Арг-Х протеолиза. Изучением особенностей протеомной динамики биогетерополимерных структур (нуклеоплазмы, хроматина, ядерного матрикса) интерфазных ядер в периодах G1 и G1/S выявлено изменение локализации Арг-Х зон протеолитической активности в гистонах и негистонах, которое может быть связано с изменениями структуры хроматина в процессе реализации морфогенетической программы развития яровой и озимой пшеницы.

Ключевые слова: *Triticum aestivum* L., клеточное ядро, нуклеоплазма, хроматин, ядерный матрикс, негистоны, гистоны, Арг-Х протеолиз.

В последние годы заметно возрос интерес к морфогенезу как процессу возникновения новых форм и структур в индивидуальном развитии организмов. Свидетельством этому является переиздание в 2002 г. книги Рене Тома «Структурная устойчивость и морфогенез» [12]. Ретроспективный, активный интерес к идеям Р. Тома 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. Автор работы [12] детально и точно показал, каким образом закономерности, с которыми сталкивается биология, могут рассматриваться как структуры в многомерном пространстве, провел прямое сравнение топологических структур в четырехмерном 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 [2]. В статье [3] Белоусов проанализировал роль механического натяжения и

экспрессии генов, т.е. рассмотрел факторы, которые в одно и то же время могли бы действовать на процессы как макроскопического уровня (уровня целого зародыша), так и на молекулярные. В статье Татарина [11] описаны аспекты молекулярной генетики и эпигенетики в механизмах морфогенеза.

Метаболизм белков (протеома) хроматина активно рассматривается с позиции эпигенеза, эпигенетики и эпигенома [21, 23, 25, 28, 30]. В данном случае клеточные ядра зрелых зародышей пшеницы используются как модельная система, где происходит формирование функциональной группы координировано экспрессирующихся генов. Из литературы известно, что адаптивная эволюция происходила у белков, контролирующих фазу роста G1 и G1/S-переход — наиболее вариабельных фаз клеточного цикла эукариот [22]. Эти вариабельные периоды клеточного цикла управляются внешними ростовыми факторами [13]. Продолжительности фазы роста G1 и G1/S-перехода значительно варьируют у эукариот, являясь основной чертой различия типов клеток [22]. Что касается фаз клеточного цикла S, G2, M, фиксированных по длительности и независимых от ростовых факторов, то их белки-регуляторы показывают высокую степень консервативности [13]. В фазе G1 клеточного цикла 42 хромосомы пшеницы развернуты в виде хромонемной нити [1]. Здесь действуют механизмы, которые не дают запутываться этому клубку. Репликация ДНК начинается в поздней G1-фазе и продолжается при G1/S-переходе. В S-фазе происходит 85 % репликации [6]. Таким образом, репликация осуществляется в более дисперсной интерфазной хромосоме в довольно жестких временных рамках.

Вопросы самоорганизации биологических систем находятся в центре внимания специалистов по высокомолекулярным соединениям, а именно — биополимерам. В 2010 г. появился термин «умные полимеры» [14]. По терминологии Хохлова [14], самые умные из них те, которые создала путем механизмов самоорганизации молекулярная эволюция живых систем. Что значит «умные полимеры»? Это значит, что в одних условиях окружающей среды они выполняют одну функцию, а в других условиях — другую [14]. Самая длинная из биополимерных структур — ДНК, которая имеет «цепное» строение с гибкой структурой [14]. Хроматин 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 [27]. Биофизические методы и биохимические техники позволили установить двухфазную фрактальную организацию хроматина и в ряде случаев построить трехмерные модели исследуемых геномов [26]. Ранее были проведены *in silico* эксперименты по молекулярной динамике ди- и тринуклеосом для различных значений ионной силы. В результате получены характерные структурные мотивы упаковки нуклеосом, в которых линкер изогнут, но соседние нуклеосомы не контактируют друг с другом [20]. И все же до настоящего времени молекулярные механизмы адаптивной эволюции морфогенетических признаков изучены значительно хуже [4].

Целью данной работы был анализ пространственно-временной динамики локализации протеазочувствительных сайтов Arg-X в негистоновых и гистоновых блоках супраструктур (нуклеоплазмы, хроматина, ядерного матрикса) как возможных зон, влияющих на конформацион-

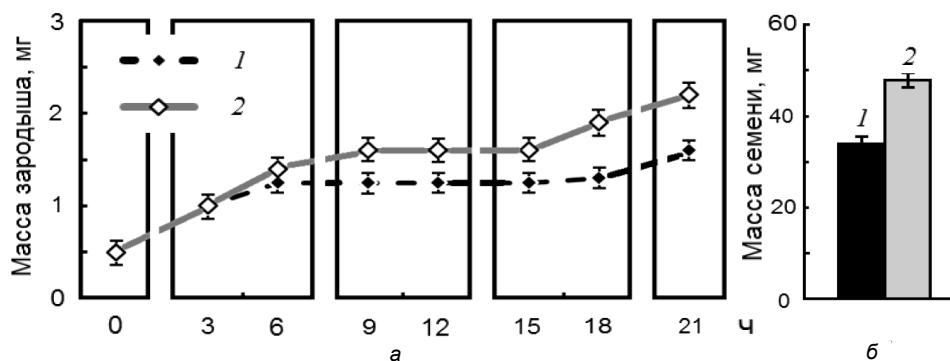


Рис. 1. Средние массы зародышей (а) и семян (б) пшеницы сорта Артемовка (яровая, 1) и выведенного из нее сорта Мироновская 808 (озимая, 2):

0 ч — условное время биологического покоя воздушно-сухого семени и зрелого зародыша пшеницы; 3 ч — время замачивания и набухания семени; 6–21 ч — время индукции прорастания зародышей семян пшеницы

ные перестройки тотального интерфазного хроматина G1 и G1/S-перехода фаз клеточного цикла, при индукции ростового морфогенеза зрелых зародышей яровой и озимой пшеницы.

Методика

Объектами исследования были семена суперэлиты пшеницы (*Triticum aestivum* L.) сортов Артемовка (яровая) и Мироновская 808 (озимая), полученные из коллекции Всероссийского института растениеводства им. Н.И. Вавилова. Состояние воздушно-сухого семени и зародыша (находящегося в состоянии биологического покоя) мы условно приняли за 0 ч. Замачивание семян осуществлялось в течение 3 ч. Окончание этого периода обозначено 3 ч (рис. 1). Далее шло проращивание семян от начала их замачивания: 6, 9, 12, 15, 18, 21 ч. Из воздушно-сухих семян (0 ч), замоченных и набухших (3 ч) и проращиваемых в определенные интервалы времени от начала замачивания 6, 9, 12, 15, 18, 21 ч от эндосперма отделяли зародыши. Клеточные ядра, их надмолекулярные супраструктуры: нуклеоплазму (Нп), хроматин непрочносвязанный (Хр-I) и прочносвязанный (Хр-II) с ядерным матриксом (ЯМ), а также собственно ЯМ выделяли по способу, подробно описанному в работах [16, 17]. Количество белка в ядрах и ядерных супраструктурах определяли методом Бредфорда в нашей модификации [17]. Негистоновые белки (НГБ) отделяли от гистонов из выделенных супраструктур клеточных ядер по способу [18]. Суть способа заключалась в том, что через колонку с полиметакриловой синтетической смолой, носящей название ИРЦ-50 (Amberlite, IRC-50, Serva, Heidelberg), пропускали гетерополимерные блоки вышеописанных супраструктур. Белки элюировали в ступенчатом градиенте (6,0; 8,9; 10,6; 13; 40 %) гуанидингидрохлорида (Диаэм). Протеазочувствительность Арг-Х в негистоновых и гистоновых блоках оценивали по расщеплению Арг-Х-связей в аргининобогатом белке — протамине Salmine-A-1 («Merk»), молекула которого состоит из 33 аминокислот: 22 молекул Арг; 4 молекул Сер; 3 молекул Про; по 2 молекулы Глу и Вал) во всех вышеперечисленных фракциях ядер [17]. Активность протеолиза выражали в наномолях аргинина за 1 с на 1 мкг белка (нмоль/(с · мкг белка)).

Результаты и обсуждение

В работе исследованы особенности структурной реорганизации интерфазного хроматина G1 и G1/S-переходного периода фаз клеточного цикла яровой и озимой пшеницы на фоне зрелых зародышей семян (см. рис. 1, *a*), их сформировавшихся физиологических особенностей (см. рис. 1, *b*), определено содержание протеома в клеточных ядрах (рис. 2, *a*), его выход из надмолекулярных гетерополимерных структур (нуклеоплазмы, хроматина, ядерного матрикса) (см. рис. 2, *b*) с последующим определением в них содержания негистоновых и гистоновых белков (рис. 3), а также анализом пространственно-временных зон локализации активности Арг-Х протеазочувствительности (см. рис. 2, *в*; рис. 4). Выделенные гетерополимерные супраструктуры клеточных ядер в пространственно-временных интервалах (0, 3, 6, 9, 12, 15, 18, 21 ч), по-видимому, претерпели реорганизацию интерфазного хроматина, возможно, при участии белковых блоков, которые, по всей вероятности, задействованы в надмолекулярных конформациях хроматиновой матрицы при участии Арг-Х протеазной системы, ответственной за фолдинг белков. Вполне возможно, что вышеизложенное связано с морфогенезом.

На рис. 1 представлены массы зародышей семян и семян яровой и озимой пшеницы, находящихся в состоянии биологического покоя (0 ч), а также инициированных к росту (3–18 ч) до их проклевывания (21 ч). Как видно из рис. 1, *b*, различия проявляются уже на уровне целых семян. Семена озимой пшеницы тяжелее, чем яровой (см. рис. 1, *b*). По-видимому, это связано с накоплением ресурсов, необходимых зародышу для выживания в стрессовых условиях окружающей среды. Кроме того, в период перед проклевыванием (см. рис. 1, *a*, 18 ч) происходит более интенсивное увеличение массы зародышей семян озимого сорта по сравнению с массой зародышей семян ярового сорта. Возможно, этот период (см. рис. 1, *a*, 18 ч) связан с усиленным питанием зародыша от эндосперма, а все особенности пшеницы сорта Мироновская 808 — с эпигенетической памятью о зимнем периоде, о наличии которой у пшеницы сообщалось в статье [19].

Известно, что сорт Мироновская 808 был выведен методом многократного группового отбора (с точным указанием лучших семейств, минимальной температуры на поверхности почвы при перезимовках в течение 7 лет) высокопродуктивных, морфологически выровненных однородных растений из сорта Артемовка [9]. Итогом явилось то, что пшеница сорта Мироновская 808 считается одним из шедевров мировой селекции. Лобов, Даскалюк [7] подробно (с применением перспективных для своего времени биохимических методов) исследовали генетическое родство пшеницы сортов Артемовка, Мироновская 808, Мироновская яровая и не выявили различий в нуклеотидных последовательностях ДНК. Результаты работ [7, 9] наводят на мысль, что в данном случае, возможно, проявляется эпигенетический процесс. Авторы приоритетных исследований в области эпигенетики растений считают, что для понимания эпигенетического кода важно представлять, что хромосомы — это не просто молекулы ДНК, а ДНК-белковый комплекс, известный под общим названием «хроматин», который может быть модифицирован множеством способов [15, 29].

В нашей работе мы ограничились анализом динамики ядерного протеома зародышей семян пшеницы ярового и озимого сортов в условиях индукции ростового морфогенеза. Решающей роли растяжения

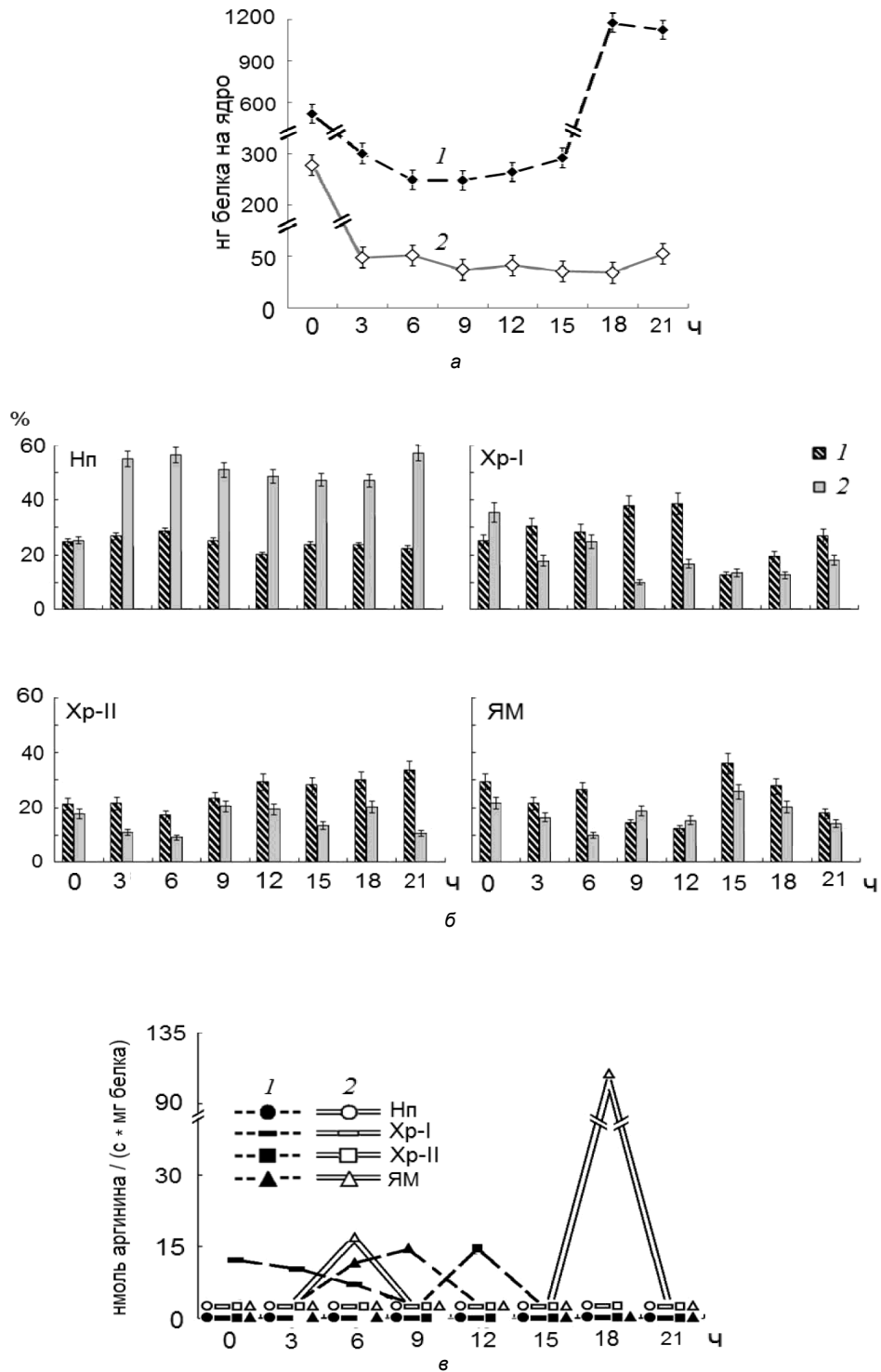


Рис. 2. Динамика внутриядерного протеома (а), выход белковых компонентов (б) и Арг-Х активность (в) фазы G₁ ядер клеток зрелых зародышей пшеницы сортов Артемовка (яровая, 1) и Мироновская 808 (озимая, 2). Здесь и на рис. 3, 4 обозначения супраструктур клеточных ядер:

Нп — нуклеоплазма; Хр-I — хроматин непрочносвязанный с ЯМ; Хр-II — хроматин прочносвязанный с ЯМ; ЯМ — ядерный матрикс

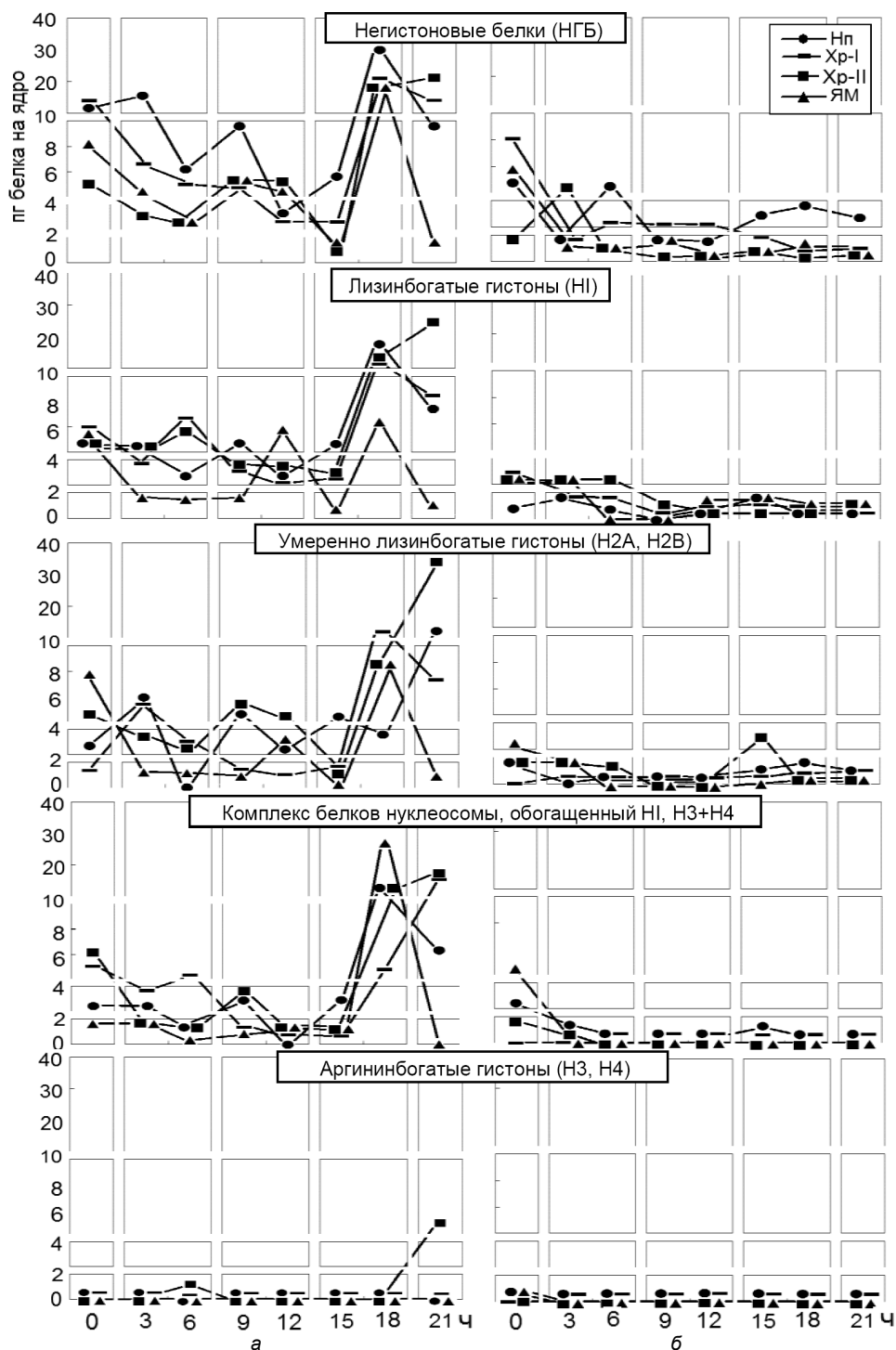


Рис. 3. Содержание белка в негистоновых и гистоновых блоках супраструктур клеточных ядер зрелых зародышей пшеницы сортов Артемовка (яровая, *a*) и Мироновская 808 (озимая, *б*)

клеток осевых органов зародыша в росте и морфогенезе растений посвящен обзор Обручевой [8].

Как видно из рис. 2, *а*, содержание белка в ядрах клеток зародышей семян пшеницы ярового сорта значительно выше, чем в ядрах клеток озимой пшеницы. Характерно, что в период G1/S (18–21 ч) происходит увеличение количества белка на ядро у пшеницы ярового сорта, по всей вероятности это связано с активацией процессов синтеза белка, необходимого для формирования вновь образующихся нуклеопротеидных систем ядра. Что касается зародышей семян пшеницы озимого сорта, то ядра их клеток содержат значительно меньше белка. Мы полагаем, что это связано с организацией нуклеопротеидной системы ядра (см. также рис. 3, *б*), которая более прочно удерживает белковые компоненты и задерживает переходный период G1/S-фазы клеточного цикла. При анализе супрагетерополимерных структур ядра (см. рис. 2, *б*) установлено, что для нуклеоплазмы озимого сорта характерен высокий выход белка. Как известно, нуклеоплазма осуществляет активные ядерно-цитоплазматические отношения (за счет сигналов, поступающих в ядро) и богата шаперонами, которые участвуют в сборке нуклеосом [24]. Вполне вероятно, что белки нуклеоплазмы задействованы в реорганизации архитектоники хроматина открытием или закрытием его определенных зон, необходимых для выживания в новых условиях. На следующем этапе работы из супрагетерополимерных структур клеточных ядер были выделены негистоновые белки и гистоны (см. рис. 3). Как видно из рис. 3, *б*, воздушно-сухой зародыш семян озимой пшеницы (0 ч) на уровне Нп, Хр-I и ЯМ содержит наибольшее количество негистоновых белков. Это же относится и к сорту Артемовка (см. рис. 3, *а*, 0 ч, НГБ). По-видимому, в этот период в ядре сфокусирована потенциальная система сигналинга, готовая к запуску в соответствующих условиях морфогенетических подпрограмм развития.

Подробный анализ пространственно-временной локализации Арг-Х-активности в негистоновых и гистоновых блоках супраструктур интерфазного хроматина клеточных ядер семян пшеницы сорта Артемовка (см. рис. 4, *а*) приведен в работе [5]. В данной статье мы провели сравнительный анализ проявления пространственно-временной локализации Арг-Х-активности в негистоновых и гистоновых блоках супраструктур сорта Мироновская 808 (см. рис. 4, *б*). Как видим, в период набухания семени и зародыша, а также инициации ростовых процессов в результате растяжения клеток в негистоновых блоках отмечается высокий протяженный во времени нециклический уровень Арг-Х-активности (см. рис. 4, *б*, 3–12 ч), причем эта протяженная временная нециклическость более характерна для НГБ (6–12 ч) и гистонов Н2А, Н2В (6–9 ч) ядерного матрикса. Переход к периоду проклевывания семени и активации меристематических клеток (15–21 ч) сопровождается уже циклическим характером локализации Арг-Х-активности в НГБ и гистонах гетерополимерных супраструктур интерфазных клеточных ядер. Неслучайно сигнальный резонанс Арг-Х активности происходит на уровне ядерного матрикса (см. рис. 2, *б*; 6, 12 ч), где осуществляются сборка и функционирование ферментативных комплексов репликации и транскрипции. В связях белков с ДНК ядерного матрикса обнаруживают не только протеазоустойчивые зоны, но и протеазочувствительные. Функциональное значение этого процесса практически не изучено. Известно, что ЯМ рассматривается как активная динамическая структура, которая участвует в формировании больших ферментативных и регуляторных комплексов, контролирующих топологию и функцию ДНК [27, 28]. От прогресса в

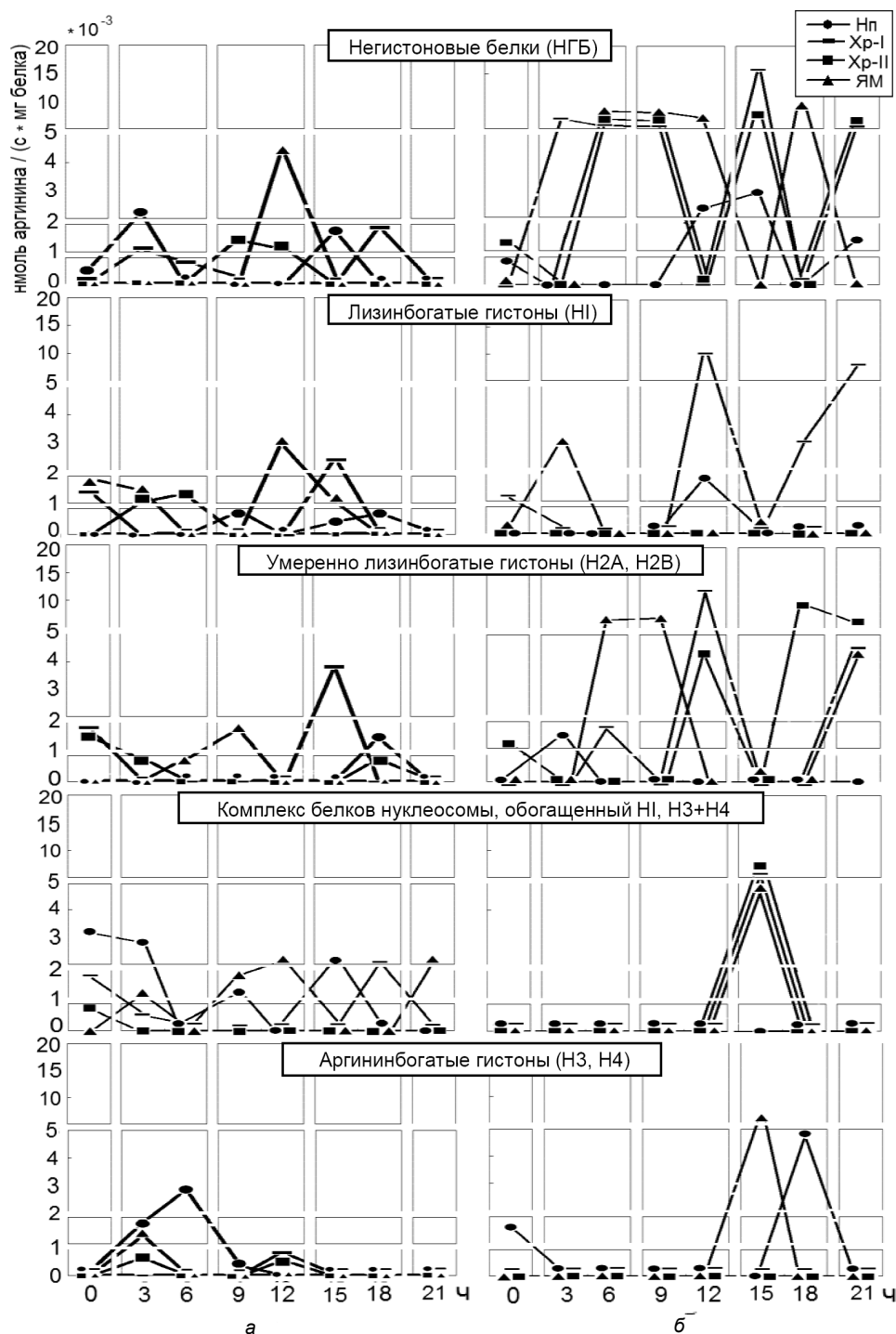


Рис. 4. Локализация Арг-Х протеазочувствительных сайтов в негистоновых и гистоновых блоках супраструктур клеточных ядер зрелых зародышей пшеницы сортов Артемовка (яровая, *a*) и Мироновская 808 (озимая, *б*), индуцированных к инициации ростового морфогенеза

пониманию морфогенеза ждут не только чисто познавательных, но и практических результатов для биотехнологии. Возможно, молекулярно-

генетические механизмы адаптации озимой пшеницы связаны с организацией ЯМ, где формируются Арг-Х гиперчувствительные сайты. Не исключено, что это LCR (locus control regions) [10]. Как известно, организм представляет собой интегрированные сети биохимических процессов, находящихся в постоянной динамике и изменяющихся в результате воздействия внутренних и внешних условий. В этой связи надмолекулярные описания формообразовательных процессов ценны тем, что в них уже интегрированы взаимодействия многих макромолекул.

1. *Аветисова Л.В., Шапошников Я.Д., Кадыков В.А.* Изменения ультраструктуры ядер клеток апекса побега пшеницы в процессе прорастания // *Онтогенез.* — 1988. — **19**, № 2. — С. 181—190.
2. *Белуосов Л.В.* Ростовые морфогенезы и морфологическая целостность взрослого организма: Биологический морфогенез. — М.: Изд-во Моск. ун-та, 1987. — С. 186—204.
3. *Белуосов Л.В.* Морфомеханический аспект эпигенеза // *Генетика.* — 2006. — **42**, № 9. — С. 1165—1169.
4. *Губин К.В., Сулов В.В., Колчанов Н.А.* Молекулярно-генетические системы развития: динамика функционирования и молекулярная эволюция // *Биохимия.* — 2008. — **73**, № 2. — С. 270—282.
5. *Иванова Э.А., Вафина Г.Х., Иванов Р.С.* Анализ локализации протеазочувствительных сайтов Арг-Х в динамике супраструктур интерфазного хроматина при индукции ростового морфогенеза зрелых зародышей пшеницы // *Физиология и биохимия культ. растений.* — 2012. — **44**, № 6. — С. 495—502.
6. *Краевский А.А., Куханова М.К.* Репликация ДНК у эукариот // *Итоги науки и техники. Сер. Мол. биология.* — М.: ВИНТИ, 1986. — Т. 22. — С. 5—164.
7. *Лобов В.П., Даскалюк А.П.* Сравнительное исследование ДНК озимых и яровых форм пшеницы // *Докл. АН СССР.* — 1984. — **275**, № 1. — С. 218—221.
8. *Обручева Н.В.* Растяжение клеток как неотъемлемая составляющая роста наземных растений // *Онтогенез.* — 2008. — **39**, № 1. — С. 15—27.
9. *Ремесло В.Н.* Озимая пшеница Мироновская 264 и Мироновская 808. — М.: Колос, 1964. — С. 52—53.
10. *Смирнов А. Ф.* Структурно-функциональная организация хромосом. — СПб.: Нестор-История, 2009. — 203 с.
11. *Татаринев Л.П.* Молекулярная генетика и эпигенетика в механизмах морфогенеза // *Журн. общей биологии.* — 2007. — **68**, № 3. — С. 165—169.
12. *Том Р.* Структурная устойчивость и морфогенез. — М.: Логос, 2002. — 280 с.
13. *Турнаев И.И., Губин К.В., Колчанов Н.А.* Эволюция ключевых белков клеточного цикла коррелирует с увеличением сложности эукариотических организмов // *Докл. РАН.* — 2009. — **426**, № 2. — С. 265—269.
14. *Хохлов А.Р.* Умные полимеры (лекция 1) // www.vesti.ru/videos.2vid=3282548cid=1.
15. *Эпигенетика* / Под ред. С.Д. Эллиса, Т. Дженуейна, Д. Рейнберга. — М.: Техносфера, 2010. — С. 33—65.
16. *А.с. 1701747, МКИ С 12 N9/50.* Способ выделения растительных клеточных ядер / Э.А. Иванова, Г.Х. Вафина. — Оpubл. 01.09.91, Бюл. № 48.
17. *А.с. 1733471 А1 СССР, МКИ С 12 N 9/50.* Способ получения ядерных фракций, обладающих протеиназной и ингибирующей активностью / Э.А. Иванова, Г.Х. Вафина. — Оpubл. 15.01.92, Бюл. № 18.
18. *Патент № 2408602.* Способ препаративного выделения основных белков из супраструктур клеточных ядер растений / Э.А. Иванова, Г.Х. Вафина. — Оpubл. 10.01.11, Бюл. № 1.
19. *Amasino R.* Vernalization, competence, and the epigenetic memory of winter // *Plant Cell.* — 2004. — **16**. — P. 2553—2559.
20. *Beard D., Schlick T.* Computational modeling predicts the structure and dynamics of chromatin fiber // *Structure.* — 2001. — **9**. — P. 105—114.
21. *Berger F.* Frontiers in plant morphogenesis // *Biol. Int.* — 1995. — N 31. — P. 34—36.
22. *Caldis P.* Cell Cycle Regulation. — В. Heidelberg: Springer, 2006. — 374 p.
23. *Cherdantsev V.G., Scobeyeva V.A.* The morphological basis of self-organisation. Developmental and evolutionary aspects // *Biol. Forum.* — 1994. — **87**, N 1. — P. 57—85.
24. *Ellis R.* Molecular chaperones: the plant connection // *Science.* — 1990. — **250**, N 4983. — P. 954—959.
25. *Freeman D.C., Graham J.H., Emlen J.M.* Developmental stability in plants: Symmetries, stress and epigenetics // *Genetica.* — 1993. — **89**, N 1—3. — P. 97—119.

26. *McNally J., Mazza D.* Fractal geometry in the nucleus // *EMBO J.* — 2010. — **29**. — P. 2–3.
27. *Mistelli T., Spector D.L.* *The Nucleus.* — New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2011.
28. *Pienta K.J., Hoover C.N.* Coupling of cell structure to cell metabolism and function // *J. Cell. Biochem.* — 1994. — **55**, N 1. — P. 16–21.
29. *Reading the second code: mapping Epigenomes to understand plant growth, development, and adaptation to the environment* // *Plant Cell.* — 2012. — **24**. — P. 2257–2261.
30. *Spyros G.D.* Towards an understanding of nuclear morphogenesis // *J. Cell. Biochem.* — 1994. — **55**, N 1. — P. 69–76.

Получено 12.11.2013

АНАЛІЗ ЛОКАЛІЗАЦІЇ ПРОТЕАЗОЧУТЛИВИХ САЙТІВ Арг-Х У ДИНАМІЦІ СУПРАСТРУКТУР ІНТЕРФАЗНОГО ХРОМАТИНУ ЗА ІНДУКЦІЇ РОСТОВОГО МОРФОГЕНЕЗУ ЗРІЛИХ ЗАРОДКІВ ЯРОЇ ТА ОЗИМОЇ ПШЕНИЦІ

Е.О. Іванова, Г.Х. Вафіна, Р.С. Іванов

Федеральна державна бюджетна установа науки Інститут біології Уфимського наукового центру Російської академії наук, Уфа

В роботі показано, що в процесі ініціації ростового морфогенезу зрілих зародків пшениці ярої Артемівки і виведеної з неї озимої Миронівської 808 функціонують механізми просторово-часової реорганізації хроматинових структур за участю Арг-Х протеолізу. Вивченням особливостей протеомної динаміки біогетерополімерних структур (нуклеоплазми, хроматину, ядерного матриксу) інтерфазних ядер у періодах G1 і G1/S виявлено зміну локалізації Арг-Х зон протеолітичної активності в гістонах і негістонах, яка може бути пов'язана зі змінами структури хроматину в процесі реалізації морфогенетичної програми розвитку ярої та озимої пшениці.

ANALYSIS OF Arg-X PROTEASE-SENSITIVE SITES LOCALIZATION IN THE DYNAMICS OF SUPERSTRUCTURE OF INTERPHASE CHROMATIN DURING INDUCTION OF MATURE GERMS SPRING AND WINTER WHEAT GROWTH MORPHOGENESIS

E.A. Ivanova, G.H. Vafina, R.S. Ivanov

Institute of Biology of Ufa Scientific Centre, Russian Academy of Sciences
69 pr. Octyabrya, Ufa, 450054, Russia

It was shown that mechanisms of spatial-temporal chromatin structures reorganization with the participation of Arg-X proteolysis are functioning in the process of initiation of a growth morphogenesis of mature germs of spring wheat (Artyomovka) and transformed from it winter wheat (Myronovskaya 808). Studies of the features of the proteom dynamics of bioheteropolymers (nucleoplasm, chromatin, nuclear matrix) structures of the interphase nuclei at the periods of G1 and G1/S have revealed changes in the localization of Arg-X zones of proteolytic activity in histones and non-histones, which may be due to changes in the chromatin structure in the process of morphogenetic program realization of spring and winter wheat.

Key words: *Triticum aestivum* L., cell nucleus, nucleoplasm, chromatin, nuclear matrix, non-histones, histones, Arg-X proteolysis.